

Alignment of genomic urease fragments.

Created with ClustalW; multiple alignment gap opening penalty = 25; multiple alignment gap extension penalty = 4; transition value = 0.8; pairwise alignment using the fast and approximate algorithm.

Exons are shown in bold face with corresponding protein sequence below, matching sequence is marked in gray, primers and sequence features are marked underneath the alignment. The beginning of individual subclones is indicated above the alignment.

3300 3320 3340 3360
 λ2 GGTCGAGAAATCATAGCCTACTGCAAAGCAGATTACGCCTCCAAATAACAAGTCTAGAGCTTTTTCTCTGTTGTATGAC 3360
 3380 3400 3420 3440
 λ2 CTCTGAACGCTATCGAAAAATAGTATCACAAACGTCGACATAGTCGTTTAGACACCAAAAACACATTAATTAGAGATGTAT 3440
 3460 3480 3500 3520
 λ2 CAAAATTCGAGTCAAAATGGAAATGTGAGACTTACCCAGAAATTTTCAGAATTGACTTGGTCAAAAGATCGGTTTAAGGTG 3520
 3540 3560 3580 3600
 λ2 TTCTACTAAACAAAATAAGGTGTTCCCTCTTCTCACCTTCTCTCAAATGAAGTTATTATTTATACTAAATATATAAAATAAA 3600
 3620 3640 3660 3680
 λ2 CGATTGAACATTTTCATACATAAAATTTGTGGATAAAATCCATGTTGAAAAATAGACAAAAATTAGGGGGAGGACCAAAAATG 3680
 3700 3720 3740 3760
 λ2 CACTAATATTGCAAACATGAGGGACTATTACTGCTCCATGTGAAAACCTCAAGAATGACTTTGGATCCTAATCCAAAGATA 3760
 3780 3800 3820 3840
 λ2 AGAGACTATTTTGGGCCTTTTACCATTGATATTGATATTTCCCGAATACCAAATTATTTATTTAATGAAGGTCATCT 3840
 3860 3880 3900 3920
 λ2 GTCAACATATTCATTACTCATTAGTACAAGTTCAAAGAGAAAATTATAGAATAAGCATAACAATCCAAATATATATGTT 3920
 3940 3960 3980 4000
 λ2 TTTTTATGTGTATCAATTTATTTTCTTGATGTCTTCTCACTTGTGCGATCCTCTATAATATTGTAGCCCTACATTA AAA 4000
 4020 4040 4060 4080
 λ2 AATTAGAAATGATTGGAAAATTATTAGCAACTTTGTAATACCGTACCAAATCGAAGTTTAATTTACGGTCTACCAGTTTA 4080
 4100 4120 4140 4160
 λ2 CCGAATCACAATTTAAAAATTTGATATTTAATATCTACTTTTAACTATCAATTACCAATTTATCAAATCCGAAAAATTTGAA 4160
 4180 4200 4220 4240
 λ2 TATGGAATAATAAACACATAGTAGGGAAATATAGGAGGGTAAAGATTGCAGTTATTTCCCTTCGAAAAAATTGGGATAT 4240
 4260 4280 4300 4320
 λ2 TTGTTTTTAAATCAACCCGTCAATGGCTTCCTCGTGTGCTTTTGTCTATTGTTTCATCTTGAGGGCTGCTGCTATTGATTGCG 4320
pot5prim ---

urease translation start, Exon 1: 126bp 4380 4400
 λ2 TGAGCCGAAAAAATGAAGTTGGCTCCAAGAGAAATAGAGAAATTGATGCTCCATAATGCTGGTTATCTTGTCTCAAAAACG 4400
 M K L A P R E I E K L M L H N A G Y L A Q K R

----->
 5prim ----->
 urease-express ----->

λ2, subclone S4 4440 Intron 1: 359bp 4480
 λ2 **TCTTGTCTCGAGCTCAACTTCTTAACTATACTGAAGCCGTTGCTCTTATTGCAACTCAGGTATCCTATTATCCAAACATTT** 4480
 L A R A Q L L N Y T E A V A L I A T Q

4500 4520 4540 4560
 λ2 TTTATTTATTTATGTTTTGAATGAAATCGACGTGAATGATACAGAATTTGTATAGAGGATTGAGTATAGTTGATAGAAA 4560
 4580 4600 4620 4640
 λ2 ATGTCACTTGTGTTATTTCCAATGATATGAGAATTTACAGAGCCGATTTCTATGGGATTGAGGTATGGTTGAATGATTGA 4640

