```
BLASTN 2.2.23+
Reference: Zheng Zhang, Scott Schwartz, Lukas Wagner, and
Webb Miller (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA
sequences", J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14.



RID: 2DDJM8AX014



Database: All GenBank+EMBL+DDBJ+PDB sequences (but no EST, STS,
GSS,environmental samples or phase 0, 1 or 2 HTGS sequences)
           12,090,198 sequences; 31,882,540,517 total letters
Query= gi|171918730|gb|EU568917.1| Candida palmioleophila 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and
28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=632



                                                                   Score     E
Sequences producing significant alignments:                       (Bits)  Value

gb|EU569035.1|  Candida palmioleophila isolate CNRMA 200500813...  1168    0.0
gb|EU569033.1|  Candida palmioleophila isolate CNRMA 200500825...  1168    0.0
gb|EU569031.1|  Candida palmioleophila isolate CNRMA 200500840...  1168    0.0
gb|EU568917.1|  Candida palmioleophila 18S ribosomal RNA gene,...  1168    0.0
emb|FM875849.1|  Uncultured fungus ITS1, 5.8S rRNA gene and IT...  1157    0.0
gb|EU604759.1|  Candida sp. C22 internal transcribed spacer 1,...  1086    0.0
gb|FJ609219.1|  Candida palmioleophila strain IHEM 22283 18S r...  1018    0.0
emb|FN868154.1|  Candida sp. CBS 11774 genomic DNA containing ...  1000    0.0
dbj|AB016583.1|  Candida palmioleophila 5.8S rRNA gene, strain...   966    0.0
dbj|AB016582.1|  Candida palmioleophila 5.8S rRNA gene, strain...   966    0.0
gb|FJ873416.1|  Candida sp. GA1S01 internal transcribed spacer...   946    0.0
gb|DQ409166.1|  Pichia segobiensis strain CECT 10210 18S ribos...   904    0.0
emb|AJ606464.1|  Candida shehatae var. shehatae 18S rRNA gene ...   904    0.0
dbj|AB513338.1|  Pichia sp. MT-LUC0016 genes for 18S rRNA, ITS...   898    0.0
dbj|AB513336.1|  Pichia sp. MT-LUC0012 genes for 18S rRNA, ITS...   898    0.0
dbj|AB513335.1|  Pichia sp. MT-LUC0009 genes for 18S rRNA, ITS...   898    0.0
dbj|AB513334.1|  Pichia sp. MT-LUC0008 genes for 18S rRNA, ITS...   898    0.0
dbj|AB513333.1|  Pichia sp. MT-LUC0007 genes for 18S rRNA, ITS...   898    0.0
gb|CP000497.1|  Pichia stipitis CBS 6054 chromosome 3, complet...   898    0.0
gb|DQ409167.1|  Pichia stipitis strain CECT 1922 18S ribosomal...   898    0.0
dbj|AB513332.1|  Pichia sp. MT-LUC0006 genes for 18S rRNA, ITS...   893    0.0
gb|AY227905.1|  Candida sp. BG02-4-1-3-1 18S ribosomal RNA gen...   863    0.0
gb|AY227904.1|  Candida sp. BG02-2-11-6-5 18S ribosomal RNA ge...   863    0.0
gb|AY227903.1|  Candida sp. BG02-7-16-1 18S ribosomal RNA gene...   863    0.0
gb|AY227902.1|  Pichia sp. KS-42-W2 18S ribosomal RNA gene, pa...   863    0.0
gb|AY227901.1|  Candida sp. BG01-5-4-2-1 18S ribosomal RNA gen...   863    0.0
gb|AY227900.1|  Candida sp. GA012-1-1 18S ribosomal RNA gene, ...   863    0.0
gb|AY227907.1|  Candida sp. BG02-7-14-003-2-1 18S ribosomal RN...   857    0.0
gb|AY227906.1|  Candida sp. BG02-7-14-003-1-1 18S ribosomal RN...   857    0.0
gb|GU256745.1|  Pichia stipitis strain ATCC 62970 18S ribosoma...   848    0.0
emb|FM178314.1|  Candida coipomoensis 18S rRNA gene (partial),...   848    0.0
gb|AY325112.1|  Candida sp. BG03-3-25-1-5 18S ribosomal RNA ge...   846    0.0
gb|AY325111.1|  Candida sp. BG03-3-25-1-3 18S ribosomal RNA ge...   846    0.0
emb|FM178352.1|  Candida ergastensis 18S rRNA gene (partial), ...   845    0.0
dbj|AB513337.1|  Candida sp. MT-LUC0013 genes for 18S rRNA, IT...   843    0.0
gb|EF627975.1|  Candida lignicola strain NBRC 102564 internal ...   841    0.0
gb|EU343874.1|  Candida coipomoensis strain MUCL 29818 18S rib...   830    0.0
gb|EU343826.1|  Candida ergastensis strain MUCL 30034 18S ribo...   824    0.0
gb|GQ458025.1|  Debaryomyces hansenii strain MA09-AK 18S ribos...   819    0.0
dbj|AB220031.1|  Debaryomyces fabryi genes for 18S rRNA, ITS1,...   819    0.0
gb|EU149789.1|  Debaryomyces hansenii strain CBS 10686 18S rib...   819    0.0
gb|EU569041.1|  Debaryomyces hansenii isolate CNRMA 200600935 ...   819    0.0
```

```
gb|EU569037.1|  Debaryomyces hansenii isolate CNRMA 200500815 ...   819    0.0
gb|EU568915.1|  Debaryomyces hansenii 18S ribosomal RNA gene, ...   819    0.0
gb|EF196809.1|  Debaryomyces hansenii voucher MCCC2E00323 18S ...   819    0.0
gb|AF210326.1|AF210326  Debaryomyces hansenii var. fabryi CBS7...   819    0.0
gb|GU213439.1|  Saccharomycetes sp. HZ10 18S ribosomal RNA gen...   817    0.0
emb|FM178351.1|  Candida glaebosa 18S rRNA gene (partial), ITS...   815    0.0
gb|HM032737.1|  Debaryomyces hansenii strain NJ147 18S ribosom...   813    0.0
gb|GQ458041.1|  Debaryomyces hansenii strain ATCC 60978 18S ri...   813    0.0
gb|GQ458019.1|  Debaryomyces hansenii strain MA09-J 18S riboso...   813    0.0
gb|GQ376084.1|  Debaryomyces hansenii var. hansenii isolate UO...   813    0.0
dbj|AB220030.1|  Debaryomyces hansenii var. hansenii genes for...   813    0.0
gb|EU569039.1|  Debaryomyces hansenii isolate CNRMA 200600362 ...   813    0.0
gb|EF432798.1|  Pueraria montana var. lobata from China: Jiang...   813    0.0
gb|EF432797.1|  Pueraria montana var. lobata from China: Jiang...   813    0.0
gb|AF210327.1|AF210327  Debaryomyces hansenii var. hansenii CB...   813    0.0
gb|GQ913348.1|  Debaryomyces hansenii strain W4682 18S ribosom...   811    0.0
dbj|AB220032.1|  Candida psychrophila genes for 18S rRNA, ITS1...   809    0.0
gb|AY040667.1|  Candida psychrophila internal transcribed spac...   809    0.0
gb|FJ172253.1|  Candida sinolaborantium strain ATCC MYA-4337 1...   808    0.0
gb|EF198011.1|  Debaryomyces pseudopolymorphus strain WC43-3 1...   808    0.0
gb|EF222225.1|  Debaryomyces hansenii strain gao1hou2 18S ribo...   804    0.0
gb|EU149790.1|  Debaryomyces hansenii strain CBS 10629 18S rib...   802    0.0
gb|EF194843.1|  Debaryomyces hansenii voucher MCCC2E00222 18S ...   802    0.0
gb|EF197815.1|  Debaryomyces hansenii strain GAO2 18S ribosoma...   802    0.0
gb|EF643596.1|  Debaryomyces hansenii strain LN-5 18S ribosoma...   800    0.0
gb|EF643588.1|  Debaryomyces hansenii strain LN-2 18S ribosoma...   800    0.0
dbj|AB220029.1|  Debaryomyces nepalensis genes for 18S rRNA, I...   798    0.0
dbj|AB220028.1|  Debaryomyces nepalensis genes for 18S rRNA, I...   798    0.0
gb|EF192232.1|  Debaryomyces hansenii strain shi2wei 18S ribos...   798    0.0
gb|EF192224.1|  Debaryomyces hansenii 18S ribosomal RNA gene, ...   798    0.0
gb|EF193070.1|  Debaryomyces hansenii voucher MCCC2E00282 18S ...   798    0.0
gb|EF222227.1|  Debaryomyces hansenii strain gaoyandie zhongch...   797    0.0
emb|AJ606466.1|  Candida coipomoensis 18S rRNA gene (partial),...   797    0.0
gb|EU343832.1|  Candida glaebosa strain MUCL 29834 18S ribosom...   795    0.0
gb|EU149791.1|  Debaryomyces hansenii strain CBS 10751 18S rib...   791    0.0
gb|EF193068.1|  Debaryomyces hansenii voucher MCCC2E00280 18S ...   791    0.0
gb|DQ668354.1|  Debaryomyces hansenii isolate Sy-8 18S ribosom...   789    0.0
gb|AY964676.1|  Candida sinolaborantium strain BG04-2-20-1-1-C...   789    0.0
gb|AY964675.1|  Candida sinolaborantium strain BG04-2-20-1-1-1...   789    0.0
gb|AY964674.1|  Candida sinolaborantium strain CBS 9940 18S ri...   789    0.0
gb|AY964679.1|  Candida temnochilae strain CBS 9939 18S riboso...   787    0.0
gb|AY964678.1|  Candida temnochilae strain CBS 9938 18S riboso...   787    0.0
gb|AY964677.1|  Candida temnochilae strain BG01-7-25-009A-3-1 ...   787    0.0
gb|DQ317356.1|  Saccharomycetaceae sp. BC41 18S ribosomal RNA ...   785    0.0
gb|EF192225.1|  Debaryomyces hansenii 18S ribosomal RNA gene, ...   784    0.0
gb|AY845351.1|  Candida lignicola 18S ribosomal RNA gene, part...   784    0.0
gb|EF643593.1|  Debaryomyces hansenii strain LN-3 18S ribosoma...   782    0.0
gb|EF543259.1|  Debaryomyces hansenii strain hcx-1 18S ribosom...   782    0.0
gb|EF190234.1|  Debaryomyces hansenii strain NA-1 18S ribosoma...   782    0.0
gb|DQ534410.1|  Debaryomyces hansenii strain SWJ-10b 18S ribos...   782    0.0
gb|GQ376085.1|  Debaryomyces hansenii var. hansenii isolate UO...   780    0.0
gb|EF197943.1|  Debaryomyces hansenii strain HK67-4 18S riboso...   780    0.0
gb|EF190231.1|  Debaryomyces hansenii strain wwl-2 18S ribosom...   778    0.0
gb|EF192227.1|  Debaryomyces hansenii strain w-14-1 18S riboso...   778    0.0
gb|FJ153162.1|  Candida sp. SG6L02 18S ribosomal RNA gene, par...   776    0.0
gb|EF197950.1|  Debaryomyces hansenii strain HK32-1 18S riboso...   776    0.0
gb|EF197946.1|  Debaryomyces hansenii strain HK67-5 18S riboso...   776    0.0
gb|EF197944.1|  Debaryomyces hansenii strain WC56-1 18S riboso...   776    0.0

ALIGNMENTS
>gb|EU569035.1| Candida palmioleophila isolate CNRMA 200500813 18S ribosomal
RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
```

```
Length=632

 Score = 1168 bits (632),  Expect = 0.0
 Identities = 632/632 (100%), Gaps = 0/632 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120

Query  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTT  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTT  180

Query  181  AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATC  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATC  240

Query  241  TCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGA  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  TCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGA  300

Query  301  TTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCAT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  TTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCAT  360

Query  361  GCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  GCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTA  420

Query  421  GTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAG  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  GTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAG  480

Query  481  GAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGG  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  GAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGG  540

Query  541  TGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACC  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  TGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACC  600

Query  601  CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601  CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632


>gb|EU569033.1| Candida palmioleophila isolate CNRMA 200500825 18S ribosomal
RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=632

 Score = 1168 bits (632),  Expect = 0.0
 Identities = 632/632 (100%), Gaps = 0/632 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
```

```
Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120

Query  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTT  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTT  180

Query  181  AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATC  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATC  240

Query  241  TCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGA  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  TCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGA  300

Query  301  TTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCAT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  TTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCAT  360

Query  361  GCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  GCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTA  420

Query  421  GTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAG  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  GTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAG  480

Query  481  GAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGG  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  GAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGG  540

Query  541  TGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACC  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  TGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACC  600

Query  601  CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601  CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632


>gb|EU569031.1| Candida palmioleophila isolate CNRMA 200500840 18S ribosomal
RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=632

 Score = 1168 bits (632),  Expect = 0.0
 Identities = 632/632 (100%), Gaps = 0/632 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120

Query  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTT  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTT  180
```

```
Query  181  AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATC  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATC  240

Query  241  TCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGA  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  TCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGA  300

Query  301  TTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCAT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  TTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCAT  360

Query  361  GCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  GCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTA  420

Query  421  GTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAG  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  GTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAG  480

Query  481  GAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGG  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  GAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGG  540

Query  541  TGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACC  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  TGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACC  600

Query  601  CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601  CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632


>gb|EU568917.1| Candida palmioleophila 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S
ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=632

 Score = 1168 bits (632),  Expect = 0.0
 Identities = 632/632 (100%), Gaps = 0/632 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120

Query  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTT  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTT  180

Query  181  AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATC  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATC  240

Query  241  TCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGA  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  TCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGA  300

Query  301  TTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCAT  360
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  TTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCAT  360

Query  361  GCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  GCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTA  420

Query  421  GTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAG  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  GTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAG  480

Query  481  GAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGG  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  GAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGG  540

Query  541  TGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACC  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  TGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACC  600

Query  601  CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601  CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632


>emb|FM875849.1| Uncultured fungus ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2 region, clone
f11
Length=670

 Score = 1157 bits (626),  Expect = 0.0
 Identities = 630/632 (99%), Gaps = 0/632 (0%)
 Strand=Plus/Minus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  632  TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  573

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  572  CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAGCTATTGCTTTGGCTTGGC  513

Query  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTT  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  512  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTT  453

Query  181  AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATC  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  452  AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATC  393

Query  241  TCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGA  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  392  TCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGA  333

Query  301  TTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCAT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  332  TTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCAT  273

Query  361  GCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  272  GCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTA  213

Query  421  GTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAG  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  212  GTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGATGCTGAGAAGTGCATTCAG  153
```

```
Query  481  GAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGG  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  152  GAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGG  93

Query  541  TGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACC  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  92   TGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACC  33

Query  601  CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  32   CGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  1


>gb|EU604759.1| Candida sp. C22 internal transcribed spacer 1, partial sequence;
5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer
2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=593

 Score = 1086 bits (588),  Expect = 0.0
 Identities = 591/592 (99%), Gaps = 1/592 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  42   TTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAA  101
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAA  60

Query  102  ACTATTGCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATT  161
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   ACTATTGCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATT  120

Query  162  TTTAATTGAATTGTTATTTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCA  221
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  TTTAATTGAATTGTTATTTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCA  180

Query  222  AAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGAT  281
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  AAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGAT  240

Query  282  AAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCT  341
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCT  300

Query  342  CTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTG  401
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  CTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTG  360

Query  402  GTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGA  461
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  GTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGA  420

Query  462  CGCTGAGAAGTGCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATT  521
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  CGCTGAGAAGTGCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATT  480

Query  522  CTTGGTTGTGAATTTTTGGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCT  581
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CTTGGTTGTGAATTTTTGGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCT  540

Query  582  CAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGC-GGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  541  CAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCCGGAGGA  592


>gb|FJ609219.1| Candida palmioleophila strain IHEM 22283 18S ribosomal RNA gene,
```

```
partial sequence; and internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence
Length=551

 Score = 1018 bits (551),  Expect = 0.0
 Identities = 551/551 (100%), Gaps = 0/551 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  23   GATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACA  82
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    GATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACA  60

Query  83   ATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAG  142
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   ATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAG  120

Query  143  GTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTTAATACTTTGTCAATTTGTTGAT  202
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTTAATACTTTGTCAATTTGTTGAT  180

Query  203  TAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAA  262
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  TAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAA  240

Query  263  GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTT  322
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTT  300

Query  323  TGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTC  382
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  TGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTC  360

Query  383  TCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGA  442
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  TCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGA  420

Query  443  AATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTT  502
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTT  480

Query  503  ATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAA  562
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  ATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAA  540

Query  563  CAACAAACAAG  573
            |||||||||||
Sbjct  541  CAACAAACAAG  551


>emb|FN868154.1| Candida sp. CBS 11774 genomic DNA containing 18S rRNA gene, ITS1,
5.8S rRNA gene, ITS2, 28S rRNA gene, strain CBS11774
Length=1154

 Score = 1000 bits (541),  Expect = 0.0
 Identities = 580/599 (96%), Gaps = 2/599 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  34   TATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTT  93
            ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  1    TATTCTAATTGCCTGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACTATGTTTTTCTT  60

Query  94   TATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAA  153
            |||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||| |||||||||||||  | |||
```

```
Sbjct  61   TATTAGAAACTATTACTTTGGTTTGGCTAAGAAATTAGTTGGGCCAGAGGTTT--ATAAA  118

Query  154  CTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAC  213
            ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  119  CTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTTAAAACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAC  178

Query  214  AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGA  273
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  179  AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGA  238

Query  274  AATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACAT  333
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  239  AATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACAT  298

Query  334  TGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCT  393
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  299  TGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTCCTCTCTCAAACCCT  358

Query  394  TGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGC  453
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  359  CGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGC  418

Query  454  ATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGT  513
            |||||||| ||| | ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  419  ATGAGTGATGCTAAAAAGTGCATTCAGGAACTATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGT  478

Query  514  TGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAG  573
            ||||||| |||| |||||||||||| |||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  479  TGACAATCCTTGATTGTGAATTTTTAGTGTTAGGCTTTGCCTTATAAAACAACAAACAAG  538

Query  574  TTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  539  TTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  597


>dbj|AB016583.1| Candida palmioleophila 5.8S rRNA gene, strain JCM 5218, complete
sequence
Length=538

 Score =  966 bits (523),  Expect = 0.0
 Identities = 538/544 (98%), Gaps = 6/544 (1%)
 Strand=Plus/Plus

Query  31   CTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTT  90
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    CTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTT  60

Query  91   CTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACAC  150
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   CTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACAC  120

Query  151  AAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCA  210
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  AAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCA  180

Query  211  AACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAG  270
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  AACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAG  240

Query  271  CGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCA  330
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  CGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCA  300

Query  331  CATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAAC  390
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  CATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAAC  360

Query  391  CCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATT  450
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATT  420

Query  451  GGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACT  510
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  GGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACT  480

Query  511  CGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAAC  570
            ||||||||||||||||||||||||||| | |||||| ||| |||| |||||||| |||||
Sbjct  481  CGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTT-G-TGTTAG-CTT-GCCT-AAAAAACA-CAAAC  534

Query  571  AAGT  574
            ||||
Sbjct  535  AAGT  538


>dbj|AB016582.1| Candida palmioleophila 5.8S rRNA gene, strain JCM 6896, complete
sequence
Length=538

 Score =  966 bits (523),  Expect = 0.0
 Identities = 538/544 (98%), Gaps = 6/544 (1%)
 Strand=Plus/Plus

Query  31   CTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTT  90
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    CTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTT  60

Query  91   CTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACAC  150
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   CTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACAC  120

Query  151  AAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCA  210
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  AAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTATTTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCA  180

Query  211  AACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAG  270
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  AACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAG  240

Query  271  CGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCA  330
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  CGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCA  300

Query  331  CATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAAC  390
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  CATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAAC  360

Query  391  CCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATT  450
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATT  420

Query  451  GGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACT  510
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  GGCATGAGTGACGCTGAGAAGTGCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACT  480

Query  511  CGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAAC  570
            ||||||||||||||||||||||||||| | |||||| ||| |||| |||||||| |||||
Sbjct  481  CGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTT-G-TGTTAG-CTT-GCCT-AAAAAACA-CAAAC  534
```

```
Query  571  AAGT  574
            ||||
Sbjct  535  AAGT  538


>gb|FJ873416.1| Candida sp. GA1S01 internal transcribed spacer 1, partial sequence;
5.8S ribosomal RNA gene and internal transcribed spacer
2, complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=553

 Score =  946 bits (512),  Expect = 0.0
 Identities = 543/557 (97%), Gaps = 5/557 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  48   GCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATT  107
            |||||| ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    GCGCTT-ATTGCGCGGCGATTAAACCTTATACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATT  59

Query  108  GCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAAT  167
             |||||| ||||||||||||||||| |||||||||||||  | |||||||||||||||||
Sbjct  60   ACTTTGGTTTGGCTAAGAAATTAGTTGGGCCAGAGGTTT--ATAAACTTCAATTTTTAAT  117

Query  168  TGAATTGTTATTTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  118  TGAATTGTTATTTAATTCTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  177

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  178  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  237

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  238  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  297

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  298  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  356

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| 
Sbjct  357  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGATGCTA  416

Query  467  AGAAGTGCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGG  526
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  417  AGAAGTGCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGG  476

Query  527  TTGTGAATTTTTGGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAAT  586
            |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  477  TTGTGAATTTTTAGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAAT  536

Query  587  CAGGTAGGATTACCCGC  603
            |||||||||||||||||
Sbjct  537  CAGGTAGGATTACCCGC  553


>gb|DQ409166.1| Pichia segobiensis strain CECT 10210 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=628

 Score =  904 bits (489),  Expect = 0.0
 Identities = 590/637 (92%), Gaps = 14/637 (2%)
```

```
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGTTTGGC  119

Query  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-TT  179
            | |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| ||
Sbjct  120  TCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATTT  176

Query  180  TAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT  239
            || || ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  177  TATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT  235

Query  240  CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG  299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG  295

Query  300  ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCA  359
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||||
Sbjct  296  ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCA  355

Query  360  TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT  419
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  356  TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT  415

Query  420  AGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT-  477
            |||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |  
Sbjct  416  AGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TGA  473

Query  478  CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTT  536
            ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  ||||||||
Sbjct  474  CAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATTT  531

Query  537  TTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGA  595
            ||||| | | |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  532  TTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGA  591

Query  596  TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  592  TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  628


>emb|AJ606464.1| Candida shehatae var. shehatae 18S rRNA gene (partial), 5.8S
rRNA gene, 26S rRNA (partial) gene, ITS1 and ITS2, strain CBS
5813
Length=783

 Score =  904 bits (489),  Expect = 0.0
 Identities = 594/642 (92%), Gaps = 17/642 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  63   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  120
```

```
Query  120   CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTT-TAATTGAATTGTTA-  177
             || |||||| ||| |||||||||||| || |||||||||||||| | ||||||||||||
Sbjct  121   CTTAGAAATAAGTTGGGCCAGAGGTTAAC-CAAACTTCAATTTTATTATTGAATTGTTAT  179

Query  178   TTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACG  236
             ||||  || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  180   TTTATTTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAACG  239

Query  237   GATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTG  296
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  240   GATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTG  299

Query  297   CAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGG  356
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  300   CAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAGAGG  359

Query  357   GCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACT  416
             |||||||||||||||||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  360   GCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAGCCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACT  419

Query  417   CTTAGTC-GAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-G-ACGCTGAGA-AGT  472
             ||||||| || ||||||||||||||||||  ||| ||||||||| | ||  | ||| |||
Sbjct  420   CTTAGTCAGA-CTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATCGGCATGAGTAGTAC--T-AGATAGT  475

Query  473   GCATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTC-GTTGACAATTCTTGGTTGTG  531
             || ||||||| || ||||||||||||||||||||||||| ||||| |||||||||| |||
Sbjct  476   GCTTTCAGGATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCCGTTGAGAATTCTTGGTAGTG  535

Query  532   AATTTTTGGTGTTA-GGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  590
             ||||||| || | | |||| ||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  536   AATTTTTAGTATCATGGCTCTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  595

Query  591   TAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  596   TAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  637


>dbj|AB513338.1| Pichia sp. MT-LUC0016 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,
26S rRNA, partial and complete sequence
Length=653

 Score =  898 bits (486),  Expect = 0.0
 Identities = 589/637 (92%), Gaps = 14/637 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  26    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  85

Query  61    CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120
             ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  86    CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGTTTGGC  144

Query  121   TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-TT  179
             | |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| ||
Sbjct  145   TCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATTT  201

Query  180   TAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT  239
             || || ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  202   TATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT  260

Query  240   CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG  299
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG  320
```

```
Query  300   ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCA  359
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||||
Sbjct  321   ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCA  380

Query  360   TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT  419
             |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381   TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT  440

Query  420   AGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT-  477
             ||| |||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  441   AGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TGA  498

Query  478   CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTT  536
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  ||||||||
Sbjct  499   CAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATTT  556

Query  537   TTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGA  595
             ||||| | | |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  557   TTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGA  616

Query  596   TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  617   TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  653


>dbj|AB513336.1| Pichia sp. MT-LUC0012 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,
26S rRNA, partial and complete sequence
Length=653

 Score =  898 bits (486),  Expect = 0.0
 Identities = 589/637 (92%), Gaps = 14/637 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  26    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  85

Query  61    CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120
             ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  86    CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGTTTGGC  144

Query  121   TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-TT  179
             | |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| ||
Sbjct  145   TCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATTT  201

Query  180   TAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT  239
             || || ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  202   TATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT  260

Query  240   CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG  299
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG  320

Query  300   ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCA  359
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||||
Sbjct  321   ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCA  380

Query  360   TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT  419
             |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381   TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT  440

Query  420   AGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT-  477
             ||| |||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
```

```
Sbjct  441  AGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TGA  498

Query  478  CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTT  536
            ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  ||||||||
Sbjct  499  CAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATTT  556

Query  537  TTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGA  595
            ||||| | | |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  557  TTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGA  616

Query  596  TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  617  TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  653


>dbj|AB513335.1| Pichia sp. MT-LUC0009 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,
26S rRNA, partial and complete sequence
Length=653

 Score =  898 bits (486),  Expect = 0.0
 Identities = 590/638 (92%), Gaps = 16/638 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  26   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  85

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  86   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  143

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  144  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  200

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  259

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  260  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  319

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  320  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  379

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  380  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  439

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  440  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  497

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  498  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGATACTTCT-GGCGGTGAATT  555

Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  556  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  615

Query  595  ATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  616  ATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  653


>dbj|AB513334.1| Pichia sp. MT-LUC0008 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,
26S rRNA, partial and complete sequence
Length=653

 Score =  898 bits (486),  Expect = 0.0
 Identities = 589/637 (92%), Gaps = 14/637 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  26   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  85

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  86   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGTTTGGC  144

Query  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-TT  179
            | |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| ||
Sbjct  145  TCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATTT  201

Query  180  TAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT  239
            || || ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  202  TATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT  260

Query  240  CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG  299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261  CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG  320

Query  300  ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCA  359
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||||
Sbjct  321  ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCA  380

Query  360  TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT  419
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381  TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT  440

Query  420  AGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT-  477
            |||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  441  AGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TGA  498

Query  478  CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTT  536
            ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  ||||||||
Sbjct  499  CAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATTT  556

Query  537  TTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGA  595
            ||||| | |  ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  557  TTGGTATATTTGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGA  616

Query  596  TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  617  TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  653


>dbj|AB513333.1| Pichia sp. MT-LUC0007 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,
26S rRNA, partial and complete sequence
Length=653

 Score =  898 bits (486),  Expect = 0.0
 Identities = 589/637 (92%), Gaps = 14/637 (2%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  26   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  85

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGC  120
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  86   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGTTTGGC  144

Query  121  TAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-TT  179
            | |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| ||
Sbjct  145  TCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATTT  201

Query  180  TAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT  239
            || || ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  202  TATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT  260

Query  240  CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG  299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261  CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG  320

Query  300  ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCA  359
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||||
Sbjct  321  ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCA  380

Query  360  TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT  419
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381  TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT  440

Query  420  AGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT-  477
            |||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  441  AGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TGA  498

Query  478  CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTT  536
            ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  ||||||||
Sbjct  499  CAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATTT  556

Query  537  TTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGA  595
            ||||| | |  ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  557  TTGGTATATTTGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGA  616

Query  596  TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  617  TTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  653


>gb|CP000497.1| Pichia stipitis CBS 6054 chromosome 3, complete sequence
Length=1841851

 Features flanking this part of subject sequence:
   606 bp at 5' side: predicted protein
   4526 bp at 3' side: Unknown protein

 Score =  898 bits (486),  Expect = 0.0
 Identities = 590/638 (92%), Gaps = 16/638 (2%)
 Strand=Plus/Minus

Query  1        TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
                ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  1709780  TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  
1709721

Query  61       CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
                ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
```

```
Sbjct  1709720  CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG
1709663

Query  120      CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
                || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  1709662  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT
1709606

Query  179      TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
                ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709605  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA
1709547

Query  239      TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709546  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA
1709487

Query  299      GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  1709486  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC
1709427

Query  359      ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709426  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT
1709367

Query  419      TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
                ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  1709366  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG
1709309

Query  478      -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
                 ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  1709308  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT
1709251

Query  536      TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
                |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709250  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG
1709191

Query  595      ATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709190  ATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  1709153


>gb|DQ409167.1| Pichia stipitis strain CECT 1922 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=628

 Score =  898 bits (486),  Expect = 0.0
 Identities = 590/638 (92%), Gaps = 16/638 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
```

```
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  118

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  119  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  175

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  176  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  234

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  235  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  294

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  295  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  354

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  355  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  414

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  415  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  472

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  473  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  530

Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  590

Query  595  ATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  591  ATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  628


>dbj|AB513332.1| Pichia sp. MT-LUC0006 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,
26S rRNA, partial and complete sequence
Length=654

 Score =  893 bits (483),  Expect = 0.0
 Identities = 589/638 (92%), Gaps = 15/638 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  26   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  85

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  86   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  143

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  144  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  200

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201  TTATTATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  260

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  320

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  321  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  380

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  440

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | | 
Sbjct  441  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  498

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  499  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  556

Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | |  ||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  557  TTTGGTATATTTGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  616

Query  595  ATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  617  ATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  654


>gb|AY227905.1| Candida sp. BG02-4-1-3-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S
ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=611

 Score =  863 bits (467),  Expect = 0.0
 Identities = 571/619 (92%), Gaps = 16/619 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  63   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  120

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  121  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  177

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  178  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  236

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  237  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  296

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  297  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  356

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  357  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  416

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  417  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  474

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  475  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  532

Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  592

Query  595  ATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            |||||||||||||||||||
Sbjct  593  ATTACCCGCTGAACTTAAG  611


>gb|AY227904.1| Candida sp. BG02-2-11-6-5 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and
26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=611

 Score =  863 bits (467),  Expect = 0.0
 Identities = 571/619 (92%), Gaps = 16/619 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  63   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  120

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  121  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  177

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  178  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  236

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  237  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  296

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  297  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  356

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  357  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  416

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  417  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  474

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  475  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  532
```

```
Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  592

Query  595  ATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            |||||||||||||||||||
Sbjct  593  ATTACCCGCTGAACTTAAG  611


>gb|AY227903.1| Candida sp. BG02-7-16-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S
ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=611

 Score =  863 bits (467),  Expect = 0.0
 Identities = 571/619 (92%), Gaps = 16/619 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  63   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  120

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  121  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  177

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  178  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  236

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  237  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  296

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  297  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  356

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  357  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  416

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | | 
Sbjct  417  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  474

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  475  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  532

Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  592

Query  595  ATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            |||||||||||||||||||
Sbjct  593  ATTACCCGCTGAACTTAAG  611
```

```
>gb|AY227902.1| Pichia sp. KS-42-W2 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and
internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S ribosomal
RNA gene, partial sequence
Length=611

 Score =  863 bits (467),  Expect = 0.0
 Identities = 571/619 (92%), Gaps = 16/619 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  63   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  120

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  121  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  177

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  178  TTATTATTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  236

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  237  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  296

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  297  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  356

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  357  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  416

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | | 
Sbjct  417  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  474

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  475  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  532

Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  592

Query  595  ATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            |||||||||||||||||||
Sbjct  593  ATTACCCGCTGAACTTAAG  611


>gb|AY227901.1| Candida sp. BG01-5-4-2-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S
ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=611

 Score =  863 bits (467),  Expect = 0.0
 Identities = 571/619 (92%), Gaps = 16/619 (2%)
```

```
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  63   CGGCGAAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  120

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  121  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  177

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  178  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  236

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  237  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  296

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  297  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  356

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  357  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  416

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | | 
Sbjct  417  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  474

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  475  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  532

Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  592

Query  595  ATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            |||||||||||||||||||
Sbjct  593  ATTACCCGCTGAACTTAAG  611


>gb|AY227900.1| Candida sp. GA012-1-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene and
internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 26S
ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=611

 Score =  863 bits (467),  Expect = 0.0
 Identities = 571/619 (92%), Gaps = 16/619 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  63   CGGCGAAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  120
```

```
Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  121  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  177

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  178  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  236

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  237  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  296

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  297  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  356

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  357  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  416

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  417  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  474

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  475  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  532

Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  592

Query  595  ATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            |||||||||||||||||||
Sbjct  593  ATTACCCGCTGAACTTAAG  611


>gb|AY227907.1| Candida sp. BG02-7-14-003-2-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA
gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=611

 Score =  857 bits (464),  Expect = 0.0
 Identities = 570/619 (92%), Gaps = 16/619 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  63   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  120

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| |||||||||||||||  ||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  121  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-TAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  177

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  178  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  236
```

```
Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  237  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  296

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  297  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  356

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  357  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  416

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  417  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  474

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  475  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  532

Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  592

Query  595  ATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            |||||||||||||||||||
Sbjct  593  ATTACCCGCTGAACTTAAG  611


>gb|AY227906.1| Candida sp. BG02-7-14-003-1-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA
gene and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=611

 Score =  857 bits (464),  Expect = 0.0
 Identities = 570/619 (92%), Gaps = 16/619 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  63   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  120

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| |||||||||||||||  ||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  121  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-TAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  177

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  178  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  236

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  237  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  296

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  297  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  356

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  357   ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  416

Query  419   TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
             ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | | 
Sbjct  417   TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  474

Query  478   -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
              ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  475   ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  532

Query  536   TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
             |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533   TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  592

Query  595   ATTACCCGCTGAACTTAAG  613
             |||||||||||||||||||
Sbjct  593   ATTACCCGCTGAACTTAAG  611


>gb|GU256745.1| Pichia stipitis strain ATCC 62970 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=601

 Score =  848 bits (459),  Expect = 0.0
 Identities = 563/611 (92%), Gaps = 16/611 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  15    TGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCT  74
             ||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||||||||  ||||||
Sbjct  1     TGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGGCGAAAAAACCT  60

Query  75    TACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGGCTAAGAAATTAGTC  133
             |||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | ||||| |||||| ||| 
Sbjct  61    TACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGGCTCAGAAATGAGTT  118

Query  134   GGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-TTTAATACTTTGTCA  192
             ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |||| || |||||||
Sbjct  119   GGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATTTTATTAATTTGTCA  175

Query  193   ATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCG  252
             |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  176   ATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCG  234

Query  253   CATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATC  312
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  235   CATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATC  294

Query  313   ATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGC  372
             ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct  295   ATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGC  354

Query  373   GTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGC  432
             ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  355   GTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGC  414

Query  433   GTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT-CAGGAA-ATATCA  489
             ||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |  ||| || || |||
Sbjct  415   GTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TGACAG-AATATTTCA  471

Query  490   ATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGGTGT-TAGGC  548
             ||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  ||||||||||||| | | |||
```

```
Sbjct  472  ATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATTTTTGGTATATTGGC  530

Query  549  TTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAAC  608
            ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  TTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAAC  590

Query  609  TTAAGCATATC  619
            |||||||||||
Sbjct  591  TTAAGCATATC  601


>emb|FM178314.1| Candida coipomoensis 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA
gene, ITS2 and 28S rRNA gene (partial), strain WM 07.91
Length=640

 Score =  848 bits (459),  Expect = 0.0
 Identities = 584/641 (91%), Gaps = 21/641 (3%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATT-CTAATTGCCAGCGCTTAATTGC  59
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||  |  || || ||||||||||||
Sbjct  11   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTAGT-TTTACCTGCGCTTAATTGC  69

Query  60   GCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGG  119
            ||||  |  ||| |||||||||| ||||||||||||||||||||| ||||||||| ||||
Sbjct  70   GCGGTAAACAAATCTTACACACAGTGTTTTTCTTTATTAGAAACTTTTGCTTTGGTTTGG  129

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTG-TTAT  178
            || |||||| ||| |||||||||||||  |  ||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  130  CTTAGAAATAAGTTGGGCCAGAGGTTT--A-TAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTTAT  186

Query  179  TTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  237
            |||  ||  ||||||||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  187  TTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAATTTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  244

Query  238  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  297
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  245  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  304

Query  298  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGG  357
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||
Sbjct  305  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGG  364

Query  358  CATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTGAGTGATACT  416
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||| ||||||||||||
Sbjct  365  CATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTTTTGAGTGATACT  423

Query  417  CTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-G-ACGCTGAGA-AGTG  473
            ||||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||| | ||  | | | ||||
Sbjct  424  CTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTAGTAC--TAA-ATAGTG  480

Query  474  CATTCAGGAA-ATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTG  531
            | |||||||| || | ||||||||||||||||||||||||||||| |||||  | | |||
Sbjct  481  CTTTCAGGAACATTTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGAATTCCCGCTAGTG  540

Query  532  AATTTTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  590
            |||||||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  AATTTTTGGTATAT-GGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  599

Query  591  TAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGG  631
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  600  TAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGG  640
```

```
>gb|AY325112.1| Candida sp. BG03-3-25-1-5 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and
26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=602

 Score =  846 bits (458),  Expect = 0.0
 Identities = 562/610 (92%), Gaps = 16/610 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  63   CGGCGAAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  120

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  121  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  177

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  178  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  236

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  237  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  296

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  297  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  356

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  357  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  416

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  417  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  474

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  475  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  532

Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  592

Query  595  ATTACCCGCT  604
            ||||||||||
Sbjct  593  ATTACCCGCT  602


>gb|AY325111.1| Candida sp. BG03-3-25-1-3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and
26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=602

 Score =  846 bits (458),  Expect = 0.0
 Identities = 562/610 (92%), Gaps = 16/610 (2%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            ||||||  |||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| | |||
Sbjct  63   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGG-TCTGG  120

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-T  178
            || |||||| ||| ||||||||||||||| |||||||||| |||| |||||||||||| |
Sbjct  121  CTCAGAAATGAGTTGGGCCAGAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTATT  177

Query  179  TTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  238
            ||| || ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  178  TTATTAATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGA  236

Query  239  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  237  TCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCA  296

Query  299  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGC  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  297  GATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGC  356

Query  359  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  357  ATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCT  416

Query  419  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCATT  477
            ||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||||   || | | ||| | |
Sbjct  417  TAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAA-ATAGTAC-TG  474

Query  478  -CAGGAA-ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATT  535
             ||| || || |||||||||||||||||||||||||||||| | |||| ||  |||||||
Sbjct  475  ACAG-AATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGACTTCT-GGCGGTGAATT  532

Query  536  TTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  594
            |||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  533  TTTGGTATATTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGG  592

Query  595  ATTACCCGCT  604
            ||||||||||
Sbjct  593  ATTACCCGCT  602


>emb|FM178352.1| Candida ergastensis 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA
gene, ITS2 and 28S rRNA gene (partial), strain WM 07.29
Length=644

 Score =  845 bits (457),  Expect = 0.0
 Identities = 589/647 (91%), Gaps = 31/647 (4%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATT-CTAATTGCCAGCGCTTAATTGC  59
            |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||  |  || || ||||||||||||
Sbjct  11   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGTATTAGT-TTTACCTGCGCTTAATTGC  69

Query  60   GCGG-CGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-T  117
            ||||  ||  ||| |||||||||| |||||||||||||| |||||||||||||||| | |
Sbjct  70   GCGGTAGA-CAAA-CTTACACACAGTGTTTTTCTTTATT-GAAACTATTGCTTTGG-TCT  125

Query  118  GGCTAAGAAATTAGTC-GGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTG-T  175
            | || |||||| || | |||||||||||||  | |||||||||||||||||||||||| |
```

```
Sbjct  126  GACTTAGAAATAAG-CTGGGCCAGAGGTTT--A-AAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTT  181

Query  176  TATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAA  234
            ||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Sbjct  182  TATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAA  239

Query  235  CGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAAT  294
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  240  CGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAAT  299

Query  295  TGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGA  354
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |
Sbjct  300  TGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAA  359

Query  355  GGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTGAGTGAT  413
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||
Sbjct  360  GGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTGAGTGAT  418

Query  414  ACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-G-ACGCTGAGA-A  470
            |||||||||||||||||||||||||||||||  ||| ||||||||| | ||  ||| | |
Sbjct  419  ACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATCGGCATGAGTCGTAC--TGA-ATA  475

Query  471  GTGCATTCAGGAA-ATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTT  528
            |||| || ||||| || | ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  ||
Sbjct  476  GTGCTTTTAGGAACATTTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGAATTCTTA-TT  534

Query  529  -GTGAATTTTTGGTGT-TA-GGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAA  585
             ||||||||||||| | |  |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  535  AGTGAATTTTTGGTATATTTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAA  594

Query  586  TCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  595  TCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  641


>dbj|AB513337.1| Candida sp. MT-LUC0013 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,
26S rRNA, partial and complete sequence
Length=652

 Score =  843 bits (456),  Expect = 0.0
 Identities = 581/638 (91%), Gaps = 21/638 (3%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATT-CTAATTGCCAGCGCTTAATTGC  59
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||  |  || || ||||||||||||
Sbjct  26   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTAGT-TTTACCTGCGCTTAATTGC  84

Query  60   GCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGG  119
            ||||  |  ||| |||||||||| ||||||||||||||||||||| ||||||||| ||||
Sbjct  85   GCGGTAAACAAATCTTACACACAGTGTTTTTCTTTATTAGAAACTTTTGCTTTGGTTTGG  144

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTG-TTAT  178
            || |||||| ||| |||||||||||||  |  ||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  145  CTTAGAAATAAGTTGGGCCAGAGGTTT--A-TAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTTAT  201

Query  179  TTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  237
            |||  ||  ||||||||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  202  TTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAATTTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  259

Query  238  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  297
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  260  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  319

Query  298  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGG  357
```

```
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||
Sbjct  320  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGG  379

Query  358  CATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTGAGTGATACT  416
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||| ||||||||||||
Sbjct  380  CATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTTTTGAGTGATACT  438

Query  417  CTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-G-ACGCTGAGA-AGTG  473
            ||||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||| | ||  | | | ||||
Sbjct  439  CTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTAGTAC--TAA-ATAGTG  495

Query  474  CATTCAGGAA-ATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTG  531
            | |||||||| || | ||||||||||||||||||||||||||||| |||||  | | |||
Sbjct  496  CTTTCAGGAACATTTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGAATTCCCGCTAGTG  555

Query  532  AATTTTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  590
            |||||||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  556  AATTTTTGGTATAT-GGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  614

Query  591  TAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGG  628
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  615  TAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGG  652


>gb|EF627975.1| Candida lignicola strain NBRC 102564 internal transcribed spacer
1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence;
and internal transcribed spacer 2, partial sequence
Length=665

 Score =  841 bits (455),  Expect = 0.0
 Identities = 580/636 (91%), Gaps = 26/636 (4%)
 Strand=Plus/Plus

Query  9    TGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTA--ATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCG-  65
            |||||||||||||||||||||||||| || ||   || ||||||||||||||||||| |
Sbjct  43   TGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGT-TT-TAGTTTTACCAGCGCTTAATTGCGCGGTGA  100

Query  66   ATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGCTAAGA  125
            |  ||| |||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| |||||| |||
Sbjct  101  ACAAAATCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGTTTGGCTTAGA  159

Query  126  AATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTG-TTATTTAATA  184
            ||| ||| ||| |||||||||  |  ||||||||||||||||||||||| ||||||| ||
Sbjct  160  AATAAGTTGGG-CAGAGGTTT--A-TAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTTATTTATTA  215

Query  185  CTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTT  244
              ||||||||||||||||||| |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  216  -ATTGTCAATTTGTTGATTAATTTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTT  273

Query  245  GGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTT  304
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  274  GGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTT  333

Query  305  CGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCT  364
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||||||||
Sbjct  334  CGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCATGCCT  393

Query  365  GTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTC  423
            ||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  394  GTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTC  452

Query  424  GAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-G-ACGCTGAGA-AGTGCATTCAG  480
            |||||||||||||||||||||  |||||||| |||| | ||  | | | ||||| |||||
Sbjct  453  GAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTAGTAC--TAA-ATAGTGCTTTCAG  509
```

```
Query  481  GAA-ATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTT  538
            ||| || | ||||||||||||||||||||||||||||| | |||||| | ||||||||||
Sbjct  510  GAACATTTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGATTTCTTGCTAGTGAATTTTT  569

Query  539  GGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATT  597
            ||| | | |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  570  GGTATAT-GGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATT  628

Query  598  ACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGC-GGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||| ||||| ||||||
Sbjct  629  ACCCGCTGAACTTAAGCATATCATTAAGCCGGAGGA  664


>gb|EU343874.1| Candida coipomoensis strain MUCL 29818 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=627

 Score =  830 bits (449),  Expect = 0.0
 Identities = 574/631 (90%), Gaps = 21/631 (3%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATT-CTAATTGCCAGCGCTTAATTGC  59
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||  |  || || ||||||||||||
Sbjct  8    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTAGT-TTTACCTGCGCTTAATTGC  66

Query  60   GCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGG  119
            ||||  |  ||| |||||||||| ||||||||||||||||||||| ||||||||| ||||
Sbjct  67   GCGGTAAACAAATCTTACACACAGTGTTTTTCTTTATTAGAAACTTTTGCTTTGGTTTGG  126

Query  120  CTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTG-TTAT  178
            || |||||| ||| |||||||||||||  |  ||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  127  CTTAGAAATAAGTTGGGCCAGAGGTTT--A-TAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTTAT  183

Query  179  TTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  237
            |||  ||  ||||||||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  184  TTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAATTTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  241

Query  238  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  297
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  242  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  301

Query  298  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGG  357
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||
Sbjct  302  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGG  361

Query  358  CATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTGAGTGATACT  416
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||| ||||||||||||
Sbjct  362  CATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTTTTGAGTGATACT  420

Query  417  CTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-G-ACGCTGAGA-AGTG  473
            ||||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||| | ||  | | | ||||
Sbjct  421  CTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTAGTAC--TAA-ATAGTG  477

Query  474  CATTCAGGAA-ATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTG  531
            | |||||||| || | ||||||||||||||||||||||||||||| |||||  | | |||
Sbjct  478  CTTTCAGGAACATTTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGAATTCCCGCTAGTG  537

Query  532  AATTTTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  590
            |||||||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  538  AATTTTTGGTATAT-GGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  596
```

```
Query  591  TAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  621
            |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  597  TAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  627


>gb|EU343826.1| Candida ergastensis strain MUCL 30034 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=627

 Score =  824 bits (446),  Expect = 0.0
 Identities = 578/636 (90%), Gaps = 31/636 (4%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATT-CTAATTGCCAGCGCTTAATTGC  59
            |||||||||||||||||||||||||||||| ||||||  |  || || ||||||||||||
Sbjct  8    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTATTGTATTAGT-TTTACCTGCGCTTAATTGC  66

Query  60   GCGG-CGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCT-T  117
            ||||  ||  ||| |||||||||| |||||||||||||| |||||||||||||||| | |
Sbjct  67   GCGGTAGA-CAAA-CTTACACACAGTGTTTTTCTTTATT-GAAACTATTGCTTTGG-TCT  122

Query  118  GGCTAAGAAATTAGTC-GGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTG-T  175
            | || |||||| || | |||||||||||||  | |||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  123  GACTTAGAAATAAG-CTGGGCCAGAGGTTT--A-AAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTT  178

Query  176  TATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAA  234
            ||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Sbjct  179  TATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAA  236

Query  235  CGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAAT  294
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  237  CGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAAT  296

Query  295  TGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGA  354
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |
Sbjct  297  TGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAA  356

Query  355  GGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTGAGTGAT  413
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||
Sbjct  357  GGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTGAGTGAT  415

Query  414  ACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-G-ACGCTGAGA-A  470
            |||||||||||||||||||||||||||||||  ||| ||||||||| | ||  ||| | |
Sbjct  416  ACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATCGGCATGAGTCGTAC--TGA-ATA  472

Query  471  GTGCATTCAGGAA-ATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTT  528
            |||| || ||||| || | ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  ||
Sbjct  473  GTGCTTTTAGGAACATTTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGAATTCTTA-TT  531

Query  529  -GTGAATTTTTGGTGT-TA-GGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAA  585
             ||||||||||||| | |  |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  532  AGTGAATTTTTGGTATATTTGGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAA  591

Query  586  TCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  621
            |||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  592  TCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  627


>gb|GQ458025.1| Debaryomyces hansenii strain MA09-AK 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
```

```
Length=2991

 Score =  819 bits (443),  Expect = 0.0
 Identities = 588/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1753  TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  1812

Query  61    CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
             ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  1813  CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  1870

Query  117   TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
             ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  1871  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  1928

Query  170   AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
             ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  1929  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  1987

Query  229   CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1988  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  2047

Query  289   ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2048  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  2107

Query  349   TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  2108  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  2166

Query  408   AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  2167  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  2225

Query  468   GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  2226  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  2280

Query  525   GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
               | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  2281  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  2339

Query  581   TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2340  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  2391


>dbj|AB220031.1| Debaryomyces fabryi genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,
26S rRNA, partial sequence, strain: IFM 54260
Length=648

 Score =  819 bits (443),  Expect = 0.0
 Identities = 588/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  10   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  69

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
```

```
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  70   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  127

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  128  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  185

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  186  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  244

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  245  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  304

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  305  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  364

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  365  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  423

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  424  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  482

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  483  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  537

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  538  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  596

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  597  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  648


>gb|EU149789.1| Debaryomyces hansenii strain CBS 10686 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=639

 Score =  819 bits (443),  Expect = 0.0
 Identities = 588/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  118

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  119  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  176

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
```

```
Sbjct  177  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  235

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  295

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  355

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  356  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  414

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| 
Sbjct  415  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  473

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  474  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  528

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  529  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  587

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  639


>gb|EU569041.1| Debaryomyces hansenii isolate CNRMA 200600935 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=639

 Score =  819 bits (443),  Expect = 0.0
 Identities = 588/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  118

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  119  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  176

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  177  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  235

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  295

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  355
```

```
Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  356  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  414

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  415  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  473

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  474  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  528

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  529  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  587

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  639


>gb|EU569037.1| Debaryomyces hansenii isolate CNRMA 200500815 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=639

 Score =  819 bits (443),  Expect = 0.0
 Identities = 588/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  118

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  119  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  176

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  177  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  235