4660 4680 4700 4720
 λ2 TTGATTCGGTTACCTTTTTTTATTTGTAAATCTAATGGTAAAGGTTCTAATTTTTTGAATTTGTGTTGACTTTCAGAATATA 4720

4740 4760 4780 4800
 λ2 TGGGGACTATATGATTCATCTACTATTTTATATGCTGATTTATGCATAAAAAAGTTGTAATATATATTGTTGGAAGCTTATCTG 4800

Exon 2: 74bp 4840 4860 4880
 λ2 TTATGTGGCTTACTAG**GTCTTAGAAATTTGTCGATGGAGATAAGAGTGTGGCTGAGCTGATGGATATCGGGAGACAA** 4880
 V L E F V R D G D K S V A E L M D I G R Q
 S4F1 ----->

Intron 2: 579bp

4920 4940 4960

λ2 **TTACTTGGAAAG**GTATACTGCACATGACAGTAGATAGTATGTAGTTTAATGATCTTCTATGAGATTAATGCAACTCTTGCT 4960
L L G R

4980 5000 5020 5040

λ2 ATGTAAAGAAGAGCTTATAATTAATTGGAGAACAGTTTGCAAACAGGCCGATTGCATTCTTCTCTATTTTATAGAGGTGT 5040
<-----

5060 5080 5100 5120

λ2 CATCAAGCGAAAAAACACTTCAAAGTTCCACCAGTCCATGTAAGAAAGCAAACAGTGTGAACTGACACAGGAAAGAGGT 5120
----- S4S1

5140 5160 5180 5200

λ2 CGCAGGAAATAGAATAATTTGAGCATAGCAGTATCGTATGCATCAGCATTAGATTGTTAAGTGTGACTTCTTGAGAAA 5200

5220 5240 5260 5280

λ2 GGCTTGTTTGGGGTGTATATTTCTTGGTAAAAGAACCGACTGCCTTGGCACCAGGAAGTAAAAAGTCATGCACCTAGAA 5280

5300 5320 5340 5360

λ2 AATGGAAGAAGGGAATCAATTAATAAACATGGATGATGTAAAGAGTGCATCGTAAGAAGTGTGCATGTTAATCGATTGTA 5360

5380 5400 5420 5440

λ2 GGTGAAATCAATATGAGTGGACTGAAATGCCTCAAAGAAAAAATTAATTTGAATGACTGCATGCTTTTGACGAAGATCAA 5440

5460 Exon 3: 46bp 5500 5520

λ2 TGGGCTTACAATTAACCTTTTTTGTGTCAG**GAGACAAGTTCTTCCA**ACTGTTCTCATCTGTTGGATTGTGTT**CAG**GTAC 5520
R Q V L P T V P H L L D C V Q
<----- soyRACE2
S4F2 ----->

Intron 3: 103bp

5560 5580 5600

λ2 TACAGATGTCCATTTTCTCTGTCTTTGATGATTCTTGTGTGCATGTTTCTTTCAGTTCAAGGTAGTTGGTGACTATTT 5600

Exon 4: 106bp 5660 5680

λ2 CAGTGGTAATGTAATTTAG**GTAGAGGGGACGTTTCCAGATGGAACAAAATTAATCACCATCCATGACCCTATAGCATGTG** 5680
V E G T F P D G T K L I T I H D P I A C E

5700 5720 Intron 4: 723bp 5760

λ2 **AAAATGGGAATCTGGATCTAGCTCTGCATGGTTCTTTCTTCTCG**TAATCATCTCATATACTGGTTTTAGTATCTTCAA 5760
N G N L C L A L H G S F L P V
<----- 5primR

5780 5800 5820 5840

λ2 CTGTAATTTTCTTCATTTGCAAGAAGTGTGGTTTTCACTCTTCTCTATAGAAAATAAATCTTATGGAAGAGGTACTCTTTGT 5840

5860 5880 5900 5920

λ2 ACATAAATTTGTGTTGCAAACTTATTTGACTAGTTAAAGAAAAAGGTTATATGACTAGAGTTTGAATATGGTGGGAAGAAT 5920

5940 5960 5980 6000

λ2 TATTTCACTTGTATGAATAAGGTCTCTAAATTGAGTTTGATGCTTGCTGACACACAGGGCTCCATCGTTGATTTGAATT 6000

λ2 subclone S1 6040 6060 6080

λ1 -----G 1

λ2 TCCCAGAGCTCATTCTAATTGAATTTGGTGGGTATTCTGCCCTAATCTTAGAGTTTCTATTCACTGGCTCATCCCCTC 6080

λ1 subclone 37 6100 6120 6140 6160

λ1 AATTCTCCGGCC**GAC**C**CCGTTCTGTCTCTCAGGACATGGTTTGGGAGGGCCTGACTGTCATCTAGAACAATTCTT**CATG 81
λ2 AATTCTCCGGCC-**ACCT**C**CCGTTCTGTCTCTCAGGACATGGTTTGGGAGGGCCTGACTGTCATCTAGAACAATTCTT**ACTG 6159