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  295

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  355

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  356  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  414

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  415  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  473
```

```
Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  474  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  528

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  529  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  587

Query  581  TCAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  639


>gb|EU568915.1| Debaryomyces hansenii 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and
internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S
ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=639

 Score =  819 bits (443),  Expect = 0.0
 Identities = 588/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  118

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  119  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  176

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  177  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  235

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  295

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  355

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  356  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  414

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  415  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  473

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  474  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  528

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  529  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  587

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  639


>gb|EF196809.1| Debaryomyces hansenii voucher MCCC2E00323 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=667

 Score =  819 bits (443),  Expect = 0.0
 Identities = 588/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Minus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  640  TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  581

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  580  CGGCGAAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  523

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  522  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  465

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  464  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  406

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  405  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  346

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  345  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  286

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  285  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  227

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  226  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  168

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  167  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  113

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  112  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  54

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  53   TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  2


>gb|AF210326.1|AF210326 Debaryomyces hansenii var. fabryi CBS789 internal
transcribed
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed
spacer 2, complete sequence
Length=639
```

```
 Score =  819 bits (443),  Expect = 0.0
 Identities = 588/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  118

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  119  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  176

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  177  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  235

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  295

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  355

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  356  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  414

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  415  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  473

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  474  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  528

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  529  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  587

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  639


>gb|GU213439.1| Saccharomycetes sp. HZ10 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and
28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=640

 Score =  817 bits (442),  Expect = 0.0
 Identities = 586/650 (90%), Gaps = 31/650 (4%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  62
```

```
Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  ||||||||||||| |||||||| | ||||||  | |||||||||||||| |
Sbjct  63   CGGCGAAAAAACCTTACACACTATGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTATTGCTTTGG-TC  120

Query  117  TGGCT-AAGAAATTAG--TCGGGCCAGAGGTTTACAC-AAACTTCAATTTTTA-ATTGAA  171
            || ||  ||||| |||  | |||||||||||||| || ||||||||| ||||| ||||||
Sbjct  121  TGTCTCTAGAAA-TAGATTTGGGCCAGAGGTTTA-ACTAAACTTCAA-TTTTATATTGAA  177

Query  172  TTGTTATTTAA--TACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTC  229
            ||||| | |||  ||  ||||||||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||
Sbjct  178  TTGTT-TCTAATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAATTTCAAAAAATCTTCAAAACTTTC  235

Query  230  AACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATA  289
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  AACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATA  295

Query  290  TGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATT  349
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  TGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATT  355

Query  350  CCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAG  409
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  356  CCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAG  415

Query  410  TGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-G-ACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||| | ||  |||
Sbjct  416  TGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATCGGCATGAGTAGTAC--TGA  473

Query  468  GA-AGTGCATTCAGGAAATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTG  525
             | ||| | |||| ||  | | ||||||||||||||||||||||||||||| | |  ||
Sbjct  474  -ATAGTAC-TTCAAGACTTTTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-A-TGGTTT  529

Query  526  -GTTGTGAATTTTTGGTGTTA--GGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTC  582
             || || ||||||| || |||  ||||  |||||| || |||||||||||||||||||||
Sbjct  530  AGTAGTAAATTTTTAGTATTATTGGCTCGGCCTTACAATACAACAAACAAGTTTGACCTC  589

Query  583  AAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  590  AAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  639


>emb|FM178351.1| Candida glaebosa 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA gene,
ITS2 and 28S rRNA gene (partial), strain WM 07.36
Length=637

 Score =  815 bits (441),  Expect = 0.0
 Identities = 582/644 (90%), Gaps = 33/644 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||| |||||| |||||||||||||
Sbjct  13   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCT-ATTGCCTGCGCTTAATTGCG  71

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGT-TTTTCTTTATTA-GAAACTATTGCTTTGGCTTG  118
            |||||| ||||||||  |||||| || |||| ||||||| | ||||||| |||||| |||
Sbjct  72   CGGCGA-TAAACCTT--ACACAACGTGTTTT-TTTATTATG-AACTATTACTTTGGTTTG  126

Query  119  GCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-  177
            |||||||||||||| | |||||||| | |   ||||||||| |||| ||||||||||||
Sbjct  127  GCTAAGAAATTAGTTGAGCCAGAGG-TGATTTAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTAT  183

Query  178  TTTAATACT-TTGTCAATTTGTTGATTAAATTC-AAACAATCTTCAAAACTTTCAACAAC  235
            ||||||  | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  184  TTTAAT-TTATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAAC  242
```

```
Query  236  GGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATT  295
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  243  GGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATT  302

Query  296  GCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAG  355
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  303  GCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCACCCTCTGGTATTCCAGAG  362

Query  356  GGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATAC  415
            || ||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  363  GGTATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTTGGGTTTGGTATTGAGTGATAC  422

Query  416  TCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-GACGCTGAGA-AGTG  473
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||| |||| |  | ||| | ||||
Sbjct  423  TCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATATATTGGCACGAGTAGT-GTTGA-ACAGTG  480

Query  474  CAT-TCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAAT-TCTT-GGTTGT  530
              | || | ||   |||||||||||||||||||||||||||||| |   | || ||| ||
Sbjct  481  T-TGTCTG-AAC-ATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-AGCGT-TTAGGTCGT  535

Query  531  GAAT-TT-TTGGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCA  588
             | | || ||  | | ||||||||||||| |||||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  536  -ACTATTCTTCAT-T-AGGCTTTGCCTTATAAAACA-CAAACAAGTTTGACCTCAAATCA  591

Query  589  GGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  592  GGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  635


>gb|HM032737.1| Debaryomyces hansenii strain NJ147 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=637

 Score =  813 bits (440),  Expect = 0.0
 Identities = 585/649 (90%), Gaps = 33/649 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  4    GTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGG  63
            |||||||||||||||||||||||||||| |||||||  ||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    GTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCGCGG  60

Query  64   CGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-TGG  119
            |||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | |||
Sbjct  61   CGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TCTGG  118

Query  120  -CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTGAAT  172
             || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| |||||||
Sbjct  119  ACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTGAAT  176

Query  173  TGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAA  231
            |||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  177  TGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAA  235

Query  232  CAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATG  291
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATG  295

Query  292  AATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCC  351
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  AATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCC  355
```

```
Query  352  AGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTGAGT  410
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||||||
Sbjct  356  AGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTGAGT  414

Query  411  GATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-  469
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| || 
Sbjct  415  GATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-GAT  473

Query  470  AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTTGGT  527
            ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||  |
Sbjct  474  AGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TTAAT  528

Query  528  TGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCA  583
             || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||||||
Sbjct  529  GGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACCTCA  587

Query  584  AATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  AATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  636


>gb|GQ458041.1| Debaryomyces hansenii strain ATCC 60978 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=2961

 Score =  813 bits (440),  Expect = 0.0
 Identities = 587/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1729  TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  1788

Query  61    CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
             ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  1789  CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  1846

Query  117   TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
             ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  1847  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  1904

Query  170   AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
             ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  1905  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  1963

Query  229   CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1964  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  2023

Query  289   ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2024  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  2083

Query  349   TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  2084  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  2142

Query  408   AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
             ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| 
Sbjct  2143  AGTGATACTCTTAGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  2201

Query  468   GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
```

```
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  2202  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  2256

Query  525   GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
               | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  2257  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  2315

Query  581   TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2316  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  2367


>gb|GQ458019.1| Debaryomyces hansenii strain MA09-J 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=2969

 Score =  813 bits (440),  Expect = 0.0
 Identities = 587/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1737  TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  1796

Query  61    CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
             ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  1797  CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  1854

Query  117   TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
             ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  1855  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  1912

Query  170   AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
             ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  1913  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  1971

Query  229   CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1972  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  2031

Query  289   ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2032  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  2091

Query  349   TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  2092  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  2150

Query  408   AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
             ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  2151  AGTGATACTCTTAGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  2209

Query  468   GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  2210  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  2264

Query  525   GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
               | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  2265  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  2323

Query  581   TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  2324  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  2375


>gb|GQ376084.1| Debaryomyces hansenii var. hansenii isolate UOA/HCPF 5104 18S
ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed
spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=663

 Score =  813 bits (440),  Expect = 0.0
 Identities = 587/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  25   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  84

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  85   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  142

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  143  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  200

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  201  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  259

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  260  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  319

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  320  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  379

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  380  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  438

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| 
Sbjct  439  AGTGATACTCTTAGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  497

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  498  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  552

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  553  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  611

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  612  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  663


>dbj|AB220030.1| Debaryomyces hansenii var. hansenii genes for 18S rRNA, ITS1,
5.8S rRNA, ITS2, 26S rRNA, partial sequence, strain: IFM 54259
Length=648

 Score =  813 bits (440),  Expect = 0.0
```

```
 Identities = 587/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  10   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  69

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  70   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  127

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  128  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  185

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  186  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  244

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  245  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  304

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  305  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  364

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  365  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  423

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| 
Sbjct  424  AGTGATACTCTTAGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  482

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  483  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  537

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  538  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  596

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  597  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  648


>gb|EU569039.1| Debaryomyces hansenii isolate CNRMA 200600362 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=639

 Score =  813 bits (440),  Expect = 0.0
 Identities = 587/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
```

```
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  118

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  119  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  176

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  177  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  235

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  295

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  355

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  356  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  414

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| 
Sbjct  415  AGTGATACTCTTAGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  473

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  474  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  528

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  529  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  587

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  639


>gb|EF432798.1| Pueraria montana var. lobata from China: Jiangxi 18S ribosomal
RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1,
5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2,
complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=657

 Score =  813 bits (440),  Expect = 0.0
 Identities = 587/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  19   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  78

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  79   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  136

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  137  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  194

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  195  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  253
```

```
Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  254  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  313

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  314  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  373

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  374  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  432

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  433  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  491

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  492  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  546

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  547  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  605

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  606  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACGTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  657


>gb|EF432797.1| Pueraria montana var. lobata from China: Jiangxi 18S ribosomal
RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1,
5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2,
complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=657

 Score =  813 bits (440),  Expect = 0.0
 Identities = 587/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  19   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  78

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||| ||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  79   CGGCGAAAAAACCTTATACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  136

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  137  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  194

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  195  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  253

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  254  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  313

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  314  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  373
```

```
Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  374  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  432

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| 
Sbjct  433  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  491

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  492  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  546

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  547  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  605

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  606  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  657


>gb|AF210327.1|AF210327 Debaryomyces hansenii var. hansenii CBS767 internal
transcribed
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed
spacer 2, complete sequence
Length=639

 Score =  813 bits (440),  Expect = 0.0
 Identities = 587/652 (90%), Gaps = 33/652 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  118

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  119  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  176

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  177  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  235

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  295

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  355

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  356  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  414

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| 
Sbjct  415  AGTGATACTCTTAGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  473

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
```

```
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  474  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  528

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  529  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  587

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  639


>gb|GQ913348.1| Debaryomyces hansenii strain W4682 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=618

 Score =  811 bits (439),  Expect = 0.0
 Identities = 579/641 (90%), Gaps = 32/641 (4%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||| |||||| |||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCT-ATTGCCTGCGCTTAATTGCG  59

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGT-TTTTCTTTATT-AGAAACTATTGCTTTGGCT-T  117
            |||||| ||||||||  |||||| || |||| ||||||  | ||||||| |||||| | |
Sbjct  60   CGGCGA-TAAACCTT--ACACAACGTGTTTT-TTTATTCTG-AACTATTACTTTGG-TCT  113

Query  118  GGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA  177
            ||||||||||||||| |||||||||| | |   ||||||||| |||| ||||||||||||
Sbjct  114  GGCTAAGAAATTAGTTGGGCCAGAGG-TGATTTAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTA  170

Query  178  -TTTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTC-AAACAATCTTCAAAACTTTCAACAAC  235
             ||||||  |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  171  TTTTAAT-TTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAAC  229

Query  236  GGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATT  295
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  230  GGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATT  289

Query  296  GCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAG  355
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  290  GCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCACCCTCTGGTATTCCAGAG  349

Query  356  GGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATAC  415
            || ||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||
Sbjct  350  GGTATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATAC  409

Query  416  TCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-GACGCTGAGA-AGTG  473
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||| |||| |  | ||| | ||||
Sbjct  410  TCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATATATTGGCACGAGTAGT-GTTGA-ACAGTG  467

Query  474  CAT-TCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTTGGTTGTG  531
              | || | ||  ||||||||||||||||||||||||||||||| | |   | ||| | |
Sbjct  468  T-TGTCTG-AAC-ATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGATACAGG-T-GGT-GCG  521

Query  532  AATTTTTGGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGT  591
            | || ||  | | ||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  522  A-TTCTTCAT-T-AGGCTTTGCCTTATAAAACA-CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGT  577

Query  592  AGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  578  AGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  618


>dbj|AB220032.1| Candida psychrophila genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,
26S rRNA, partial sequence, strain: IFM 54261
Length=649

 Score =  809 bits (438),  Expect = 0.0
 Identities = 587/653 (89%), Gaps = 34/653 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  10   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  69

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  70   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  127

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  128  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  185

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  186  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  244

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  245  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  304

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  305  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  364

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  365  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  423

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  424  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  483

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  484  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  537

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  538  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  596

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  597  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  649


>gb|AY040667.1| Candida psychrophila internal transcribed spacer 1, partial
sequence;
5.8S ribosomal RNA gene, complete sequence; and internal
transcribed spacer 2, partial sequence
Length=640

 Score =  809 bits (438),  Expect = 0.0
 Identities = 587/653 (89%), Gaps = 34/653 (5%)
```

```
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  118

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  119  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  176

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  177  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  235

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  295

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  355

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  356  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  414

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  415  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  474

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  475  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  528

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  529  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  587

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  640


>gb|FJ172253.1| Candida sinolaborantium strain ATCC MYA-4337 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=619

 Score =  808 bits (437),  Expect = 0.0
 Identities = 573/632 (90%), Gaps = 36/632 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  11   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCT-TTTGCCAGCGCTTAATTGCG  69

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGG  119
            ||||||  |||||||||||||||||||||| | || ||  |||| |||||||||||||||
Sbjct  70   CGGCGA-AAAACCTTACACACAATGTTTTT-TGTT-TT--AAACCATTGCTTTGGCTTGG  124
```

```
Query  120  -CTAAGAAATTA-GTCGGGCCAGAGGTTTAC-AC-AAACTTCAATTTTTAATTGAATTGT  175
             || ||||| || || ||| ||||||||||| || |||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  125  CCT-AGAAA-TAGGTTGGGTCAGAGGTTTACAACTAAACTTCAATTTTT-ATTGAATTGT  181

Query  176  TATTT-AA-TACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACA  233
            | ||| || || ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  182  T-TTTAAATTA-TTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACA  238

Query  234  ACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAA  293
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  239  ACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAA  298

Query  294  TTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAG  353
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  299  TTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAA  358

Query  354  AGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGAT  413
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct  359  AGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGAT  418

Query  414  ACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTG-ACGCTGAGA-AG  471
            ||||||||||| |||||||||||||||||||  |||||||||||||| ||  || || ||
Sbjct  419  ACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCATGAGTGTAC--TG-GATAG  475

Query  472  TGCATTCAGGAAATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA--ATTCTTGGTT  528
            | | ||| | |  ||| ||||||||||||||||||||||||||||| |  || |  |||
Sbjct  476  TACGTTCTG-AT-TATTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-AGGAT-CA-GGT-  529

Query  529  GTGAATTTTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATC  587
            || ||||| |||||| | ||||  |||||| ||  |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  530  GTAAATTTCTGGTGTATTGGCTCGGCCTTACAA--CAACAAACAAGTTTGACCTCAAATC  587

Query  588  AGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATC  619
            ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  AGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATC  619


>gb|EF198011.1| Debaryomyces pseudopolymorphus strain WC43-3 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=644

 Score =  808 bits (437),  Expect = 0.0
 Identities = 577/639 (90%), Gaps = 31/639 (4%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  17   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  76

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  ||||||||||||| |||||||| | ||||||  | |||||||||||||| |
Sbjct  77   CGGCGAAAAAACCTTACACACTATGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTATTGCTTTGG-TC  134

Query  117  TGGCT-AAGAAATTAG--TCGGGCCAGAGGTTTACAC-AAACTTCAATTTTA-ATTGAA  171
            || ||  ||||| |||  | |||||||||||||| || ||||||||| ||||| ||||||
Sbjct  135  TGTCTCTAGAAA-TAGATTTGGGCCAGAGGTTTA-ACTAAACTTCAA-TTTTATATTGAA  191

Query  172  TTGTTATTTAA--TACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTC  229
            ||||| |||||  ||  ||||||||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||
Sbjct  192  TTGTT-TTTAATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAATTTCAAAAAATCTTCAAAACTTTC  249
```

```
Query  230  AACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATA  289
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  250  AACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATA  309

Query  290  TGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATT  349
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  310  TGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATT  369

Query  350  CCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAG  409
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  370  CCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAG  429

Query  410  TGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-G-ACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||| | ||  |||
Sbjct  430  TGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATCGGCATGAGTAGTAC--TGA  487

Query  468  GA-AGTGCATTCAGGAAATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTG  525
             | ||||| |||| ||  | | ||||||||||||||||||||||||||||| | |  || 
Sbjct  488  -ATAGTGC-TTCAAGACTTTTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-A-TGGTTT  543

Query  526  -GTTGTGAATTTTTGGTGTTA--GGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTC  582
             || || ||||||| || |||  ||||  |||||| || |||||||||||||||||||||
Sbjct  544  AGTAGTAAATTTTTAGTATTATTGGCTCGGCCTTACAACACAACAAACAAGTTTGACCTC  603

Query  583  AAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  621
            ||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  604  AAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  642


>gb|EF222225.1| Debaryomyces hansenii strain gao1hou2 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=658

 Score =  804 bits (435),  Expect = 0.0
 Identities = 580/644 (90%), Gaps = 33/644 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  28   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  87

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  88   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  145

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  146  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  203

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  204  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  262

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  263  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  322

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  323  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  382

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  383  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  441

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  442  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  500

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  501  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  555

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  556  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  614

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  624
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  615  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  658


>gb|EU149790.1| Debaryomyces hansenii strain CBS 10629 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=630

 Score =  802 bits (434),  Expect = 0.0
 Identities = 579/643 (90%), Gaps = 33/643 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  118

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  119  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  176

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  177  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  235

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  295

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  355

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  356  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  414

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  415  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  473

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
```

```
Sbjct  474  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  528

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  529  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  587

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  623
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  630


>gb|EF194843.1| Debaryomyces hansenii voucher MCCC2E00222 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=669

 Score =  802 bits (434),  Expect = 0.0
 Identities = 586/653 (89%), Gaps = 36/653 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  28   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  87

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  88   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  145

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  146  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  203

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  204  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  262

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  263  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  322

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  323  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  382

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  383  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  441

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  442  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  500

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  501  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  555

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  556  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  614

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG-CGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||| |||
Sbjct  615  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA-AAGGCGG-GGA  665
```

```
>gb|EF197815.1| Debaryomyces hansenii strain GAO2 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=657

 Score =  802 bits (434),  Expect = 0.0
 Identities = 579/643 (90%), Gaps = 33/643 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  28   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  87

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  88   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  145

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  146  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  203

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  204  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  262

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  263  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  322

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  323  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  382

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  383  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  441

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  442  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  500

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  501  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  555

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  556  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  614

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  623
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  615  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  657


>gb|EF643596.1| Debaryomyces hansenii strain LN-5 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=669

 Score =  800 bits (433),  Expect = 0.0
```

```
 Identities = 578/642 (90%), Gaps = 33/642 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  29   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  88

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  89   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  146

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  147  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  204

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  205  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  263

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  264  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  323

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  324  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  383

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  384  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  442

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  443  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  501

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  502  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  556

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  557  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  615

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAAT  622
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  616  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAAT  657


>gb|EF643588.1| Debaryomyces hansenii strain LN-2 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=674

 Score =  800 bits (433),  Expect = 0.0
 Identities = 583/649 (89%), Gaps = 35/649 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  29   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  88

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
```

```
Sbjct  89   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  146

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  147  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  204

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  205  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  263

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  264  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  323

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  324  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  383

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  384  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  442

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  443  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  501

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  502  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  556

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  557  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  615

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA-GCGG  628
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||
Sbjct  616  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCA-TAAAGCGG  663


>dbj|AB220029.1| Debaryomyces nepalensis genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA,
ITS2, 26S rRNA, partial sequence, strain: IFM 54258
Length=649

 Score =  798 bits (432),  Expect = 0.0
 Identities = 585/653 (89%), Gaps = 34/653 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  10   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  69

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  70   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTCTTGCTTTGG-TC  127

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  128  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  185

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  186  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  244

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  245  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  304

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  305  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTA  364

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  365  TTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  423

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  424  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  483

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  484  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  537

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  538  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  596

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  597  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  649


>dbj|AB220028.1| Debaryomyces nepalensis genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA,
ITS2, 26S rRNA, partial sequence, strain: IFM 54257
Length=649

 Score =  798 bits (432),  Expect = 0.0
 Identities = 585/653 (89%), Gaps = 34/653 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  10   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  69

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  70   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTCTTGCTTTGG-TC  127

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  128  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  185

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  186  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  244

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  245  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  304

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  305  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTA  364

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  365  TTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  423
```

```
Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  424  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  483

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  484  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  537

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  538  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  596

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  597  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  649


>gb|EF192232.1| Debaryomyces hansenii strain shi2wei 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=646

 Score =  798 bits (432),  Expect = 0.0
 Identities = 577/641 (90%), Gaps = 33/641 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  18   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  77

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  78   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  135

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  136  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  193

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  194  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  252

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  253  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  312

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  313  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  372

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  373  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  431

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| 
Sbjct  432  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  490

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  491  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  545

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
```

```
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  546  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  604

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  621
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  605  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  645


>gb|EF192224.1| Debaryomyces hansenii 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and
internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S
ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=657

 Score =  798 bits (432),  Expect = 0.0
 Identities = 579/644 (89%), Gaps = 34/644 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  28   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  87

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  88   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  145

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  146  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  203

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  204  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  262

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  263  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  322

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  323  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  382

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  383  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  441

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| 
Sbjct  442  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  500

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||   | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  501  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  555

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  556  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  614

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  624
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  615  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCA-TAA  657


>gb|EF193070.1| Debaryomyces hansenii voucher MCCC2E00282 18S ribosomal RNA gene,
```

```
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=673

 Score =  798 bits (432),  Expect = 0.0
 Identities = 577/641 (90%), Gaps = 33/641 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  32   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  91

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  92   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  149

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  150  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  207

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  208  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  266

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  326

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  386

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  387  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  445

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  446  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  504

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  505  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  559

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  560  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  618

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  621
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  619  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  659


>gb|EF222227.1| Debaryomyces hansenii strain gaoyandie zhongchang 18S ribosomal
RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1,
5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2,
complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=656

 Score =  797 bits (431),  Expect = 0.0
 Identities = 576/640 (90%), Gaps = 33/640 (5%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  28   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  87

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  88   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  145

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  146  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  203

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  204  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  262

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  263  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  322

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  323  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  382

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  383  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  441

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  442  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  500

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  501  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  555

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  556  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  614

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCA  620
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  615  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCA  654


>emb|AJ606466.1| Candida coipomoensis 18S rRNA gene (partial), 5.8S rRNA gene,
26S rRNA gene (partial), ITS1 and ITS2, strain CBS 8178
Length=609

 Score =  797 bits (431),  Expect = 0.0
 Identities = 556/613 (90%), Gaps = 21/613 (3%)
 Strand=Plus/Plus

Query  15   TGCGGAAGGATCATTACTGTATT-CTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACC  73
            ||||||||||||||||| |||||  |  || || ||||||||||||||||  |  ||| |
Sbjct  1    TGCGGAAGGATCATTACAGTATTAGT-TTTACCTGCGCTTAATTGCGCGGTAAACAAATC  59

Query  74   TTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTAGTC  133
            ||||||||| ||||||||||||||||||||| ||||||||| |||||| |||||| |||
Sbjct  60   TTACACACAGTGTTTTTCTTTATTAGAAACTTTTGCTTTGGTTTGGCTTAGAAATAAGTT  119

Query  134  GGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTG-TTATTTA-ATACTTTGTC  191
            |||||||||||||  |  ||||||||||||||||||||||| |||||||  ||  |||||
Sbjct  120  GGGCCAGAGGTTT--A-TAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTTATTTATTTA-ATTGTC  175
```

```
Query  192  AATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTC  251
            |||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  176  AATTTGTTGATTAATTTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTC  234

Query  252  GCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAAT  311
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  235  GCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAAT  294

Query  312  CATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAG  371
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  295  CATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAG  354

Query  372  CGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAG  430
            |||||||||||||||||||| || ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  355  CGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTTTTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAG  413

Query  431  GCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-G-ACGCTGAGA-AGTGCATTCAGGAA-ATA  486
            ||||||||||||||  |||||||| |||| | ||  | | | ||||| |||||||| ||
Sbjct  414  GCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTAGTAC--TAA-ATAGTGCTTTCAGGAACATT  470

Query  487  T-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTGTGAATTTTTGGTGT-T  544
            | ||||||||||||||||||||||||||||| |||||  | | ||||||||||||| | |
Sbjct  471  TTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGAATTCCCGCTAGTGAATTTTTGGTATAT  530

Query  545  AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCT  604
             |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  -GGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCT  589

Query  605  GAACTTAAGCATA  617
            |||||||||||||
Sbjct  590  GAACTTAAGCATA  602


>gb|EU343832.1| Candida glaebosa strain MUCL 29834 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=619

 Score =  795 bits (430),  Expect = 0.0
 Identities = 571/633 (90%), Gaps = 33/633 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||| |||||| |||||||||||||
Sbjct  8    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCT-ATTGCCTGCGCTTAATTGCG  66

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGT-TTTTCTTTATTA-GAAACTATTGCTTTGGCTTG  118
            |||||| ||||||||  |||||| || |||| ||||||| | ||||||| |||||| |||
Sbjct  67   CGGCGA-TAAACCTT--ACACAACGTGTTTT-TTTATTATG-AACTATTACTTTGGTTTG  121

Query  119  GCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTA-  177
            |||||||||||||| | |||||||| | |   ||||||||| |||| ||||||||||||
Sbjct  122  GCTAAGAAATTAGTTGAGCCAGAGG-TGATTTAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTTAT  178

Query  178  TTTAATACT-TTGTCAATTTGTTGATTAAATTC-AAACAATCTTCAAAACTTTCAACAAC  235
            ||||||  | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  179  TTTAAT-TTATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAAC  237

Query  236  GGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATT  295
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  238  GGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATT  297
```

```
Query  296  GCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAG  355
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  298  GCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCACCCTCTGGTATTCCAGAG  357

Query  356  GGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATAC  415
            || ||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  358  GGTATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTTGGGTTTGGTATTGAGTGATAC  417

Query  416  TCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-GACGCTGAGA-AGTG  473
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||| |||| |  | ||| | ||||
Sbjct  418  TCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATATATTGGCACGAGTAGT-GTTGA-ACAGTG  475

Query  474  CAT-TCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAAT-TCTT-GGTTGT  530
              | || | |||||  ||||||||||||||||||||||||||||||| |   | || ||| ||
Sbjct  476  T-TGTCTG-AAC-ATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-AGCGT-TTAGGTCGT  530

Query  531  GAAT-TT-TTGGTGTTAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCA  588
             | | || ||  | | ||||||||||||| |||||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  -ACTATTCTTCAT-T-AGGCTTTGCCTTATAAAACA-CAAACAAGTTTGACCTCAAATCA  586

Query  589  GGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  621
            |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  587  GGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  619


>gb|EU149791.1| Debaryomyces hansenii strain CBS 10751 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=624

 Score =  791 bits (428),  Expect = 0.0
 Identities = 573/637 (89%), Gaps = 33/637 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  118

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  119  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  176

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  177  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  235

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  295

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  355

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  356  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  414

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
```

```
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| 
Sbjct  415  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  473

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  474  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  528

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  529  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  587

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATA  617
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATA  624


>gb|EF193068.1| Debaryomyces hansenii voucher MCCC2E00280 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=645

 Score =  791 bits (428),  Expect = 0.0
 Identities = 573/637 (89%), Gaps = 33/637 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  18   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  77

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  78   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  135

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  136  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  193

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  194  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  252

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  253  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  312

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  313  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  372

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  373  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  431

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| 
Sbjct  432  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  490

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  491  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  545

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
```

```
Sbjct  546  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  604

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATA  617
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  605  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATA  641


>gb|DQ668354.1| Debaryomyces hansenii isolate Sy-8 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=633

 Score =  789 bits (427),  Expect = 0.0
 Identities = 572/636 (89%), Gaps = 33/636 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  9    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  68

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  69   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  126

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  127  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  184

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  185  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  243

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  244  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  303

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  304  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  363

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  364  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  422

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  423  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  481

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  482  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  536

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  537  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  595

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCAT  616
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  596  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCAT  631


>gb|AY964676.1| Candida sinolaborantium strain BG04-2-20-1-1-C1 18S ribosomal
RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1,
```

```
5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2,
complete sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=604

 Score =  789 bits (427),  Expect = 0.0
 Identities = 566/626 (90%), Gaps = 37/626 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCT-TTTGCCAGCGCTTAATTGCG  61

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGG  119
            ||||||  |||||||||||||||||||||| | || ||  |||| |||||||||||||||
Sbjct  62   CGGCGA-AAAACCTTACACACAATGTTTTT-TGTT-TT--AAACCATTGCTTTGGCTTGG  116

Query  120  -CTAAGAAATTA-GTCGGGCCAGAGGTTTAC-AC-AAACTTCAATTTTTAATTGAATTGT  175
             || ||||| || || ||| ||||||||||| || |||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  117  CCT-AGAAA-TAGGTTGGGTCAGAGGTTTACAACTAAACTTCAATTTTT-ATTGAATTGT  173

Query  176  TATTT-AA-TACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACA  233
            | ||| || || ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  174  T-TTTAAATTA-TTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACA  230

Query  234  ACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAA  293
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  231  ACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAA  290

Query  294  TTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAG  353
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  291  TTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAA  350

Query  354  AGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGAT  413
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Sbjct  351  AGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTTGGGTTTGGTATTGAGTGAT  410

Query  414  ACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTG-ACGCTGAGA-AG  471
            ||||||||||| |||||||||||||||||||  |||||||||||||| ||  || || ||
Sbjct  411  ACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCATGAGTGTAC--TG-GATAG  467

Query  472  TGCATTCAGGAAATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA--ATTCTTGGTT  528
            | | ||| | |  ||| ||||||||||||||||||||||||||||| |  || |  |||
Sbjct  468  TACGTTCTG-AT-TATTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-AGGAT-CA-GGT-  521

Query  529  GTGAATTTTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATC  587
            || ||||| |||||| | ||||  |||||| ||  ||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  522  GTAAATTTCTGGTGTATTGGCTCGGCCTTACAA--CAACAAACAAGTT-GACCTCAAATC  578

Query  588  AGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  579  AGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAG  604


>gb|AY964675.1| Candida sinolaborantium strain BG04-2-20-1-1-1 18S ribosomal
RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=604

 Score =  789 bits (427),  Expect = 0.0
 Identities = 566/626 (90%), Gaps = 37/626 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCT-TTTGCCAGCGCTTAATTGCG  61

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGG  119
            ||||||  |||||||||||||||||||||| | || ||  |||| |||||||||||||||
Sbjct  62   CGGCGA-AAAACCTTACACACAATGTTTTT-TGTT-TT--AAACCATTGCTTTGGCTTGG  116

Query  120  -CTAAGAAATTA-GTCGGGCCAGAGGTTTAC-AC-AAACTTCAATTTTTAATTGAATTGT  175
             || ||||| || || ||| ||||||||||| || |||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  117  CCT-AGAAA-TAGGTTGGGTCAGAGGTTTACAACTAAACTTCAATTTTT-ATTGAATTGT  173

Query  176  TATTT-AA-TACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACA  233
            | ||| || || ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  174  T-TTTAAATTA-TTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACA  230

Query  234  ACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAA  293
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  231  ACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAA  290

Query  294  TTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAG  353
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| 
Sbjct  291  TTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAA  350

Query  354  AGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGAT  413
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Sbjct  351  AGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTTGGGTTTGGTATTGAGTGAT  410

Query  414  ACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTG-ACGCTGAGA-AG  471
            ||||||||||| |||||||||||||||||||  |||||||||||||| ||  || || ||
Sbjct  411  ACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCATGAGTGTAC--TG-GATAG  467

Query  472  TGCATTCAGGAAATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA--ATTCTTGGTT  528
            | | ||| | |  ||| ||||||||||||||||||||||||||||| |  || |  ||| 
Sbjct  468  TACGTTCTG-AT-TATTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-AGGAT-CA-GGT-  521

Query  529  GTGAATTTTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATC  587
            || ||||| |||||| | ||||  |||||| ||  ||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  522  GTAAATTTCTGGTGTATTGGCTCGGCCTTACAA--CAACAAACAAGTT-GACCTCAAATC  578

Query  588  AGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  579  AGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAG  604


>gb|AY964674.1| Candida sinolaborantium strain CBS 9940 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=604

 Score =  789 bits (427),  Expect = 0.0
 Identities = 566/626 (90%), Gaps = 37/626 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCT-TTTGCCAGCGCTTAATTGCG  61

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGG  119
            ||||||  |||||||||||||||||||||| | || ||  |||| |||||||||||||||
Sbjct  62   CGGCGA-AAAACCTTACACACAATGTTTTT-TGTT-TT--AAACCATTGCTTTGGCTTGG  116

Query  120  -CTAAGAAATTA-GTCGGGCCAGAGGTTTAC-AC-AAACTTCAATTTTTAATTGAATTGT  175
             || ||||| || || ||| ||||||||||| || |||||||||||||| ||||||||||
```

```
Sbjct  117  CCT-AGAAA-TAGGTTGGGTCAGAGGTTTACAACTAAACTTCAATTTTT-ATTGAATTGT  173

Query  176  TATTT-AA-TACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACA  233
            | ||| || || ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  174  T-TTTAAATTA-TTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACA  230

Query  234  ACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAA  293
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  231  ACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAA  290

Query  294  TTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAG  353
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  291  TTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAA  350

Query  354  AGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGAT  413
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct  351  AGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGAT  410

Query  414  ACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTG-ACGCTGAGA-AG  471
            ||||||||||| |||||||||||||||||||  |||||||||||||| ||  || || ||
Sbjct  411  ACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCATGAGTGTAC--TG-GATAG  467

Query  472  TGCATTCAGGAAATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA--ATTCTTGGTT  528
            | | ||| | |  ||| ||||||||||||||||||||||||||||| |  || |  |||
Sbjct  468  TACGTTCTG-AT-TATTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-AGGAT-CA-GGT-  521

Query  529  GTGAATTTTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATC  587
            || ||||| |||||| | ||||  |||||| ||  ||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  522  GTAAATTTCTGGTGTATTGGCTCGGCCTTACAA--CAACAAACAAGTT-GACCTCAAATC  578

Query  588  AGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  579  AGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAG  604


>gb|AY964679.1| Candida temnochilae strain CBS 9939 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=602

 Score =  787 bits (426),  Expect = 0.0
 Identities = 562/622 (90%), Gaps = 31/622 (4%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||| ||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCT-TTTGCCAGCGCTTAACTGCG  61

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGG  119
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | || ||| |||| |||||||||||||||
Sbjct  62   CGGCGA-AAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTT-TTA-AAACCATTGCTTTGGCTTGG  117

Query  120  CTAAGAAATTA-GTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTAT  178
            || ||||| || || |||||| ||||||||  ||||||||| |||| ||||||||||| |
Sbjct  118  CTTAGAAA-TAGGTTGGGCCAAAGGTTTAC-TAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTT-T  172

Query  179  TT-AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  237
            || ||||  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  173  TTAAATA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  230

Query  238  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  297
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  231  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  290
```

```
Query  298  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCT-GGTATTCCAGAGG  356
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||| ||
Sbjct  291  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCC-CTTGGTATTCCAGGGG  349

Query  357  GCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACT  416
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  350  GCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTTGGGTTTGGTATTGAGTGATACT  409

Query  417  CTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGCA  475
            ||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||||||  |||| || ||| |
Sbjct  410  CTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCATGAGTGT-GCTG-GATAGTACG  467

Query  476  TTCAGGAAATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-CAATTCTTGGTTGTGAA  533
            ||| | |  ||| ||||||||||||||||||||||||||||| |  | |  ||| || ||
Sbjct  468  TTCTG-AT-TATTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAACGGT-CA-GGT-GTAAA  522

Query  534  TTTTTGGT-GT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGT  591
            ||| |||| || | ||||  |||||| ||  |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  523  TTTCTGGTAGTATTGGCTCGGCCTTATAA--CAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGT  580

Query  592  AGGATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            ||||||||||||||||||||||
Sbjct  581  AGGATTACCCGCTGAACTTAAG  602


>gb|AY964678.1| Candida temnochilae strain CBS 9938 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=602

 Score =  787 bits (426),  Expect = 0.0
 Identities = 563/623 (90%), Gaps = 33/623 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCT-TTTGCCAGCGCTTAATTGCG  61

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGG  119
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | || ||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  62   CGGCGA-AAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTT-TTA-AAACTATTGCTTTGGCTTGG  117

Query  120  CTAAGAAATTA-GTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTAT  178
            || ||||| || || |||||| |||||||| |||||||||| |||| ||||||||||| |
Sbjct  118  CTTAGAAA-TAGGTTGGGCCAAAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTT-T  172

Query  179  TT-AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  237
            || |||  ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  173  TTAAAT-GTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  230

Query  238  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  297
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  231  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  290

Query  298  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCT-GGTATTCCAGAGG  356
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||| ||
Sbjct  291  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCC-CTTGGTATTCCAGGGG  349

Query  357  GCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-CTTGGGTTTGGTATTGAGTGATAC  415
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |  |||||||||||||||||||||
Sbjct  350  GCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTCA-GGGTTTGGTATTGAGTGATAC  408
```

```
Query  416  TCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGC  474
            ||||||||| |||||||||||||||||||  ||||||||||||||  |||| || ||| |
Sbjct  409  TCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCATGAGTGT-GCTG-GATAGTAC  466

Query  475  ATTCAGGAAATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-CAATTCTTGGTTGTGA  532
             ||| | |  ||| ||||||||||||||||||||||||||||| |  | |  ||| || |
Sbjct  467  GTTCTG-AT-TATTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAACGGT-CG-GGT-GTAA  521

Query  533  ATTTTTGGT-GT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  590
            |||| |||| || | ||||  |||||| ||  ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  522  ATTTCTGGTAGTATTGGCTCGGCCTTACAA--CAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  579

Query  591  TAGGATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            |||||||||||||||||||||||
Sbjct  580  TAGGATTACCCGCTGAACTTAAG  602


>gb|AY964677.1| Candida temnochilae strain BG01-7-25-009A-3-1 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=602

 Score =  787 bits (426),  Expect = 0.0
 Identities = 563/623 (90%), Gaps = 33/623 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCT-TTTGCCAGCGCTTAATTGCG  61

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTTGG  119
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | || ||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  62   CGGCGA-AAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTT-TTA-AAACTATTGCTTTGGCTTGG  117

Query  120  CTAAGAAATTA-GTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAATTTTTAATTGAATTGTTAT  178
            || ||||| || || |||||| |||||||| |||||||||| |||| ||||||||||| |
Sbjct  118  CTTAGAAA-TAGGTTGGGCCAAAGGTTTAC-CAAACTTCAA-TTTT-ATTGAATTGTT-T  172

Query  179  TT-AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  237
            || |||  ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  173  TTAAAT-GTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  230

Query  238  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  297
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  231  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  290

Query  298  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCT-GGTATTCCAGAGG  356
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||| ||
Sbjct  291  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCC-CTTGGTATTCCAGGGG  349

Query  357  GCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-CTTGGGTTTGGTATTGAGTGATAC  415
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||| |  |||||||||||||||||||||
Sbjct  350  GCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTCA-GGGTTTGGTATTGAGTGATAC  408

Query  416  TCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGC  474
            ||||||||| |||||||||||||||||||  ||||||||||||||  |||| || ||| |
Sbjct  409  TCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCATGAGTGT-GCTG-GATAGTAC  466

Query  475  ATTCAGGAAATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-CAATTCTTGGTTGTGA  532
             ||| | |  ||| ||||||||||||||||||||||||||||| |  | |  ||| || |
Sbjct  467  GTTCTG-AT-TATTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAACGGT-CG-GGT-GTAA  521

Query  533  ATTTTTGGT-GT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  590
```

```
            |||| |||| || | ||||  |||||| ||  ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  522  ATTTCTGGTAGTATTGGCTCGGCCTTACAA--CAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGG  579

Query  591  TAGGATTACCCGCTGAACTTAAG  613
            |||||||||||||||||||||||
Sbjct  580  TAGGATTACCCGCTGAACTTAAG  602


>gb|DQ317356.1| Saccharomycetaceae sp. BC41 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and
28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=652

 Score =  785 bits (425),  Expect = 0.0
 Identities = 570/634 (89%), Gaps = 33/634 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  19   GAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACA  78
            ||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||||||||  ||||||||||
Sbjct  1    GAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGAAAAAACCTTACA  60

Query  79   CACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-TGG-CTAAGAAATTAG-T  132
            |||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | ||| || ||||| ||| |
Sbjct  61   CACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TCTGGACT-AGAAA-TAGTT  116

Query  133  CGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTGAATTGTTATTTA-ATACT  186
             |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||||||||||||||  ||
Sbjct  117  TGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTGAATTGTTATTTATTTA-A  175

Query  187  TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGG  246
            |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  176  TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGG  235

Query  247  TTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCG  306
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  TTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCG  295

Query  307  TGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGT  366
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  TGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGT  355

Query  367  TTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGA  425
            ||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  356  TTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGA  414

Query  426  ACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGC-ATTCAGGAA  483
            |||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| || ||||| ||  | ||
Sbjct  415  ACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-GATAGTGCTAT--ATGAC  471

Query  484  ATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTTGGTTGTGA-ATTTTT-GG  540
             | |||||||||||||||||||||||||||||| | | ||  | || | |||| | ||
Sbjct  472  TT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TTAATGGT-ATATTTCTCGG  527

Query  541  TGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTA  598
            | ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  528  TATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTA  587

Query  599  CCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588  CCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  621
```

```
>gb|EF192225.1| Debaryomyces hansenii 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and
internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S
ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=659

 Score =  784 bits (424),  Expect = 0.0
 Identities = 571/636 (89%), Gaps = 33/636 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||| ||||||
Sbjct  33   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTGATTGCG  92

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  93   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  150

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  151  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  208

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  209  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  267

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  268  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  327

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  328  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  387

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  388  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  446

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  447  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  505

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  506  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  560

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||||||||
Sbjct  561  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACC  619

Query  581  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCAT  616
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620  TCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCAT  655


>gb|AY845351.1| Candida lignicola 18S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=2337

 Score =  784 bits (424),  Expect = 0.0
 Identities = 547/602 (90%), Gaps = 26/602 (4%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTA--ATTGCCAGCGCTTAATTG  58
             |||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||   || ||||||||||||||
```

```
Sbjct  1750  TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGT-TT-TAGTTTTACCAGCGCTTAATTG  1807

Query  59    CGCGGCG-ATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGCTT  117
             ||||| | |  ||| |||||||||| || |||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  1808  CGCGGTGAACAAAATCTTACACACAGTG-TTTTCTTTATTAGAAACTATTGCTTTGGTTT  1866

Query  118   GGCTAAGAAATTAGTCGGGCCAGAGGTTTACACAAACTTCAA-TTTTTAATTGAATTG-T  175
             |||| |||||| ||| |||||||||||||  |  |||||||| ||||||||||||||| |
Sbjct  1867  GGCTTAGAAATAAGTTGGGCCAGAGGTTT--A-TAACTTCAATTTTTTAATTGAATTGTT  1923

Query  176   TATTTAATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAAC  235
             |||||| ||  ||||||||||||||||||| |||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  1924  TATTTATTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAATTTCAAA-AATCTTCAAAACTTTCAACAAC  1981

Query  236   GGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATT  295
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1982  GGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATT  2041

Query  296   GCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAG  355
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||
Sbjct  2042  GCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAG  2101

Query  356   GGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTGAGTGATA  414
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||
Sbjct  2102  GGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTGAGTGATA  2160

Query  415   CTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGT-G-ACGCTGAGA-AG  471
             ||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||| |||| | ||  | | | ||
Sbjct  2161  CTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTAGTAC--TAA-ATAG  2217

Query  472   TGCATTCAGGAA-ATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACAATTCTTGGTTG  529
             ||| |||||||| || | ||||||||||||||||||||||||||||| | |||||| | |
Sbjct  2218  TGCTTTCAGGAACATTTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAGATTTCTTGCTAG  2277

Query  530   TGAATTTTTGGTGT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCA  588
             |||||||||||| | | |||||||||||| ||||||||||||||||| ||||||||||||
Sbjct  2278  TGAATTTTTGGTATAT-GGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTT-GACCTCAAATCA  2335

Query  589   GG  590
             ||
Sbjct  2336  GG  2337


>gb|EF643593.1| Debaryomyces hansenii strain LN-3 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=671

 Score =  782 bits (423),  Expect = 0.0
 Identities = 576/644 (89%), Gaps = 34/644 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  29   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  88

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  89   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTCTTGCTTTGG-TC  146

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  147  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  204
```

```
Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  205  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  263

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  264  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  323

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  324  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTA  383

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  384  TTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  442

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  443  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  502

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  503  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  556

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  557  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  615

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  623
            |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  616  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  659


>gb|EF543259.1| Debaryomyces hansenii strain hcx-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=659

 Score =  782 bits (423),  Expect = 0.0
 Identities = 576/644 (89%), Gaps = 34/644 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  29   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  88

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  89   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTCTTGCTTTGG-TC  146

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  147  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  204

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  205  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  263

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  264  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  323
```

```
Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  324  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTA  383

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  384  TTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  442

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  443  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  502

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  503  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  556

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  557  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  615

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  623
            |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  616  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  659


>gb|EF190234.1| Debaryomyces hansenii strain NA-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=672

 Score =  782 bits (423),  Expect = 0.0
 Identities = 584/655 (89%), Gaps = 37/655 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  31   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  90

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  91   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTCTTGCTTTGG-TC  148

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  149  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  206

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  207  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  265

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  266  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  325

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  326  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTA  385

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  386  TTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  444

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  445  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  504

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  505  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  558

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  559  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  617

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGC-GG-AGGA  632
            |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||| ||||| || ||||
Sbjct  618  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCA-TAAGCCGGGAGGA  671


>gb|DQ534410.1| Debaryomyces hansenii strain SWJ-10b 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=629