6180 6200 6220 6240

λ1 **GAC**TAAGAATTTCCCTCCT**G**CTGTGTGCA**A**AAATTTAGTGGTACTT**---**GCAAATAAAAAT**TCTGATCCTTTT**AGACCCA 158
λ2 **GAA**TAAGAATTTCCCTCCT**T**CTGTGTGCA**G**AAATTTAGTGGTACTT**CTT**GCAAATAAAAAT**TCTGATCCTTTT**AGACCCA 6239

6260 6280 6300 6320

λ1 TATGATACCTAAACCT**A**G**TGT**ACTTGTAGCGGCTT**CATTT**AGACTAC**C**TTTGTAAATCTCTGAGCAAGTTT**TGCCATAA** 238
λ2 TATGATACCTAAACCT**A**T**GTGT**ACTTGTAGCGGCTT**CATTT**AGACTAC**T**TTTGTAAATCTCTGAGCAAGTTT**TGCCATAA** 6319

7380 7400 7420 7440
λ1 TAA TCACTTTTTTAAATGGAAATATACATGGAATGGTGGAGTTACATACAACCATGCTTCTTGAGCTTGGTTCTGAATT 1358
λ2 TAT TCACTTTTTTAAATGGAAATATACATGGAATGGTGGAGTTACATACAACCATGCTTCTTGAGCTTGGTTCTGAATT 7437

7460 7480 7500 7520
λ1 AAGGTTTTCTGAATTGGCTTGGGCATTGATTTGTGGGAGAGATTAATGCATTGGGGACATATTA CTTTATCAGGAACAC 1438
λ2 AAGGTTTTCTTGAATTGGCC TGGGCATTGATTTGTGGGAGAGATTAATGCATTGGGGACATATTG CTTTATCAGGAACAC 7517

Intron6SSp-F1

7540 7560 7580 7600
λ1 TAAACGAAAAAAGGGATGTGTACAGGAGTCAAGCCACTCGTCTTGTTTGTGATTAAGCATCTAAAGATAGAGTAAATGA 1518
λ2 TAAACGAAAAAAGGGATGTGTACAGGAGTCAAGCCACTTGTCTTGTTTGTGATTAAGCATCTAAAGATAGAGTAAATGA 7597
<----- 37R2B -----> old

7620 7640 7660 7680
λ1 GCTTGTTAGAGTGGGTTAGGGTCCCACATTGGTTGGGGAATGGACCGGTGGTTTCTTTATATGGACTTGGGCAATCCTTT 1598
λ2 GCTTGTTAGAGTGGGTTAGGGTCCCACATTGGTTGGGGAATGGACCGGTGGTTTGTCTTATATGGACTTGGGCAATCCTTT 7677
====><==== old long terminal repeat =====
direct repeat of host DNA

7700 7720 7740 7760
λ1 CCCTCATGAGCTAGTTTTTGAAGGTTGAGTTAGGCTCAAGTACCATATCTTACATGGTATC----- 1658
λ2 CCCTCATGAGCTAGTTTTTGGGTTGAGTTAGGCCCAAGTACCATATCTTACATGGTATCTGTTAGAATAGGAATATGTT 7757
===== > <====><=====
S1F -----> (see 9656) direct repeat of host DNA
RTP left ----->
LTR left ----->

7780 7800 7820 7840
λ1 ----- -
λ2 TATACAATCCTATTAGAATAGGAATAGGTTTATACAATCCTATTAGAATAGGAATAGGTTTATACAATCCTATTAGAATA 7837
===== left long terminal repeat (LTR) =====
----->

7860 7880 7900 7920
λ1 ----- -
λ2 CGAATAGGTTTATACAATCCTATTAGAATAGGAATAGGAATAGAAATACTAAATAGTATCCTACTTGGTAAAGGATTGTA 7917
=====

7940 7960 7980 8000
λ1 ----- -
λ2 TTCTAGTGTCTATAAATAGGGTTTCAATATAAATAATGTAAATAACACAATTCAATAATATTATTTTCCTATATCTCTCAC 7997
===== retro-RT-for -----
<----- LTR right ----->

8020 8040 8060 8080
λ1 ----- -
λ2 ATGGTATCAGAGCCTCTACGAACCTTGGTAGAGAATTAATAAGCTTCCGCTGCCGGCGGGTGGCACCATATATGCTGCC 8077
> < put. PBS >
----->
<----- S1R ----->

8100 8120 8140 8160
λ1 ----- -
λ2 GTCTGGCCAATGATTATGTTAGCAAAAGTTGGGTCCACATGCATCATTCTAGTGACTACGTTCTTATATCTAATTTGTGT 8157
<===== repeat a =====>

8180 8200 8220 8240
λ1 ----- -
λ2 AGCACCGTGCCATTATCCGGTGACTACTTTTTTCATATTTAATTTGTGTAGCACTGTGCCATCATTCTGGTGACTACTTT 8237
=><===== repeat b =====><===== repeat c =====>

```

      8260              8280              8300              8320
λ1 -----
λ2 TTCATATCTAGTTTGTGTAGTACTGTGCCATCATTCCAGTGACTACTTTTTTCATATATAAATTTGTGTAGCACCGTGCCAT 8317
===== ><===== repeat d =====><=====

      8340              8360              8380              8400
λ1 -----
λ2 CCTTCCGGTGACTACCTTTTTTGCATATCTGATTTGCGTAGCACCGTGATCTCTCCGGACTACTTTTTTCATATTTAATT 8397
===== repeat e =====><===== repeat f =====

      8420              8440              8460              8480
λ1 -----
λ2 TGTGTAGTACCGTGAATTTTTCCGAACATTTCTCATATCTGAGTAGCATAGCATCATGTGTCTTTTCAGTGACTCAGAT 8477
===== ><===== repeat g =====><===== repeat h =====
<----- retro-RT-rev -----

      8500              8520              8540              8560
λ1 -----
λ2 TTGATTTGCATAGTTCATTCGTCTTTCCGGTGACTCCTTAAATCTAATTTGCATAGGGTTGTGCCATCATTCCAACCCTA 8557
===== ><===== repeat i =====><===== repeat A =====

      8580              8600              8620              8640
λ1 -----
λ2 CCCGTATAAATTTTTCTTTTTTCAGTAGGGTTGTGCCATCATTCCGACCCTACCCATATTATTTTTCTTTTTCAATGGGGTC 8637
===== ><===== repeat B =====><=====

      8660              8680              8700              8720
λ1 -----
λ2 GTTCCATCTATTCGAACTATCCTATATAAATTTCTATTTTCTAGTTGGGTCGTGACATCATTCCGACCCTATCCATATAAT 8717
===== repeat C =====><===== repeat D =

      8740              8760              8780              8800
λ1 -----
λ2 TTTATTTCTTAGATTGTGACTACTTTTAGCCATCAAATCTAATACTCCGACATATGAGCATGTTCCGGCCAATTTTTTCG 8797
===== > <===== repeat j =

      8820              8840              8860              8880
λ1 -----
λ2 GTGACTTGTTTAATATCGACTCATCTATTGATTCCAACCATATACTTTATACTAGATTTTGAGCACTTTGTTGCTTAGGG 8877
===== > <=====

      8900              8920              8940              8960
λ1 -----
λ2 GGAGTTTAGTAGCCTAGTATGTTGATTACGTAAGTCACTCTATGGTCTGAAACAGTCTTTGCAAGCTTGGTTGGGAAGT 8957
===== homology to reverse transcriptase =====

      8980              9000              9020              9040
λ1 -----
λ2 TCCAACACTGTAATTTTATCACTGTGTTTTATCGCATTATGCATCAAATTCAGTATTTTCATGAGAAGATTAAGCACATTG 9037
===== ><===== homology to RNase H (repeat 1)===

      9060              9080              9100              9120
λ1 -----
λ2 AGATTGACTGATATTATGCATCAAATCCAGTATTTAATGAGAAGACAAGCACATTGAGATTGACTATCAATTTTGTGAAG 9117
===== > <===== homology to RNase H (repeat 2) =====><== repeat k ==>

      9140              9160              9180              9200
λ1 -----
λ2 TCGACTGTTCAACTTGTAGATATCTACCAAGCCCCTCATTGGTCCTCGTATTAATTACATATGTAACAAGCTAGGTACA 9197

      9220              9240              9260              9280
λ1 -----
λ2 TGAATTGTATGCACTAGCTTGAGGGGGAGTGTTAGAATAGGAATATGTTTATACAATCCTATTAGAATAGGAATAGGTTT 9277
<put .PPT><=====
LTR left ----->