 Score =  782 bits (423),  Expect = 0.0
 Identities = 576/643 (89%), Gaps = 38/643 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  10   GAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGATTA  69
            |||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||| ||||||||||||||  |
Sbjct  3    GAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCT-TTTGCCAGCGC-TAATTGCGCGGCGA--A  58

Query  70   AACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-TGG-CTAAG  124
            ||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | ||| || ||
Sbjct  59   AACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TCTGGACT-AG  115

Query  125  AAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTGAATTGTTAT  178
            ||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| |||||||||||||
Sbjct  116  AAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTGAATTGTTAT  174

Query  179  TTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  237
            |||  ||  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  175  TTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAACGG  233

Query  238  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  297
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  234  ATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGC  293

Query  298  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGG  357
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  294  AGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGG  353

Query  358  CATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTGAGTGATACT  416
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||||
Sbjct  354  CATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACT  412

Query  417  CTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGAGA-AGTGC-  474
            |||||| |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   ||| || |||||
Sbjct  413  CTTAGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-GATAGTGCT  471

Query  475  ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTTGGTTGTGA-  532
            ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||  | || |
Sbjct  472  AT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TTAATGGT-AT  525

Query  533  ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAG  589
            |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  526  ATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAG  585

Query  590  GTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            |||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  586  GTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA-GCGGAGGA  627


>gb|GQ376085.1| Debaryomyces hansenii var. hansenii isolate UOA/HCPF 10197B 18S
ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed
spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=639

 Score =  780 bits (422),  Expect = 0.0
 Identities = 584/655 (89%), Gaps = 39/655 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  60

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  61   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGG-TC  118

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  119  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTG  176

Query  170  AATTGTTATTTA-ATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTTT  228
            ||||||||||||  ||  |||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  177  AATTGTTATTTATTTA-ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTT  235

Query  229  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  288
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  236  CAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAAT  295

Query  289  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  348
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  296  ATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTAT  355

Query  349  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATTG  407
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||
Sbjct  356  TCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATTG  414

Query  408  AGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTGA  467
            ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  415  AGTGATACTCTTAGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG-  473

Query  468  GA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCTT  524
            || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | ||
Sbjct  474  GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-TT  528

Query  525  GGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGACC  580
              | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | |||||||||||| ||||
Sbjct  529  AATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTT-GACC  586

Query  581  TCAAATCAGGTAGGA-T--TACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||| | ||| |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  587  TCAAATCAG-T-GGAATACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  639


>gb|EF197943.1| Debaryomyces hansenii strain HK67-4 18S ribosomal RNA gene, partial
```

```
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=669

 Score =  780 bits (422),  Expect = 0.0
 Identities = 583/654 (89%), Gaps = 37/654 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  28   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  87

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  88   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTCTTGCTTTGG-TC  145

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  146  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  203

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  204  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  262

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  263  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  322

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  323  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTA  382

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  383  TTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  441

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  442  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  501

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  502  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  555

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  556  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  614

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG-C-GGAGG  631
            |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||| ||| | |||||
Sbjct  615  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA-AAGGCCGGAGG  667


>gb|EF190231.1| Debaryomyces hansenii strain wwl-2 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=672

 Score =  778 bits (421),  Expect = 0.0
 Identities = 574/642 (89%), Gaps = 34/642 (5%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  30   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  89

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  90   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTCTTGCTTTGG-TC  147

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  148  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  205

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  206  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  264

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  265  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  324

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  325  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTA  384

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  385  TTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  443

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  444  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  503

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  504  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  557

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  558  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  616

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  621
            |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  617  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  658


>gb|EF192227.1| Debaryomyces hansenii strain w-14-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=642

 Score =  778 bits (421),  Expect = 0.0
 Identities = 574/642 (89%), Gaps = 34/642 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  12   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  71

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  72   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTCTTGCTTTGG-TC  129

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
```

```
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  130  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  187

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  188  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  246

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  247  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  306

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  307  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTA  366

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  367  TTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  425

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  426  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  485

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  486  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  539

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  540  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  598

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  621
            |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  599  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  640


>gb|FJ153162.1| Candida sp. SG6L02 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and
internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal
RNA gene, partial sequence
Length=579

 Score =  776 bits (420),  Expect = 0.0
 Identities = 542/596 (90%), Gaps = 28/596 (4%)
 Strand=Plus/Plus

Query  48   GCGCTTAATTGCGCGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTAGAAACTAT  106
            |||||||||||||||||||  |||||||||||||| ||||||| | || ||| |||| ||
Sbjct  1    GCGCTTAATTGCGCGGCGA-AAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTT-TTACAAACCAT  57

Query  107  TGCTTTGGCTTGGCTAAGAAATTA-GTCGGGCCAGAGGTTTACAC-AAACTTCAAT-TTT  163
            ||||||||||||||| ||||| || || |||||| |||||||||| |||||||||| |||
Sbjct  58   TGCTTTGGCTTGGCTTAGAAA-TAGGTTGGGCCAAAGGTTTACACTAAACTTCAATATTT  116

Query  164  TAATTGAATTGTTATTT-AATACTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAA  222
            | ||||||||||| ||| |||| ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  117  T-ATTGAATTGTT-TTTAAATATTTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAA-AATCTTCAA  173

Query  223  AACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATA  282
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  174  AACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATA  233

Query  283  AGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTC  342
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
```

```
Sbjct  234  AGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCC-C  292

Query  343  T-GGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTG  401
            | |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  293  TTGGTATTCCAGGGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTTGGGTTTG  352

Query  402  GTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGA  461
            ||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||  ||||||||||||||
Sbjct  353  GTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCATGAGTGT  412

Query  462  CGCTGAGA-AGTGCATTCAGGAAATAT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-CA  518
             |||| || ||| | ||| | |  ||| ||||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  413  -GCTG-GATAGTACGTTCTG-AT-TATTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAACG  468

Query  519  ATTCTTGGTTGTGAATTTTTGGT-GT-TAGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTT  576
             | |  ||| || ||||| |||| || | ||||  |||||| ||  ||||||||||||||
Sbjct  469  GT-CA-GGT-GTAAATTTCTGGTAGTATTGGCTCGGCCTTACAA--CAACAAACAAGTTT  523

Query  577  GACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  632
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  524  GACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  579


>gb|EF197950.1| Debaryomyces hansenii strain HK32-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=660

 Score =  776 bits (420),  Expect = 0.0
 Identities = 573/641 (89%), Gaps = 34/641 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  31   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  90

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  91   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTCTTGCTTTGG-TC  148

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  149  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  206

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  207  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  265

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  266  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  325

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  326  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTA  385

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  386  TTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  444

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  445  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  504
```

```
Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  505  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  558

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  559  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  617

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCA  620
            |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  618  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCA  658


>gb|EF197946.1| Debaryomyces hansenii strain HK67-5 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=653

 Score =  776 bits (420),  Expect = 0.0
 Identities = 573/641 (89%), Gaps = 34/641 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  13   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  72

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| |
Sbjct  73   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTCTTGCTTTGG-TC  130

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  131  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  188

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  189  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  247

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  248  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  307

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  308  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTA  367

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  368  TTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  426

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  427  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  486

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  487  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  540

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  541  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  599
```

```
Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCA  620
            ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  600  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCA  640


>gb|EF197944.1| Debaryomyces hansenii strain WC56-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=657

 Score =  776 bits (420),  Expect = 0.0
 Identities = 573/641 (89%), Gaps = 34/641 (5%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTATTCTAATTGCCAGCGCTTAATTGCG  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||  |||||||||||||||||||
Sbjct  28   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCG  87

Query  61   CGGCGATTAAACCTTACACACAATGTTTTTCT-TTATTA-GA-AACTATTGCTTTGGCT-  116
            ||||||  |||||||||||||| ||||||| | ||||||  | |||| ||||||||| | 
Sbjct  88   CGGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTTTTT-TGTTATTACAAGAACTCTTGCTTTGG-TC  145

Query  117  TGG-CTAAGAAATTAG-TCGGGCCAGAGGTTTAC---AC-AAACTTCAATTTTTA-ATTG  169
            ||| || ||||| ||| | |||||||||||||||   || |||||||||| |||| ||||
Sbjct  146  TGGACT-AGAAA-TAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTAAACTAAACTTCAATATTTATATTG  203

Query  170  AATTGTTATTTAATACT--TTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAACAATCTTCAAAACTT  227
            ||||||||||| ||  |  |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  204  AATTGTTATTT-ATTTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTT  262

Query  228  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  287
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  263  TCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAA  322

Query  288  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTA  347
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  323  TATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTA  382

Query  348  TTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTT-GGGTTTGGTATT  406
            ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||
Sbjct  383  TTCCAAAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACC-TTCGGGTTTGGTATT  441

Query  407  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATTTATTGGCATGAGTGACGCTG  466
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||   |||
Sbjct  442  GAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTG  501

Query  467  AGA-AGTGC-ATTCAGGAAATATCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGACA-ATTCT  523
             || ||||| ||  | ||  | |||||||||||||||||||||||||||||||| | | | |
Sbjct  502  -GATAGTGCTAT--ATGACTT-TCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGA-ATAGT-T  555

Query  524  TGGTTGTGA-ATTTTT-GGTGTT--AGGCTTTGCCTTAAAAAACAACAAACAAGTTTGAC  579
            |  | || | |||| | ||| ||  |||||  |||||| || | ||||||||||||||||
Sbjct  556  TAATGGT-ATATTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGAC  614

Query  580  CTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCA  620
            ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  615  CTCAAATCAGGTAGGACTACCCGCTGAACTTAAGCATATCA  655


  Database: All GenBank+EMBL+DDBJ+PDB sequences (but no EST, STS,
GSS,environmental samples or phase 0, 1 or 2 HTGS sequences)
    Posted date:  Jun 26, 2010  5:44 PM
```

```
  Number of letters in database: 1,817,769,445
  Number of sequences in database:  12,090,198

Lambda     K      H
    1.33    0.621     1.12
Gapped
Lambda     K      H
    1.28    0.460    0.850
Matrix: blastn matrix:1 -2
Gap Penalties: Existence: 0, Extension: 0
Number of Sequences: 12090198
Number of Hits to DB: 2155225
Number of extensions: 11315
Number of successful extensions: 11315
Number of sequences better than 10: 8423
Number of HSP's better than 10 without gapping: 0
Number of HSP's gapped: 11065
Number of HSP's successfully gapped: 11064
Length of query: 632
Length of database: 31882540517
Length adjustment: 32
Effective length of query: 600
Effective length of database: 31495654181
Effective search space: 18897392508600
Effective search space used: 18897392508600
A: 0
X1: 14 (26.9 bits)
X2: 32 (59.1 bits)
X3: 54 (99.7 bits)
S1: 14 (27.0 bits)
S2: 22 (41.7 bits)
```

```
BLASTN 2.2.23+
Reference: Zheng Zhang, Scott Schwartz, Lukas Wagner, and
Webb Miller (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA
sequences", J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14.


RID: 2DEPU2RJ016


Database: All GenBank+EMBL+DDBJ+PDB sequences (but no EST, STS,
GSS,environmental samples or phase 0, 1 or 2 HTGS sequences)
           12,090,198 sequences; 31,882,540,517 total letters
Query= gi|259018353|gb|GQ458041.1| Debaryomyces hansenii strain ATCC 60978
18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer
1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2,
complete sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=2961


                                                                   Score     E
Sequences producing significant alignments:                       (Bits)  Value

gb|GQ458041.1|  Debaryomyces hansenii strain ATCC 60978 18S ri...  5465    0.0
gb|GQ458025.1|  Debaryomyces hansenii strain MA09-AK 18S ribos...  5446    0.0
gb|GQ458019.1|  Debaryomyces hansenii strain MA09-J 18S riboso...  5421    0.0
gb|CP000497.1|  Pichia stipitis CBS 6054 chromosome 3, complet...  4776    0.0
dbj|AB285026.1|  Candida sp. BCMU BX03 genes for 18S rRNA, ITS...  4119    0.0
gb|AY845351.1|  Candida lignicola 18S ribosomal RNA gene, part...  3419    0.0
dbj|AB013590.1|  Debaryomyces hansenii var. hansenii 18S rRNA ...  3230    0.0
dbj|AB013568.1|  Debaryomyces hansenii var. hansenii 18S rRNA ...  3230    0.0
dbj|AB013567.1|  Debaryomyces hansenii var. fabryi 18S rRNA ge...  3225    0.0
emb|X58053.1|  D.hansenii gene for 18S ribosomal RNA               3217    0.0
dbj|AB013587.1|  Pichia guilliermondii 18S rRNA gene, strain J...  3203    0.0
dbj|AB013566.1|  Candida fukuyamaensis 18S rRNA gene, strain J...  3203    0.0
dbj|AB013517.1|  Candida xestobii 18S rRNA gene, strain JCM 95...  3203    0.0
dbj|AB013528.1|  Candida psychrophila 18S rRNA gene, strain JC...  3201    0.0
emb|X62649.1|  D.hansenii 17S rDNA                                 3192    0.0
dbj|AB070854.1|  Debaryomyces hansenii gene for 18S rRNA, part...  3188    0.0
dbj|AB106349.1|  Debaryomyces hansenii var. hansenii gene for ...  3188    0.0
dbj|AB013525.1|  Candida fermenticarens 18S rRNA gene, strain ...  3186    0.0
gb|AY520288.1|  Candida sp. BG02-6-6-2-1 18S ribosomal RNA gen...  3182    0.0
gb|AY518523.1|  Candida athensensis strain BG02-7-13-014-3-1 1...  3181    0.0
dbj|AB013513.1|  Pichia farinosa 18S rRNA gene, strain JCM 889...  3177    0.0
dbj|AB022440.1|  Debaryomyces sp. MBIC4210 gene for 18S rRNA, ...  3171    0.0
gb|AY518520.1|  Candida smithsonii strain BG02-7-13-007B-1-2 1...  3168    0.0
gb|AY242150.1|  Candida sp. BG99-8-11-1-4-1 18S ribosomal RNA ...  3164    0.0
gb|AY518522.1|  Candida athensensis strain BG02-5-23-003I-4 18...  3162    0.0
dbj|AB013546.1|  Candida laureliae 18S rRNA gene, strain JCM 8...  3162    0.0
emb|X83821.1|  Debaryomyces udenii 18S rRNA gene (NCYC 2394)       3162    0.0
gb|EF194890.1|  Pichia guilliermondii strain HJM 18S ribosomal...  3157    0.0
gb|DQ534400.1|  Debaryomyces hansenii strain WHCX-1 18S riboso...  3157    0.0
dbj|AB054277.1|  Debaryomyces prosopidis gene for 18S rRNA, pa...  3157    0.0
dbj|AB054269.1|  Debaryomyces hansenii var. fabryi gene for 18...  3157    0.0
dbj|AB013555.1|  Candida krissii 18S rRNA gene, strain JCM 945...  3157    0.0
dbj|AB013553.1|  Candida ralunensis 18S rRNA gene, strain JCM ...  3157    0.0
dbj|AB013537.1|  Candida schatavii 18S rRNA gene, strain JCM 1...  3157    0.0
dbj|AB013532.1|  Candida boleticola 18S rRNA gene, strain JCM ...  3157    0.0
dbj|AB013509.1|  Candida zeylanoides 18S rRNA gene, strain JCM...  3157    0.0
gb|DQ534402.1|  Debaryomyces hansenii strain hcx-1 18S ribosom...  3153    0.0
dbj|AB054261.1|  Debaryomyces maramus gene for 18S rRNA, parti...  3153    0.0
gb|AF440017.1|  Debaryomyces mycophilus 18S ribosomal RNA gene...  3151    0.0
dbj|AB054272.1|  Debaryomyces coudertii gene for 18S rRNA, par...  3151    0.0
dbj|AB013562.1|  Candida beechii 18S rRNA gene, strain JCM 180...  3151    0.0
dbj|AB054270.1|  Debaryomyces hansenii var. hansenii gene for ...  3147    0.0
```

```
gb|AY520262.1|  Candida sp. BG02-7-14-001H-1-1 18S ribosomal R...  3145    0.0
dbj|AB054271.1|  Debaryomyces nepalensis gene for 18S rRNA, pa...  3142    0.0
gb|AY553853.1|  Candida fermentati strain NRRL Y-17903 18S rib...  3142    0.0
gb|EF428134.1|  Debaryomyces hansenii strain shiziwei2 18S rib...  3140    0.0
dbj|AB013581.1|  Candida santamariae var. membranifaciens 18S ...  3140    0.0
dbj|AB013536.1|  Candida santamariae var. santamariae 18S rRNA...  3138    0.0
dbj|AB013534.1|  Candida oleophila 18S rRNA gene, strain JCM 1...  3138    0.0
emb|FN690502.1|  Uncultured fungus partial 18S rRNA gene, clon...  3136    0.0
dbj|AB054259.1|  Debaryomyces robertsiae gene for 18S rRNA, pa...  3136    0.0
dbj|AB070856.1|  Marine yeast Y5318 gene for 18S rRNA, partial...  3136    0.0
dbj|AB106351.1|  Debaryomyces hansenii gene for 18S rRNA, part...  3136    0.0
emb|AJ508273.1|  Debaryomyces hansenii partial 18S rRNA gene, ...  3134    0.0
dbj|AB054268.1|  Debaryomyces udenii gene for 18S rRNA, partia...  3133    0.0
emb|X83819.1|  Debaryomyces castellii 18S rRNA gene (NCYC 604)     3133    0.0
dbj|AB054266.1|  Debaryomyces yamadae gene for 18S rRNA, parti...  3131    0.0
gb|AY520192.1|  Candida sp. BG02-7-14-001I-1-1 18S ribosomal R...  3131    0.0
dbj|AB054274.1|  Debaryomyces vanrijiae gene for 18S rRNA, par...  3127    0.0
dbj|AB105434.1|  Pichia guilliermondii gene for 18S rRNA, part...  3127    0.0
gb|AY520212.1|  Candida sp. BG02-6-15-010A-3 18S ribosomal RNA...  3125    0.0
dbj|AB013542.1|  Candida sophiae-reginae 18S rRNA gene, strain...  3123    0.0
dbj|AB013535.1|  Candida multigemmis 18S rRNA gene, strain JCM...  3120    0.0
dbj|AB013519.1|  Candida glucosophila 18S rRNA gene, strain JC...  3120    0.0
dbj|AB054267.1|  Debaryomyces vanrijiae var. yarrowii gene for...  3118    0.0
gb|AY242152.1|  Candida athensensis strain BG99-8-11-1-C1 18S ...  3118    0.0
dbj|AB013579.1|  Candida quercitrusa 18S rRNA gene, strain JCM...  3118    0.0
dbj|AB013541.1|  Candida natalensis 18S rRNA gene, strain JCM ...  3118    0.0
gb|DQ534404.1|  Debaryomyces hansenii strain JHSa 18S ribosoma...  3114    0.0
gb|AY520250.1|  Candida sp. BG02-5-27-4-5-1 18S ribosomal RNA ...  3114    0.0
dbj|AB054263.1|  Debaryomyces occidentalis var. persoonii gene...  3112    0.0
dbj|AB054276.1|  Debaryomyces castellii gene for 18S rRNA, par...  3109    0.0
gb|AY520269.1|  Candida sp. BG02-5-27-4-2-1 18S ribosomal RNA ...  3109    0.0
gb|AY520264.1|  Candida sp. BG02-7-18-022A-1-1 18S ribosomal R...  3109    0.0
gb|EF532297.1|  Pichia guilliermondii strain gao1zhong2 18S ri...  3107    0.0
gb|EF061756.1|  Debaryomyces hansenii strain G7a1 18S ribosoma...  3107    0.0
gb|DQ534403.1|  Pichia guilliermondii strain JHSd 18S ribosoma...  3105    0.0
dbj|AB054282.1|  Pichia guilliermondii gene for 18S rRNA, part...  3105    0.0
dbj|AB000950.1|  Taphrina farlowii gene for 18S rRNA, complete...  3105    0.0
gb|EU784644.1|  Pichia guilliermondii strain CXF-1 18S ribosom...  3103    0.0
dbj|AB013573.1|  Candida fragi 18S rRNA gene, strain JCM 1791,...  3101    0.0
emb|FN690501.1|  Uncultured fungus partial 18S rRNA gene, clon...  3097    0.0
dbj|AB054275.1|  Debaryomyces polymorphus gene for 18S rRNA, p...  3097    0.0
dbj|AB054273.1|  Debaryomyces pseudopolymorphus gene for 18S r...  3097    0.0
dbj|AB054265.1|  Debaryomyces polymorphus var. africanus gene ...  3097    0.0
gb|AY520271.1|  Candida sp. BG02-5-27-1-2-C 18S ribosomal RNA ...  3097    0.0
dbj|AB054262.1|  Debaryomyces occidentalis gene for 18S rRNA, ...  3096    0.0
gb|GU570441.1|  Candida sp. NN-2010a 18S ribosomal RNA gene, p...  3092    0.0
emb|AJ508276.1|  Pichia caribbica partial 18S rRNA gene, strai...  3092    0.0
gb|AY227715.1|  Candida xestobii strain ATCC 24001 18S ribosom...  3090    0.0
gb|AY242159.1|  Candida sp. BG01-7-21-003B-1-1 18S ribosomal R...  3090    0.0
dbj|AB054258.1|  Debaryomyces etchellsii gene for 18S rRNA, pa...  3086    0.0
gb|AY227020.1|  Pichia guilliermondii strain CCO 8 18S ribosom...  3086    0.0
gb|AY520226.1|  Candida sp. BG02-5-23-003D-5 18S ribosomal RNA...  3086    0.0
emb|AJ508269.1|  Pichia caribbica partial 18S rRNA gene, strai...  3086    0.0
gb|AY242197.1|  Candida sp. BG01-7-21-009A-1-1 18S ribosomal R...  3083    0.0
emb|AJ508270.1|  Candida carpophila partial 18S rRNA gene, str...  3083    0.0
emb|AM261069.1|  Debaryomyces sp. MTCC 7061 18S rRNA gene, str...  3079    0.0
gb|DQ499512.1|  Candida sp. ny4e 18S ribosomal RNA gene, parti...  3077    0.0
gb|DQ438179.1|  Candida sp. N12C 18S ribosomal RNA gene, parti...  3077    0.0

ALIGNMENTS
>gb|GQ458041.1| Debaryomyces hansenii strain ATCC 60978 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
```

```
Length=2961

 Score = 5465 bits (2959),  Expect = 0.0
 Identities = 2961/2961 (100%), Gaps = 0/2961 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCGCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAA  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     TCGCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAA  60

Query  61    TCAGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGC  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    TCAGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGC  120

Query  121   TAATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAA  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   TAATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAA  180

Query  181   TGCTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTG  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   TGCTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTG  240

Query  241   GCGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCA  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   GCGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCA  300

Query  301   TGGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGG  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   TGGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGG  360

Query  361   CTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   CTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTA  420

Query  421   GTGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGT  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   GTGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGT  480

Query  481   AAATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   AAATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCC  540

Query  541   AGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGC  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   AGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGC  600

Query  601   TTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGC  660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601   TTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGC  660

Query  661   TAACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT  720
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  661   TAACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT  720

Query  721   GTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG  780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  721   GTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG  780

Query  781   TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCA  840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  781   TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCA  840

Query  841   GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  841   GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1020

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGAAAAAAC  1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1741  CCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGAAAAAAC  1800

Query  1801  CTTACACACAGTGTTTTTTGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGGTCTGGACTAGAAATAG  1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1801  CTTACACACAGTGTTTTTGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGGTCTGGACTAGAAATAG  1860

Query  1861  TTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTGAATTGTTATTTATTTA  1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1861  TTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTGAATTGTTATTTATTTA  1920

Query  1921  ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTG  1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1921  ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTG  1980

Query  1981  GTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTC  2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1981  GTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTC  2040

Query  2041  GTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTG  2100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2041  GTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTG  2100

Query  2101  TTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTTGA  2160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2101  TTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTTGA  2160

Query  2161  ACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTGGATAGTGCTATATGACTTT  2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2161  ACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTGGATAGTGCTATATGACTTT  2220

Query  2221  CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAATAGTTTAATGGTATATTTCTCGGTATTCTA  2280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2221  CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAATAGTTTAATGGTATATTTCTCGGTATTCTA  2280

Query  2281  GGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTG  2340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2281  GGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTG  2340

Query  2341  AACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCTTAGTAACGGC  2400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2341  AACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCTTAGTAACGGC  2400

Query  2401  GAGTGAAGCGGCAAAAGCTCAAATTTGAAATCTGGCACCTTCGGTGTCCGAGTTGTAATT  2460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2401  GAGTGAAGCGGCAAAAGCTCAAATTTGAAATCTGGCACCTTCGGTGTCCGAGTTGTAATT  2460

Query  2461  TGAAGAAGGTAACTTTGGAGTTGGCTCTTGTCTATGTTCCTTGGAACAGGACGTCACAGA  2520
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2461  TGAAGAAGGTAACTTTGGAGTTGGCTCTTGTCTATGTTCCTTGGAACAGGACGTCACAGA  2520

Query  2521  GGGTGAGAATCCCGTGCGATGAGATGCCCAATTCTATGTAAAGTGCTTTCGAAGAGTCGA  2580
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2521  GGGTGAGAATCCCGTGCGATGAGATGCCCAATTCTATGTAAAGTGCTTTCGAAGAGTCGA  2580

Query  2581  GTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAGTGGGTGGTAAATTCCATCTAAAGCTAAATATTGGCG  2640
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2581  GTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAGTGGGTGGTAAATTCCATCTAAAGCTAAATATTGGCG  2640

Query  2641  AGAGACCGATAGCGAACAAGTACAGTGATGGAAAGATGAAAAGAACTTTGAAAAGAGAGT  2700
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2641  AGAGACCGATAGCGAACAAGTACAGTGATGGAAAGATGAAAAGAACTTTGAAAAGAGAGT  2700

Query  2701  GAAAAAGTACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGCTTGAGATCAGACTTGGTATTTTGCGA  2760
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2701  GAAAAAGTACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGCTTGAGATCAGACTTGGTATTTTGCGA  2760

Query  2761  TCCTTTCCTTCTTGGTTGGGTTCCTCGCAGCTTACTGGGCCAGCATCGGTTTGGATGGTA  2820
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  2761  TCCTTTCCTTCTTGGTTGGGTTCCTCGCAGCTTACTGGGCCAGCATCGGTTTGGATGGTA  2820

Query  2821  GGATAATGACTAAGGAATGTGGCTCTACTTCGGTGGAGTGTTATAGCCTTGGTTGATACT  2880
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2821  GGATAATGACTAAGGAATGTGGCTCTACTTCGGTGGAGTGTTATAGCCTTGGTTGATACT  2880

Query  2881  GCCTGTCTAGACCGAGGACTGCGTCTTTTGACTAGGATGTTGGCATAATGATCTTAANCC  2940
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2881  GCCTGTCTAGACCGAGGACTGCGTCTTTTGACTAGGATGTTGGCATAATGATCTTAANCC  2940

Query  2941  ACCCGTCTGAAACACGGACCA  2961
             |||||||||||||||||||||
Sbjct  2941  ACCCGTCTGAAACACGGACCA  2961


>gb|GQ458025.1| Debaryomyces hansenii strain MA09-AK 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=2991

 Score = 5446 bits (2949),  Expect = 0.0
 Identities = 2958/2961 (99%), Gaps = 2/2961 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  25    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  84

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAA-CCGTGGTAATTCTAGAGCT  121
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct  85    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCCGTGGTAATTCTAGAGCT  144

Query  122   AATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAAT  181
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  145   AATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAAT  204

Query  182   GCTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  205   GCTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  264

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  265   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  324

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  325   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  384

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  385   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  444

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  445   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  504

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  505   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  564

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  565   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  624
```

```
Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  625   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  684

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  685   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  744

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  745   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  804

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  805   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  864

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  865   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  924

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  925   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  984

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  985   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1044

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1045  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1104

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGAC-GGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1105  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1164

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1165  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1224

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1225  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1284

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1285  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1344

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1345  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1404

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1405  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1464

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1465  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1524

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1525  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1584
```

```
Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1585  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1644

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1645  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1704

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1705  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1764

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGAAAAAAC  1800
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1765  CCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGAAAAAAC  1824

Query  1801  CTTACACACAGTGTTTTTTGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGGTCTGGACTAGAAATAG  1860
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1825  CTTACACACAGTGTTTTTTGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGGTCTGGACTAGAAATAG  1884

Query  1861  TTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTGAATTGTTATTTATTTA  1920
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1885  TTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTGAATTGTTATTTATTTA  1944

Query  1921  ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTG  1980
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1945  ATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTG  2004

Query  1981  GTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTC  2040
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2005  GTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTC  2064

Query  2041  GTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTG  2100
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2065  GTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTG  2124

Query  2101  TTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTTGA  2160
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  2125  TTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGA  2184

Query  2161  ACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTGGATAGTGCTATATGACTTT  2220
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2185  ACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTGGATAGTGCTATATGACTTT  2244

Query  2221  CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAATAGTTTAATGGTATATTTCTCGGTATTCTA  2280
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2245  CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAATAGTTTAATGGTATATTTCTCGGTATTCTA  2304

Query  2281  GGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTG  2340
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2305  GGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTG  2364

Query  2341  AACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCTTAGTAACGGC  2400
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2365  AACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCTTAGTAACGGC  2424

Query  2401  GAGTGAAGCGGCAAAAGCTCAAATTTGAAATCTGGCACCTTCGGTGTCCGAGTTGTAATT  2460
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2425  GAGTGAAGCGGCAAAAGCTCAAATTTGAAATCTGGCACCTTCGGTGTCCGAGTTGTAATT  2484

Query  2461  TGAAGAAGGTAACTTTGGAGTTGGCTCTTGTCTATGTTCCTTGGAACAGGACGTCACAGA  2520
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2485  TGAAGAAGGTAACTTTGGAGTTGGCTCTTGTCTATGTTCCTTGGAACAGGACGTCACAGA  2544
```

```
Query  2521  GGGTGAGAATCCCGTGCGATGAGATGCCCAATTCTATGTAAAGTGCTTTCGAAGAGTCGA  2580
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2545  GGGTGAGAATCCCGTGCGATGAGATGCCCAATTCTATGTAAAGTGCTTTCGAAGAGTCGA  2604

Query  2581  GTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAGTGGGTGGTAAATTCCATCTAAAGCTAAATATTGGCG  2640
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2605  GTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAGTGGGTGGTAAATTCCATCTAAAGCTAAATATTGGCG  2664

Query  2641  AGAGACCGATAGCGAACAAGTACAGTGATGGAAAGATGAAAAGAACTTTGAAAAGAGAGT  2700
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2665  AGAGACCGATAGCGAACAAGTACAGTGATGGAAAGATGAAAAGAACTTTGAAAAGAGAGT  2724

Query  2701  GAAAAAGTACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGCTTGAGATCAGACTTGGTATTTTGCGA  2760
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2725  GAAAAAGTACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGCTTGAGATCAGACTTGGTATTTTGCGA  2784

Query  2761  TCCTTTCCTTCTTGGTTGGGTTCCTCGCAGCTTACTGGGCCAGCATCGGTTTGGATGGTA  2820
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2785  TCCTTTCCTTCTTGGTTGGGTTCCTCGCAGCTTACTGGGCCAGCATCGGTTTGGATGGTA  2844

Query  2821  GGATAATGACTAAGGAATGTGGCTCTACTTCGGTGGAGTGTTATAGCCTTGGTTGATACT  2880
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2845  GGATAATGACTAAGGAATGTGGCTCTACTTCGGTGGAGTGTTATAGCCTTGGTTGATACT  2904

Query  2881  GCCTGTCTAGACCGAGGACTGCGTCTTTTGACTAGGATGTTGGCATAATGATCTTAANCC  2940
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2905  GCCTGTCTAGACCGAGGACTGCGTCTTTTGACTAGGATGTTGGCATAATGATCTTAANCC  2964

Query  2941  ACCCGTCTGAAACACGGACCA  2961
             |||||||||||||||||||||
Sbjct  2965  ACCCGTCTGAAACACGGACCA  2985


>gb|GQ458019.1| Debaryomyces hansenii strain MA09-J 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=2969

 Score = 5421 bits (2935),  Expect = 0.0
 Identities = 2952/2961 (99%), Gaps = 5/2961 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  12    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  71

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  72    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  131

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  132   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  191

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  192   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  251

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  252   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  311
```

```
Query  303    GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  312    GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  371

Query  363    ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  372    ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  431

Query  423    GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  432    GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  491

Query  483    ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
              |||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  492    ATACCTTAANNAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  551

Query  543    CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  552    CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  611

Query  603    GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  612    GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  671

Query  663    ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  672    ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  731

Query  723    TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  732    TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  791

Query  783    CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  792    CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  851

Query  843    ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  902
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  852    ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  911

Query  903    TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  962
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  912    TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  971

Query  963    CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGAC  1022
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  972    CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGAC  1031

Query  1023   GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1082
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1032   GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1091

Query  1083   GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1142
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Sbjct  1092   GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAG-CTGCGGCTTAATT  1150

Query  1143   TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1202
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1151   TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1210

Query  1203   TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1262
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1211   TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1270
```

```
Query  1263  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1271  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1330

Query  1323  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1331  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1390

Query  1383  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1391  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1450

Query  1443  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1451  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1510

Query  1503  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1511  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1570

Query  1563  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1571  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1630

Query  1623  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1631  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1690

Query  1683  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACC  1742
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1691  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACC  1750

Query  1743  TGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGAAAAAACCT  1802
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1751  TGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGAAAAAACCT  1810

Query  1803  TACACACAGTGTTTTTTGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGGTCTGGACTAGAAATAGTT  1862
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1811  TACACACAGTGTTTTTTGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGGTCTGGACTAGAAATAGTT  1870

Query  1863  TGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTGAATTGTTATTTATTTAAT  1922
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1871  TGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTGAATTGTTATTTATTTAAT  1930

Query  1923  TGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGT  1982
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1931  TGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGT  1990

Query  1983  TCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGT  2042
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1991  TCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGT  2050

Query  2043  GAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTT  2102
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2051  GAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTT  2110

Query  2103  TGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTTGAAC  2162
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2111  TGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTTGAAC  2170

Query  2163  TAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTGGATAGTGCTATATGACTTTCA  2222
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2171  TAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTGGATAGTGCTATATGACTTTCA  2230
```

```
Query  2223  ATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAATAGTTTAATGGTATATTTCTCGGTATTCTAGG  2282
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2231  ATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAATAGTTTAATGGTATATTTCTCGGTATTCTAGG  2290

Query  2283  CTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAA  2342
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2291  CTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGATTACCCGCTGAA  2350

Query  2343  CTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCTTAGTAACGGCGA  2402
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2351  CTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGCCTTAGTAACGGCGA  2410

Query  2403  GTGAAGCGGCAAAAGCTCAAATTTGAAATCTGGCACCTTCGGTGTCCGAGTTGTAATTTG  2462
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2411  GTGAAGCGGCAAAAGCTCAAATTTGAAATCTGGCACCTTCGGTGTCCGAGTTGTAATTTG  2470

Query  2463  AAGAAGGTAACTTTGGAGTTGGCTCTTGTCTATGTTCCTTGGAACAGGACGTCACAGAGG  2522
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2471  AAGAAGGTAACTTTGGAGTTGGCTCTTGTCTATGTTCCTTGGAACAGGACGTCACAGAGG  2530

Query  2523  GTGAGAATCCCGTGCGATGAGATGCCCAATTCTATGTAAAGTGCTTTCGAAGAGTCGAGT  2582
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2531  GTGAGAATCCCGTGCGATGAGATGCCCAATTCTATGTAAAGTGCTTTCGAAGAGTCGAGT  2590

Query  2583  TGTTTGGGAATGCAGCTCTAAGTGGGTGGTAAATTCCATCTAAAGCTAAATATTGGCGAG  2642
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2591  TGTTTGGGAATGCAGCTCTAAGTGGGTGGTAAATTCCATCTAAAGCTAAATATTGGCGAG  2650

Query  2643  AGACCGATAGCGAACAAGTACAGTGATGG-AAAGATGAAAAGAACTTTGAAAAGAGAGTG  2701
             ||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  2651  AGACCGATAGCGAACAAGTACAGTGATGGNAAAGATGAAAAGAACTTTGAAA-GAGAGTG  2709

Query  2702  AAAAAGTACGTGAAATTGTTGAAAGGGAA-GGGCTTGAGATCAGACTTGGTATTTTGCGA  2760
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2710  AAAAAGTACGTGAAATTGTTGAAAGGGAANGGGCTTGAGATCAGACTTGGTATTTTGCGA  2769

Query  2761  TCCTTTCCTTCTTGGTTGGGTTCCTCGCAGCTTACTGGGCCAGCATCGGTTTGGATGGTA  2820
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2770  TCCTTTCCTTCTTGGTTGGGTTCCTCGCAGCTTACTGGGCCAGCATCGGTTTGGATGGTA  2829

Query  2821  GGATAATGACTAAGGAATGTGGCTCTACTTCGGTGGAGTGTTATAGCCTTGGTTGATACT  2880
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2830  GGATAATGACTAAGGAATGTGGCTCTACTTCGGTGGAGTGTTATAGCCTTGGTTGATACT  2889

Query  2881  GCCTGTCTAGACCGAGGACTGCGTCTTTTGACTAGGATGTTGGCATAATGATCTTAANCC  2940
             |||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||| |||||||| ||
Sbjct  2890  GCCTGTCTAGACCGAGGACTGCGTCTTTNGACTAGGATGTTGGCATAANGATCTTAA-CC  2948

Query  2941  ACCCGTCTGAAACACGGACCA  2961
             |||||||||||||||||||||
Sbjct  2949  ACCCGTCTGAAACACGGACCA  2969


>gb|CP000497.1| Pichia stipitis CBS 6054 chromosome 3, complete sequence
Length=1841851

 Features flanking this part of subject sequence:
   14 bp at 5' side: predicted protein
   2803 bp at 3' side: Unknown protein

 Score = 4776 bits (2586),  Expect = 0.0
 Identities = 2855/2977 (95%), Gaps = 52/2977 (1%)
 Strand=Plus/Minus
```

```
Query  3        GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1711503  GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC
1711444

Query  63       AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
                |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1711443  AGTTATCGTTTATTTGATAGTACC-TTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA
1711385

Query  123      ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
                ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1711384  ATACATGCTTAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG
1711325

Query  183      CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
                |  ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  1711324  C-CTTCGG-GCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCCGGC
1711267

Query  243      GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1711266  GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG
1711207

Query  303      GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1711206  GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT
1711147

Query  363      ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Sbjct  1711146  ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGATACGGGGAGGTAGT
1711087

Query  423      GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
                ||||||||||||||||| |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  1711086  GACAATAAATAACGATATAGGGCCCTTTCGGGTCTTATAATTGGAATGAGTACAATGTAA
1711027

Query  483      ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1711026  ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG
1710967

Query  543      CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
                |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710966  CTCCAAAAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT
1710907

Query  603      GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
                |||| |||||||| ||||||||| | |||||||||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710906  GGTTAGCCGGTCCACCTTTTTGGTGTGTACTGGACCTAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA
1710847

Query  663      ACCTTTC-GCCCTTGT-GGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT  720
                ||| |||  || || | || | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710846  ACC-TTCTTCCTTTTTGGGAG-TTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT
1710789

Query  721      GTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG  780
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710788  GTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG
1710729
```

```
Query  781      TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCA  840
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  1710728  TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGAACGGTCGGGGGCATCA
1710669

Query  841      GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGC  899
                ||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710668  GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGC
1710610

Query  900      ATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGA  959
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710609  ATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGA
1710550

Query  960      TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttt  1019
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710549  TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTT
1710490

Query  1020     GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC  1079
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710489  GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC
1710430

Query  1080     AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTA  1139
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710429  AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTA
1710370

Query  1140     ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1199
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710369  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG
1710310

Query  1200     AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1259
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710309  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT
1710250

Query  1260     GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1319
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1710249  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTA
1710190

Query  1320     GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1379
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710189  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA
1710130

Query  1380     TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710129  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC
1710070

Query  1440     AACGAGTATTA-ACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGG  1498
                | ||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1710069  AGCGAGT-TTATACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGG
1710011

Query  1499     GGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCA  1558
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1710010  GGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCA
1709951

Query  1559     GCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAA  1618
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709950  GCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAA
1709891

Query  1619     TGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAA  1678
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  1709890  TGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACTGAG
1709831

Query  1679     AAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTG  1738
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709830  AAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTG
1709771

Query  1739     AACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGAAAAA  1798
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  1709770  AACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGGCGAAAAA
1709711

Query  1799     ACCTTACACACAGTGTTTTTTGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGGTCTGGACT-AGAAA  1857
                ||||||||||||||||||| | |||||| || | || |||||||||||||| || |||||
Sbjct  1709710  ACCTTACACACAGTGTTTTCT-TTATTAGAA-A-CTATTGCTTTGGTCTGG-CTCAGAAA
1709655

Query  1858     T-AGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATATTGAATTGTTATTT-  1915
                | |||| |||||||||||||||    | |||||||||| ||||| | ||||||||||||
Sbjct  1709654  TGAGTT-GGGCCAGAGGTTTAC----C-AAACTTCAAT-TTTAT-T-GAATTGTTATTTT
1709604

Query  1916     ATTTAATT-GTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT  1974
                ||| |||| |||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709603  ATT-AATTTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAA-TCTTCAAAACTTTCAACAACGGAT
1709546

Query  1975     CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG  2034
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709545  CTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAG
1709486

Query  2035     ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCA  2094
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||||||
Sbjct  1709485  ATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAGGGCA
1709426

Query  2095     TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT  2154
                |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709425  TGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCCTCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTT
1709366

Query  2155     AGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTGGATAGTGCT-ATA  2213
                ||| ||||||||||||||||||||| ||||||||| ||||||||||  ||||| || | |
Sbjct  1709365  AGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTGGTACTAAATAGTACTGACA
1709306

Query  2214     TGACT-TT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAATAGTT-TAATGGT-ATATTTC  2269
                 || | || |||||||||||||||||||||||||||||  | || |   ||| | ||||
Sbjct  1709305  -GAATATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAG-ACTTCTGGCGGTGA-ATTTT
1709249

Query  2270     TCGGTAT-TCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAG  2328
```

```
                   | |||||  | | ||||  ||||||||| | ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709248  T-GGTATAT-T-GGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAG
1709192

Query  2329     GATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGC  2388
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709191  GATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACAGGGATTGC
1709132

Query  2389     CTTAGTAACGGCGAGTGAAGCGGCAAAAGCTCAAATTTGAAATCTGGCACCTTCGGTGTC  2448
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709131  CTTAGTAACGGCGAGTGAAGCGGCAAAAGCTCAAATTTGAAATCTGGCACCTTCGGTGTC
1709072

Query  2449     CGAGTTGTAATTTGAAGAAGGTAACTTTGGAGTTGGCTCTTGTCTATGTTCCTTGGAACA  2508
                |||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709071  CGAGTTGTAATTTGAAGAAGGTAACTTTGGAGTCAGCTCTTGTCTATGTTCCTTGGAACA
1709012

Query  2509     GGACGTCACAGAGGGTGAGAATCCCGTGCGATGAGATGCCCAATTCTATGTAAAGTGCTT  2568
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |  ||||||||||||||||||
Sbjct  1709011  GGACGTCACAGAGGGTGAGAATCCCGTGCGATGAGATGTCTGATTCTATGTAAAGTGCTT
1708952

Query  2569     TCGAAGAGTCGAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAGTGGGTGGTAAATTCCATCTAAAGC  2628
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1708951  TCGAAGAGTCGAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAGTGGGTGGTAAATTCCATCTAAAGC
1708892

Query  2629     TAAATATTGGCGAGAGACCGATAGCGAACAAGTACAGTGATGGAAAGATGAAAAGAACTT  2688
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1708891  TAAATATTGGCGAGAGACCGATAGCGAACAAGTACAGTGATGGAAAGATGAAAAGAACTT
1708832

Query  2689     TGAAAAGAGAGTGAAAAAGTACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGCTTGAGATCAGACTT  2748
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  1708831  TGAAAAGAGAGTGAAAAAGTACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGTTTGAGATCAGACTT
1708772

Query  2749     GGTATTTTGCGATC-CTTTCCTTCTTGGTTGGGTTCCTCG-CAGCTTACTGGGCCAGCAT  2806
                |||||||||  ||  ||| | |||  ||| |||  ||||  ||| |||||||||||||||
Sbjct  1708771  GGTATTTTGT-ATGTCTTGCTTTCG-GGTGGGG--CCTCTACAGTTTACTGGGCCAGCAT
1708716

Query  2807     CGGTTTGGATGGTAGGATAATGAC-TAAGGAATGTGGCTCTACTTCGGTGGAGTGTTATA  2865
                ||||||||| |||||||||||||| |  |||||||||| | |||||||||| ||||||||
Sbjct  1708715  CGGTTTGGACGGTAGGATAATGACATT-GGAATGTGGCACCACTTCGGTGGTGTGTTATA
1708657

Query  2866     GCCTTGGTTGATACTGCCTGTCTAGACCGAGGACTGCGTCTTTTGACTAGGATGTTGGCA  2925
                | |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| |||||
Sbjct  1708656  GACTTTGTTGATACTGCCTGTCTAGACCGAGGACTGCGTCTTT-GACTAGGATGCTGGCA
1708598

Query  2926     TAATGATCTTAANCCACCCGTCT-GAAACACGGACCA  2961
                |||||||||||| || ||||||| |||||||||||||
Sbjct  1708597  TAATGATCTTAAACCGCCCGTCTTGAAACACGGACCA  1708561


>dbj|AB285026.1| Candida sp. BCMU BX03 genes for 18S rRNA, ITS1, 5.8S rRNA, ITS2,
26S rRNA, partial and complete sequence
Length=3227

 Score = 4119 bits (2230),  Expect = 0.0
```

```
 Identities = 2751/2986 (92%), Gaps = 103/2986 (3%)
 Strand=Plus/Plus

Query  19    TATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTTG  78
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  1     TATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTACTTG  60

Query  79    ATAGTACCTTTACTACTTGG--ATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAA  136
             ||||| ||||||||||| ||  |||||||||||||  ||||||||||||| |||||| ||
Sbjct  61    ATAGTGCCTTTACTACTCGGTTATAACCGTGGTAAAACTAGAGCTAATACGTGCTAACAA  120

Query  137   TCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCT-TTTCGGAGC-T  194
              |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||| |||  |||| |
Sbjct  121   CCCCGACTGTTTGGAAGGGGTGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTCTTT--GAGCTT  178

Query  195   CTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTC  254
             | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  179   C-TTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTC  237

Query  255   AAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGT  314
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  238   AAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTGCAACGGGT  297

Query  315   AACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAG  374
             |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  298   AACGGGGAATTAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAG  357

Query  375   GAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAA  434
             |||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  358   GAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCAATACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAA  417

Query  435   CGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGA  494
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  418   CGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATTTAAATACCTTAACGA  477

Query  495   GGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGT  554
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  478   GGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAAGAGCGT  537

Query  555   ATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGTTGGCCGGTC  614
             || | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  538   ATGTAAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGTTGGCCGGTC  597

Query  615   CGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCTTTCGCCCT  674
             ||||  | ||||||||||||||  |||||||||||||||| |||||||| |  | | |||
Sbjct  598   CGCC--TATGGCGAGTACTGGATTCAACCGAGCCTTTCCTCCTGGCTAA-C--TAGTCCT  652

Query  675   TGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCC  734
             |  || |  | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  653   T-CGG-GGCTAGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAGAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCA  710

Query  735   TTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGG  794
             || ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  711   TTAGCTTGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGG  770

Query  795   TTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCA  854
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  771   TTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAATTGTCA  830

Query  855   GAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACG  913
             ||||||||||||||||| |||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  831   GAGGTGAAATTCTTGGATTTA-TTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACG  889

Query  914   TTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCT  973
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  890      TTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCT  949

Query  974      TAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGACGCACTCGGCAC  1033
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||| ||||||||||||
Sbjct  950      TAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTCCTTTTTTTGGCGCACTCGGCAC  1009

Query  1034     CTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTA  1093
                |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1010     CTTACGAGAAATCAAAGTTTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTA  1069

Query  1094     AAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACAC  1153
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1070     AAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACAC  1129

Query  1154     GGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGAT  1213
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1130     GGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGAT  1189

Query  1214     TTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGC  1273
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1190     TTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGC  1249

Query  1274     GATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCAC  1333
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1250     GATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCAC  1309

Query  1334     TTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGA  1393
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1310     TTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGA  1369

Query  1394     TGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAGTAT-TAAC  1452
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||| || |
Sbjct  1370     TGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAGCGAGTATCTA-C  1428

Query  1453     CTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGT  1512
                ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1429     CTTGGCCGAGAGGCCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGT  1488

Query  1513     AATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTA  1572
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1489     AATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTA  1548

Query  1573     CGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGC  1632
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1549     CGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGC  1608

Query  1633     CTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACT  1692
                || |||||||||||||||||||||| |||||||||||| ||| |||||| ||| ||||||
Sbjct  1609     CTTCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGTAACTCCATCTTGTAACTGAAAAGTTGGACAAACT  1668

Query  1693     TGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGA  1752
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1669     TGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGA  1728

Query  1753     TCATTACAGTATTCTTTT---------TGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGAAA------A  1797
                |||||||||| |  ||||         |||| |||||||| |||||||||         |
Sbjct  1729     TCATTACAGT-TAGTTTTCGGCACCGCTGCCTGCGCTTAACTGCGCGGCGGGGCGCCGGA  1787

Query  1798     -AACCTTACACACAGTGTTTTTTGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGGTCT-GGACTAGA  1855
                 |||||||||||| |||||||| ||| || |  ||||  ||||||||| || || || ||
Sbjct  1788     CAACCTTACACACTGTGTTTTT-GTTTTT-CT-GAACACTTGCTTTGG-CTTGG-CTTGA  1842

Query  1856     AATAGTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAAC-TTCAATATTTATATTGAATTGTTATT  1914
```

```
               | ||  |||||| ||  | ||  | |  ||| ||||| |||||| ||||||| || ||
Sbjct  1843  T-T-GTC-GGGCCAAAGACT-AC--A-CGCAACCTTCAAAATTTATTTTGAATTTTT-TT  1894

Query  1915  TATTTAA-TT-GTCAATTT-GTT-GATTAAATTCAAAAA-A-TCTTCAAAACTTTCAACA  1968
             |||| |  || |||||||| ||| |||||| |||||||| | ||||||||||||||||||
Sbjct  1895  TATT-ACGTTTGTCAATTTTGTTTGATTAATTTCAAAAATAATCTTCAAAACTTTCAACA  1953

Query  1969  ACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAA  2028
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1954  ACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAA  2013

Query  2029  TTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAG  2088
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||| |
Sbjct  2014  TTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCTCTCTGGTATTCCGG  2073

Query  2089  AGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTCGGGTTTGGTATTGAGTGAT  2148
             || ||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||  ||||||||||||||
Sbjct  2074  AGAGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCACACCCTCGGGCGTGGTATTGAGTGAT  2133

Query  2149  ACTCTTAGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTGGATAGTG  2208
             ||||||||| | ||||||||||||||||||| |||  |||| ||||| |||||||||||
Sbjct  2134  ACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTAACGGCAGGAGTG-TACTGGATAGTA  2192

Query  2209  CTATA-TGACT-TT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAATAGTTTAATG--GTA  2263
             | | | ||  | || ||||||||||||||||||||||||||||||  |      |  |||
Sbjct  2193  CGA-ACTGGTTATTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAAGCGCCGGG-GCAGTA  2250

Query  2264  TATTTCTCGGTATTCTA-GGCTCGGCCTTACAATATAACAAACA-A-GTTTGACCTCAAA  2320
              |||||| ||| |   | ||||||||| ||||| | | |||||| | |||||||||||||
Sbjct  2251  AATTTCT-GGT-TGA-ACGGCTCGGCCCTACAACA-A-CAAACATAAGTTTGACCTCAAA  2305

Query  2321  TCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACA  2380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2306  TCAGGTAGGATTACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGAAACCAACA  2365

Query  2381  GGGATTGCCTTAGTAACGGCGAGTGAAGCGGCAAAAGCTCAAATTTGAAATCTGGCACCT  2440
             ||||||||||||||| |||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  2366  GGGATTGCCTTAGTAGCGGCGAGTGAAGCGGCAATAGCTCAAATTTGAAATCTGGCGCCT  2425

Query  2441  TCGGTGTCCGAGTTGTAATTTGAAGAAGGTAACTTTGGAGTTGGCTCTTGTCTATGTTCC  2500
             |||| |||||||||||||||||||||||||| ||||||  ||||||||||||||||||||
Sbjct  2426  TCGGCGTCCGAGTTGTAATTTGAAGAAGGTATCTTTGGTTTTGGCTCTTGTCTATGTTCC  2485

Query  2501  TTGGAACAGGACGTCACAGAGGGTGAGAATCCCGTGCGATGAGATGCCCAATTCTATGTA  2560
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  2486  TTGGAACAGGACGTCACAGAGGGTGAGAATCCCGTGCGATGAGATGCCCAATTCCATGTA  2545

Query  2561  AAGTGCTTTCGAAGAGTCGAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAGTGGGTGGTAAATTCCA  2620
             |||| | ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2546  AAGTTCCTTCGACGAGTCGAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCTAAGTGGGTGGTAAATTCCA  2605

Query  2621  TCTAAAGCTAAATATTGGCGAGAGACCGATAGCGAACAAGTACAGTGATGGAAAGATGAA  2680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||| |||||||||||
Sbjct  2606  TCTAAAGCTAAATATTGGCGAGAGACCGATAGCGAACAAGTACTGTGAAGGAAAGATGAA  2665

Query  2681  AAGAACTTTGAAAAGAGAGTGAAAAAGTACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGCTTGAGA  2740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2666  AAGAACTTTGAAAAGAGAGTGAAAAAGTACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGCTTGAGA  2725

Query  2741  TCAGACTTGGTATTTTGCGATCCTTTCCTTCTTGGTTGGGTTCCTCGCAGCTTACTGGGC  2800
             |||||||||| ||||| | | |    | | |  | | ||         ||||| | ||||
Sbjct  2726  TCAGACTTGGAATTTTCC-A-CG---C-T-C--G-T-GG---------AGCTTTCCGGGC  2765

Query  2801  CAGCATCGGTTTGGATGGTAGGATAAT-GACTAAGGAATGTGGCTCTACTTCGGTGGAGT  2859
```

```
             ||||||| |||||| ||| |||||||| | |   |||| || || || |||||| | |||
Sbjct  2766  CAGCATCAGTTTGGGTGGCAGGATAATTG-CGCGGGAAAGTAGCACTGCTTCGG-G-AGT  2822

Query  2860  GT-T-ATAGCCTTG-GTTGATACTGCCTGTCTAGACCGAGGACTGCGTCTTTTGACTAGG  2916
             || | ||||||| | || ||||||||||| |||||| ||||||||||||||| |||||||
Sbjct  2823  GTATTATAGCCT-GCGTCGATACTGCCTGCCTAGACTGAGGACTGCGTCTTT-GACTAGG  2880

Query  2917  ATGTTGGCATAATGATCTTAANCCACCCGTCT-GAAACACGGACCA  2961
             ||| ||||||||||||||||| || ||||||| |||||||||||||
Sbjct  2881  ATGCTGGCATAATGATCTTAAGCCGCCCGTCTTGAAACACGGACCA  2926


>gb|AY845351.1| Candida lignicola 18S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=2337

 Score = 3419 bits (1851),  Expect = 0.0
 Identities = 2188/2342 (93%), Gaps = 58/2342 (2%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  35    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  94

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  95    AGTTATCGTTTATTTGATCGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  154

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||| |||||||| ||  || ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  155   ATACATGCTTAAAATCCCAAC--TTCGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  212

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  213   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCCGG  270

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  271   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  330

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  331   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  390

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Sbjct  391   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGATACGGGGAGGTAG  450

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTT-CGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGT  480
             |||||||||||||||||  | || |||||   |||| | |||||||||||||||||||||
Sbjct  451   TGACAATAAATAACGATGTATGG-CCTTTATAGGTCATATAATTGGAATGAGTACAATGT  509

Query  481   AAATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  510   AAATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCC  569

Query  541   AGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGC  600
             |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  570   AGCTCCAAAAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGC  629

Query  601   TTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGC  660
             |||||| |||||||| ||||||||| | ||||| |||| |||||||||||||||||||||
Sbjct  630   TTGGTTAGCCGGTCCACCTTTTTGGTGTGTACT-GACCTAACCGAGCCTTTCCTTCTGGC  688

Query  661   TAACCTTTCGCCCT-TGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAG  719
```

```
             ||||| |||  |||  | || | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  689   TAACC-TTC-TCCTCCG-GGAG-TTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAG  744

Query  720   TGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATG  779
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  745   TGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATG  804

Query  780   GTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATC  839
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| || | |||| ||
Sbjct  805   GTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGATGGACAGGGGAATT  864

Query  840   AGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAG  898
             |||||||| | ||||||||||||||||||||| |||  ||||||||||||||||||||||
Sbjct  865   AGTATTCAATAGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-TTGAAGACTAACTACTGCGAAAG  923

Query  899   CATTTGCCAAGGACGTTTTCAT--TAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATC  956
             ||||| || ||| |    || |  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  924   CATTTTCC-AGG-CACACTCCTGCTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATC  981

Query  957   AGATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttt  1016
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |  |||| |||
Sbjct  982   AGATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGCGGCGTTCATTT  1041

Query  1017  tttGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGT  1076
               |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1042  AGTGACGCGCTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGT  1101

Query  1077  CGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGC  1136
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1102  CGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGC  1161

Query  1137  TTAATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATT  1196
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1162  TTAATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATT  1221

Query  1197  GAGAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGA  1256
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1222  GAGAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGA  1281

Query  1257  TTTGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCT  1316
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||| || || |||
Sbjct  1282  TTTGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTT-TAAATAGCGCCGCGAGCC  1340

Query  1317  TT-TGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAG  1375
             || ||||||    | | |||||||| |||||||| || || |||||||||||||||||||
Sbjct  1341  TTGTGCTGGCGC-G-CGCTTCTTAGGGGGACTATTGACTTGAAGTCGATGGAAGTTTGAG  1398

Query  1376  GCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGG  1435
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1399  GCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGG  1458

Query  1436  AGCCAACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGC  1495
             ||||| ||||| | | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1459  AGCCAGCGAGT-TGA-CCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGC  1516

Query  1496  TGGGGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCA  1555
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1517  TGGGGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCA  1576

Query  1556  TCAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATT  1615
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1577  TCAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATT  1636

Query  1616  GAATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACC  1675
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||| ||||||||
Sbjct  1637  GAATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGTAGGAGGCAACTCCAACTTGGAACT  1696

Query  1676  GAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1697  GAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1756

Query  1736  GTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTTGCCAGCGCTTAATTGCGCGGCGAA  1795
             |||||||||||||||||||||||| || ||  |||| ||||||||||||||||||| |||
Sbjct  1757  GTGAACCTGCGGAAGGATCATTACTGTTTTAGTTTTACCAGCGCTTAATTGCGCGGTGAA  1816

Query  1796  -AAAACCTTACACACAGTGTTTTTTGTTATTACAAGAACTTTTGCTTTGGTCTGGACT-A  1853
              |||| ||||||||||||||||| | |||||| || | || |||||||||| ||| || |
Sbjct  1817  CAAAATCTTACACACAGTGTTTTCT-TTATTAGAA-A-CTATTGCTTTGGTTTGG-CTTA  1872

Query  1854  GAAATA-GTTTGGGCCAGAGGTTTACTGAACTAAACTTCAATATTTATA-TTGAATTGTT  1911
             |||||| ||| |||||||||||||| | ||||    | |||| ||| || ||||||||||
Sbjct  1873  GAAATAAGTT-GGGCCAGAGGTTTA-T-AACT----T-CAATTTTT-TAATTGAATTGTT  1923

Query  1912  -ATTTATTTAATTGTCAATTTGTTGATTAAATTCAAAAAATCTTCAAAACTTTCAACAAC  1970
              ||||||| ||||||||||||||||||||| |||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  1924  TATTTATT-AATTGTCAATTTGTTGATTAATTTCAAAAA-TCTTCAAAACTTTCAACAAC  1981

Query  1971  GGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATT  2030
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1982  GGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATT  2041

Query  2031  GCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAG  2090
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||| ||
Sbjct  2042  GCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACATTGCGCCCTTTGGTATTCCAAAG  2101

Query  2091  GGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTCGGGTTTGGTATTGAGTGATAC  2150
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2102  GGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCTTCGGGTTTGGTATTGAGTGATAC  2161

Query  2151  TCTTAGTTGAACTAGGCGTTTGCTTGAAATGTATTGGCATGAGTGGTACTGGATAGTGCT  2210
             ||||||| ||||||||||||||||||||| ||||||||| |||| |||||  ||||||||
Sbjct  2162  TCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGGCACGAGTAGTACTAAATAGTGCT  2221

Query  2211  AT-ATGA-C-TTT-CAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAATAGTTTAATGGTA-T-  2264
              | | || | ||| |||||||||||||||||||||||||||||  | |||  || || |
Sbjct  2222  TTCAGGAACATTTTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTTGAG-A-TTTCTTGCTAGTG  2279

Query  2265  A-TTTCTCGGTATTCTAGGCTCGGCCTTACAATATAACAAACAAGTTTGACCTCAAATCA  2323
             | ||| | |||||  | ||||  ||||||||| | |||||||||||| ||||||||||||
Sbjct  2280  AATTTTT-GGTATA-T-GGCTTTGCCTTACAAAACAACAAACAAGTT-GACCTCAAATCA  2335

Query  2324  GG  2325
             ||
Sbjct  2336  GG  2337


>dbj|AB013590.1| Debaryomyces hansenii var. hansenii 18S rRNA gene, strain JCM
1990, partial sequence
Length=1784

 Score = 3230 bits (1749),  Expect = 0.0
 Identities = 1754/1756 (99%), Gaps = 1/1756 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89
```

```
Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  209

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  269

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  270   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  329

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  330   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  389

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  390   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  449

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  450   GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  508

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  509   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  568

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  569   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  628

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  629   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  688

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  689   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  748

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  749   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  808

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  809   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  868

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  902
             |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  869   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTAACTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  928

Query  903   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  929   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  988

Query  963   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGAC  1022
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  989   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGAC  1048
```

```
Query  1023  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1082
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1049  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1108

Query  1083  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1142
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1109  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1168

Query  1143  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1169  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1228

Query  1203  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1229  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1288

Query  1263  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1289  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1348

Query  1323  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1349  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1408

Query  1383  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1409  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1468

Query  1443  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1469  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1528

Query  1503  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1529  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1588

Query  1563  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1589  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1648

Query  1623  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1649  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1708

Query  1683  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACC  1742
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACC  1768

Query  1743  TGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||
Sbjct  1769  TGCGGAAGGATCATTA  1784


>dbj|AB013568.1| Debaryomyces hansenii var. hansenii 18S rRNA gene, strain JCM
1521, partial sequence
Length=1784

 Score = 3230 bits (1749),  Expect = 0.0
 Identities = 1754/1756 (99%), Gaps = 1/1756 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89
```

```
Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  209

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  269

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  270   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  329

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  330   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  389

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  390   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  449

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  450   GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  508

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  509   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  568

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  569   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  628

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  629   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  688

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  689   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  748

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  749   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  808

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  809   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  868

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  902
             |||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  869   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTAACTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  928

Query  903   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  929   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  988

Query  963   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGAC  1022
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  989   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGAC  1048
```

```
Query  1023  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1082
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1049  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1108

Query  1083  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1142
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1109  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1168

Query  1143  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1169  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1228

Query  1203  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1229  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1288

Query  1263  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1289  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1348

Query  1323  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1349  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1408

Query  1383  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1409  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1468

Query  1443  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1469  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1528

Query  1503  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1529  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1588

Query  1563  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1589  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1648

Query  1623  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1649  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1708

Query  1683  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACC  1742
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1709  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACC  1768

Query  1743  TGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||
Sbjct  1769  TGCGGAAGGATCATTA  1784


>dbj|AB013567.1| Debaryomyces hansenii var. fabryi 18S rRNA gene, strain JCM 2166,
partial sequence
Length=1784

 Score = 3225 bits (1746),  Expect = 0.0
 Identities = 1754/1757 (99%), Gaps = 3/1757 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  209

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  269

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  270   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  329

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  330   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  389

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  390   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  449

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  450   GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  508

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  509   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  568

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  569   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  628

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  629   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  688

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  689   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  748

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  749   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  808

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  809   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  868

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  869   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  927

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  928   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  987

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  988   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1047

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1048  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1107

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1108  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1167

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1168  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1227

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1228  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1287

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1288  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1347

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1348  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1407

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1408  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1467

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1468  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1527

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1528  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1587

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1588  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1647

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1648  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1707

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAAC  1741
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1708  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAAC  1767

Query  1742  CTGCGGAAGGATCATTA  1758
             |||||||||||||||||
Sbjct  1768  CTGCGGAAGGATCATTA  1784


>emb|X58053.1| D.hansenii gene for 18S ribosomal RNA
Length=1800

 Score = 3217 bits (1742),  Expect = 0.0
 Identities = 1751/1755 (99%), Gaps = 2/1755 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  48    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  107

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  108   AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  167

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  168   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  227

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  228   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  287

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  288   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  347

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  348   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTGGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  407

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  408   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  467

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  468   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  527

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  528   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  587

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  588   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  647

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  648   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  707

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  708   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  767

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  768   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  827

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  828   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  887

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  902
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  888   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  947

Query  903   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  948   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  1007

Query  963   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGAC  1022
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1008  CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGAC  1067

Query  1023  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1082
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1068  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1127

Query  1083  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1142
             || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  1128  GCCGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCG-CTTAATT  1186

Query  1143  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1187  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1246

Query  1203  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1247  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1306

Query  1263  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1307  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1366

Query  1323  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1367  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1426

Query  1383  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1427  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1486

Query  1443  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1487  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1546

Query  1503  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1547  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1606

Query  1563  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1607  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1666

Query  1623  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  1667  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTC-ATCTTGGAACCGAAAAGC  1725

Query  1683  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACC  1742
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1726  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACC  1785

Query  1743  TGCGGAAGGATCATT  1757
             |||||||||||||||
Sbjct  1786  TGCGGAAGGATCATT  1800


>dbj|AB013587.1| Pichia guilliermondii 18S rRNA gene, strain JCM 1539, partial
sequence
Length=1784

 Score = 3203 bits (1734),  Expect = 0.0
 Identities = 1751/1758 (99%), Gaps = 5/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  209

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  267

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  268   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  327

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  328   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  387

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  388   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  447

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  448   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  507

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  567

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  568   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  627

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  628   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  687

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  688   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  747

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  748   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  807

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  808   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  867

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             |||||||||||||||||||||||||||||| |||  |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  868   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  926

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  927   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  986

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttttG  1020
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  987   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1046

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1047  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1106

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1107  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1166

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1167  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1226

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1227  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1286

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1287  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1346

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1347  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1406

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1407  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1466

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1467  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1526

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1527  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1586

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1587  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1646

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1647  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1706

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1707  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1766

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1767  CCTGCGGAAGGATCATTA  1784


>dbj|AB013566.1| Candida fukuyamaensis 18S rRNA gene, strain JCM 9396, partial
sequence
Length=1784

 Score = 3203 bits (1734),  Expect = 0.0
 Identities = 1751/1758 (99%), Gaps = 5/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  209

Query  183    CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
              || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210    CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  267

Query  242    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  268    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  327

Query  302    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  328    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  387

Query  362    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  388    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  447

Query  422    TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  448    TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  507

Query  482    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  567

Query  542    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  568    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  627

Query  602    TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  628    TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  687

Query  662    AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  688    AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  747

Query  722    TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  748    TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  807

Query  782    TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  808    TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  867

Query  842    TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
              |||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  868    TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  926

Query  901    TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  927    TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  986
```

```
Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  987   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1046

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1047  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1106

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1107  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1166

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1167  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1226

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1227  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1286

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1287  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1346

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1347  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1406

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1407  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1466

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1467  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1526

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1527  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1586

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1587  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1646

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1647  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1706

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1707  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1766

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1767  CCTGCGGAAGGATCATTA  1784


>dbj|AB013517.1| Candida xestobii 18S rRNA gene, strain JCM 9569, partial sequence
Length=1784

 Score = 3203 bits (1734),  Expect = 0.0
 Identities = 1751/1758 (99%), Gaps = 5/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  209

Query  183    CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
              || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210    CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  267

Query  242    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  268    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  327

Query  302    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  328    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  387

Query  362    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  388    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  447

Query  422    TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  448    TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  507

Query  482    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  567

Query  542    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  568    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  627

Query  602    TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  628    TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  687

Query  662    AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  688    AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  747

Query  722    TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  748    TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  807

Query  782    TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  808    TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  867

Query  842    TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
              |||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  868    TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  926

Query  901    TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  927    TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  986
```

```
Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  987   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1046

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1047  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1106

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1107  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1166

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1167  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1226

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1227  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1286

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1287  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1346

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1347  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1406

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1407  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1466

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1467  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1526

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1527  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1586

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1587  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1646

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1647  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1706

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1707  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1766

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1767  CCTGCGGAAGGATCATTA  1784


>dbj|AB013528.1| Candida psychrophila 18S rRNA gene, strain JCM 2388, partial
sequence
Length=1782

 Score = 3201 bits (1733),  Expect = 0.0
 Identities = 1750/1757 (99%), Gaps = 5/1757 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  3    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30   GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63   AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90   AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123  ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150  ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  209

Query  183  CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210  CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  269

Query  243  GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  270  GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  329

Query  303  GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  330  GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  389

Query  363  ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  390  ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  449

Query  423  GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  450  GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  508

Query  483  ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  509  ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  568

Query  543  CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  569  CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  628

Query  603  GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
            |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  629  GGTTGGCCGGTCCG-CTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  687

Query  663  ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
            |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  688  ACCTTTCGGCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  747

Query  723  TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  748  TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  807

Query  783  CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  808  CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  867

Query  843  ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
            ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  868  ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  926

Query  902  TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  927  TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  986
```

```
Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  987   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1046

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1047  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1106

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1107  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1166

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1167  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1226

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1227  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1286

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1287  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1346

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1347  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1406

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1407  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1466

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1467  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1526

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1527  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1586

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1587  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1646

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1647  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1706

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAAC  1741
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  1707  TTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TGAAC  1765

Query  1742  CTGCGGAAGGATCATTA  1758
             |||||||||||||||||
Sbjct  1766  CTGCGGAAGGATCATTA  1782


>emb|X62649.1| D.hansenii 17S rDNA
Length=1810

 Score = 3192 bits (1728),  Expect = 0.0
 Identities = 1748/1756 (99%), Gaps = 7/1756 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  54    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  113

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  114   AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  173

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  174   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  233

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  234   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  293

Query  243   GA-TGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
              | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  294   -AGTGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  352

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  353   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  412

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  413   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  472

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  473   TGACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  531

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  532   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  591

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  592   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  651

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  652   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  711

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  712   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  771

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  772   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  831

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGA-CGGTCGGGGGCATCA  840
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  832   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACCGGTCGGGGGCATCA  891

Query  841   GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  892   GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAG-A  950

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  951   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  1010
```

```
Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTC-ttttttt  1019
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  1011  ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTT  1070

Query  1020  GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC  1079
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1071  GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC  1130

Query  1080  AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTA  1139
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  1131  AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGC-GCTTA  1189

Query  1140  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1199
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1190  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1249

Query  1200  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1259
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1250  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1309

Query  1260  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1319
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1310  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1369

Query  1320  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1379
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1370  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1429

Query  1380  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1430  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1489

Query  1440  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1490  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1549

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1550  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1609

Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1610  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1669

Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1670  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1729

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGA  1739
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1730  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGA  1789

Query  1740  ACCTGCGGAAGGATCA  1755
             |||||| |||||||||
Sbjct  1790  ACCTGCAGAAGGATCA  1805


>dbj|AB070854.1| Debaryomyces hansenii gene for 18S rRNA, partial sequence
Length=1752

 Score = 3188 bits (1726),  Expect = 0.0
 Identities = 1726/1726 (100%), Gaps = 0/1726 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  27    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  86

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  87    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  146

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  147   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  206

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  207   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  266

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  326

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  386

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  446

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  506

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  566

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  567   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  626

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  627   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  686

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  687   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  746

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  747   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  806

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  807   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  866

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  902
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  867   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  926

Query  903   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  927   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  986
```

```
Query  963   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGAC  1022
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  987   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGAC  1046

Query  1023  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1082
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1047  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1106

Query  1083  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1142
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1107  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1166

Query  1143  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1167  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1226

Query  1203  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1227  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1286

Query  1263  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1287  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1346

Query  1323  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1347  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1406

Query  1383  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1407  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1466

Query  1443  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1467  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1526

Query  1503  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1527  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1586

Query  1563  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1587  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1646

Query  1623  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1647  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1706

Query  1683  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1728
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1707  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1752


>dbj|AB106349.1| Debaryomyces hansenii var. hansenii gene for 18S rRNA, partial
sequence
Length=1752

 Score = 3188 bits (1726),  Expect = 0.0
 Identities = 1726/1726 (100%), Gaps = 0/1726 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  27    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  86

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  87    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  146

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  147   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  206

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  207   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  266

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  326

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  386

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  446

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  506

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  566

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  567   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  626

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  627   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  686

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  687   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  746

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  747   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  806

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  807   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  866

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  902
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  867   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  926

Query  903   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  927   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  986

Query  963   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGAC  1022
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  987   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGAC  1046

Query  1023  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1082
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1047  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1106

Query  1083  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1142
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1107  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1166

Query  1143  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1167  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1226

Query  1203  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1227  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1286

Query  1263  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1287  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1346

Query  1323  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1347  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1406

Query  1383  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1407  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1466

Query  1443  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1467  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1526

Query  1503  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1527  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1586

Query  1563  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1587  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1646

Query  1623  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1647  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1706

Query  1683  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1728
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1707  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1752


>dbj|AB013525.1| Candida fermenticarens 18S rRNA gene, strain JCM 9589, partial
sequence
Length=1783

 Score = 3186 bits (1725),  Expect = 0.0
 Identities = 1747/1757 (99%), Gaps = 4/1757 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90       AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123      ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150      ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  209

Query  183      CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210      CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  269

Query  243      GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  270      GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  329

Query  303      GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  330      GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  389

Query  363      ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  390      ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  449

Query  423      GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  450      GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  509

Query  483      ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  510      ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  569

Query  543      CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  570      CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCTT  629

Query  603      GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
                |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  630      GGTTGGCCGGTCCGCCTTTT-GGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  688

Query  663      ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
                ||| | | |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  689      ACCATGCACCCTTGTGGTGTATGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  748

Query  723      TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  749      TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  808

Query  783      CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  809      CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  868

Query  843      ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
                ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  869      ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  927

Query  902      TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  928      TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  987

Query  962      CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  988      CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1047

Query  1022     CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1048  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1107

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1108  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1167

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1168  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1227

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1228  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1287

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  1288  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTGGC  1347

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1348  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1407

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1408  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1467

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1468  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1527

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1528  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1587

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1588  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1647

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1648  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1707

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAAC  1741
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  1708  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TGAAC  1766

Query  1742  CTGCGGAAGGATCATTA  1758
             |||||||||||||||||
Sbjct  1767  CTGCGGAAGGATCATTA  1783


>gb|AY520288.1| Candida sp. BG02-6-6-2-1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1741

 Score = 3182 bits (1723),  Expect = 0.0
 Identities = 1730/1733 (99%), Gaps = 2/1733 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70      AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123     ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130     ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  189

Query  183     CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  190     CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  249

Query  243     GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  250     GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  309

Query  303     GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  310     GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  369

Query  363     ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  370     ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  429

Query  423     GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  430     GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  489

Query  483     ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  490     ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  549

Query  543     CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  550     CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  609

Query  603     GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  610     GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  669

Query  663     ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
               ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  670     ACCTTTCGCCCTTGTGGTGATTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  729

Query  723     TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  730     TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  789

Query  783     CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  790     CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  849

Query  843     ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
               ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  850     ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  908

Query  902     TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  909     TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  968

Query  962     CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  969     CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1028

Query  1022    CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1029  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1088

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1089  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1148

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1149  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1208

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1209  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1268

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1269  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1328

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1329  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1388

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1389  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1448

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1449  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1508

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1509  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1568

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1569  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1628

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1629  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1688

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1734
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1689  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1741


>gb|AY518523.1| Candida athensensis strain BG02-7-13-014-3-1 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence
Length=1761

 Score = 3181 bits (1722),  Expect = 0.0
 Identities = 1745/1755 (99%), Gaps = 5/1755 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129
```

```
Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  189

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  190   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  247

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  248   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  307

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  308   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  367

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  368   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  427

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  428   TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  487

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  488   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  547

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  548   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  607

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  608   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  667

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  727

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  787

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  847

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  906

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  966

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1026

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1086
```

```
Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1146

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1206

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1266

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1326

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1386

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1387  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1446

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1506

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1507  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1566

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1567  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1626

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1627  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1686

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1687  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1746

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCA  1755
             |||||||||||||||
Sbjct  1747  CCTGCGGAAGGATCA  1761


>dbj|AB013513.1| Pichia farinosa 18S rRNA gene, strain JCM 8895, partial sequence
Length=1785

 Score = 3177 bits (1720),  Expect = 0.0
 Identities = 1746/1758 (99%), Gaps = 4/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149
```

```
Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  209

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             || ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210   CTCTTCGGAGCTTTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  269

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  270   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  329

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  330   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  389

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  390   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  449

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  450   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  509

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  510   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  569

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  570   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  629

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  630   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  689

Query  663   ACC-TTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             ||| ||| |||| |||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  690   ACCATTT-GCCCCTGTGGTGGATGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  748

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  749   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  808

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  809   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  868

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             |||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  869   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  927

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  928   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  987

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  988   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1047

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1048  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1107
```

```
Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1108  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1167

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1168  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1227

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1228  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1287

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1288  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1347

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1348  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1407

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1408  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1467

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              ||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1468  GCGAGTTTTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1527

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1528  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1587

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1588  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1647

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1648  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1707

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1708  GTTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1767

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1768  CCTGCGGAAGGATCATTA  1785


>dbj|AB022440.1| Debaryomyces sp. MBIC4210 gene for 18S rRNA, partial sequence
Length=1738

 Score = 3171 bits (1717),  Expect = 0.0
 Identities = 1717/1717 (100%), Gaps = 0/1717 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  22    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  81

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  82    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  141
```

```
Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  142   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  201

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  202   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  261

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  262   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  321

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  322   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  381

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  382   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  441

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  442   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  501

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  502   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  561

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  562   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  621

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  622   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  681

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  682   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  741

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  742   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  801

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  802   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  861

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  902
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  862   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  921

Query  903   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  922   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  981

Query  963   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGAC  1022
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  982   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGAC  1041

Query  1023  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1082
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1042  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1101
```

```
Query  1083  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1142
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1102  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1161

Query  1143  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1162  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1221

Query  1203  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1222  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1281

Query  1263  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1282  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1341

Query  1323  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1342  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1401

Query  1383  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1402  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1461

Query  1443  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1462  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1521

Query  1503  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1522  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1581

Query  1563  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1582  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1641

Query  1623  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1642  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1701

Query  1683  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGT  1719
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1702  TGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGT  1738


>gb|AY518520.1| Candida smithsonii strain BG02-7-13-007B-1-2 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence
Length=1754

 Score = 3168 bits (1715),  Expect = 0.0
 Identities = 1738/1748 (99%), Gaps = 5/1748 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  189
```

```
Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  190   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  247

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  248   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  307

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  308   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  367

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  368   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  427

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  428   TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  487

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  488   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  547

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  548   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  607

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  608   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  667

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  727

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  787

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  847

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  906

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  966

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1026

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1086

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1146
```

```
Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1206

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1266

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1326

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1386

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1387  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1446

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1506

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1507  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1566

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1567  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1626

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1627  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1686

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1687  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1746

Query  1741  CCTGCGGA  1748
             ||||||||
Sbjct  1747  CCTGCGGA  1754


>gb|AY242150.1| Candida sp. BG99-8-11-1-4-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1731

 Score = 3164 bits (1713),  Expect = 0.0
 Identities = 1720/1723 (99%), Gaps = 2/1723 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  189

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  190   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  249

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  250   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  309

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  310   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  369

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  370   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  429

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  430   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  489

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  490   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  549

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  550   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  609

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  610   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  669

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  670   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGTCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  729

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  730   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  789

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  790   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  849

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  850   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  908

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  909   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  968

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  969   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1028

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1029  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1088

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1089  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1148

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1149  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1208

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1209  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1268

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1269  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1328

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1329  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1388

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1389  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1448

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1449  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1508

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1509  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1568

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1569  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1628

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1629  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1688

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAA  1724
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1689  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAA  1731


>gb|AY518522.1| Candida athensensis strain BG02-5-23-003I-4 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence
Length=1751

 Score = 3162 bits (1712),  Expect = 0.0
 Identities = 1735/1745 (99%), Gaps = 5/1745 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  189

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
```

```
                 || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  190       CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  247

Query  242       CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  248       CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  307

Query  302       GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  308       GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  367

Query  362       TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  368       TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  427

Query  422       TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
                 |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  428       TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  487

Query  482       AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  488       AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  547

Query  542       GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  548       GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  607

Query  602       TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  608       TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  667

Query  662       AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
                 |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668       AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  727

Query  722       TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728       TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  787

Query  782       TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788       TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  847

Query  842       TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
                 ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848       TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  906

Query  901       TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907       TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  966

Query  961       ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967       ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1026

Query  1021      ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027      ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1086

Query  1081      AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087      AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1146

Query  1141      TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1206

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1266

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1326

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1386

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1387  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1446

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1506

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1507  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1566

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1567  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1626

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1627  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1686

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1687  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1746

Query  1741  CCTGC  1745
             |||||
Sbjct  1747  CCTGC  1751


>dbj|AB013546.1| Candida laureliae 18S rRNA gene, strain JCM 8917, partial sequence
Length=1782

 Score = 3162 bits (1712),  Expect = 0.0
 Identities = 1744/1758 (99%), Gaps = 7/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  268

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  269   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  328

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  329   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  388

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  389   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  448

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  449   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  508

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  509   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  568

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  569   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  628

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  629   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  687

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  688   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  747

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  748   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  807

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  808   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  867

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  868   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  926

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  927   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  986

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  987   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1046

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1047  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1106

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1107  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1166

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1167   TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1226

Query  1202   CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1227   CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1286

Query  1262   CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1287   CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1346

Query  1322   TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1347   TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1406

Query  1382   ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1407   ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1466

Query  1442   CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1467   CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1525

Query  1501   ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1526   ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1585

Query  1561   TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1586   TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1645

Query  1621   GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
              |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1646   GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1705

Query  1681   GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  1706   GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TGAA  1764

Query  1741   CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
              ||||||||||||||||||
Sbjct  1765   CCTGCGGAAGGATCATTA  1782


>emb|X83821.1| Debaryomyces udenii 18S rRNA gene (NCYC 2394)
Length=1804

 Score = 3162 bits (1712),  Expect = 0.0
 Identities = 1742/1761 (98%), Gaps = 5/1761 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              |||||||||||||||||||||||  |   ||||||||  ||||| |||||||||||||||
Sbjct  46     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCNNTNNNTACAGTGANNCTGCGNATGGCTCATTAAATC  105

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  106    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  165

Query  123    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  166    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  225

Query  183    CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
```

```
                 || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  226       CTCTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  285

Query  243       GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  286       GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  345

Query  303       GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  346       GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  405

Query  363       ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  406       ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  465

Query  423       GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
                 |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  466       GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  524

Query  483       ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  525       ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  584

Query  543       CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
                 |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||| ||
Sbjct  585       CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGNAGTTGAACCTTGGGTTT  644

Query  603       GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  645       GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  704

Query  663       ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
                 |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  705       ACCTCTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  764

Query  723       TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  765       TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  824

Query  783       CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
                 ||||||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  825       CTATTTTGTTGGTTTCTAGGNNCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  884

Query  843       ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
                 ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  885       ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  943

Query  902       TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  944       TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  1003

Query  962       CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1004      CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1063

Query  1022      CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1064      CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1123

Query  1082      GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1124      GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1183

Query  1142      TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1184  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1243

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGT-GGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
              ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1244  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTCGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1303

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1304  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1363

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGG-CAA  1379
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  1364  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCCAA  1423

Query  1380  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1424  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1483

Query  1440  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1484  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1543

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1544  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1603

Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1604  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1663

Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1664  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1723

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGA  1739
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1724  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGA  1783

Query  1740  ACCTGCGGAAGGATCATTACA  1760
              |||||||||||||||||||||
Sbjct  1784  ACCTGCGGAAGGATCATTACA  1804


>gb|EF194890.1| Pichia guilliermondii strain HJM 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1773

 Score = 3157 bits (1709),  Expect = 0.0
 Identities = 1736/1748 (99%), Gaps = 5/1748 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  29    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  88

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  89    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  148

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  149   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208
```

```
Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  266

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  326

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  386

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  446

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447   TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  506

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  566

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  567   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  626

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  627   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  686

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  687   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  746

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  747   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  806

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  807   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  866

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  867   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  925

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  926   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  985

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  986   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1045

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1046  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1105

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1106  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1165
```

```
Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1166  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1225

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1226  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1285

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1286  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1345

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1346  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1405

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  1406  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGGCGGAGCCA  1465

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1466  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1525

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  1526  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAGGCGCAAGTCATCAGC  1585

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1586  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1645

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1646  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1705

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1706  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1765

Query  1741  CCTGCGGA  1748
             ||||||||
Sbjct  1766  CCTGCGGA  1773


>gb|DQ534400.1| Debaryomyces hansenii strain WHCX-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1740

 Score = 3157 bits (1709),  Expect = 0.0
 Identities = 1719/1723 (99%), Gaps = 4/1723 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  20    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  79

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  80    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  139

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  140   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  199
```

```
Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  200   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  259

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  260   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  319

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  320   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  379

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  380   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  439

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  440   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  499

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  559

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  619

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  679

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  680   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  739

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  740   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  799

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  800   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  859

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  860   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  918

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  919   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  978

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  979   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1038

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1039  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1098

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1099  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1158
```

```
Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1159  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1218

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1219  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1278

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1279  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1338

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1339  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1398

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1399  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1458

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1459  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1518

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1519  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1578

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1579  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1638

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1639  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1698

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAA  1724
             ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||| |||||
Sbjct  1699  CTGGTCAAACTTGGTCATT-AGAGGAAGTAAAAGTCG-AACAA  1739


>dbj|AB054277.1| Debaryomyces prosopidis gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM 9913
Length=1753

 Score = 3157 bits (1709),  Expect = 0.0
 Identities = 1726/1735 (99%), Gaps = 4/1735 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  201   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  440

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  500

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  501   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  560

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  561   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  620

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  621   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  680

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  681   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  740

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  741   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  800

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  801   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  860

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  861   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  919

Query  902   TT-GCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  920   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  979

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  980   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1039

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1040  ACGCACTCGGCACCTTACGGGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1099

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||
Sbjct  1100  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAA  1158

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1159  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1218

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1219  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1278

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1279  TCTGCTTAATNNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1338

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1339  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1398

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1399  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1458

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1459  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1518

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1519  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1578

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1579  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1638

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1639  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1698

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1699  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1753


>dbj|AB054269.1| Debaryomyces hansenii var. fabryi gene for 18S rRNA, partial
sequence, stain:JCM 2104
Length=1753

 Score = 3157 bits (1709),  Expect = 0.0
 Identities = 1726/1735 (99%), Gaps = 4/1735 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  440

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  500

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  501   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  560

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  561   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  620

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  621   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  680

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  681   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  740

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  741   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  800

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  801   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  860

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  861   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  919

Query  902   TT-GCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  920   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  979

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  980   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1039

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1040  ACGCACTCGGCACCTTACGGGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1099

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||
Sbjct  1100  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAA  1158

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1159  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1218

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1219  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1278

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1279  TCTGCTTAATNNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1338

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1339  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1398

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1399  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1458

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1459  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1518

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1519  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1578

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1579  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1638

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1639  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1698

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1699  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1753


>dbj|AB013555.1| Candida krissii 18S rRNA gene, strain JCM 9454, partial sequence
Length=1782

 Score = 3157 bits (1709),  Expect = 0.0
 Identities = 1743/1758 (99%), Gaps = 7/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTCTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  268

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  269   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  328

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  329   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  388

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  389   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  448

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  449   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  508

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  509   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  568

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  569   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  628

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  629   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  687

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  688   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  747

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  748   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  807

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  808   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  867

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  868   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  926

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  927   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  986

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  987   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1046

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1047  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1106

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1107  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1166

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1167  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1226

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1227  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1286

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1287  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1346

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1347  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1406

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1407  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1466

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1467  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1525

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1526  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1585

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1586  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1645

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1646  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1705

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  1706  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TGAA  1764

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1765  CCTGCGGAAGGATCATTA  1782


>dbj|AB013553.1| Candida ralunensis 18S rRNA gene, strain JCM 8923, partial
sequence
Length=1781

 Score = 3157 bits (1709),  Expect = 0.0
 Identities = 1743/1758 (99%), Gaps = 8/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  268

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  269   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  328
```

```
Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  329   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  388

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  389   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  448

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  449   GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  507

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  567

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  568   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  627

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  628   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  686

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  687   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  746

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  747   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  806

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  807   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  866

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  867   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  925

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  926   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  985

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttTGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  986   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1045

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1046  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1105

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1106  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1165

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1166  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1225

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1226  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1285
```

```
Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1286  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1345

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1346  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1405

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1406  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1465

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1466  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1524

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1525  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1584

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1585  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1644

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1645  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1704

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  1705  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TGAA  1763

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1764  CCTGCGGAAGGATCATTA  1781


>dbj|AB013537.1| Candida schatavii 18S rRNA gene, strain JCM 1778, partial sequence
Length=1781

 Score = 3157 bits (1709),  Expect = 0.0
 Identities = 1743/1758 (99%), Gaps = 8/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  268