```



```

          9300              9320              9340              9360
λ1 -----
λ2 ATACAATCCTATTAGAAATAGGAATAGGTTTATACAATCCTATTAGAAATAGGAATAGGTTTATACAATCCTATTAGAAATAG 9357
===== right long terminal repeat (LTR) =====

          9380              9400              9420              9440
λ1 -----
λ2 GAATAGGAATAGAAATACTAAATAGTATCCTACTTGGTAAAGGATTGTATTCTAGTGTCTATAAATAGGGTTTCAATATA 9437
=====

          9460              9480              9500
λ1 -----
λ2 ATAATGTAATAACACAATTCAATAATATTATTTTCTATATCTCTCACAGTATCAAAGCCAAGTCCTTCCATGTCTGGG 9517
=====><====>
                                direct repeat of host DNA
                                <----- LTR right
                                <----- RTP right

insertion site of LINE element in OCR
          †              9560              9580              9600
λ1 CCCAGACATGTTATATTTCCACGCTCCAATTGGGTCTTGGCGGTGTTAGAGTGGGTTAGAGCCTCAAATTTGGTTGGGAA 1763
λ2 CCCCT--ATGTTATATTTCCACGCTCCAATTGGGTCTTGGCGGTGTTAGAGTGGGTTAGAGCCTCAAATTTGGTTGGGAA 9595
<-----Intron6SSp-R1 <=====

          9620              9640              9660              9680
λ1 ATGGACTAGTGGTCTGTTATATGGACTTGAACAATTCTCCCCTAATGAGCTAGTTTTTTGGGGTTGAGTTAGGC----- 1836
λ2 ATGGACTAGTGGTCTGTTATATGGACTTGAACA-TTCTCCCCTCATGAGCTAGTTTTTTGGGGTTGAGTTAGGC GGTTAGG 9674
===== old long terminal repeat =====
                                S1F -----

          9700              9720              9740              9760
λ1 -CCAAGTGCATATCTTTACAAAGCTAATGGCTCCACATAGTAAATTTGTGGAGAAAGATACCTGTAAGAATAGGCTACC 1915
λ2 CCAAGTGCATATCTTTACAAAGCTAATGGCTCCACATAGTAAATTTGTGGAGAAAGATACCTGTAAGAATAGGCTACC 9754
=====><====>
                                old direct repeat of host DNA
                                ----> (see7690) 37F3 ----->

          9780              9800              9820              9840
λ1 TACCTTTTATAGAGCATGTACCTGAGATGTCTAAAGAGCTAGTTTATGTTATAGTTTCATCAAAATTTTTGATTTGGAAC 1995
λ2 TACCTTTTATAGAGCATGTACCTGAGATGTCTAAAGAGCTAGTTTATGTTATAGTTTCATCAAAATTTTTGATTTGGAAC 9834

          9860              9880              9900              9920
λ1 AAAAAAGCTCCTTGATGAAGAACAACAATTTGACATAATACCCAGGTTAAAGTAGTCTAAAAAGGCATCAATATTGAACA 2075
λ2 AAAAAAGCTCCTTGATGAAGAACAACAATTTGACATAATACCCAGGTTAAAGTAGTCTAAAAAGGCATCAATATTGAACA 9914

          9940              9960              9980              10000
λ1 GAGAACTTGTCAAATATTTGATTGACAGAAAATTAACAGTATTGTTTGTAGAGTAATCGAAGAAGATTCTTTCCATTGGAT 2155
λ2 GAGAACTTGTCAAATATTTGATTGACAGAAAATTAACAGTATTGTTTGTAGAGTAATCGAAGAAGATTCTTTCCATTGGAT 9994

          10020              10040              10060              10080
λ1 ATCCTTCCATTTCCAGTACTGGTTAGAAATGAAATAGCGTGCATAAATTAAGCAGTCACCTATCCATGCTTAGATGCTTT 2235
λ2 GTCCTTCCATTTCCAGTACTGGTTAGAAATGAAATAGCGTGCATAAATTAAGCAGTCACCTATCCATGCTTAGATGCTTT 10074
<----- 37R2 <-----
                                Intron6SSp-R3

          10100              10120              10140              10160
λ1 TATATTTGCTCATCTCCAGTCATGCTCTTATCTTGTGAAGTACTGGTCTCAAACATGTTAATCAAATTTGACATTTCT 2315
λ2 TATATTTGCTCATCTCCAGTCATGCTCTTATCTTGTGAAGTACTGGTCTCAAACATGTTAATCAAATTTGACATTTCT 10154

          10180              10200              Exon 7: 164bp              10240
λ1 CTCCATTTCTGCTGGCTTATGATTGGAGTTGACAAATGTTTCATCACTTTTTCAGCCAGGAGAAACAAGAAGTGTGTTTC 2395
λ2 CTCCATTTCTGCTGGCTTATGATTGGAGTTGACAAATGTTTCATCACTTTTTCAGCCAGGAGAAACAAGAAGTGTGTTTC 10234
                                P G E T R S V V L

```

10260 10280 10300 10320
λ1 TTATTGGGATTAGTGGCAAAAAAGTGATCAGAGGAGGTAATGCAATTGCTGATTGTCCCGTTGATGATGCAAAAAGTTATG 2475
λ2 TTATTGGGATTAGTGGAAAAAAGTGATCAGAGGAGGTAATGCAATTGCTGATTGTCCAGTTGATGATGCAAAAAGTTATG 10314
I G I S G K K V I R G G N A I A D C P V D D A K V M
<----->

Exon7SSp-R

λ2 subclone S2 10360 Intron 7, λ1: 112bp,
λ1 ACATTAATGGGAGCTCTAAGTGAAGGAGGATTTGGTCATTTGGAAGAGCCAAATTC AAG GTCTGGTAGTATTGTTA---- 2551
λ2 ACATTAATGGGAGCTCTAAGTGAAGGAGGATTTGGTCATTTGGAAGAGCCAAATTC AAG GTCTGGTAGTATTGTTACACT 10394
T L M G A L S E G G F G H L E E P N S R
P

λ2: 117bp 10440 10460 10480
λ1 -ACTTTTTTCTCTTGGAACCTCCCTGAGAATTTTTGTGCTTAATTAATGTAGCTGCGAGAAAAAGGGATATCTTAGCTT 2630
λ2 AACTTTTTTCTCTTGGAACCTCCCTGAGAATTTTTGTGCTTAATTAATGTAGCTGCGAGAAAAAGGGATATCTTAGCTT 10474

Exon 8: 370bp 10520 10540 10560
λ1 GAAAAATATTTTGCACGGAAGGTGTTGTAGGAGAAGAATCTTGCTTTTCGTTTTCGATGACTCATGAGGAATATGCCAAC 2710
λ2 GAAAAATATTTTGCACGGAAGGTGTTGTAGGAGAAGAATCTTGCTTTTCGTTTTCGATGACTCATGAGGAATATGCCAAC 10554
E G V V G E E S C F S F S M T H E E Y A N
37F4 ----->

10580 10600 10620 10640
λ1 ATGTTTGGCCCCACTACTGGAGACAGAATACGTCTGGGTGACACAGACCTGTTTGTCTGAAATTGAGAAAGACTTTGGTAT 2790
λ2 ATGTTTGGCCCCACTACTGGAGACAGAATACGTCTGGGTGACACTGACCTGTTTGTCTGAAATTGAGAAAGACTTTGGTAT 10634
M F G P T T G D R I R L G D T D L F A E I E K D F G I

10660 10680 10700 10720
λ1 CTTTGGTGATGAGTGCCTGTTTGGGGTGGAAAAGTTCTACGAGATGGAATGGGTGAGGCGTGTGGATATCCTCCAGCAG 2870
λ2 CTTTGGTGATGAGTGCCTGTTTGGGGTGGAAAAGTTCTAAGAGATGGAATGGGTGAGGCGTGTGGATATCCTCCAGCAG 10714
F G D E C V F G G G K V L R D G M G Q A C G Y P P A D
<----- Exon8 <----- 37R1

10740 10760 10780 10800
λ1 ATTGTTTGGATACTGTTATAACAAATGCTGTAGTGATTGACTATACAGGAATTTTCAAGTGTGATATTGGAATTAAGAT 2950
λ2 ATTGTTTGGATACTGTTATAACAAATGCTGTAGTGATTGACTATACAGGAATTTTCAAGTGTGATATTGGAATTAAGAT 10794
C L D T V I T N A V V I D Y T G I F K C D I G I K D
A1 -----
C1 -----

10820 10840 10860 Intron 8: 75bp
λ1 GGTCATATTGTTTCCCTTTGTAAGGCAGGTAACCCAGATATCATGGATAGTGATGCGATAAATTGGG GTAAGTCTGGAATA 3030
λ2 GGTCATATTGTTTCCCTTTGTAAGGCAGGTAACCCAGATATCATGGATAGTGATGCGATAAATTGGG GTAAGTCTGGAATA 10874
G H I V S L C K A G N P D I M D S D A I I G
-> ----->
-> F843

10900 10920 Exon 9: 109bp
λ1 TTATGATGATAAGTTGCCAGAAGGCAC T A GAATGTGAAGCTAATGACTCGTGATCTTTTCAG GTTAACACTGAGGTTATTG 3110
λ2 TTATGATGATAAGTTGCCAGAAGGCAC A A GAATGTGAAGCTAATGACTCGTGATCTTTTCAG GTTAACACTGAGGTTATTG 10954
V N T E V I A

10980 11000 11020 11040
λ1 CAGGCGAAGGAATGATTGTAACAGCAGGAGCTATAGATTGTCATGTGCACTTTATATGCCCTCAACTGGCATATGAGGCA 3190
λ2 CAGGCGAAGGAATGATTGTAACAGCAGGAGCTATAGATTGTCATGTGCACTTTATATGCCCTCAACTGGCATATGAGGCA 11034
G E G M I V T A G A I D C H V H F I C P Q L A Y E A
<----- S2R

λ1 subclone 23
Intr. 9, λ1: 828bp, λ2: 835bp λ3 subclone 23-17
λ1 ATATCAAGTGTAAATTTTATAATTTATATTGATTTT TAGAATTCCTTCGAAAATTGCCAATACATA--TTTTGTTTT 3268
λ2 ATATCAAGTGTAAATTTTATAATTTATATTGATTTT TAGAATTCCTTCGAAAATTGCCAATACATAATTTTTGTTTT 11114
λ3 ----- GAATTCCTTCGAAAATTGCCAATACATAATTTTTGTTTT 40
I S S G