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  269   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  328
```

```
Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  329   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  388

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  389   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  448

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  449   GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  507

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  567

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  568   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  627

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  628   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  686

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  687   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  746

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  747   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  806

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  807   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  866

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  867   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  925

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  926   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  985

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  986   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1045

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1046  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1105

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1106  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1165

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1166  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1225

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1226  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1285
```

```
Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1286  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1345

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1346  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1405

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1406  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1465

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1466  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1524

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1525  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1584

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1585  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1644

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1645  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1704

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  1705  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TGAA  1763

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1764  CCTGCGGAAGGATCATTA  1781


>dbj|AB013532.1| Candida boleticola 18S rRNA gene, strain JCM 1500, partial
sequence
Length=1781

 Score = 3157 bits (1709),  Expect = 0.0
 Identities = 1743/1758 (99%), Gaps = 8/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  268

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  269   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  328
```

```
Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  329   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  388

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  389   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  448

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  449   GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  507

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  567

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  568   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  627

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  628   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  686

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  687   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  746

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  747   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  806

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  807   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  866

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  867   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  925

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  926   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  985

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  986   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1045

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1046  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1105

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1106  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1165

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1166  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1225

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1226  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1285
```

```
Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1286  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1345

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1346  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1405

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1406  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1465

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1466  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1524

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1525  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1584

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1585  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1644

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1645  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1704

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  1705  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TGAA  1763

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1764  CCTGCGGAAGGATCATTA  1781


>dbj|AB013509.1| Candida zeylanoides 18S rRNA gene, strain JCM 1627, partial
sequence
Length=1782

 Score = 3157 bits (1709),  Expect = 0.0
 Identities = 1743/1758 (99%), Gaps = 7/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTCTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  268

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  269   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  328

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  329   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  388

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  389   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  448

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  449   GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  507

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  567

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  568   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  627

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  628   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  686

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  687   ACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  746

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  747   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  806

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  807   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  866

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  867   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  925

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  926   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  985

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  986   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1045

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1046  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1105

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1106  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1165

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1166  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1225

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1226  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1285

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1286  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1345

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1346  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1405

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1406  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1465

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1466  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1524

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1525  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1584

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1585  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1644

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1645  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1704

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1705  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1764

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1765  CCTGCGGAAGGATCATTA  1782


>gb|DQ534402.1| Debaryomyces hansenii strain hcx-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1738

 Score = 3153 bits (1707),  Expect = 0.0
 Identities = 1717/1721 (99%), Gaps = 4/1721 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  15    GCC-TGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  73

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  74    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  133

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  134   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  193

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  194   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  253

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  254   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  313

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  314   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  373

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  374   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  433

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  434   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  493

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  494   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  553

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  554   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  613

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  614   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  673

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  674   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  733

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  734   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  793

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  794   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  853

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  854   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  912

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  913   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  972

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  973   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1032

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1033  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1092

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1093  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1152

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1153  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1212

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1213  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1272

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1273  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1332

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1333  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1392

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1393  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1452

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1453  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1512

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1513  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1572

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1573  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1632

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1633  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1692

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAAC  1722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  1693  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCG-AAC  1732


>dbj|AB054261.1| Debaryomyces maramus gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM
1528
Length=1752

 Score = 3153 bits (1707),  Expect = 0.0
 Identities = 1725/1734 (99%), Gaps = 3/1734 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320
```

```
Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  440

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  500

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  501   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  560

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  561   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGTTT  620

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  621   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  680

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  681   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  740

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  741   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  800

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  801   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  860

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| | | ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  861   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTATC-GAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  919

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  920   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  979

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  980   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1039

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1040  CGCACTCGGCACCTTACGGGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1099

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  1100  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGC-TGCGGCTTAAT  1158

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1159  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1218

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1219  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1278
```

```
Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1279  CTGCTTAATTNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1338

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1339  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1398

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1399  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1458

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1459  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1518

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  1519  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTTATCAGCT  1578

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1579  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1638

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1639  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1698

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1699  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1752


>gb|AF440017.1| Debaryomyces mycophilus 18S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1769

 Score = 3151 bits (1706),  Expect = 0.0
 Identities = 1733/1745 (99%), Gaps = 5/1745 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  27    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  86

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  87    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  146

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  147   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAACG  206

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  207   CTCTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  266

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  326

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  386
```

```
Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  446

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTTGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  506

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  566

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  567   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  626

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  627   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGCACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  686

Query  663   ACCT-TTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| || |||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  687   ACCTATT-GCCCTTGTGGTGGTAGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  745

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  746   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  805

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  806   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  865

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             |||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  866   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  924

Query  901   -TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGA  959
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  925   TTTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGA  984

Query  960   TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttt  1019
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  985   TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTT  1044

Query  1020  GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC  1079
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1045  GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC  1104

Query  1080  AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTA  1139
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1105  AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTA  1164

Query  1140  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1199
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1165  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1224

Query  1200  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1259
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1225  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1284

Query  1260  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1319
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1285  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1344
```

```
Query  1320  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1379
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1345  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1404

Query  1380  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1405  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1464

Query  1440  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
             | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1465  AGCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1524

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1525  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1584

Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1585  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1644

Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1645  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1704

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGA  1739
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1705  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGA  1764

Query  1740  ACCTG  1744
             |||||
Sbjct  1765  ACCTG  1769


>dbj|AB054272.1| Debaryomyces coudertii gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM
2387
Length=1750

 Score = 3151 bits (1706),  Expect = 0.0
 Identities = 1725/1734 (99%), Gaps = 5/1734 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  440

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441   GACAATAAATAACGATACAGGGCCC-TTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  499

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  559

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  619

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  679

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  680   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  739

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  740   TCAAAGCAGGCC-TTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  798

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  799   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  858

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  859   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  917

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  918   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  977

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  978   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1037

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1038  CGCACTCGGCACCTTACGGGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1097

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||
Sbjct  1098  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAAT  1156

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1157  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1216

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1217  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1276

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
```

```
                ||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1277  CTGCTTAATTNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1336

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1337  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1396

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1397  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1456

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1457  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1516

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1517  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1576

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1577  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1636

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1637  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1696

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1697  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1750


>dbj|AB013562.1| Candida beechii 18S rRNA gene, strain JCM 1802, partial sequence
Length=1781

 Score = 3151 bits (1706),  Expect = 0.0
 Identities = 1742/1758 (99%), Gaps = 8/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             | |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   C-TTTC-GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  266

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  326

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  386

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  446

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  506

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  566

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  567   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGTTT  626

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  627   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  685

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  686   ACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  745

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  746   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  805

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  806   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  865

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  866   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  924

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  925   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  984

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  985   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1044

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1045  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1104

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1105  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1164

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1165  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1224

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1225  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1284

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1285  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1344

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1345  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1404

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1405  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1464

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1465  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1523

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1524  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1583

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1584  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1643

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1644  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1703

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1704  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1763

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1764  CCTGCGGAAGGATCATTA  1781


>dbj|AB054270.1| Debaryomyces hansenii var. hansenii gene for 18S rRNA, partial
sequence, strain:JCM 1990
Length=1752

 Score = 3147 bits (1704),  Expect = 0.0
 Identities = 1725/1735 (99%), Gaps = 5/1735 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380
```

```
Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  440

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441   GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  499

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  559

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  619

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  679

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  680   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  739

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  740   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  799

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  800   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  859

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA-  900
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  860   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  918

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  919   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  978

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  979   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1038

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||| ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1039  ACGGACTCGGCACCTTACGGGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1098

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||
Sbjct  1099  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAA  1157

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1158  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1217

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1218  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1277

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             |||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1278  TCTGCTTAATTNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1337
```

```
Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1338  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1397

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1398  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1457

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1458  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1517

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1518  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1577

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1578  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1637

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1638  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1697

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1698  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1752


>gb|AY520262.1| Candida sp. BG02-7-14-001H-1-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1750

 Score = 3145 bits (1703),  Expect = 0.0
 Identities = 1732/1745 (99%), Gaps = 6/1745 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  188

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  189   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  248

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  249   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  308

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  309   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  368

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  369   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  428
```

```
Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  429   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  488

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  489   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  548

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  549   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  608

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  609   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  667

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  727

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  787

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  847

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  906

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  966

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1026

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1086

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1146

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1206

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1266

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1326

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1386
```

```
Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1387  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1446

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1505

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1506  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1565

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1566  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1625

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1626  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1685

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1686  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1745

Query  1741  CCTGC  1745
             |||||
Sbjct  1746  CCTGC  1750


>dbj|AB054271.1| Debaryomyces nepalensis gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM 2095
Length=1752

 Score = 3142 bits (1701),  Expect = 0.0
 Identities = 1725/1736 (99%), Gaps = 7/1736 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
```

```
Sbjct  381    ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACA-GGGGAGGTAGT  439

Query  423    GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  440    GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  499

Query  483    ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500    ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  559

Query  543    CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560    CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  619

Query  603    GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620    GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  679

Query  663    ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  680    ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  739

Query  723    TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
              |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  740    TCAAAGCAGGCC-TTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  798

Query  783    CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  799    CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  858

Query  843    ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA-  900
              ||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  859    ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  917

Query  901    TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  918    TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  977

Query  961    ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  978    ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1037

Query  1021   ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
              ||| ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1038   ACGGACTCGGCACCTTACGGGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1097

Query  1081   AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGT-GGAGCCTGCGGCTTA  1139
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||
Sbjct  1098   AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGGA-CCTGCGGCTTA  1156

Query  1140   ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1199
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1157   ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1216

Query  1200   AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1259
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1217   AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1276

Query  1260   GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1319
              ||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1277   GTCTGCTTAATTNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1336

Query  1320   GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1379
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1337  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1396

Query  1380  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1397  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1456

Query  1440  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1457  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1516

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1517  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1576

Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1577  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1636

Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1637  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1696

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1697  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1752


>gb|AY553853.1| Candida fermentati strain NRRL Y-17903 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=1740

 Score = 3142 bits (1701),  Expect = 0.0
 Identities = 1724/1734 (99%), Gaps = 5/1734 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  189

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  190   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  247

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  248   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  307

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  308   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  367

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  368   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  427

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
```

```
                ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  428   TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  487

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  488   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  547

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  548   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  607

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  608   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  667

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  727

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  787

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  847

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  906

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  966

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1026

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1086

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1146

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1206

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1266

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1326

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1386

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1387  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1446

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1506

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1507  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1566

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1567  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1626

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1627  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1686

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1734
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1687  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1740


>gb|EF428134.1| Debaryomyces hansenii strain shiziwei2 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=1708

 Score = 3140 bits (1700),  Expect = 0.0
 Identities = 1706/1709 (99%), Gaps = 2/1709 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  60

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  120

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  180

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  240

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  300

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  360

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  420

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  480
```

```
Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  540

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  600

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  660

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  661   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  720

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  721   TCAAAGCAGGCCYTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  780

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  781   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  840

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  841   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  899

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  900   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  959

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  960   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1019

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1020  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1079

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1080  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1139

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1140  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1199

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1200  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1259

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1260  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1319

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1320  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1379

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1380  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1439
```

```
Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1440  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1499

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1500  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1559

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1560  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1619

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1620  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1679

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGT  1710
             |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1680  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGT  1708


>dbj|AB013581.1| Candida santamariae var. membranifaciens 18S rRNA gene, strain
JCM 9844, partial sequence
Length=1781

 Score = 3140 bits (1700),  Expect = 0.0
 Identities = 1740/1758 (98%), Gaps = 8/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             | |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   C-TTTC-GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  266

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  326

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  386

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  446

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447   GACAATAAATAACGATACAGGGGCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  506

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  566
```

```
Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  567   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGTTT  626

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  627   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAACCTTTCCTTCTGGCTA  685

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  686   ACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  745

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  746   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  805

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  806   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  865

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  866   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  924

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  925   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  984

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  985   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1044

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1045  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1104

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1105  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1164

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1165  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1224

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1225  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1284

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1285  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1344

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1345  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1404

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1405  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1464

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1465  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1523
```

```
Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1524  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1583

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1584  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1643

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1644  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1703

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1704  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1763

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1764  CCTGCGGAAGGATCATTA  1781


>dbj|AB013536.1| Candida santamariae var. santamariae 18S rRNA gene, strain JCM
1816, partial sequence
Length=1780

 Score = 3138 bits (1699),  Expect = 0.0
 Identities = 1740/1758 (98%), Gaps = 9/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             | |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   C-TTTC-GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  266

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  326

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  386

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  446

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447   GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  505

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  506   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  565

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  566   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGTTT  625

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  626   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAACCTTTCCTTCTGGCTA  684

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  685   ACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  744

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  745   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  804

Query  783   CTATTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  805   CTATTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  864

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  865   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  923

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  924   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  983

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  984   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1043

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1044  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1103

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1104  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1163

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1164  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1223

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1224  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1283

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1284  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1343

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1344  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1403

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1404  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1463

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1464  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1522

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1523  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1582

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1583  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1642

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1643  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1702

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1703  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1762

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1763  CCTGCGGAAGGATCATTA  1780


>dbj|AB013534.1| Candida oleophila 18S rRNA gene, strain JCM 1620, partial sequence
Length=1780

 Score = 3138 bits (1699),  Expect = 0.0
 Identities = 1741/1759 (98%), Gaps = 11/1759 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  266

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  326

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  386

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  446

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447   TGACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  505

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  506   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  565

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  566   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  625

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||| |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  626   TGGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  684

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  685   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  744

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  745   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  804

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  805   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  864

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             |||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  865   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  923

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  924   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  983

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  984   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1043

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1044  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1103

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1104  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1163

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1164  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1223

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1224  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1283

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1284  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1343

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1344  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1403

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1404  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1463

Query  1441  ACGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
              ||||| | ||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1464  GCGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1522

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1523  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1582

Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1583  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1642

Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
             ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1643  GGCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1702

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGA  1739
             |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  1703  AGCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TGA  1761

Query  1740  ACCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             |||||||||||||||||||
Sbjct  1762  ACCTGCGGAAGGATCATTA  1780


>emb|FN690502.1| Uncultured fungus partial 18S rRNA gene, clone 3c-D10
Length=1699

 Score = 3136 bits (1698),  Expect = 0.0
 Identities = 1698/1698 (100%), Gaps = 0/1698 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  61

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  62    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  121

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  122   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  181

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  182   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  241

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  242   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  301

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  302   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  361

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  362   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  421

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  422   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  481

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  482   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  541

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  542   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  601

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  602   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  661

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  662   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  721

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  722   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  781

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  782   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  841

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  902
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  842   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATT  901

Query  903   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  962
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  902   TGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATAC  961

Query  963   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGAC  1022
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  962   CGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGAC  1021

Query  1023  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1082
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1022  GCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAG  1081

Query  1083  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1142
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1082  GCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATT  1141

Query  1143  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1142  TGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGC  1201

Query  1203  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1202  TCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTC  1261

Query  1263  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1262  TGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCT  1321

Query  1323  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1322  GGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAA  1381

Query  1383  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1382  CAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAAC  1441

Query  1443  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1442  GAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGAT  1501

Query  1503  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1502  AGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTT  1561

Query  1563  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1622
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1562  GCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGC  1621

Query  1623  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1622  TTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGC  1681

Query  1683  TGGTCAAACTTGGTCATT  1700
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1682  TGGTCAAACTTGGTCATT  1699


>dbj|AB054259.1| Debaryomyces robertsiae gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:CBS 2934
Length=1751

 Score = 3136 bits (1698),  Expect = 0.0
 Identities = 1723/1735 (99%), Gaps = 6/1735 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  258

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  259   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  318

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  319   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  378

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  379   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  438

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  439   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  498

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  499   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  558

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  559    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  618

Query  602    TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  619    TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  678

Query  662    AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
              ||||| |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  679    AACCTCTCGCCCTTGTGGCGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  738

Query  722    TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  739    TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  798

Query  782    TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  799    TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  858

Query  842    TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
              |||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  859    TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  917

Query  901    TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  918    TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  977

Query  961    ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  978    ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1037

Query  1021   ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1038   ACGGACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1097

Query  1081   AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||
Sbjct  1098   AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAA  1156

Query  1141   TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1157   TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1216

Query  1201   GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1217   GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1276

Query  1261   TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
              ||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1277   TCTGCTTAATTGNNATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1336

Query  1321   CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1337   CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1396

Query  1381   AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1397   AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1456

Query  1441   ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1457   ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1516

Query  1501   ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1517   ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1576

Query  1561   TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1577   TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1636

Query  1621   GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1637   GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1696

Query  1681   GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1697   GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1751


>dbj|AB070856.1| Marine yeast Y5318 gene for 18S rRNA, partial sequence
Length=1751

 Score = 3136 bits (1698),  Expect = 0.0
 Identities = 1719/1728 (99%), Gaps = 5/1728 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  27     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  86

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  87     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  146

Query  123    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  147    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  206

Query  183    CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
              || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  207    CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  264

Query  242    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  265    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  324

Query  302    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  325    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  384

Query  362    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  385    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  444

Query  422    TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
              |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  445    TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  504

Query  482    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  505    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  564

Query  542    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  565    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  624

Query  602    TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  625   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  684

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  685   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  744

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  745   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  804

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  805   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  864

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  865   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  923

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  924   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  983

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGATCGGGTGTTGTTCttttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  984   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTTG  1043

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1044  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1103

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1104  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1163

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1164  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1223

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1224  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1283

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1284  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1343

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1344  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1403

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1404  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1463

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1464  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1523

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1524  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1583

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1584  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1643

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1644  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1703

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1728
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1704  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1751


>dbj|AB106351.1| Debaryomyces hansenii gene for 18S rRNA, partial sequence
Length=1751

 Score = 3136 bits (1698),  Expect = 0.0
 Identities = 1719/1728 (99%), Gaps = 5/1728 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  27    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  86

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  87    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  146

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  147   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  206

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  207   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  264

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  265   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  324

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  325   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  384

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  385   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  444

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  445   TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  504

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  505   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  564

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  565   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  624

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  625   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  684

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
```

```
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  685   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  744

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  745   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  804

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  805   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  864

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  865   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  923

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  924   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  983

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  984   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1043

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1044  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1103

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1104  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1163

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1164  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1223

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1224  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1283

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1284  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1343

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1344  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1403

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1404  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1463

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1464  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1523

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1524  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1583

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1584  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1643

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1644  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1703

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1728
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1704  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1751


>emb|AJ508273.1| Debaryomyces hansenii partial 18S rRNA gene, strain CBS 789T
Length=1710

 Score = 3134 bits (1697),  Expect = 0.0
 Identities = 1707/1712 (99%), Gaps = 3/1712 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  18    GTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTT  77
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     GTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTT  60

Query  78    GATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAAT  137
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    GATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAAT  120

Query  138   CCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTTTTCGGAGCTCTT  197
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   CCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTTTTCGGAGCTCTT  180

Query  198   TGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAAA  257
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   TGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAAA  240

Query  258   TTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAAC  317
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   TTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAAC  300

Query  318   GGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAA  377
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAA  360

Query  378   GGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACGA  437
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   GGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACGA  420

Query  438   TACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGGA  497
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   TACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGGA  480

Query  498   ACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTATA  557
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   ACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTATA  540

Query  558   TTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCGC  617
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   TTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCGC  600

Query  618   CTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCTTTCGCCCTTGT  677
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601   CTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCTTTCGCCCTTGT  660

Query  678   GGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTTT  737
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  661   GGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTTT  720

Query  738   GCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTTT  797
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  721  GCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTTT  780

Query  798  CTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGAG  857
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  781  CTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGAG  840

Query  858  GTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTTT  916
            |||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  841  GTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAG-ATTTGCCAAGGACGTTT  898

Query  917  TCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTAA  976
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  899  TCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTAA  958

Query  977  CCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGACGCACTCGGCACCTT  1036
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  959  CCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGACGCACTCGGCACCTT  1018

Query  1037 ACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAAG  1096
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1019 ACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAAG  1078

Query  1097 GAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGGG  1156
            |||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1079 GAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTKGAGMCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGGG  1138

Query  1157 GAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATTTT  1216
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1139 GAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATTTT  1198

Query  1217 GTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCGAT  1276
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1199 GTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCGAT  1258

Query  1277 AACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACTTC  1336
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1259 AACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACTTC  1318

Query  1337 TTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGC  1396
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1319 TTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGC  1378

Query  1397 CCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAGTATTAACCTTG  1456
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1379 CCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAGTATTAACCTTG  1438

Query  1457 GCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAATT  1516
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1439 GCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAATT  1498

Query  1517 ATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACGTC  1576
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1499 ATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACGTC  1558

Query  1577 CCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCTCC  1636
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1559 CCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCTCC  1618

Query  1637 GGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTGGT  1696
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1619 GGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTGGT  1678

Query  1697 CATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1728
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1679  CATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1710


>dbj|AB054268.1| Debaryomyces udenii gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM
7885
Length=1751

 Score = 3133 bits (1696),  Expect = 0.0
 Identities = 1723/1736 (99%), Gaps = 8/1736 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  258

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  259   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  318

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  319   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  378

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  379   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  438

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  439   TGACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  497

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  498   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  557

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  558   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGTT  617

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  618   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  677

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  678   AACCTCTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  737

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  738   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  797
```

```
Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  798   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  857

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             |||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  858   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  916

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  917   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  976

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  977   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1036

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1037  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1096

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGT-GGAGCCTGCGGCTTA  1139
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||
Sbjct  1097  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGGA-CCTGCGGCTTA  1155

Query  1140  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1199
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1156  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1215

Query  1200  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1259
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1216  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1275

Query  1260  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1319
             ||||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1276  GTCTGCTTAATTNNNATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1335

Query  1320  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1379
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1336  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1395

Query  1380  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1396  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1455

Query  1440  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1456  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1515

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1516  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1575

Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1576  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1635

Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1636  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1695

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1696  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1751
```

```
>emb|X83819.1| Debaryomyces castellii 18S rRNA gene (NCYC 604)
Length=1804

 Score = 3133 bits (1696),  Expect = 0.0
 Identities = 1736/1761 (98%), Gaps = 5/1761 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  46    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  105

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  106   AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  165

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  166   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  225

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||||||||||
Sbjct  226   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGNNTTGTGCTGGC  285

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  286   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTNCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  345

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  346   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  405

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  406   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  465

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  466   GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  524

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  525   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  584

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             |||||||||||||||||||||   ||||||||||||||||||   |||||||||||||||
Sbjct  585   CTCCAATAGCGTATATTAAAGNNNTTGCAGTTAAAAAGCTCGNNNTTGAACCTTGGGCTT  644

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||||||||| |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  645   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTCGGCNTGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  704

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  705   ACCTCTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  764

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  765   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  824

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  825   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  884
```

```
Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  885   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  943

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  944   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  1003

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1004  CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1063

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct  1064  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCNGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1123

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1124  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1183

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1184  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1243

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGT-GGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1244  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTCGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1303

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |
Sbjct  1304  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTAGG  1363

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGG-CAA  1379
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  1364  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCCAA  1423

Query  1380  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1424  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1483

Query  1440  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
             | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1484  AGCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1543

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1544  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1603

Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1604  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1663

Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1664  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1723

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGA  1739
             |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  1724  AGCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTNCGTAGGTGA  1783

Query  1740  ACCTGCGGAAGGATCATTACA  1760
             |||| ||||||||||||||||
Sbjct  1784  ACCTNCGGAAGGATCATTACA  1804
```

```
>dbj|AB054266.1| Debaryomyces yamadae gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM
6191
Length=1752

 Score = 3131 bits (1695),  Expect = 0.0
 Identities = 1721/1734 (99%), Gaps = 3/1734 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183    CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
              || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201    CTCTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243    GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261    GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303    GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321    GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363    ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381    ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  440

Query  423    GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441    GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  500

Query  483    ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  501    ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  560

Query  543    CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  561    CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  620

Query  603    GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
              |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  621    GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTCGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  680

Query  663    ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  681    ACCTCTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  740

Query  723    TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  741    TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  800

Query  783    CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  801   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  860

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  861   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  919

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  920   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  979

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  980   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1039

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1040  CGGACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1099

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||
Sbjct  1100  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAAT  1158

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1159  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1218

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1219  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1278

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||
Sbjct  1279  CTGCTTAATTNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTAGGC  1338

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1339  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1398

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1399  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1458

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1459  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1518

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1519  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1578

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1579  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1638

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1639  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1698

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1699  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1752
```

```
>gb|AY520192.1| Candida sp. BG02-7-14-001I-1-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1748

 Score = 3131 bits (1695),  Expect = 0.0
 Identities = 1728/1743 (99%), Gaps = 6/1743 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  188

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  189   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  248

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  249   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  308

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  309   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  368

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  369   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  428

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  429   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  488

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  489   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  548

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  549   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  608

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  609   GGTTGGCCGGTCCGC-TTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  667

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  727

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  787

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  847
```

```
Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  906

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  966

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1026

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1086

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |||||||
Sbjct  1087  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGTTGCTTAAT  1146

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1206

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1266

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1326

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1386

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1387  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1446

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1505

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1506  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1565

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1566  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1625

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1626  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1685

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1686  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1745

Query  1741  CCT  1743
             |||
Sbjct  1746  CCT  1748
```

```
>dbj|AB054274.1| Debaryomyces vanrijiae gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM
3657
Length=1752

 Score = 3127 bits (1693),  Expect = 0.0
 Identities = 1721/1734 (99%), Gaps = 3/1734 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183    CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201    CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243    GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261    GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303    GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321    GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363    ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381    ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  440

Query  423    GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441    GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  500

Query  483    ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  501    ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  560

Query  543    CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  561    CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  620

Query  603    GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
              |||||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  621    GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTCGGCGTGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  680

Query  663    ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
              |||| ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  681    ACCTCTCGTCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  740

Query  723    TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  741    TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  800

Query  783    CTATTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  801   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  860

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  861   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  919

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  920   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  979

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  980   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1039

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1040  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1099

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||
Sbjct  1100  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAAT  1158

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1159  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1218

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1219  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1278

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||
Sbjct  1279  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTAGGC  1338

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1339  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1398

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1399  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1458

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1459  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1518

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1519  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1578

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1579  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1638

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1639  CTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1698

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1699  CTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1752
```

```
>dbj|AB105434.1| Pichia guilliermondii gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:IAM
14500
Length=1734

 Score = 3127 bits (1693),  Expect = 0.0
 Identities = 1717/1728 (99%), Gaps = 5/1728 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  189

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  190   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  247

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  248   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  307