11140 11160 11180 11200
λ1 TACGTTTTGTAGAAATGTTTATGTAAACAACTGTGTATAGCTAGATCTGTAAACAATAGGATACCCCATGCCTTGTAGTG 3348
λ2 TACGTTTTGTAGAAATGTTTATGTAAACAACTGTGTATAGCTAGATCTGTAAACAATAGGATACCCCATGCCTTGTAGTG 11194
λ3 TACGTTTTGTAGAAATGTTTATGTAAACAACTGTGTATAGCTAGATCTGTAAACAATAGGATACCCCATGCCTTGTAGTG 120

11220 11240 11260 11280
λ1 TTCCAAAATTATGTAATTAACCTCCTGTCATTGATAGGTAACGATCACTACCAAACCTGAGCATATTTCTCTCTGGTGTGGT 3428
λ2 TTCCAAAATTATGTAATTAACCTCCTGTCATTGATAGGTAACGATCACTACCAAACCTGAGCATATTTCTCTCTGGTGTGGT 11274
λ3 TTCCAAAATTATGTAATTAACCTCCTGTCATTGATAGGTAACGATCACTACCAAACCTGAGCATATTTCTCTCTGGTGTGGT 200

11300 11320 11340 11360
λ1 GTTCTTCTGGAGATTCAATTTGATCGAATGTTGGAGACTATTGTTGCTTTTCTCTCCCTTCTCTTTTGTGTG 3508
λ2 GTTCTTCTGGAGATTCAATTTGATCGAATGTTGGAGACTATTGTTGCTTTTCTCTCCCTTCTCTTTTGTGTG 11353
λ3 GTTCTTCTGGAGATTCAATTTGATCGAATGTTGGAGACTATTGTTGCTTTTCTCTCCCTTCTCTTTTGTGTG 279

11380 11400 11420 11440
λ1 TGATATGGTCTTAACTCACCTTCAGAAGAGACCTCAAAGATTTGGCAGCTGTAAGTTATTATTCATCTGCAATGAAAA 3588
λ2 TGATATGGTCTTAACTCACCTTCAGAAGAGACCTCAAAGATTTGGCAGCTGTAAGTTATTATTCATCTGCAATGAAAA 11433
λ3 TGATATGGTCTTAACTCACCTTCAGAAGAGACCTCAAAGATTTGGCAGCTGTAAGTTATTATTCATCTGCAATGAAAA 359

11460 11480 11500 11520
λ1 TGTAC-----TGGGATGCAGTGTAAATGCTGATAGTCATTCTAAGTATGAGATTTAATGTTAGATGATGTTGGTTGGTT 3662
λ2 TGTACATATGCTGGGATGCAGTGTAAATGCTGATAGTCATTCTAAGTATGAGATTTAATGTTAGATGATGTTGGTTGGTT 11513
λ3 TGTACATATGCTGGGATGCAGTGTAAATGCTGATAGTCATTCTAAGTATGAGATTTAATGTTAGATGATGTTGGTTGGTT 439
23F1 ----->

11540 11560 11580 11600
λ1 GATGCTCTACTTTTGGATTAAAGCTAATTTATGAAAAAGGGTTAGTAATCCGAGGTTTGGCAGTCCATCCATAAACTAAT 3742
λ2 GATGCTCTACTTTTGGATTAAAGCTAATTTATGAAAAAGGGTTAGTAATCCGAGGTTTGGCAGTCCATCCATAAACTAAT 11593
λ3 GATGCTCTACTTTTGGATTAAAGCTAATTTATGAAAAAGGGTTAGTAATCCGAGGTTTGGCAGTCCATCCATAAACTAAT 519

11620 11640 11660 11680
λ1 TTGTTTAACTGTTCTTAATATTGACGGAAACCACATGCATTCCGGATGCTATAAGGATCATTTTGTGCATATGGGCAATCAGAT 3822
λ2 TCGTTTAACTGACTTAATATTGATGGAACCACATGCATTCCGGATGCTATAAGGATCATTTTGTGCATATGGGCAATCAGAT 11673
λ3 TCGTTTAACTGACTTAATATTGATGGAACCACATGCATTCCGGATGCTATAAGGATCATTTTGTGCATATGGGCAATCAGAT 599

11700 11720 11740 11760
λ1 CTGCAACCTGAAGTAGATGAGGCTTTATATGAGCTGTTTCCCAACAGGCTGAGTCTTAAGCTTGCTTTGTGATGTTCTA 3902
λ2 CTGCAAGCTGAAGTAGACGAGGCTTTATATGAGCTGTTTCCCAACAGGCTGAGTCTTAAGCTTGCTTTGTGATGTTCTA 11753
λ3 CTGCAAGCTGAAGTAGACGAGGCTTTATATGAGCTGTTTCCCAACAGGCTGAGTCTTAAGCTTGCTTTGTGATGTTCTA 679
<----- 23R3