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  308   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  367

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  368   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  427

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  428   TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  487

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  488   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  547

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  548   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  607

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  608   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  667

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  727

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  787

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  847
```

```
Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  906

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  966

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1026

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1086

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1146

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1206

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1266

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  TCTGCTTAATTGCNATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1326

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1386

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1387  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1446

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1506

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1507  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1566

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1567  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1626

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1627  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1686

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1728
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1687  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1734


>gb|AY520212.1| Candida sp. BG02-6-15-010A-3 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
```

```
Length=1739

 Score = 3125 bits (1692),  Expect = 0.0
 Identities = 1721/1734 (99%), Gaps = 6/1734 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  188

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  189   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  248

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  249   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  308

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  309   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  368

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  369   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  428

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  429   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  488

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  489   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  548

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  549   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  608

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  609   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  667

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  727

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  787

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  847

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  848   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  906

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  966

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1026

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1086

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1146

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1206

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1266

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1326

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1386

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1387  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1446

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1505

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1506  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1565

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1566  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1625

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1626  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1685

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1734
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1686  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1739


>dbj|AB013542.1| Candida sophiae-reginae 18S rRNA gene, strain JCM 8925, partial
sequence
Length=1781

 Score = 3123 bits (1691),  Expect = 0.0
```

```
 Identities = 1739/1760 (98%), Gaps = 12/1760 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  266

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  326

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  386

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  446

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTACGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  506

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  566

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  567   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  626

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||| |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  627   TGGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  685

Query  662   AACCTT-TCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT  720
             |||||| | |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  686   AACCTTGT-GCCCTTGTGGTGCTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT  744

Query  721   GTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG  780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  745   GTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG  804

Query  781   TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCA  840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  805   TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCA  864

Query  841   GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGC  899
             ||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  865   GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGC  923

Query  900   ATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGA  959
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  924   ATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGA  983

Query  960   TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttt  1019
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  984   TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTT  1043

Query  1020  GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC  1079
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1044  GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC  1103

Query  1080  AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTA  1139
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1104  AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTA  1163

Query  1140  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1199
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1164  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1223

Query  1200  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1259
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1224  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1283

Query  1260  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1319
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1284  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1343

Query  1320  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1379
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1344  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1403

Query  1380  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1404  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1463

Query  1440  AACGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGG  1498
             | ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1464  AGCGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGG  1522

Query  1499  GGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCA  1558
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1523  GGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCA  1582

Query  1559  GCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAA  1618
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1583  GCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAA  1642

Query  1619  TGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAA  1678
             |||||||||||||| |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1643  TGGCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAGAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAA  1702

Query  1679  AAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTG  1738
             ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  1703  AAGCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TG  1761

Query  1739  AACCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||||
Sbjct  1762  AACCTGCGGAAGGATCATTA  1781


>dbj|AB013535.1| Candida multigemmis 18S rRNA gene, strain JCM 9559, partial
sequence
Length=1783
```

```
 Score = 3120 bits (1689),  Expect = 0.0
 Identities = 1738/1760 (98%), Gaps = 10/1760 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  266

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  326

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  386

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  446

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  506

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  566

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  567   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  626

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTT-TGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGC  660
             |||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  627   TGGTTGGCCGGTCCGCTTTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGC  686

Query  661   TAACCTTTC-GCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAG  719
             ||| || ||  || || |||||  | ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  687   TAA-CTATCTTCCTTTTTGGTGGGTAGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAG  745

Query  720   TGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATG  779
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  746   TGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATG  805

Query  780   GTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATC  839
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  806   GTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATC  865

Query  840   AGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAG  898
             |||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  866   AGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAG  924
```

```
Query  899   CATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAG  958
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  925   CATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAG  984

Query  959   ATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttt  1018
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  985   ATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTT  1044

Query  1019  tGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCG  1078
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1045  TGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCG  1104

Query  1079  CAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTT  1138
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1105  CAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTT  1164

Query  1139  AATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGA  1198
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1165  AATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGA  1224

Query  1199  GAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATT  1258
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1225  GAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATT  1284

Query  1259  TGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTT  1318
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1285  TGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTT  1344

Query  1319  TGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCA  1378
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1345  GGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCA  1404

Query  1379  ATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGC  1438
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1405  ATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGC  1464

Query  1439  CAACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGG  1498
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1465  CAGCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGG  1524

Query  1499  GGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCA  1558
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1525  GGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCA  1584

Query  1559  GCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAA  1618
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1585  GCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAA  1644

Query  1619  TGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAA  1678
             |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1645  TGGCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAA  1704

Query  1679  AAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTG  1738
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  1705  AAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TG  1763

Query  1739  AACCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||||
Sbjct  1764  AACCTGCGGAAGGATCATTA  1783


>dbj|AB013519.1| Candida glucosophila 18S rRNA gene, strain JCM 9440, partial
sequence
Length=1783
```

```
 Score = 3120 bits (1689),  Expect = 0.0
 Identities = 1736/1758 (98%), Gaps = 6/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGCTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  209

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210   CTCTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  269

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  270   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  329

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  330   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  389

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  390   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  449

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  450   GACAATAAATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  508

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  509   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  568

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  569   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  628

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||| ||||||||| ||||||||||||||||||| |||||||||||||||| |||||||
Sbjct  629   GGTTGCCCGGTCCGCTTTTTTGGCGAGTACTGGACGCAACCGAGCCTTTCCTCCTGGCTA  688

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  689   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGATTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  748

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||| || |||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  749   TCAAAGCAGGCGTTAGCTCGAATATGTTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  808

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  809   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  868

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  869   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  927
```

```
Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  928   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  987

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  988   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGATGTTCTTTTTTTGA  1047

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1048  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1107

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1108  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1167

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1168  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1227

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1228  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1287

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1288  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1347

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1348  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1407

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1408  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1467

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1468  CGAGTTTGTA-CCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1526

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1527  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1586

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1587  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1646

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||||| |||||||||||||||| |||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  1647  GCTTAGTGAGGCCTTCGGATTGGTTTAAAGAGGGGGGCAACTCCATCTTGAAACCGAAAA  1706

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  1707  GTTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TGAA  1765

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1766  CCTGCGGAAGGATCATTA  1783


>dbj|AB054267.1| Debaryomyces vanrijiae var. yarrowii gene for 18S rRNA, partial
sequence, strain:JCM 6190
```

```
Length=1753

 Score = 3118 bits (1688),  Expect = 0.0
 Identities = 1719/1735 (99%), Gaps = 4/1735 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  440

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  500

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  501   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  560

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  561   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  620

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  621   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTCGGCGTGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  680

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  681   ACCTCTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  740

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  741   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  800

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  801   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  860

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  861   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  919

Query  902   TT-GCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  920   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  979

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  980   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1039

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1040  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1099

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||
Sbjct  1100  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAA  1158

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1159  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1218

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1219  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1278

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             |||||||||||   |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |
Sbjct  1279  TCTGCTTAATTNNNATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTAGG  1338

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1339  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1398

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1399  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1458

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1459  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1518

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1519  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1578

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1579  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1638

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1639  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1698

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1699  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1753


>gb|AY242152.1| Candida athensensis strain BG99-8-11-1-C1 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=1730

 Score = 3118 bits (1688),  Expect = 0.0
```

```
 Identities = 1713/1724 (99%), Gaps = 5/1724 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10   GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63   AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70   AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123  ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130  ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  189

Query  183  CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
            || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  190  CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  247

Query  242  CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  248  CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  307

Query  302  GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  308  GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  367

Query  362  TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  368  TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  427

Query  422  TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
            |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  428  TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  487

Query  482  AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  488  AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  547

Query  542  GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  548  GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  607

Query  602  TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  608  TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  667

Query  662  AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668  AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  727

Query  722  TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728  TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  787

Query  782  TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788  TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  847

Query  842  TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
            ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848  TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  906

Query  901  TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  966

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1026

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1086

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1146

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1206

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1266

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1326

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1386

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1387  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1446

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1506

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1507  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1566

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1567  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1626

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1627  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAGAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1686

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAA  1724
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1687  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAA  1730


>dbj|AB013579.1| Candida quercitrusa 18S rRNA gene, strain JCM 9832, partial
sequence
Length=1782

 Score = 3118 bits (1688),  Expect = 0.0
 Identities = 1736/1758 (98%), Gaps = 7/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
              |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150    ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183    CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
              || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209    CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  266

Query  242    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  326

Query  302    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  386

Query  362    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  446

Query  422    TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
              |||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||| ||
Sbjct  447    TGACAATAAATACCGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTATTTGGAATGAGTACAATCTA  506

Query  482    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  566

Query  542    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  567    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  626

Query  602    TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
              ||||||||||||||| |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  627    TGGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  685

Query  662    AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
              |||||||| || || |||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  686    AACCTTTCACCTTTTTGGTGTCTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  745

Query  722    TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  746    TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  805

Query  782    TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  806    TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  865

Query  842    TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
              |||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  866    TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  924

Query  901    TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  925    TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  984
```

```
Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  985   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1044

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1045  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1104

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1105  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1164

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  1165  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATGAGGATTGACAGATTGAGA  1224

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1225  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1284

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1285  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1344

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1345  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1404

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1405  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1464

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              ||||| |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1465  GCGAGTTTTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1524

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1525  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1584

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1585  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1644

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1645  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1704

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1705  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1764

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1765  CCTGCGGAAGGATCATTA  1782


>dbj|AB013541.1| Candida natalensis 18S rRNA gene, strain JCM 1445, partial
sequence
Length=1781

 Score = 3118 bits (1688),  Expect = 0.0
 Identities = 1736/1758 (98%), Gaps = 8/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  266

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  326

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  386

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  446

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  447   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATCTA  506

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  566

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  567   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGTT  626

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||| |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  627   TGGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  685

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||||||| || || |||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  686   AACCTTTCACCTTTTTGGTGTCTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  745

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  746   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  805

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  806   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  865

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             |||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  866   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  924

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  925   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  984
```

```
Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  985   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1044

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1045  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1104

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1105  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1164

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  1165  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATGAGGATTGACAGATTGAGA  1224

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1225  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1284

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1285  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1344

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1345  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1404

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1405  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1464

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              ||||| |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1465  GCGAGTTTTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1524

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1525  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1584

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1585  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1644

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1645  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1704

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  1705  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TGAA  1763

Query  1741  CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
             ||||||||||||||||||
Sbjct  1764  CCTGCGGAAGGATCATTA  1781


>gb|DQ534404.1| Debaryomyces hansenii strain JHSa 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1741

 Score = 3114 bits (1686),  Expect = 0.0
 Identities = 1711/1722 (99%), Gaps = 6/1722 (0%)
```

```
 Strand=Plus/Plus

Query  3    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  17   GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  76

Query  63   AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  77   AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  136

Query  123  ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  137  ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  196

Query  183  CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
            || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  197  CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  254

Query  242  CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  255  CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  314

Query  302  GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  315  GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  374

Query  362  TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  375  TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  434

Query  422  TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
            |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  435  TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  494

Query  482  AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  495  AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  554

Query  542  GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  555  GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  614

Query  602  TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  615  TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  674

Query  662  AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  675  AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  734

Query  722  TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  735  TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  794

Query  782  TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  795  TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  854

Query  842  TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
            ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  855  TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  913

Query  901  TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  914   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  973

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  974   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1033

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1034  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1093

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1094  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1153

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1154  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1213

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1214  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1273

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1274  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1333

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1334  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1393

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1394  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1453

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1454  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1513

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1514  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1573

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1574  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1633

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1634  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1693

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAAC  1722
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  1694  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCG-AAC  1734


>gb|AY520250.1| Candida sp. BG02-5-27-4-5-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1739

 Score = 3114 bits (1686),  Expect = 0.0
 Identities = 1719/1734 (99%), Gaps = 6/1734 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10       GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63       AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70       AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123      ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
                |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130      ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  188

Query  183      CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  189      CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  248

Query  243      GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  249      GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  308

Query  303      GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  309      GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  368

Query  363      ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  369      ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  428

Query  423      GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  429      GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  488

Query  483      ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  489      ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  548

Query  543      CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  549      CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  608

Query  603      GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
                |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  609      GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  667

Query  663      ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
                |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668      ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  727

Query  723      TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728      TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  787

Query  783      CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788      CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  847

Query  843      ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
                |||| |||||||||||||||||||||||| ||| | ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848      ATTCCGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CGGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  906

Query  902      TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907      TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  966

Query  962      CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967      CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1026

Query  1022     CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027     CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1086

Query  1082     GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087     GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1146

Query  1142     TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147     TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1206

Query  1202     CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207     CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1266

Query  1262     CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267     CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1326

Query  1322     TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327     TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1386

Query  1382     ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1387     ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1446

Query  1442     CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
                ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447     CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1505

Query  1501     ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1506     ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1565

Query  1561     TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1566     TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1625

Query  1621     GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
                |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1626     GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1685

Query  1681     GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1734
                ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1686     GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1739


>dbj|AB054263.1| Debaryomyces occidentalis var. persoonii gene for 18S rRNA,
partial
sequence, strain:JCM 8127
Length=1753

 Score = 3112 bits (1685),  Expect = 0.0
 Identities = 1718/1735 (99%), Gaps = 4/1735 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3        GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21       GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80
```

```
Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTCTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  440

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  500

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  501   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  560

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  561   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  620

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  621   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTCGGCGTGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  680

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  681   ACCATTCACCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  740

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  741   TCAAAGCAGGCCTT-GCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  799

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  800   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  859

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  860   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  918

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  919   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  978

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  979   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1038
```

```
Query  1022   CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
              |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1039   CGCACTCGGCACCTTACGGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1098

Query  1082   GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1099   GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1158

Query  1142   TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1159   TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1218

Query  1202   CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTT-CTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||
Sbjct  1219   CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1278

Query  1261   TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
              ||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |
Sbjct  1279   TCTGCTTAATNNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTAGG  1338

Query  1321   CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1339   CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1398

Query  1381   AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1399   AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1458

Query  1441   ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
               ||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1459   GCGAGTATTAGCCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1518

Query  1501   ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1519   ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1578

Query  1561   TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1579   TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1638

Query  1621   GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1639   GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1698

Query  1681   GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1699   GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1753


>dbj|AB054276.1| Debaryomyces castellii gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM
6177
Length=1751

 Score = 3109 bits (1683),  Expect = 0.0
 Identities = 1717/1734 (99%), Gaps = 4/1734 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  440

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441   GACAATAAATAACGATACAGGGCC-TTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  499

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  559

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  619

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTCGGCGTGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  679

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||| ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  680   ACCTCTCGTCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  739

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  740   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  799

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  800   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  859

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  860   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  918

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  919   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  978

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  979   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1038

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1039  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1098

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||
Sbjct  1099  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAAT  1157

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1158  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1217

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1218  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1277

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |  ||
Sbjct  1278  CTGCTTAATTNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCATAAGC  1337

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1338  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1397

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1398  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1457

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1458  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1517

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1518  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1577

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1578  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1637

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1638  CTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1697

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1698  CTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1751


>gb|AY520269.1| Candida sp. BG02-5-27-4-2-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1739

 Score = 3109 bits (1683),  Expect = 0.0
 Identities = 1718/1734 (99%), Gaps = 6/1734 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAGCCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129
```

```
Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  188

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  189   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  248

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  249   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  308

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  309   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  368

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  369   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  428

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  429   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  488

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  489   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  548

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  549   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  608

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  609   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  667

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  727

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  787

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  847

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             |||| |||||||||||||||||||||||| ||| | ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   ATTCCGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CGGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  906

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  966

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1026

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1086
```

```
Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1146

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1206

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1266

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1326

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1386

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1387  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1446

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1505

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1506  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1565

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1566  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1625

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1626  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1685

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1734
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1686  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1739


>gb|AY520264.1| Candida sp. BG02-7-18-022A-1-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1739

 Score = 3109 bits (1683),  Expect = 0.0
 Identities = 1719/1735 (99%), Gaps = 8/1735 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAGCCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  188
```

```
Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  189   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  248

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  249   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  308

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  309   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  368

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  369   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  428

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  429   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  488

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  489   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  548

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  549   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  608

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             ||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  609   GGTTGGCCGGTCCGC-TTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  667

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  727

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  787

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  847

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  906

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  966

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1026

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1086

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1146
```

```
Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1206

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1266

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTG-CTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||
Sbjct  1267  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGC-GACTAGCTTTTG  1325

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1326  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1385

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1386  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1445

Query  1441  ACGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
              ||||| | ||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1446  GCGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1504

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1505  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1564

Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1565  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1624

Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
             ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1625  GGCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1684

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1734
             |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1685  AGCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1739


>gb|EF532297.1| Pichia guilliermondii strain gao1zhong2 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence
Length=1714

 Score = 3107 bits (1682),  Expect = 0.0
 Identities = 1705/1715 (99%), Gaps = 5/1715 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  183   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  240

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  300

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  360

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  420

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  480

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  540

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  541   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  600

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  660

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  661   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  720

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  721   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  780

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  781   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  840

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  841   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  899

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  900   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  959

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  960   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1019

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1020  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1079

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1080  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1139

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1140  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1199

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1200  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1259

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1260  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1319

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1320  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1379

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1380  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1439

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1440  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1499

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1500  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1559

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1560  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1619

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1620  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1679

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAG  1715
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1680  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAG  1714


>gb|EF061756.1| Debaryomyces hansenii strain G7a1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1682

 Score = 3107 bits (1682),  Expect = 0.0
 Identities = 1682/1682 (100%), Gaps = 0/1682 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  25    CAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTTGATAGTA  84
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     CAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTTGATAGTA  60

Query  85    CCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAATCCCGACT  144
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    CCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAATCCCGACT  120

Query  145   GTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTTTTCGGAGCTCTTTGATGAT  204
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   GTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTTTTCGGAGCTCTTTGATGAT  180

Query  205   TCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAAATTTCTGC  264
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   TCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAAATTTCTGC  240

Query  265   CCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAACGGGGAAT  324
```

```
                 ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   CCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAACGGGGAAT  300

Query  325   AAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCA  384
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   AAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAGCA  360

Query  385   GGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACGATACAGGG  444
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   GGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACGATACAGGG  420

Query  445   CCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGGAACAATTG  504
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   CCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGGAACAATTG  480

Query  505   GAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGT  564
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   GAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGT  540

Query  565   TGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTG  624
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   TGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTG  600

Query  625   GCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTT  684
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601   GCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTT  660

Query  685   GGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAA  744
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  661   GGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAA  720

Query  745   TATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGAC  804
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  721   TATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGAC  780

Query  805   CATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAAT  864
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  781   CATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAAT  840

Query  865   TCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAAT  924
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  841   TCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAAT  900

Query  925   CAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAAC  984
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  901   CAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAAC  960

Query  985   TATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAA  1044
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  961   TATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAA  1020

Query  1045  TCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGAC  1104
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1021  TCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGAC  1080

Query  1105  GGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGGGGAAACTCA  1164
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1081  GGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGGGGAAACTCA  1140

Query  1165  CCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGG  1224
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1141  CCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGG  1200

Query  1225  TGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACG  1284
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1201  TGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACG  1260

Query  1285  AGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGG  1344
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1261  AGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGG  1320

Query  1345  ACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGAC  1404
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1321  ACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGAC  1380

Query  1405  GTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAG  1464
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1381  GTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAG  1440

Query  1465  GTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCT  1524
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1441  GTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCT  1500

Query  1525  TCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCT  1584
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1501  TCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCT  1560

Query  1585  TTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGT  1644
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1561  TTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGT  1620

Query  1645  TTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGA  1704
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1621  TTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGA  1680

Query  1705  GG  1706
             ||
Sbjct  1681  GG  1682


>gb|DQ534403.1| Pichia guilliermondii strain JHSd 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1738

 Score = 3105 bits (1681),  Expect = 0.0
 Identities = 1711/1724 (99%), Gaps = 7/1724 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  17    GCC-TGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  75

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  76    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  135

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  136   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  195

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  196   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  253

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  254   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  313
```

```
Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  314   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  373

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  374   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  433

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  434   TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  493

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  494   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  553

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  554   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  613

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  614   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  673

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  674   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  733

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  734   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  793

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  794   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  853

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  854   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  912

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  913   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  972

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  973   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1032

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1033  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1092

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1093  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1152

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1153  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1212

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1213  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1272
```

```
Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1273  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1332

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1333  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1392

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1393  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1452

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1453  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1512

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1513  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1572

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1573  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1632

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1633  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1692

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAA  1724
             |||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||| |||
Sbjct  1693  GCTGGTCAAACTTGGTCATT-AGAGGAAGTAAAAGTCGTAGCAA  1735


>dbj|AB054282.1| Pichia guilliermondii gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM
10735
Length=1752

 Score = 3105 bits (1681),  Expect = 0.0
 Identities = 1718/1736 (98%), Gaps = 7/1736 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGG-ATAACCGTGGTAATTCTAGAGCT  121
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGTATAACCGTGGTAATTCTAGAGCT  140

Query  122   AATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAAT  181
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   AATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAAT  200

Query  182   GCT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTG  240
             ||| |||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   GCTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTG  258

Query  241   GCGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCA  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  259   GCGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCA  318

Query  301   TGGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGG  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  319   TGGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGG  378

Query  361   CTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  379   CTACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTA  438

Query  421   GTGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGT  480
             ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  439   GTGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGT  498

Query  481   AAATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  499   AAATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCC  558

Query  541   AGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGC  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  559   AGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGC  618

Query  601   TTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGC  660
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  619   TTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGC  678

Query  661   TAACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT  720
             ||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  679   TAACCATTCGTCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT  738

Query  721   GTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG  780
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  739   GTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG  798

Query  781   TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCA  840
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  799   TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCA  858

Query  841   GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGC  899
             |||||||||||||||||||||||||||| || ||| ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  859   GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGC  917

Query  900   ATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGA  959
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  918   ATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGA  977

Query  960   TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttt  1019
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  978   TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTT  1037

Query  1020  GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC  1079
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1038  GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC  1097

Query  1080  AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTA  1139
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||
Sbjct  1098  AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTA  1156

Query  1140  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1199
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1157  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1216

Query  1200  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1259
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  1217  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTCCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1276

Query  1260  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1319
             |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1277  GTCTGCTTAATNNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1336

Query  1320  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1379
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1337  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1396

Query  1380  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1397  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1456

Query  1440  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
             | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1457  AGCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1516

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1517  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1576

Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1577  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1636

Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1637  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1696

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1697  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1752


>dbj|AB000950.1| Taphrina farlowii gene for 18S rRNA, complete sequence
Length=1776

 Score = 3105 bits (1681),  Expect = 0.0
 Identities = 1737/1761 (98%), Gaps = 15/1761 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  22    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  81

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  82    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  141

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  142   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  201

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  202   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTAGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  259

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  260   CGATGGTTCATTCAAATTTTTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  319

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  320   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  379

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  380   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  439

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             |||||||| |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  440   TGACAATACATAACGATACAGGG-CCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  498

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  499   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  558

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  559   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  618

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  619   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  678

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  679   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  738

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATA-TATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG  780
             ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  739   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATACTATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG  798

Query  781   TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATA-GGGACGGTCGGGGGCATC  839
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  799   TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGGACGGTCGGGGGCATC  858

Query  840   AGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAG  898
             ||||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  859   AGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAG  917

Query  899   CATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAG  958
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  918   CATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAG  977

Query  959   ATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttt  1018
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  978   ATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTT  1037

Query  1019  tGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCG  1078
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1038  TGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCG  1097

Query  1079  CAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTT  1138
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1098  CAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTT  1157

Query  1139  AATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGA  1198
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1158  AATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGA  1217

Query  1199  GAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATT  1258
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1218  GAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATT  1277

Query  1259  TGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTT  1318
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1278  TGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTT  1337

Query  1319  TGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCA  1378
             |||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1338  TGCTGGTATAGTCACTTCCTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCA  1397

Query  1379  ATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGC  1438
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1398  ATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGT  1457

Query  1439  -CAACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTG  1497
              || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1458  TCAGCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTG  1517

Query  1498  GGGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCC-TAGTAAGCGCAAGTCAT  1556
             |||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||
Sbjct  1518  GGGATAGAGCATTGTA-TTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCCT-GTAAGCGCAAGTCAT  1575

Query  1557  CAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTG  1616
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1576  CAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTG  1635

Query  1617  AATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAA-GAA-GGGGGCAACTCCATCTTGGAAC  1674
             ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  1636  AATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAACGAACGGGGGCAACTCCATCTTGGAAC  1695

Query  1675  CGAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1734
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1696  CGAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1755

Query  1735  -GGTGAACCTGCGGAAGGATC  1754
              ||||||||||||||||||||
Sbjct  1756  CGGTGAACCTGCGGAAGGATC  1776


>gb|EU784644.1| Pichia guilliermondii strain CXF-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1739

 Score = 3103 bits (1680),  Expect = 0.0
 Identities = 1703/1713 (99%), Gaps = 5/1713 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  209

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  267

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  268   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  327

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  328   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  387

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  388   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  447

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  448   TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  507

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  567

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  568   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  627

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  628   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  687

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  688   AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  747

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  748   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  807

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  808   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  867

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  868   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  926

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  927   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  986

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  987   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1046

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1047  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1106

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1107  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1166

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1167  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1226

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1227  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1286

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1287  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1346

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1347  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1406

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1407  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1466

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1467  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1526

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1527  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1586

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1587  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1646

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1647  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1706

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAA  1713
             |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1707  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAA  1739


>dbj|AB013573.1| Candida fragi 18S rRNA gene, strain JCM 1791, partial sequence
Length=1781

 Score = 3101 bits (1679),  Expect = 0.0
 Identities = 1733/1758 (98%), Gaps = 8/1758 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  89

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  149

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  208

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  266

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  326

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  386

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  446

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
```

```
                |||||||||||||| ||||||| |||||||||||||||||| |||||||||||||| ||
Sbjct  447   TGACAATAAATAACGTTACAGGGGCCTTTCGGGTCTTGTAATCGGAATGAGTACAATCTA  506

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  566

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  567   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  626

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||| |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  627   TGGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  685

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             |||||||| || || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  686   AACCTTTCTCCTTTTTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  745

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  746   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  805

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  806   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  865

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             |||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  866   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  924

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  925   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  984

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  985   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1044

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1045  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1104

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1105  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1164

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  1165  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATGAGGATTGACAGATTGAGA  1224

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1225  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1284

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  1285  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCATTTG  1344

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1345  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1404

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1405   AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1464

Query  1441   ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
               ||||| |||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1465   GCGAGTTTTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1524

Query  1501   ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
              |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1525   ATAGAGCATTGTAATTTTTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1584

Query  1561   TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1585   TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1644

Query  1621   GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
              |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1645   GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1704

Query  1681   GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAA  1740
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
Sbjct  1705   GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG-TGAA  1763

Query  1741   CCTGCGGAAGGATCATTA  1758
              ||||||||||||||||||
Sbjct  1764   CCTGCGGAAGGATCATTA  1781


>emb|FN690501.1| Uncultured fungus partial 18S rRNA gene, clone 3b-D8
Length=1686

 Score = 3097 bits (1677),  Expect = 0.0
 Identities = 1683/1686 (99%), Gaps = 1/1686 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  7      TGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGT-GAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGT  65
              ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1      TGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGT  60

Query  66     TATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATA  125
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61     TATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATA  120

Query  126    CATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTT  185
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121    CATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTT  180

Query  186    TTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGAT  245
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181    TTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGAT  240

Query  246    GGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTT  305
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241    GGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTT  300

Query  306    TCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACC  365
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301    TCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACC  360

Query  366    ACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGAC  425
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361    ACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGAC  420

Query  426    AATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATA  485
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   AATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATA  480

Query  486   CCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTC  545
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   CCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTC  540

Query  546   CAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGT  605
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   CAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGT  600

Query  606   TGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACC  665
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  601   TGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACC  660

Query  666   TTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCA  725
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  661   TTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCA  720

Query  726   AAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTA  785
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  721   AAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTA  780

Query  786   TTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATT  845
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  781   TTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATT  840

Query  846   CAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGC  905
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  841   CAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGC  900

Query  906   CAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGT  965
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  901   CAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGT  960

Query  966   CGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGACGCA  1025
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  961   CGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGACGCA  1020

Query  1026  CTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCT  1085
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1021  CTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCT  1080

Query  1086  GAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGA  1145
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1081  GAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGA  1140

Query  1146  CTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCT  1205
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1141  CTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCT  1200

Query  1206  TTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGC  1265
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1201  TTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGC  1260

Query  1266  TTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGT  1325
             |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1261  TTAATTGCAATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGT  1320

Query  1326  ATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAG  1385
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1321  ATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAG  1380

Query  1386  GTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAG  1445
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1381   GTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAG  1440

Query  1446   TATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGA  1505
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1441   TATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGA  1500

Query  1506   GCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCG  1565
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1501   GCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCG  1560

Query  1566   TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTA  1625
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1561   TTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTA  1620

Query  1626   GTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGG  1685
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  1621   GTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTNGGAACCGAAAAGCTGG  1680

Query  1686   TCAAAC  1691
              ||||||
Sbjct  1681   TCAAAC  1686


>dbj|AB054275.1| Debaryomyces polymorphus gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM 3647
Length=1751

 Score = 3097 bits (1677),  Expect = 0.0
 Identities = 1715/1734 (98%), Gaps = 4/1734 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183    CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201    CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243    GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261    GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303    GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321    GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363    ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||||
Sbjct  381    ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCAATACGGGGAGGTAGT  440

Query  423    GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
              |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441    GACAATAAATAACGATACAGGGCC-TTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  499
```

```
Query  483    ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500    ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  559

Query  543    CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560    CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  619

Query  603    GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
              |||||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620    GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTCGGCGTGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  679

Query  663    ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  680    ACCTCTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  739

Query  723    TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  740    TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  799

Query  783    CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  800    CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  859

Query  843    ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
              ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  860    ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  918

Query  902    TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  919    TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  978

Query  962    CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  979    CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1038

Query  1022   CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
              || ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1039   CGGACTCGGCACCTTACGGGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1098

Query  1082   GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||
Sbjct  1099   GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAAT  1157

Query  1142   TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1158   TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1217

Query  1202   CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1218   CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1277

Query  1262   CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
              ||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||
Sbjct  1278   CTGCTTAATTNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTAGGC  1337

Query  1322   TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1338   TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1397

Query  1382   ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1398   ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1457
```

```
Query  1442   CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1458   CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1517

Query  1502   TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1518   TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1577

Query  1562   TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1578   TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1637

Query  1622   CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
              ||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1638   CTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1697

Query  1682   CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
              || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1698   CTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1751


>dbj|AB054273.1| Debaryomyces pseudopolymorphus gene for 18S rRNA, partial
sequence,
strain:JCM 3652
Length=1751

 Score = 3097 bits (1677),  Expect = 0.0
 Identities = 1715/1734 (98%), Gaps = 4/1734 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
              |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAA-GGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  199

Query  183    CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  200    CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  259

Query  243    GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  260    GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  319

Query  303    GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  320    GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  379

Query  363    ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  380    ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  439

Query  423    GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  440    GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  499

Query  483    ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  500   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  559

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  619

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTCGGCGTGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  679

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||| ||| ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  680   ACCTCTCGTCCTAGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  739

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  740   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  799

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  800   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  859

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  860   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  918

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  919   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  978

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  979   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1038

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             || ||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1039  CGGACTCGGCACCTTACGGGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1098

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||
Sbjct  1099  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAAT  1157

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1158  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1217

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1218  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1277

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             |||||||||  |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  ||
Sbjct  1278  CTGCTTAATNNCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTAGGC  1337

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1338  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1397

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1398  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1457

Query  1442  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1501
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1458  CGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGA  1517

Query  1502  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1561
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1518  TAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCT  1577

Query  1562  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1621
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1578  TGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGG  1637

Query  1622  CTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1681
             ||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1638  CTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAG  1697

Query  1682  CTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1698  CTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1751


>dbj|AB054265.1| Debaryomyces polymorphus var. africanus gene for 18S rRNA, partial
sequence, strain:JCM 7443
Length=1752

 Score = 3097 bits (1677),  Expect = 0.0
 Identities = 1716/1735 (98%), Gaps = 5/1735 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||||
Sbjct  381   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCAATACGGGGAGGTAGT  440

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441   GACAATAAATAACGATACAGGGCC-TTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  499

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  559

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  619

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTCGGCGTGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  679

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||| ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  680   ACCTCTCGTCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  739

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  740   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  799

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  800   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  859

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  860   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  918

Query  902   TT-GCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  919   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  978

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  979   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1038

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1039  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1098

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||
Sbjct  1099  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTAA  1157

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1158  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1217

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1218  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1277

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             |||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  |
Sbjct  1278  TCTGCTTAATTNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTAGG  1337

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1338  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1397

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1398  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1457

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1458  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1517

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1518  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1577

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1578  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1637

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1638  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1697

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             ||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1698  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1752


>gb|AY520271.1| Candida sp. BG02-5-27-1-2-C 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1718

 Score = 3097 bits (1677),  Expect = 0.0
 Identities = 1702/1713 (99%), Gaps = 7/1713 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  189

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  190   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  247

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  248   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  307

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  308   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  367

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  368   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  427

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  428   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  487

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  488   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  547

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  548   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGTT  607
```

```
Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  608   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  667

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             ||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTCTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  727

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  787

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  847

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             |||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  906

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTTGTCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  966

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1026

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1086

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATT-GACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTA  1139
             |||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  AGGCTGAAACTTAAAGGA-TTAGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTA  1145

Query  1140  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1199
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1146  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1205

Query  1200  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1259
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1206  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1265

Query  1260  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1319
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1266  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1325

Query  1320  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1379
             |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1326  GCTGGTATAGNCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1385

Query  1380  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1386  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1445

Query  1440  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1446  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1505

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1506  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1565
```

```
Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1566  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1625

Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1626  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1685

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA  1712
             |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1686  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA  1718


>dbj|AB054262.1| Debaryomyces occidentalis gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM 8123
Length=1754

 Score = 3096 bits (1676),  Expect = 0.0
 Identities = 1716/1736 (98%), Gaps = 5/1736 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  140

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  141   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  200

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  201   CTCTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  260

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  261   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  320

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  321   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  380

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  381   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  440

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  441   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  500

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  501   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  560

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  561   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  620

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  621   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTCGGCGTGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  680
```

```
Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             ||| ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  681   ACCATTCACCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  740

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  741   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  800

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  801   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  860

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  861   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  919

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  920   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGGAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  979

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  980   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1039

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1040  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1099

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-AGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||||
Sbjct  1100  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGGA-CCTGCGGCTTAA  1158

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1159  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1218

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTT-CTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1259
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  1219  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1278

Query  1260  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1319
             |||||||||||   ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1279  GTCTGCTTAATNNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTAG  1338

Query  1320  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1379
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1339  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1398

Query  1380  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1399  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1458

Query  1440  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
             | ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1459  AGCGAGTATTAGCCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1518

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1519  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1578

Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||
Sbjct  1579  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGGTACTACCGATTGAAT  1638
```

```
Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  1639  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCTTCTTGGAACCGAAA  1698

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1699  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1754


>gb|GU570441.1| Candida sp. NN-2010a 18S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1710

 Score = 3092 bits (1674),  Expect = 0.0
 Identities = 1701/1713 (99%), Gaps = 5/1713 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  18    GTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTT  77
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     GTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTT  60

Query  78    GATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAAT  137
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    GATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAAT  120

Query  138   CCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCT-TTTCGGAGCTCT  196
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||  |||||||
Sbjct  121   CCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTCTTT--GAGCTCT  178

Query  197   TTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAA  256
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  179   TTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAA  238

Query  257   ATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAA  316
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  239   ATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAA  298

Query  317   CGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGA  376
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  299   CGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGA  358

Query  377   AGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACG  436
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  359   AGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATACATAACG  418

Query  437   ATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGG  496
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  419   ATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGG  478

Query  497   AACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTAT  556
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  479   AACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTAT  538

Query  557   ATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCG  616
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  539   ATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCG  598

Query  617   CCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCTTTCGCCCTTG  676
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  599   CCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCATTCGCCCTTG  658

Query  677   TGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTT  736
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  659   TGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTT  718
```

```
Query  737   TGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTT  796
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  719   TGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTT  778

Query  797   TCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGA  856
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  779   TCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGA  838

Query  857   GGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTT  915
             |||||||||||| || ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  839   GGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTT  897

Query  916   TTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTA  975
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  898   TTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTA  957

Query  976   ACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGACGCACTCGGCACCT  1035
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  958   ACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGACGCACTCGGCACCT  1017

Query  1036  TACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAA  1095
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1018  TACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAA  1077

Query  1096  GGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGG  1155
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1078  GGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGG  1137

Query  1156  GGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATTT  1215
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1138  GGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATTT  1197

Query  1216  TGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCGA  1275
             ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1198  TGTGGGTGGCGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCGA  1257

Query  1276  TAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACTT  1335
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1258  TAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACTT  1317

Query  1336  CTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGATG  1395
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1318  CTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGATG  1377

Query  1396  CCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAGTATTAACCTT  1455
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||
Sbjct  1378  CCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAGCGAGTATTAACCTT  1437

Query  1456  GGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAAT  1515
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1438  GGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAAT  1497

Query  1516  TATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACGT  1575
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  1498  TATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCACCTTGCGTTGATTACGT  1557

Query  1576  CCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCTC  1635
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1558  CCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCTC  1617

Query  1636  CGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTGG  1695
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1618  CGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTGG  1677
```

```
Query  1696  TCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1728
             |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1678  TCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1710


>emb|AJ508276.1| Pichia caribbica partial 18S rRNA gene, strain CBS 5265T
Length=1710

 Score = 3092 bits (1674),  Expect = 0.0
 Identities = 1701/1713 (99%), Gaps = 5/1713 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  18    GTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTT  77
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     GTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTT  60

Query  78    GATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAAT  137
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    GATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAAT  120

Query  138   CCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCT-TTTCGGAGCTCT  196
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||  |||||||
Sbjct  121   CCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTCTTT--GAGCTCT  178

Query  197   TTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAA  256
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  179   TTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAA  238

Query  257   ATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAA  316
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  239   ATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAA  298

Query  317   CGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGA  376
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  299   CGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGA  358

Query  377   AGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACG  436
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  359   AGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATACATAACG  418

Query  437   ATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGG  496
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  419   ATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGG  478

Query  497   AACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTAT  556
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  479   AACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTAT  538

Query  557   ATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCG  616
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  539   ATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCG  598

Query  617   CCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCTTTCGCCCTTG  676
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  599   CCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCATTCGCCCTTG  658

Query  677   TGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTT  736
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  659   TGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTT  718

Query  737   TGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTT  796
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  719   TGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTT  778
```

```
Query  797   TCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGA  856
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  779   TCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGA  838

Query  857   GGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTT  915
             |||||||||||| || ||| ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  839   GGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTTACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTT  897

Query  916   TTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTA  975
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  898   TTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTA  957

Query  976   ACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGACGCACTCGGCACCT  1035
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  958   ACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGACGCACTCGGCACCT  1017

Query  1036  TACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAA  1095
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1018  TACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAA  1077

Query  1096  GGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGG  1155
             ||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1078  GGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGACTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGG  1137

Query  1156  GGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATTT  1215
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1138  GGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATTT  1197

Query  1216  TGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCGA  1275
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1198  TGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCGA  1257

Query  1276  TAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACTT  1335
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1258  TAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACTT  1317

Query  1336  CTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGATG  1395
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1318  CTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGATG  1377

Query  1396  CCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAGTATTAACCTT  1455
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  1378  CCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCTACACTGACGGAGCCAGCGAGTATTAACCTT  1437

Query  1456  GGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAAT  1515
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1438  GGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAAT  1497

Query  1516  TATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACGT  1575
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1498  TATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACGT  1557

Query  1576  CCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCTC  1635
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1558  CCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCTC  1617

Query  1636  CGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTGG  1695
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1618  CGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTGG  1677

Query  1696  TCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1728
             |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1678  TCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1710
```

```
>gb|AY227715.1| Candida xestobii strain ATCC 24001 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1715

 Score = 3090 bits (1673),  Expect = 0.0
 Identities = 1698/1709 (99%), Gaps = 5/1709 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
              |||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130    ATACATGCTACAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  189

Query  183    CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
              || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  190    CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  247

Query  242    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  248    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  307

Query  302    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  308    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  367

Query  362    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  368    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  427

Query  422    TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
              |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  428    TGACAATACATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  487

Query  482    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  488    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  547

Query  542    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  548    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  607

Query  602    TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  608    TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  667

Query  662    AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
              |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668    AACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  727

Query  722    TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728    TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  787

Query  782    TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  788   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  847

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             ||||||||||||||||||||||||||| || ||| |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  906

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  966

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTG  1026

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1086

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1146

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1206

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1266

Query  1261  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1326

Query  1321  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1386

Query  1381  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1387  AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1446

Query  1441  ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1506

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1507  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1566

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1567  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1626

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1627  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1686

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAG  1709
             |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1687  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAG  1715


>gb|AY242159.1| Candida sp. BG01-7-21-003B-1-1 18S ribosomal RNA gene, partial
```

```
sequence
Length=1720

 Score = 3090 bits (1673),  Expect = 0.0
 Identities = 1702/1715 (99%), Gaps = 6/1715 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  188

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  189   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  248

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  249   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  308

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  309   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  368

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  369   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  428

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  429   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  488

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  489   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  548

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  549   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  608

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  609   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  667

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  727

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  787

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  847

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  906

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  966

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1026

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1086

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1146

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1206

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1266

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1326

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1386

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1387  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1446

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1505

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1506  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1565

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1566  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1625

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1626  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1685

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAG  1715
             ||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1686  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAG  1720


>dbj|AB054258.1| Debaryomyces etchellsii gene for 18S rRNA, partial sequence,
strain:JCM 3656
Length=1752
```

```
 Score = 3086 bits (1671),  Expect = 0.0
 Identities = 1715/1736 (98%), Gaps = 7/1736 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGG-ATAACCGTGGTAATTCTAGAGCT  121
              |||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  81     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTAC-TGGTATAACCGTGGTAATTCTAGAGCT  139

Query  122    AATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAAT  181
              |||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  140    AATACATGCTGAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAAC  199

Query  182    GCTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
              ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  200    GCTCTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  259

Query  242    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  260    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  319

Query  302    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  320    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  379

Query  362    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  380    TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  439

Query  422    TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  440    TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  499

Query  482    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500    AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  559

Query  542    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560    GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  619

Query  602    TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
              ||||||||||||||| ||||| |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620    TGGTTGGCCGGTCCGTCTTTTCGGCGTGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  679

Query  662    AACCT-TTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT  720
              ||||| || |||||||||||| | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  680    AACCTATT-GCCCTTGTGGTGGTAGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT  738

Query  721    GTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG  780
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  739    GTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGG  798

Query  781    TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCA  840
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  799    TTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCA  858

Query  841    GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGC  899
              ||||||||||||||||||||||||||||||||| || |||||||||||||||||||||||
Sbjct  859    GTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGC  917
```

```
Query  900   ATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGA  959
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  918   ATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGA  977

Query  960   TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttttttt  1019
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  978   TACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTT  1037

Query  1020  GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC  1079
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1038  GACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGC  1097

Query  1080  AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTA  1139
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | ||||||||||
Sbjct  1098  AAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGG-GACTGCGGCTTA  1156

Query  1140  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1199
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1157  ATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAG  1216

Query  1200  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1259
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1217  AGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTT  1276

Query  1260  GTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1319
             ||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1277  GTCTGCTTAATTNNGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTT  1336

Query  1320  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1379
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1337  GCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAA  1396

Query  1380  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1439
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1397  TAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCC  1456

Query  1440  AACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1499
             | ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1457  AGCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGG  1516

Query  1500  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1559
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1517  GATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAG  1576

Query  1560  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1619
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1577  CTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAAT  1636

Query  1620  GGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1679
             ||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1637  GGCTTAGTGAGGCCTTCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAA  1696

Query  1680  AGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1697  AGTTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1752


>gb|AY227020.1| Pichia guilliermondii strain CCO 8 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1701

 Score = 3086 bits (1671),  Expect = 0.0
 Identities = 1694/1704 (99%), Gaps = 5/1704 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  24    GCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTTGATAGT  83
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     GCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTTGATAGT  60

Query  84    ACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAATCCCGAC  143
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    ACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAATCCCGAC  120

Query  144   TGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCT-TTTCGGAGCTCTTTGATG  202
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||  |||||||||||||
Sbjct  121   TGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTCTTT--GAGCTCTTTGATG  178

Query  203   ATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAAATTTCT  262
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  179   ATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAAATTTCT  238

Query  263   GCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAACGGGGA  322
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  239   GCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAACGGGGA  298

Query  323   ATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAG  382
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  299   ATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGAAGGCAG  358

Query  383   CAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACGATACAG  442
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||
Sbjct  359   CAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATACATAACGATACAG  418

Query  443   GGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGGAACAAT  502
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  419   GGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGGAACAAT  478

Query  503   TGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAA  562
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  479   TGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAA  538

Query  563   GTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTT  622
             ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  539   GTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTT  598

Query  623   TGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCTTTCGCCCTTGTGGTGT  682
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  599   TGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCATTCGCCCTTGTGGTGT  658

Query  683   TTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCG  742
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  659   TTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCG  718

Query  743   AATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGG  802
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  719   AATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGG  778

Query  803   ACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAA  862
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  779   ACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAA  838

Query  863   ATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTTTTCATT  921
             |||||| || ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  839   ATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTTTTCATT  897

Query  922   AATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTAACCATA  981
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  898   AATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTAACCATA  957
```

```
Query  982   AACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGACGCACTCGGCACCTTACGAG  1041
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  958   AACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGACGCACTCGGCACCTTACGAG  1017

Query  1042  AAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATT  1101
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1018  AAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATT  1077

Query  1102  GACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGGGGAAAC  1161
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1078  GACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACGGGGAAAC  1137

Query  1162  TCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGG  1221
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1138  TCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGG  1197

Query  1222  TGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCGATAACGA  1281
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1198  TGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCGATAACGA  1257

Query  1282  ACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACTTCTTAGA  1341
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1258  ACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACTTCTTAGA  1317

Query  1342  GGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTA  1401
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1318  GGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTA  1377

Query  1402  GACGTTCTGGGCCGCACGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAGTATTAACCTTGGCCGA  1461
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  1378  GACGTTCTGGGCCGCACGCGCTACACTGACGGAGCCAGCGAGTATTAACCTTGGCCGA  1437

Query  1462  GAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAATTATTGC  1521
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1438  GAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAATTATTGC  1497

Query  1522  TCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGC  1581
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1498  TCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGC  1557

Query  1582  CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATT  1641
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1558  CCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATT  1617

Query  1642  GGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATTT  1701
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1618  GGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATTT  1677

Query  1702  AGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAG  1725
             ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1678  AGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAG  1701


>gb|AY520226.1| Candida sp. BG02-5-23-003D-5 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1740

 Score = 3086 bits (1671),  Expect = 0.0
 Identities = 1716/1736 (98%), Gaps = 9/1736 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAACG  189

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  190   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  247

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  248   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  307

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  308   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  367

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  368   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  427

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  428   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTAGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  487

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  488   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  547

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||
Sbjct  548   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCT  607

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  608   TGGTTGGCCGGTCCGCC-TTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  666

Query  662   AACC-TTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT  720
             ||||   | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  667   AACCAAGT-GCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGT  725

Query  721   GTTCAAAGCAGGCCTTT-GCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATG  779
             |||||||||| || ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  726   GTTCAAAGCAAGCGTTTCGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATG  785

Query  780   GTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATC  839
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||
Sbjct  786   GTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAACAGGGACGGTCGGGGGCATC  845

Query  840   AGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAG  898
             |||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  846   AGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAG  904

Query  899   CATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAG  958
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  905   CATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAG  964

Query  959   ATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttt  1018
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  965   GTACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTT  1024

Query  1019  tGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCG  1078
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1025  TGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCG  1084

Query  1079  CAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTT  1138
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1085  CAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTT  1144

Query  1139  AATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGA  1198
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1145  AATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGA  1204

Query  1199  GAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATT  1258
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1205  GAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATT  1264

Query  1259  TGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTT  1318
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1265  TGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTT  1324

Query  1319  TGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCA  1378
              |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1325  GGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCA  1384

Query  1379  ATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGC  1438
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1385  ATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGC  1444

Query  1439  CAACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGG  1498
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1445  CAGCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGG  1504

Query  1499  GGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCA  1558
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1505  GGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCA  1564

Query  1559  GCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAA  1618
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1565  GCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAA  1624

Query  1619  TGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAA  1678
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1625  TGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAA  1684

Query  1679  AAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1734
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1685  AAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTA  1740


>emb|AJ508269.1| Pichia caribbica partial 18S rRNA gene, strain CBS 2022T
Length=1710

 Score = 3086 bits (1671),  Expect = 0.0
 Identities = 1701/1714 (99%), Gaps = 7/1714 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  18    GTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTT  77
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     GTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTT  60

Query  78    GATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAAT  137
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  61    GATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAAT  120

Query  138   CCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCT-TTTCGGAGCTCT  196
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||  |||||||
Sbjct  121   CCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTCTTT--GAGCTCT  178

Query  197   TTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAA  256
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  179   TTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAA  238

Query  257   ATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAA  316
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  239   ATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAA  298

Query  317   CGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGA  376
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  299   CGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGA  358

Query  377   AGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACG  436
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  359   AGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATACATAACG  418

Query  437   ATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGG  496
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  419   ATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGG  478

Query  497   AACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTAT  556
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  479   AACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTAT  538

Query  557   ATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCG  616
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  539   ATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCG  598

Query  617   CCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCTTTCGCCCTTG  676
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  599   CCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCATTCGCCCTTG  658

Query  677   TGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTT  736
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  659   TGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTT  718

Query  737   TGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTT  796
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  719   TGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTT  778

Query  797   TCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGA  856
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  779   TCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGA  838

Query  857   GGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTT  915
             |||||||||||| || ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  839   GGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTT  897

Query  916   TTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTA  975
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  898   TTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTA  957

Query  976   ACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGACGCACTCGGCACCT  1035
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  958   ACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGACGCACTCGGCACCT  1017

Query  1036  TACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAA  1095
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1018  TACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAA  1077

Query  1096  GGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAG-TGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACG  1154
             |||||||||||||||||||||||||||| ||| | |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1078  GGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTTGG-GACTGCGGCTTAATTTGACTCAACACG  1136

Query  1155  GGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATT  1214
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1137  GGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATT  1196

Query  1215  TTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCG  1274
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1197  TTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCG  1256

Query  1275  ATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACT  1334
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1257  ATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACT  1316

Query  1335  TCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGAT  1394
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1317  TCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGAT  1376

Query  1395  GCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAGTATTAACCT  1454
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Sbjct  1377  GCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAGCGAGTATTAACCT  1436

Query  1455  TGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAA  1514
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1437  TGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAA  1496

Query  1515  TTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACG  1574
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1497  TTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACG  1556

Query  1575  TCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCT  1634
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1557  TCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCT  1616

Query  1635  CCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTG  1694
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1617  CCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTG  1676

Query  1695  GTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1728
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1677  GTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1710


>gb|AY242197.1| Candida sp. BG01-7-21-009A-1-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=1716

 Score = 3083 bits (1669),  Expect = 0.0
 Identities = 1698/1711 (99%), Gaps = 6/1711 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  10    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  69

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  70    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  129

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
```

```
                    |||||||||||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  130   ATACATGCTAAAAATCCCGACT-TCTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  188

Query  183   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  242
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  189   CTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGC  248

Query  243   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  302
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  249   GATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATG  308

Query  303   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  362
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  309   GTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCT  368

Query  363   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  422
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  369   ACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGT  428

Query  423   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  482
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  429   GACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAA  488

Query  483   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  542
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  489   ATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAG  548

Query  543   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  602
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  549   CTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTT  608

Query  603   GGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  662
             |||||||||||||| |||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  609   GGTTGGCCGGTCCG-CTTTATGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTA  667

Query  663   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  722
             |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  668   ACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGAGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGT  727

Query  723   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  782
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  728   TCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTT  787

Query  783   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  842
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  788   CTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGT  847

Query  843   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  901
             ||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  848   ATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCAT  906

Query  902   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  961
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  907   TTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATA  966

Query  962   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGA  1021
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  967   CCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGA  1026

Query  1022  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1081
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1027  CGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAA  1086

Query  1082  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1141
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1087  GGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAAT  1146

Query  1142  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1201
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1147  TTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAG  1206

Query  1202  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1261
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1207  CTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGT  1266

Query  1262  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1321
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1267  CTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGC  1326

Query  1322  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1381
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1327  TGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATA  1386

Query  1382  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAA  1441
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  1387  ACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAG  1446

Query  1442  CGAGTAT-TAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
             ||||| | ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1447  CGAGT-TCTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGTAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1505

Query  1501  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1506  ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1565

Query  1561  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1566  TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1625

Query  1621  GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
             |||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1626  GCTTAGTGAGGCTTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1685

Query  1681  GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTA  1711
             ||| |||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1686  GCTAGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTA  1716


>emb|AJ508270.1| Candida carpophila partial 18S rRNA gene, strain CBS 5256T
Length=1710

 Score = 3083 bits (1669),  Expect = 0.0
 Identities = 1700/1714 (99%), Gaps = 7/1714 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  18    GTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTT  77
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     GTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATCAGTTATCGTTTATTT  60

Query  78    GATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAAT  137
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    GATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTAATACATGCTAAAAAT  120

Query  138   CCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCT-TTTCGGAGCTCT  196
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||  |||||||
Sbjct  121   CCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATGCTCTTT--GAGCTCT  178

Query  197   TTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAA  256
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  179      TTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGGCGATGGTTCATTCAA  238

Query  257      ATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAA  316
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  239      ATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCATGGTTTCAACGGGTAA  298

Query  317      CGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGA  376
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  299      CGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGCTACCACATCCAAGGA  358

Query  377      AGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATAAATAACG  436
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||
Sbjct  359      AGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAGTGACAATACATAACG  418

Query  437      ATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGG  496
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  419      ATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTAAATACCTTAACGAGG  478

Query  497      AACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTAT  556
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  479      AACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCAGCTCCAATAGCGTAT  538

Query  557      ATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCG  616
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||
Sbjct  539      ATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTTGGGCTTGGTTGGCCGGTCCG  598

Query  617      CCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCTTTCGCCCTTG  676
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||
Sbjct  599      CCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCTAACCATTCGCCCTTG  658

Query  677      TGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTT  736
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  659      TGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTGTTCAAAGCAGGCCTT  718

Query  737      TGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTT  796
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  719      TGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGTTCTATTTTGTTGGTT  778

Query  797      TCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGA  856
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  779      TCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAGTATTCAGTTGTCAGA  838

Query  857      GGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTT  915
                |||||||||||| || ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  839      GGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCATTTGCCAAGGACGTT  897

Query  916      TTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTA  975
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  898      TTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGATACCGTCGTAGTCTTA  957

Query  976      ACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttGACGCACTCGGCACCT  1035
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  958      ACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTTTTTTGACGCACTCGGCACCT  1017

Query  1036     TACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTTAAA  1095
                |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  1018     TACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCAAGGCTGAAACTWAAA  1077

Query  1096     GGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAG-TGGAGCCTGCGGCTTAATTTGACTCAACACG  1154
                |||||||||||||||||||||||||||| ||| | |||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1078     GGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTTGG-GACTGCGGCTTAATTTGACTCAACACG  1136

Query  1155     GGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATT  1214
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1137  GGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGAGCTCTTTCTTGATT  1196

Query  1215  TTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCG  1274
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1197  TTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTGTCTGCTTAATTGCG  1256

Query  1275  ATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACT  1334
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1257  ATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTGCTGGTATAGTCACT  1316

Query  1335  TCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGAT  1394
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1317  TCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAATAACAGGTCTGTGAT  1376

Query  1395  GCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAACGAGTATTAACCT  1454
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Sbjct  1377  GCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCAGCGAGTATTAACCT  1436

Query  1455  TGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAA  1514
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1437  TGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGGATAGAGCATTGTAA  1496

Query  1515  TTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACG  1574
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1497  TTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGCTTGCGTTGATTACG  1556

Query  1575  TCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCT  1634
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1557  TCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATGGCTTAGTGAGGCCT  1616

Query  1635  CCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTG  1694
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1617  CCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAAGCTGGTCAAACTTG  1676

Query  1695  GTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1728
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1677  GTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTT  1710


>emb|AM261069.1| Debaryomyces sp. MTCC 7061 18S rRNA gene, strain MTCC 7061
Length=1753

 Score = 3079 bits (1667),  Expect = 0.0
 Identities = 1713/1735 (98%), Gaps = 4/1735 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  21    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  80

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGG-ATAACCGTGGTAATTCTAGAGCT  121
             |||||||||||||||||||||||||||||||| ||| |||||||||||||||||||||||
Sbjct  81    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTAC-TGGTATAACCGTGGTAATTCTAGAGCT  139

Query  122   AATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAAT  181
             |||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| 
Sbjct  140   AATACATGCTGAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAAC  199

Query  182   GCTTTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  200   GCTCTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  259

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  260   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  319

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  320   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  379

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  380   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  439

Query  422   TGACAATAAATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  481
             |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  440   TGACAATATATAACGATACAGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGTA  499

Query  482   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  541
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  500   AATACCTTAACGAGGAACAATTGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCGCGGTAATTCCA  559

Query  542   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  601
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  560   GCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTTGGGCT  619

Query  602   TGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  661
             ||||||||||||||| ||||| |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  620   TGGTTGGCCGGTCCGTCTTTTCGGCGTGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTCTGGCT  679

Query  662   AACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  721
             ||||| |||||||||||||| | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  680   AACCTATCGCCCTTGTGGTGGTAGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTAGAGTG  739

Query  722   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  781
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  740   TTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTTATGGT  799

Query  782   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  841
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  800   TCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGCATCAG  859

Query  842   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATT-ACCTGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  900
             |||||||||||||||||||||||||||||||| || ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  860   TATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGATTTAC-TGAAGACTAACTACTGCGAAAGCA  918

Query  901   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  960
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  919   TTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGATCAGAT  978

Query  961   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCtttttttG  1020
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||
Sbjct  979   ACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGGTGTTCTTTTTTTG  1038

Query  1021  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1080
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1039  ACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGGTCGCA  1098

Query  1081  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1140
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1099  AGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGGCTTAA  1158

Query  1141  TTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1200
             || |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1159  TTCGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGATTGAGA  1218

Query  1201  GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1260
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1219   GCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTGATTTG  1278

Query  1261   TCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1320
              ||| |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1279   TCTACTTAATTGTGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGCTTTTG  1338

Query  1321   CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1380
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1339   CTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAGGCAAT  1398

Query  1381   AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1440
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1399   AACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGGAGCCA  1458

Query  1441   ACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1500
               |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1459   GCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGCTGGGG  1518

Query  1501   ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1560
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1519   ATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCATCAGC  1578

Query  1561   TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1620
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1579   TTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATTGAATG  1638

Query  1621   GCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACCGAAAA  1680
              |||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||
Sbjct  1639   GCTTAGTGAGGCCTTCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACTGAAAA  1698

Query  1681   GCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1735
              | |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1699   GTTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAG  1753


>gb|DQ499512.1| Candida sp. ny4e 18S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1735

 Score = 3077 bits (1666),  Expect = 0.0
 Identities = 1706/1723 (99%), Gaps = 11/1723 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3      GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  12     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  71

Query  63     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  72     AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  131

Query  123    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  132    ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  191

Query  183    CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
              || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  192    CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  249

Query  242    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  250    CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  309

Query  302    GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
```

```
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  310     GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  369

Query  362     TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  370     TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  429

Query  422     TGACAATAAATAACGATACA-GGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGT  480
               |||||||| ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  430     TGACAATACATAACGATACAGGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGT  489

Query  481     AAATACCTT-AACGAGGAACAATT-GGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAG-CCGCGGTAAT  537
               ||||||||| |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||| |||||||||
Sbjct  490     AAATACCTTAAACGAGGAACAATTGGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCCGCGGTAAA  549

Query  538     TCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTT-GCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTT  596
               ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  550     TCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTT  609

Query  597     GGGCTTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTC  656
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  610     GGGCTTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTC  669

Query  657     TGGCTAACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTA  716
               ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  670     TGGCTAACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTA  729

Query  717     GAGTGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTT  776
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  730     GAGTGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTT  789

Query  777     ATGGTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGC  836
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  790     ATGGTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGC  849

Query  837     ATCAGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGA  895
               |||||||||||||||||||||||||||||||| || ||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  850     ATCAGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGA  908

Query  896     AAGCATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGAT  955
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  909     AAGCATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGAT  968

Query  956     CAGATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttt  1015
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  969     CAGATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTT  1028

Query  1016    ttttGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGG  1075
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1029    TTTTGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGG  1088

Query  1076    TCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGG  1135
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1089    TCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGG  1148

Query  1136    CTTAATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGAT  1195
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1149    CTTAATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGAT  1208

Query  1196    TGAGAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTG  1255
               ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1209    TGAGAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTG  1268

Query  1256    ATTTGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGC  1315
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1269  ATTTGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGC  1328

Query  1316  TTTTGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAG  1375
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1329  TTTTGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAG  1388

Query  1376  GCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGG  1435
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1389  GCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGG  1448

Query  1436  AGCCAACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGC  1495
             ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1449  AGCCAGCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGC  1508

Query  1496  TGGGGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCA  1555
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1509  TGGGGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCA  1568

Query  1556  TCAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATT  1615
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1569  TCAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATT  1628

Query  1616  GAATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACC  1675
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1629  GAATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACC  1688

Query  1676  GAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCG  1718
             ||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  1689  GAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATT-AGAGGAAGTAAAAGTCG  1730


>gb|DQ438179.1| Candida sp. N12C 18S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=1735

 Score = 3077 bits (1666),  Expect = 0.0
 Identities = 1706/1723 (99%), Gaps = 11/1723 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3     GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  62
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  12    GCCATGCATGTCTAAGTATAAGCAATTTATACAGTGAAACTGCGAATGGCTCATTAAATC  71

Query  63    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  122
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  72    AGTTATCGTTTATTTGATAGTACCTTTACTACTTGGATAACCGTGGTAATTCTAGAGCTA  131

Query  123   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  182
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  132   ATACATGCTAAAAATCCCGACTGTTTGGAAGGGATGTATTTATTAGATAAAAAATCAATG  191

Query  183   CT-TTTCGGAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  241
             || |||  ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  192   CTCTTT--GAGCTCTTTGATGATTCATAATAACTTTTCGAATCGCATGGCCTTGTGCTGG  249

Query  242   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  301
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  250   CGATGGTTCATTCAAATTTCTGCCCTATCAACTTTCGATGGTAGGATAGTGGCCTACCAT  309

Query  302   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  361
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  310   GGTTTCAACGGGTAACGGGGAATAAGGGTTCGATTCCGGAGAGGGAGCCTGAGAAACGGC  369

Query  362   TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  421
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  370  TACCACATCCAAGGAAGGCAGCAGGCGCGCAAATTACCCAATCCCGACACGGGGAGGTAG  429

Query  422  TGACAATAAATAACGATACA-GGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGT  480
            |||||||| ||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  430  TGACAATACATAACGATACAGGGGCCCTTTCGGGTCTTGTAATTGGAATGAGTACAATGT  489

Query  481  AAATACCTT-AACGAGGAACAATT-GGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAG-CCGCGGTAAT  537
            ||||||||| |||||||||||||| |||||||||||||||||||||||| ||||||||| 
Sbjct  490  AAATACCTTAAACGAGGAACAATTGGGAGGGCAAGTCTGGTGCCAGCAGCCCGCGGTAAA  549

Query  538  TCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTT-GCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACCTT  596
            ||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  550  TCCAGCTCCAATAGCGTATATTAAAGTTGTTGGCAGTTAAAAAGCTCGTAGTTGAACTTT  609

Query  597  GGGCTTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTC  656
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  610  GGGCTTGGTTGGCCGGTCCGCCTTTTTGGCGAGTACTGGACCCAACCGAGCCTTTCCTTC  669

Query  657  TGGCTAACCTTTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTA  716
            ||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  670  TGGCTAACCATTCGCCCTTGTGGTGTTTGGCGAACCAGGACTTTTACTTTGAAAAAATTA  729

Query  717  GAGTGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTT  776
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  730  GAGTGTTCAAAGCAGGCCTTTGCTCGAATATATTAGCATGGAATAATAGAATAGGACGTT  789

Query  777  ATGGTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGC  836
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  790  ATGGTTCTATTTTGTTGGTTTCTAGGACCATCGTAATGATTAATAGGGACGGTCGGGGGC  849

Query  837  ATCAGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTGGA-TTACCTGAAGACTAACTACTGCGA  895
            |||||||||||||||||||||||||||||||| || ||| ||||||||||||||||||||
Sbjct  850  ATCAGTATTCAGTTGTCAGAGGTGAAATTCTTAGATTTA-CTGAAGACTAACTACTGCGA  908

Query  896  AAGCATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGAT  955
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  909  AAGCATTTGCCAAGGACGTTTTCATTAATCAAGAACGAAAGTTAGGGGATCGAAGATGAT  968

Query  956  CAGATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCttt  1015
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  969  CAGATACCGTCGTAGTCTTAACCATAAACTATGCCGACTAGGGATCGGGTGTTGTTCTTT  1028

Query  1016 ttttGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGG  1075
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1029 TTTTGACGCACTCGGCACCTTACGAGAAATCAAAGTCTTTGGGTTCTGGGGGGAGTATGG  1088

Query  1076 TCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGG  1135
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1089 TCGCAAGGCTGAAACTTAAAGGAATTGACGGAAGGGCACCACCAGGAGTGGAGCCTGCGG  1148

Query  1136 CTTAATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGAT  1195
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1149 CTTAATTTGACTCAACACGGGGAAACTCACCAGGTCCAGACACAATAAGGATTGACAGAT  1208

Query  1196 TGAGAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTG  1255
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1209 TGAGAGCTCTTTCTTGATTTTGTGGGTGGTGGTGCATGGCCGTTCTTAGTTGGTGGAGTG  1268

Query  1256 ATTTGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGC  1315
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1269 ATTTGTCTGCTTAATTGCGATAACGAACGAGACCTTAACCTACTAAATAGTGCTGCTAGC  1328

Query  1316 TTTTGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAG  1375
```

```
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1329  TTTTGCTGGTATAGTCACTTCTTAGAGGGACTATCGATTTCAAGTCGATGGAAGTTTGAG  1388

Query  1376  GCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGG  1435
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1389  GCAATAACAGGTCTGTGATGCCCTTAGACGTTCTGGGCCGCACGCGCGCTACACTGACGG  1448

Query  1436  AGCCAACGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGC  1495
              ||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1449  AGCCAGCGAGTATTAACCTTGGCCGAGAGGTCTGGGAAATCTTGTGAAACTCCGTCGTGC  1508

Query  1496  TGGGGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCA  1555
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1509  TGGGGATAGAGCATTGTAATTATTGCTCTTCAACGAGGAATTCCTAGTAAGCGCAAGTCA  1568

Query  1556  TCAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATT  1615
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1569  TCAGCTTGCGTTGATTACGTCCCTGCCCTTTGTACACACCGCCCGTCGCTACTACCGATT  1628

Query  1616  GAATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACC  1675
              ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1629  GAATGGCTTAGTGAGGCCTCCGGATTGGTTTAAAGAAGGGGGCAACTCCATCTTGGAACC  1688

Query  1676  GAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATTTAGAGGAAGTAAAAGTCG  1718
              ||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||
Sbjct  1689  GAAAAGCTGGTCAAACTTGGTCATT-AGAGGAAGTAAAAGTCG  1730



  Database: All GenBank+EMBL+DDBJ+PDB sequences (but no EST, STS,
GSS,environmental samples or phase 0, 1 or 2 HTGS sequences)
    Posted date:  Jun 26, 2010  5:44 PM
  Number of letters in database: 1,817,769,445
  Number of sequences in database:  12,090,198

Lambda     K      H
    1.33    0.621     1.12
Gapped
Lambda     K      H
    1.28    0.460    0.850
Matrix: blastn matrix:1 -2
Gap Penalties: Existence: 0, Extension: 0
Number of Sequences: 12090198
Number of Hits to DB: 8629390
Number of extensions: 69897
Number of successful extensions: 69897
Number of sequences better than 10: 36836
Number of HSP's better than 10 without gapping: 0
Number of HSP's gapped: 57168
Number of HSP's successfully gapped: 57081
Length of query: 2961
Length of database: 31882540517
Length adjustment: 34
Effective length of query: 2927
Effective length of database: 31471473785
Effective search space: 92117003768695
Effective search space used: 92117003768695
A: 0
X1: 15 (28.8 bits)
X2: 32 (59.1 bits)
X3: 54 (99.7 bits)
S1: 15 (28.8 bits)
S2: 23 (43.6 bits)
```

```
BLASTN 2.2.23+
Reference: Zheng Zhang, Scott Schwartz, Lukas Wagner, and
Webb Miller (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA
sequences", J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14.


RID: 2DDABPEZ014


Database: All GenBank+EMBL+DDBJ+PDB sequences (but no EST, STS,
GSS,environmental samples or phase 0, 1 or 2 HTGS sequences)
           12,090,198 sequences; 31,882,540,517 total letters
Query= gi|65306735|gb|AY939792.1| Pichia guilliermondii strain ATCC 6260 18S
ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1,
5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607


                                                                   Score     E
Sequences producing significant alignments:                       (Bits)  Value

gb|EU568967.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600032 ...  1122    0.0
gb|EU568965.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600130 ...  1122    0.0
gb|EU568963.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600335 ...  1122    0.0
gb|EU568961.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600561 ...  1122    0.0
gb|EU568959.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600938 ...  1122    0.0
gb|EU568957.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200601010 ...  1122    0.0
gb|EU568955.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200601023 ...  1122    0.0
gb|EU568953.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200700041 ...  1122    0.0
gb|EU568951.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200700261 ...  1122    0.0
gb|EU568949.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200700329 ...  1122    0.0
gb|EU568947.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500030 ...  1122    0.0
gb|EU568945.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500086 ...  1122    0.0
gb|EU568943.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500816 ...  1122    0.0
gb|EU568941.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500861 ...  1122    0.0
gb|EU568939.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501141 ...  1122    0.0
gb|EU568937.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501142 ...  1122    0.0
gb|EU568935.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501144 ...  1122    0.0
gb|EU568933.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501305 ...  1122    0.0
gb|EU568931.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501314 ...  1122    0.0
gb|EU568929.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501320 ...  1122    0.0
gb|EU568911.1|  Pichia guilliermondii 18S ribosomal RNA gene, ...  1122    0.0
dbj|AB369917.1|  Pichia guilliermondii genes for small subunit...  1122    0.0
gb|EU177579.1|  Pichia guilliermondii strain EQ 18S ribosomal ...  1122    0.0
gb|EF191048.1|  Pichia guilliermondii strain HJM 18S ribosomal...  1122    0.0
gb|DQ663478.1|  Pichia guilliermondii isolate JHSd 18S ribosom...  1122    0.0
gb|DQ680842.1|  Pichia guilliermondii strain G7A1 18S ribosoma...  1122    0.0
gb|AY939795.1|  Pichia guilliermondii isolate UR 9406-03 18S r...  1122    0.0
gb|AY939792.1|  Pichia guilliermondii strain ATCC 6260 18S rib...  1122    0.0
gb|GU385845.1|  Pichia guilliermondii strain SMB 18S ribosomal...  1120    0.0
gb|GQ334393.1|  Pichia guilliermondii isolate SD 337 18S ribos...  1116    0.0
gb|FJ969194.1|  Pichia guilliermondii strain UAF-214 18S ribos...  1116    0.0
gb|EU568993.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500950 ...  1116    0.0
gb|EU568991.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501319 ...  1116    0.0
gb|EU568989.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501343 ...  1116    0.0
gb|EU568987.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600803 ...  1116    0.0
gb|EU568985.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200601042 ...  1116    0.0
gb|EU568983.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500719 ...  1116    0.0
gb|EU568981.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200601191 ...  1116    0.0
gb|EU568979.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200700040 ...  1116    0.0
gb|EU568977.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500809 ...  1116    0.0
gb|EU568975.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500821 ...  1116    0.0
gb|EU568973.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500863 ...  1116    0.0
```

```
gb|EU568971.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500864 ...  1116    0.0
gb|DQ663480.1|  Pichia guilliermondii isolate hn-3 18S ribosom...  1116    0.0
gb|DQ663479.1|  Pichia guilliermondii isolate hn-2 18S ribosom...  1116    0.0
gb|GQ913349.1|  Pichia guilliermondii strain W1171 18S ribosom...  1110    0.0
gb|GQ497898.1|  Pichia guilliermondii strain PX-PAT 18S riboso...  1110    0.0
gb|GQ149493.1|  Pichia guilliermondii strain UAF-130 18S ribos...  1110    0.0
gb|FJ662408.1|  Pichia guilliermondii isolate ZA043 18S riboso...  1110    0.0
gb|EU568969.1|  Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501202 ...  1110    0.0
gb|AF209874.1|AF209874  Debaryomyces hansenii var. fabryi CBS8...  1110    0.0
gb|FJ515205.1|  Pichia guilliermondii strain UN44 18S ribosoma...  1109    0.0
gb|DQ663476.1|  Pichia guilliermondii isolate L2-8 18S ribosom...  1109    0.0
gb|EF643576.1|  Pichia guilliermondii strain S0201 18S ribosom...  1107    0.0
gb|EF222224.1|  Pichia guilliermondii strain WC43-1 18S riboso...  1107    0.0
gb|EF375704.1|  Pichia guilliermondii strain N12c 18S ribosoma...  1107    0.0
gb|AY700139.1|  Fungal endophyte sp. CEY 20 18S small subunit ...  1107    0.0
gb|GQ149494.1|  Pichia guilliermondii strain UAF-62 18S riboso...  1105    0.0
gb|EF532299.1|  Pichia guilliermondii strain JHSa 18S ribosoma...  1105    0.0
gb|EF197814.1|  Pichia guilliermondii strain HK53 18S ribosoma...  1105    0.0
gb|DQ683005.1|  Pichia guilliermondii strain L11-2 18S ribosom...  1105    0.0
emb|AM176627.1|  Pichia guilliermondii 18S rRNA gene, 5.8S rRN...  1105    0.0
gb|AY700141.1|  Fungal endophyte sp. CEY 22 18S small subunit ...  1105    0.0
gb|GQ280287.1|  Pichia guilliermondii isolate ZA016 18S riboso...  1103    0.0
gb|EF222226.1|  Pichia guilliermondii strain HK55a 18S ribosom...  1101    0.0
gb|EF190233.1|  Pichia guilliermondii strain 3-2 18S ribosomal...  1101    0.0
gb|EF192233.1|  Pichia guilliermondii strain gaozhong 18S ribo...  1101    0.0
gb|EF193071.1|  Pichia guilliermondii voucher MCCC2E00277 18S ...  1101    0.0
gb|DQ668353.1|  Pichia guilliermondii isolate L4-1 18S ribosom...  1101    0.0
gb|FJ515181.1|  Pichia guilliermondii strain SN4 18S ribosomal...  1099    0.0
gb|EF643595.1|  Pichia guilliermondii strain LN-9 18S ribosoma...  1099    0.0
gb|EF197809.1|  Pichia guilliermondii strain HK51b 18S ribosom...  1098    0.0
gb|DQ663477.1|  Pichia guilliermondii isolate hn-4 18S ribosom...  1098    0.0
gb|DQ534408.1|  Debaryomyces hansenii strain JHSa 18S ribosoma...  1098    0.0
gb|EF197816.1|  Pichia guilliermondii strain NA-3 18S ribosoma...  1096    0.0
emb|FN428931.1|  Pichia caribbica ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 a...  1094    0.0
gb|GU248264.1|  Pichia caribbica strain XTWJX 18S ribosomal RN...  1094    0.0
gb|FJ183437.1|  Pichia guilliermondii strain VAL-05-030 18S ri...  1094    0.0
gb|FJ183435.1|  Pichia guilliermondii strain VAL-05-015 18S ri...  1094    0.0
gb|EU569029.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200500812 18S r...  1094    0.0
gb|EU569027.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200500862 18S r...  1094    0.0
gb|EU569025.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200501000 18S r...  1094    0.0
gb|EU569023.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200501146 18S r...  1094    0.0
gb|EU569021.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200501145 18S r...  1094    0.0
gb|EU569019.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200501201 18S r...  1094    0.0
gb|EU569017.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200500949 18S r...  1094    0.0
gb|EU569015.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200501317 18S r...  1094    0.0
gb|EU569013.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200600033 18S r...  1094    0.0
gb|EU569011.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200501316 18S r...  1094    0.0
gb|EU569009.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200600196 18S r...  1094    0.0
gb|EU569007.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200600368 18S r...  1094    0.0
gb|EU569005.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200601082 18S r...  1094    0.0
gb|EU569003.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200700035 18S r...  1094    0.0
gb|EU569001.1|  Pichia caribbica isolate CNRMA 200700593 18S r...  1094    0.0
gb|EU568913.1|  Pichia caribbica 18S ribosomal RNA gene, parti...  1094    0.0
gb|EF190227.1|  Pichia guilliermondii strain gao1zhong2 18S ri...  1094    0.0
emb|AM158922.1|  Candida xestobii partial 18S rRNA gene, ITS1,...  1094    0.0
gb|DQ249193.1|  Pichia guilliermondii strain WM 02.91 18S ribo...  1094    0.0
emb|FM199963.1|  Pichia caribbica 18S rRNA gene (partial), ITS...  1092    0.0
gb|EU520225.1|  Mycena pura isolate NW473 18S ribosomal RNA ge...  1083    0.0

ALIGNMENTS
>gb|EU568967.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600032 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
```

```
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568965.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600130 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
```

```
Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568963.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600335 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
```

```
Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568961.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600561 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601   CGGAGGA  607
             |||||||
Sbjct  601   CGGAGGA  607


>gb|EU568959.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600938 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568957.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200601010 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
```

```
Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568955.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200601023 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568953.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200700041 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
```

```
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568951.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200700261 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568949.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200700329 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
```

```
Query  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601   CGGAGGA  607
             |||||||
Sbjct  601   CGGAGGA  607


>gb|EU568947.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500030 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
```

```
Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568945.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500086 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568943.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500816 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568941.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500861 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568939.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501141 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
```

```
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568937.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501142 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
```

```
                ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568935.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501144 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568933.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501305 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
```

```
Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568931.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501314 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
```

```
Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568929.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501320 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568911.1| Pichia guilliermondii 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and
internal transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S
ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>dbj|AB369917.1| Pichia guilliermondii genes for small subunit rRNA, ITS1, 5.8S
```

```
rRNA, ITS2 and large subunit rRNA, partial and complete sequence,
strain: IFM 5492
Length=631

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  25   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  84

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  85   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  144

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  145  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  204

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  205  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  264

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  265  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  324

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  325  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  384

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  385  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  444

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  445  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  504

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  505  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  564

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  565  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  624

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  625  CGGAGGA  631


>gb|EU177579.1| Pichia guilliermondii strain EQ 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA
gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EF191048.1| Pichia guilliermondii strain HJM 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=631

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  25   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  84

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  85   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  144

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  145  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  204

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  205  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  264

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  265  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  324

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  325  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  384

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  385  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  444

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  445  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  504

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  505  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  564

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  565  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  624

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  625  CGGAGGA  631


>gb|DQ663478.1| Pichia guilliermondii isolate JHSd 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=617

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  11   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  70

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  71   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  130

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  131  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  190

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  191  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  250

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  251  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  310
```

```
Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  311  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  370

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  371  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  430

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  431  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  490

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  491  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  550

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  551  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  610

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  611  CGGAGGA  617


>gb|DQ680842.1| Pichia guilliermondii strain G7A1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=636

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  29   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  88

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  89   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  148

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  149  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  208

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  268

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  269  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  328

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  329  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  388

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  389  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  448
```

```
Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  449   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  508

Query  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  509   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  568

Query  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  569   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  628

Query  601   CGGAGGA  607
             |||||||
Sbjct  629   CGGAGGA  635


>gb|AY939795.1| Pichia guilliermondii isolate UR 9406-03 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|AY939792.1| Pichia guilliermondii strain ATCC 6260 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1122 bits (607),  Expect = 0.0
 Identities = 607/607 (100%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|GU385845.1| Pichia guilliermondii strain SMB 18S ribosomal RNA gene, partial
```

```
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=610

 Score = 1120 bits (606),  Expect = 0.0
 Identities = 606/606 (100%), Gaps = 0/606 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  2    CCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCG  61
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    CCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCG  60

Query  62   GCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAG  121
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAG  120

Query  122  AGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAA  181
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  AGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAA  180

Query  182  TTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGA  241
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  TTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGA  240

Query  242  ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTG  301
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTG  300

Query  302  AACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTC  361
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  AACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTC  360

Query  362  TCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAA  421
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  TCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAA  420

Query  422  AGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCC  481
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCC  480

Query  482  AACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACC  541
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  AACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACC  540

Query  542  AAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGC  601
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  AAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGC  600

Query  602  GGAGGA  607
            ||||||
Sbjct  601  GGAGGA  606


>gb|GQ334393.1| Pichia guilliermondii isolate SD 337 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=609

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  62

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  63   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  122

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  123  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  182

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  183  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGGAG  242

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  243  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  302

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  303  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  362

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  363  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  422

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  423  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  482

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  483  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  542

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  543  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  602

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  603  CGGAGGA  609


>gb|FJ969194.1| Pichia guilliermondii strain UAF-214 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568993.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500950 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568991.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501319 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
```

```
Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568989.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501343 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
```

```
Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568987.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200600803 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607
```

```
>gb|EU568985.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200601042 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568983.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500719 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus
```

```
Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568981.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200601191 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
```

```
Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568979.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200700040 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601   CGGAGGA  607
             |||||||
Sbjct  601   CGGAGGA  607


>gb|EU568977.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500809 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601   CGGAGGA  607
             |||||||
Sbjct  601   CGGAGGA  607


>gb|EU568975.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500821 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
```

```
Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568973.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500863 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607
```

```
>gb|EU568971.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200500864 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 606/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|DQ663480.1| Pichia guilliermondii isolate hn-3 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=610

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 607/608 (99%), Gaps = 1/608 (0%)
```

```
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCC-GTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  59
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3    TCCTGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  60   CGGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCT  119
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  63   CGGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCT  122

Query  120  AGAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCA  179
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  123  AGAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCA  182

Query  180  AATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAA  239
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  183  AATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAA  242

Query  240  GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTT  299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  243  GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTT  302

Query  300  TGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTC  359
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  303  TGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTC  362

Query  360  TCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGA  419
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  363  TCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGA  422

Query  420  AAAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTAT  479
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  423  AAAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTAT  482

Query  480  CCAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAA  539
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  483  CCAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAA  542

Query  540  CCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  599
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  543  CCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  602

Query  600  GCGGAGGA  607
            ||||||||
Sbjct  603  GCGGAGGA  610


>gb|DQ663479.1| Pichia guilliermondii isolate hn-2 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=611

 Score = 1116 bits (604),  Expect = 0.0
 Identities = 607/608 (99%), Gaps = 1/608 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCC-GTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  59
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3    TCCTGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  60   CGGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCT  119
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  63   CGGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCT  122
```

```
Query  120  AGAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCA  179
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  123  AGAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCA  182

Query  180  AATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAA  239
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  183  AATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAA  242

Query  240  GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTT  299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  243  GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTT  302

Query  300  TGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTC  359
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  303  TGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTC  362

Query  360  TCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGA  419
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  363  TCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGA  422

Query  420  AAAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTAT  479
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  423  AAAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTAT  482

Query  480  CCAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAA  539
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  483  CCAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAA  542

Query  540  CCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  599
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  543  CCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  602

Query  600  GCGGAGGA  607
            ||||||||
Sbjct  603  GCGGAGGA  610


>gb|GQ913349.1| Pichia guilliermondii strain W1171 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1110 bits (601),  Expect = 0.0
 Identities = 605/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
```

```
Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAG  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|GQ497898.1| Pichia guilliermondii strain PX-PAT 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1110 bits (601),  Expect = 0.0
 Identities = 605/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCCTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAACTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|GQ149493.1| Pichia guilliermondii strain UAF-130 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1110 bits (601),  Expect = 0.0
 Identities = 605/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||| |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGAGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
             |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|FJ662408.1| Pichia guilliermondii isolate ZA043 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=616

 Score = 1110 bits (601),  Expect = 0.0
 Identities = 606/608 (99%), Gaps = 1/608 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTA-GGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  59
            |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  4    TCCGTAGGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  63

Query  60   CGGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCT  119
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  64   CGGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCT  123

Query  120  AGAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCA  179
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  124  AGAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCA  183

Query  180  AATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAA  239
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  184  AATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAA  243

Query  240  GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTT  299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  244  GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTT  303

Query  300  TGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTC  359
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  304  TGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTC  363

Query  360  TCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGA  419
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  364  TCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGA  423

Query  420  AAAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTAT  479
            ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  424  AAAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTAT  483

Query  480  CCAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAA  539
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  484  CCAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAA  543

Query  540  CCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  599
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  544  CCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  603

Query  600  GCGGAGGA  607
            ||||||||
Sbjct  604  GCGGAGGA  611
```

```
>gb|EU568969.1| Pichia guilliermondii isolate CNRMA 200501202 18S ribosomal RNA
gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S
ribosomal RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1110 bits (601),  Expect = 0.0
 Identities = 605/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  CTTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|AF209874.1|AF209874 Debaryomyces hansenii var. fabryi CBS8417 internal
transcribed
spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal transcribed
spacer 2, complete sequence
Length=607

 Score = 1110 bits (601),  Expect = 0.0
```

```
 Identities = 605/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            |||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTTTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|FJ515205.1| Pichia guilliermondii strain UN44 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=602

 Score = 1109 bits (600),  Expect = 0.0
 Identities = 600/600 (100%), Gaps = 0/600 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  8    GTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGGCGAAA  67
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    GTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGGCGAAA  60

Query  68   AACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGAGATAG  127
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  61   AACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGAGATAG  120

Query  128  GTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAATTTTGA  187
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAATTTTGA  180

Query  188  ATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAG  247
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAG  240

Query  248  CGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCA  307
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  CGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCA  300

Query  308  CATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAAC  367
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  CATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAAC  360

Query  368  CCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATT  427
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATT  420

Query  428  GGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCG  487
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  GGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCG  480

Query  488  TTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACCAAACAA  547
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  TTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACCAAACAA  540

Query  548  GTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  607
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  GTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  600


>gb|DQ663476.1| Pichia guilliermondii isolate L2-8 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=616

 Score = 1109 bits (600),  Expect = 0.0
 Identities = 605/607 (99%), Gaps = 1/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            |||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  2    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATAACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  61

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            |||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  62   GGCG-AAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
```

```
Query  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601   CGGAGGA  607
             |||||||
Sbjct  601   CGGAGGA  607


>gb|EF643576.1| Pichia guilliermondii strain S0201 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=639

 Score = 1107 bits (599),  Expect = 0.0
 Identities = 599/599 (100%), Gaps = 0/599 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  28   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  87

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  88   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  147

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  148  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  207

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  208  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  267

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  268  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  327

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  328  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  387

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  388  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  447
```

```
Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  448  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  507

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  567

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  599
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  568  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  626


>gb|EF222224.1| Pichia guilliermondii strain WC43-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=636

 Score = 1107 bits (599),  Expect = 0.0
 Identities = 606/609 (99%), Gaps = 2/609 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  27   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  86

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  87   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  146

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  147  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  206

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  207  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  266

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  326

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  386

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  446

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  506

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  566

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  567  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  626

Query  601  -CGGA-GGA  607
```

```
             |||| |||
Sbjct  627  GCGGAAGGA  635


>gb|EF375704.1| Pichia guilliermondii strain N12c 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=628

 Score = 1107 bits (599),  Expect = 0.0
 Identities = 599/599 (100%), Gaps = 0/599 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  17   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  76

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  77   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  136

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  137  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  196

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  197  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  256

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  257  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  316

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  317  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  376

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  377  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  436

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  437  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  496

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  497  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  556

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  599
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  557  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  615


>gb|AY700139.1| Fungal endophyte sp. CEY 20 18S small subunit ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial
sequence
Length=608

 Score = 1107 bits (599),  Expect = 0.0
 Identities = 599/599 (100%), Gaps = 0/599 (0%)
```

```
 Strand=Plus/Plus

Query  2    CCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCG  61
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    CCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCG  60

Query  62   GCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAG  121
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAG  120

Query  122  AGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAA  181
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  AGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAA  180

Query  182  TTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGA  241
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  TTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGA  240

Query  242  ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTG  301
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTG  300

Query  302  AACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTC  361
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  AACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTC  360

Query  362  TCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAA  421
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  TCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAA  420

Query  422  AGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCC  481
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCC  480

Query  482  AACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACC  541
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  AACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACC  540

Query  542  AAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  AAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  599


>gb|GQ149494.1| Pichia guilliermondii strain UAF-62 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=608

 Score = 1105 bits (598),  Expect = 0.0
 Identities = 605/608 (99%), Gaps = 1/608 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
```

```
Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGATTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAAC-TTAAGCATATCAATAA  599
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACCTTAAGCATATCAATAA  600

Query  600  GCGGAGGA  607
            ||||||||
Sbjct  601  GCGGAGGA  608


>gb|EF532299.1| Pichia guilliermondii strain JHSa 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=641

 Score = 1105 bits (598),  Expect = 0.0
 Identities = 604/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  30   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  89

Query  61   GGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  90   GGCGAAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  149

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  150  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  209

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  210  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  269

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  270  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  329
```

```
Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  330  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  389

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  390  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  449

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  450  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  509

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  510  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  569

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||
Sbjct  570  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAAAAAA  629

Query  601  CGGAGGA  607
            ||| |||
Sbjct  630  CGGGGGA  636


>gb|EF197814.1| Pichia guilliermondii strain HK53 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=635

 Score = 1105 bits (598),  Expect = 0.0
 Identities = 605/608 (99%), Gaps = 2/608 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  28   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  87

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  88   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  147

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  148  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  207

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  208  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  267

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  268  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  327

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  328  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  387

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  388  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  447

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
```

```
            ||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  448  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  507

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  508  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  567

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  568  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA-AAG  626

Query  601  C-GGAGGA  607
            | ||||||
Sbjct  627  CCGGAGGA  634


>gb|DQ683005.1| Pichia guilliermondii strain L11-2 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=635

 Score = 1105 bits (598),  Expect = 0.0
 Identities = 606/609 (99%), Gaps = 3/609 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  27   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  86

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  87   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  146

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  147  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  206

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  207  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  266

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  326

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  386

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  446

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  506

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  566

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||
```

```
Sbjct  567  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCA-TAAG  625

Query  601  -C-GGAGGA  607
             | ||||||
Sbjct  626  GCCGGAGGA  634


>emb|AM176627.1| Pichia guilliermondii 18S rRNA gene, 5.8S rRNA gene, 26S rRNA
gene, ITS1 and ITS2, clone (54)32
Length=604

 Score = 1105 bits (598),  Expect = 0.0
 Identities = 602/604 (99%), Gaps = 0/604 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  4    GTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGGC  63
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    GTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGGC  60

Query  64   GAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGAG  123
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGAG  120

Query  124  ATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAATT  183
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  ATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAATT  180

Query  184  TTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAAC  243
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  TTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAAC  240

Query  244  GCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAA  303
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  GCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAA  300

Query  304  CGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTC  363
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  CGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTC  360

Query  364  AAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAG  423
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  AAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAG  420

Query  424  TATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCAA  483
            ||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  TATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCAA  480

Query  484  CTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACCAA  543
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  481  CTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACGACAACCAA  540

Query  544  ACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGG  603
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  ACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGG  600

Query  604  AGGA  607
            ||||
Sbjct  601  AGGA  604


>gb|AY700141.1| Fungal endophyte sp. CEY 22 18S small subunit ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S large subunit ribosomal RNA gene, partial
```

```
sequence
Length=607

 Score = 1105 bits (598),  Expect = 0.0
 Identities = 598/598 (100%), Gaps = 0/598 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  3    CGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGG  62
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    CGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGG  60

Query  63   CGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGA  122
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   CGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGA  120

Query  123  GATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAAT  182
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAAT  180

Query  183  TTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAA  242
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  TTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAA  240

Query  243  CGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGA  302
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  CGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGA  300

Query  303  ACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCT  362
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  ACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCT  360

Query  363  CAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAA  422
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAA  420

Query  423  GTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCA  482
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  GTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCA  480

Query  483  ACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACCA  542
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  ACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACCA  540

Query  543  AACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  AACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  598


>gb|GQ280287.1| Pichia guilliermondii isolate ZA016 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=614

 Score = 1103 bits (597),  Expect = 0.0
 Identities = 607/611 (99%), Gaps = 4/611 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTA-GGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  59
            |||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3    TCCGTAGGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCG  62

Query  60   CGGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTG-C-TTTGGTTTGGC  117
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| | |||||||||||
```

```
Sbjct  63   CGGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCCTTTTGGTTTGGC  122

Query  118  CTAGAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGT  177
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  123  CTAGAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGT  182

Query  178  CAAATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATG  237
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  183  CAAATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATG  242

Query  238  AAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATC  297
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  243  AAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATC  302

Query  298  TTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTC  357
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  303  TTTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTC  362

Query  358  TCTCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTT  417
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  363  TCTCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTT  422

Query  418  GAAAAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTT  477
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  423  GAAAAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTT  482

Query  478  ATCCAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAAC  537
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  483  ATCCAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAAC  542

Query  538  AACCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAAT  597
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  543  AACCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAAT  602

Query  598  AAGC-GGAGGA  607
            |||| ||||||
Sbjct  603  AAGCCGGAGGA  613


>gb|EF222226.1| Pichia guilliermondii strain HK55a 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=616

 Score = 1101 bits (596),  Expect = 0.0
 Identities = 598/599 (99%), Gaps = 0/599 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  18   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  77

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  78   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  137

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  138  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  197

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  198  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  257
```

```
Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  258  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  317

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  318  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  377

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  378  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  437

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  438  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  497

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  498  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  557

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  599
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  558  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  616


>gb|EF190233.1| Pichia guilliermondii strain 3-2 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=642

 Score = 1101 bits (596),  Expect = 0.0
 Identities = 596/596 (100%), Gaps = 0/596 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  31   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  90

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  91   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  150

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  151  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  210

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  211  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  270

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  271  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  330

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  331  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  390

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  391  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  450
```

```
Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  451  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  510

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  511  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  570

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  596
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  571  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  626


>gb|EF192233.1| Pichia guilliermondii strain gaozhong 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=624

 Score = 1101 bits (596),  Expect = 0.0
 Identities = 596/596 (100%), Gaps = 0/596 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  27   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  86

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  87   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  146

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  147  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  206

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  207  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  266

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  326

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  386

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  446

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  506

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  566

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  596
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  567  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  622
```

```
>gb|EF193071.1| Pichia guilliermondii voucher MCCC2E00277 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=627

 Score = 1101 bits (596),  Expect = 0.0
 Identities = 596/596 (100%), Gaps = 0/596 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  31   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  90

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  91   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  150

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  151  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  210

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  211  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  270

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  271  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  330

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  331  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  390

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  391  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  450

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  451  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  510

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  511  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  570

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  596
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  571  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  626


>gb|DQ668353.1| Pichia guilliermondii isolate L4-1 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=622

 Score = 1101 bits (596),  Expect = 0.0
 Identities = 596/596 (100%), Gaps = 0/596 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  26   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  85
```

```
Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  86   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  145

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  146  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  205

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  206  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  265

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  266  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  325

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  326  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  385

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  386  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  445

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  446  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  505

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  506  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  565

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  596
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  566  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  621


>gb|FJ515181.1| Pichia guilliermondii strain SN4 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=605

 Score = 1099 bits (595),  Expect = 0.0
 Identities = 602/605 (99%), Gaps = 2/605 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  4    GTA-GGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGG  62
            ||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    GTAGGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGG  60

Query  63   CGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGA  122
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   CGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGA  120

Query  123  GATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAAT  182
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAAT  180

Query  183  TTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAA  242
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  TTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAA  240
```

```
Query  243  CGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGA  302
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  CGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGA  300

Query  303  ACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCT  362
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  ACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCT  360

Query  363  CAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAA  422
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAA  420

Query  423  GTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCA  482
            |||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  GTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCA  480

Query  483  ACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACCA  542
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  ACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACCA  540

Query  543  AACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCG  602
            |||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  AACAAGTT-GACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCG  599

Query  603  GAGGA  607
            |||||
Sbjct  600  GAGGA  604


>gb|EF643595.1| Pichia guilliermondii strain LN-9 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=648

 Score = 1099 bits (595),  Expect = 0.0
 Identities = 597/598 (99%), Gaps = 0/598 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  35   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  94

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  95   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  154

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  155  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  214

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  215  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  274

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  275  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  334

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  335  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  394

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  395  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  454

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  455  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  514

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  515  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  574

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  598
            ||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  575  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGCAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  632


>gb|EF197809.1| Pichia guilliermondii strain HK51b 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=624

 Score = 1098 bits (594),  Expect = 0.0
 Identities = 599/601 (99%), Gaps = 1/601 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  15   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  74

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  75   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  134

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  135  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  194

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  195  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  254

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  255  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  314

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  315  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  374

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  375  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  434

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  435  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  494

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  495  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  554

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
```

```
Sbjct  555  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA-AAG  613

Query  601  C  601
            |
Sbjct  614  C  614


>gb|DQ663477.1| Pichia guilliermondii isolate hn-4 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1098 bits (594),  Expect = 0.0
 Identities = 597/598 (99%), Gaps = 1/598 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  10   GAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGGCGAAAAA  69
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    GAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGGCGAAAAA  60

Query  70   CCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGAGATAGGT  129
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   CCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGAGATAGGT  120

Query  130  TGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAATTTTGAAT  189
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  TGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAATTTTGAAT  180

Query  190  TAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCG  249
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  TAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCG  240

Query  250  AAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACA  309
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACA  300

Query  310  TTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCC  369
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  TTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCC  360

Query  370  CCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGG  429
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGG  420

Query  430  CATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTT  489
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  CATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTT  480

Query  490  GAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACCAAACAAGT  549
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  GAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACCAAACAAGT  540

Query  550  TTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  607
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||
Sbjct  541  TTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCA-TAAGCGGAGGA  597


>gb|DQ534408.1| Debaryomyces hansenii strain JHSa 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=611
```

```
 Score = 1098 bits (594),  Expect = 0.0
 Identities = 597/598 (99%), Gaps = 1/598 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  10   GAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGGCGAAAAA  69
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  14   GAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCGGCGAAAAA  73

Query  70   CCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGAGATAGGT  129
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  74   CCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAGAGATAGGT  133

Query  130  TGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAATTTTGAAT  189
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  134  TGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAATTTTGAAT  193

Query  190  TAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCG  249
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  194  TAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCG  253

Query  250  AAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACA  309
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  254  AAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACA  313

Query  310  TTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCC  369
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  314  TTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTCTCAAACCC  373

Query  370  CCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGG  429
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  374  CCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAAAGTATTGG  433

Query  430  CATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTT  489
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  434  CATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCCAACTCGTT  493

Query  490  GAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACCAAACAAGT  549
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  494  GAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACCAAACAAGT  553

Query  550  TTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGA  607
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||
Sbjct  554  TTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA-GCGGAGGA  610


>gb|EF197816.1| Pichia guilliermondii strain NA-3 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=624

 Score = 1096 bits (593),  Expect = 0.0
 Identities = 595/596 (99%), Gaps = 0/596 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  27   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  86

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  87   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  146

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  147  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  206

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  207  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  266

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  267  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  326

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  327  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  386

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  387  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  446

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  447  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  506

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  507  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  566

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  596
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  567  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  622


>emb|FN428931.1| Pichia caribbica ITS1, 5.8S rRNA gene, ITS2 and 26S rRNA gene
(partial), strain IMUFRJ 51970
Length=1167

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  4    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  63

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  64   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  123

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  124  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  183

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  184  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  243

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  244  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  303

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  304  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  363
```

```
Query  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  364   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  423

Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  424   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  483

Query  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  484   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  543

Query  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  544   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  603

Query  601   CGGAGGA  607
             |||||||
Sbjct  604   CGGAGGA  610


>gb|GU248264.1| Pichia caribbica strain XTWJX 18S ribosomal RNA gene, partial
sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA
gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 26S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=631

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  25    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  84

Query  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  85    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  144

Query  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
             |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  145   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  204

Query  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  205   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  264

Query  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  265   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  324

Query  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  325   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  384

Query  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  385   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  444

Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  445   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  504

Query  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
```

```
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  505   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  564

Query  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  565   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  624

Query  601   CGGAGGA  607
             |||||||
Sbjct  625   CGGAGGA  631


>gb|FJ183437.1| Pichia guilliermondii strain VAL-05-030 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=592

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 592/592 (100%), Gaps = 0/592 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1     TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61    GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121   GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181   ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241   AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301   GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361   CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421   AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481   CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATA  592
             ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541   CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATA  592


>gb|FJ183435.1| Pichia guilliermondii strain VAL-05-015 18S ribosomal RNA gene,
```

```
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=592

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 592/592 (100%), Gaps = 0/592 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATA  592
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATA  592


>gb|EU569029.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200500812 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
```

```
Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569027.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200500862 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569025.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200501000 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569023.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200501146 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
```

```
Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569021.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200501145 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
```

```
Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569019.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200501201 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569017.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200500949 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
```

```
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569015.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200501317 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
```

```
Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569013.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200600033 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180
```

```
Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569011.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200501316 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
```

```
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569009.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200600196 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569007.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200600368 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
```

```
Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569005.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200601082 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569003.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200700035 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
```

```
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU569001.1| Pichia caribbica isolate CNRMA 200700593 18S ribosomal RNA gene, 
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EU568913.1| Pichia caribbica 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal
transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene, and internal
transcribed spacer 2, complete sequence; and 28S ribosomal
RNA gene, partial sequence
Length=607

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 602/607 (99%), Gaps = 0/607 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180
```

```
Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGGA  607
            |||||||
Sbjct  601  CGGAGGA  607


>gb|EF190227.1| Pichia guilliermondii strain gao1zhong2 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete
sequence; and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=624

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 595/596 (99%), Gaps = 1/596 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  29   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  88

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  89   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  148

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  149  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  208

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  209  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  268

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  269  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  328
```

```
Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  329  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  388

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  389  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  448

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  449  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  508

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  509  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  568

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAA  596
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||
Sbjct  569  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATA-CAA  623


>emb|AM158922.1| Candida xestobii partial 18S rRNA gene, ITS1, 5.8S rRNA gene,
ITS2 and partial 26S rRNA gene, strain CBS 5975
Length=895

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 603/608 (99%), Gaps = 2/608 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  26   TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  85

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  86   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  145

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTA-CAGTTAGTCA  179
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  || ||||| 
Sbjct  146  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTAG-TAGTCG  204

Query  180  AATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAA  239
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  205  AATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAA  264

Query  240  GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTT  299
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  265  GAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTT  324

Query  300  TGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTC  359
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  325  TGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTC  384

Query  360  TCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGA  419
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  385  TCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGA  444

Query  420  AAAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTAT  479
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  445  AAAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTAT  504

Query  480  CCAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAA  539
            ||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  505  CCAACTCGTTGAACGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAA  564
```

```
Query  540  CCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  599
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  565  CCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAA  624

Query  600  GCGGAGGA  607
            ||||||||
Sbjct  625  GCGGAGGA  632


>gb|DQ249193.1| Pichia guilliermondii strain WM 02.91 18S ribosomal RNA gene,
partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal
RNA gene, and internal transcribed spacer 2, complete sequence;
and 28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=657

 Score = 1094 bits (592),  Expect = 0.0
 Identities = 597/599 (99%), Gaps = 1/599 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  2    CCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCG  61
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  51   CCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGCG  110

Query  62   GCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAG  121
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  111  GCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTAG  170

Query  122  AGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAA  181
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  171  AGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAAA  230

Query  182  TTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGA  241
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  231  TTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGA  290

Query  242  ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTG  301
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  291  ACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTTG  350

Query  302  AACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTC  361
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  351  AACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCTC  410

Query  362  TCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAA  421
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  411  TCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAAA  470

Query  422  AGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCC  481
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  471  AGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATCC  530

Query  482  AACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACC  541
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  531  AACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAACC  590

Query  542  AAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAA-GCATATCAATAA  599
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||| ||||||||||||
Sbjct  591  AAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACATAAAGCATATCAATAA  649


>emb|FM199963.1| Pichia caribbica 18S rRNA gene (partial), ITS1, 5.8S rRNA gene,
ITS2 and 26S rRNA gene (partial), strain H5MandK13
Length=606
```

```
 Score = 1092 bits (591),  Expect = 0.0
 Identities = 601/606 (99%), Gaps = 0/606 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  1    TCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTACAGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGCGC  60

Query  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  61   GGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCCTA  120

Query  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTCAA  180
            |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||  | |||||||
Sbjct  121  GAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTATTGATAGTCAA  180

Query  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  181  ATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAG  240

Query  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  241  AACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCTTT  300

Query  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  301  GAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCTCT  360

Query  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTGAA  420
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||
Sbjct  361  CTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGAACTAGGCGTTTGCTTGAA  420

Query  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480
            |||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  421  AAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTATC  480

Query  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  481  CAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACAAC  540

Query  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  541  CAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAG  600

Query  601  CGGAGG  606
            ||||||
Sbjct  601  CGGAGG  606


>gb|EU520225.1| Mycena pura isolate NW473 18S ribosomal RNA gene, partial sequence;
internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RNA gene,
and internal transcribed spacer 2, complete sequence; and
28S ribosomal RNA gene, partial sequence
Length=612

 Score = 1083 bits (586),  Expect = 0.0
 Identities = 601/609 (98%), Gaps = 3/609 (0%)
 Strand=Plus/Plus

Query  1    TCCGTA-GGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAC-AGTATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGC  58
            |||||| |||| |||||||||||||||||| |  | ||||||||||||||||||||||||
Sbjct  3    TCCGTAGGGTG-ACCTGCGGAAGGATCATTRCRCGKATTCTTTTGCCAGCGCTTAACTGC  61
```

```
Query  59   GCGGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCC  118
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  62   GCGGCGAAAAACCTTACACACAGTGTCTTTTTGATACAGAACTCTTGCTTTGGTTTGGCC  121

Query  119  TAGAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTC  178
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  122  TAGAGATAGGTTGGGCCAGAGGTTTAACAAAACACAATTTAATTATTTTTACAGTTAGTC  181

Query  179  AAATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGA  238
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  182  AAATTTTGAATTAATCTTCAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGA  241

Query  239  AGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCT  298
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  242  AGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATATGAATTGCAGATTTTCGTGAATCATCGAATCT  301

Query  299  TTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCT  358
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  302  TTGAACGCACATTGCGCCCTCTGGTATTCCAGAGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCATTTCT  361

Query  359  CTCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTG  418
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  362  CTCTCAAACCCCCGGGTTTGGTATTGAGTGATACTCTTAGTCGGACTAGGCGTTTGCTTG  421

Query  419  AAAAGTATTGGCATGGGTAGTACTAGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTA  478
            |||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  422  AAAAGTATTGGCATGGGTAGTACTGGATAGTGCTGTCGACCTCTCAATGTATTAGGTTTA  481

Query  479  TCCAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACA  538
            ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  482  TCCAACTCGTTGAATGGTGTGGCGGGATATTTCTGGTATTGTTGGCCCGGCCTTACAACA  541

Query  539  ACCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  598
            |||||||||||||||||||||||||||||| |||||||||||||||||||||||||||||
Sbjct  542  ACCAAACAAGTTTGACCTCAAATCAGGTAGSAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATA  601

Query  599  AGCGGAGGA  607
            |||||||||
Sbjct  602  AGCGGAGGA  610



  Database: All GenBank+EMBL+DDBJ+PDB sequences (but no EST, STS,
GSS,environmental samples or phase 0, 1 or 2 HTGS sequences)
    Posted date:  Jun 26, 2010  5:44 PM
  Number of letters in database: 1,817,769,445
  Number of sequences in database:  12,090,198

Lambda     K      H
    1.33    0.621     1.12
Gapped
Lambda     K      H
    1.28    0.460    0.850
Matrix: blastn matrix:1 -2
Gap Penalties: Existence: 0, Extension: 0
Number of Sequences: 12090198
Number of Hits to DB: 1854205
Number of extensions: 12817
Number of successful extensions: 12817
Number of sequences better than 10: 9418
Number of HSP's better than 10 without gapping: 0
Number of HSP's gapped: 12671
Number of HSP's successfully gapped: 12667
Length of query: 607
```

```
Length of database: 31882540517
Length adjustment: 32
Effective length of query: 575
Effective length of database: 31495654181
Effective search space: 18110001154075
Effective search space used: 18110001154075
A: 0
X1: 14 (26.9 bits)
X2: 32 (59.1 bits)
X3: 54 (99.7 bits)
S1: 14 (27.0 bits)
S2: 22 (41.7 bits)
```