11780 11800 11820 11840
λ1 TAAGTGGCTTAATTTTATGTAAGACAACTTAATCTATTGTGTTTTAGGAAAGAGGAGTGAAGTGATAGATTGCTAGTCT 3982
λ2 TAAGTGGCTTAATTTTATGTAAGACAACTTAATCTATTGTGTTTTAGGAAAGAGGAGTGAAGTGATAGATTACTAGTCT 11833
λ3 TAAGTGGCTTAATTTTATGTAAGACAACTTAATCTATTGTGTTTTAGGAAAGAGGAGTGAAGTGATAGATTACTAGTCT 759

11860 11880 Exon 10: 140bp 11920
λ1 TTGTGTTTAACTTCTCGTCGTGTTTCCCTTCTTTACGGCCCTTGTACGAATCACTACAATGGTGGGAGGTGGTACAGGGCC 4062
λ2 TTGTGTTTAACTTCTCGTCGTGTTTCCCTTCTTTACGGCCCTTGTACGAATCACTACAATGGTGGGAGGTGGTACAGGGCC 11913
λ3 TTGTGTTTAACTTCTCGTCGTGTTTCCCTTCTTTACGGCCCTTGTACGAATCACTACAATGGTGGGAGGTGGTACAGGGCC 839
I T T M V G G G T G P

11940 11960 11980 12000
λ1 TGCTCATGGGACACGTGCAACCACCTGTACACCGGGCATGTGCACATGGAATTGATGTTGCAGTCAACAGACGAAATTC 4142
λ2 TGCTCATGGGACACGTGCAACCACCTGTACACCGGGCATGTGCACATGGAATTGATGTTGCAGTCAACAGACGAAATTC 11993
λ3 TGCTCATGGGACACGTGCAACCACCTGTACACCGGGCATGTGCACATGGAATTGATGTTGCAGTCAACAGACGAAATTC 919
A H G T R A T T C T P G H V H M E L M L Q S T D E I P
23F2 ----->

12020 Intron 10, λ1: 929bp, λ2/3: 958bp 12080
λ1 CCCTAAATTTGGTTTCACTGGAAAAGTATACTTATTGCTCGCTTGTTTTACTGATGAAAAAATATGCTTATTTTCTG 4222
λ2 CCCTAAATTTGGTTTCACTGGAAAAGTATACTTATTGCTCGCTTGTTTTACTGATGAAAAAATATGCTTATTTTCTG 12073
λ3 CCCTAAATTTGGTTTCACTGGAAAAGTATACTTATTGCTCGCTTGTTTTACTGATGAAAAAATATGCTTATTTTCTG 999
L N F G F T G K

12100 12120 12140 12160
λ1 AGATTTACTGTAACAGGGTAACTGTGTGTAGCTTCAGATTTCCGAACCATGTTTCACCTTGCTTGTAAAGCTCAACTGGCAT 4302
λ2 AGATTTACTGTAACAGGGTAACTGTGTGTAGCTTCAGATTTCCGAACCATGTTTCACCTTGCTTGTAAAGCTCAACTGGCAT 12153
λ3 AGATTTACTGTAACAGGGTAACTGTGTGTAGCTTCAGATTTCCGAACCATGTTTCACCTTGCTTGTAAAGCTCAACTGGCAT 1079

12180 12200 12220 12240
λ1 AACCTAGCACTTCACAGAGACAGAACCTAGATGTCCTCACCCCTTTTTGCTACTATTGGGACCAACAAATTCCTAACAAAAGA 4382
λ2 AACCTAGCACTTCACAGAGACAGAACCAGATGTCCTCACCCCTTTTTGCTACTATTGGGACCAACAAATTTGGAACAAAAGA 12233
λ3 AACCTAGCACTTCACAGAGACAGAACCAGATGTCCTCACCCCTTTTTGCTACTATTGGGACCAACAAATTTGGAACAAAAGA 1159

12260 12280 12300 12320
λ1 CCTTTGTTTCTGTGTTTGTGTGTTGGGCATAAATAGATAATTTTATGCTGATTTCTGTAGCGTAACACATTGGTGATTT 4462
λ2 CCTTTGTTTCTGTGTTTGTGTGTTGGGCATAAATAGATAATTTTATGCTGATTTCTGTAGCGTAACACATTGGTGATTT 12313
λ3 CCTTTGTTTCTGTGTTTGTGTGTTGGGCATAAATAGATAATTTTATGCTGATTTCTGTAGCGTAACACATTGGTGATTT 1239

12340 12360 12380 12400
λ1 CCTACTTGAAGTCCATAGGAAGATGTTTCTTCTTAAAACAATGTGGAATGCATGTTGTGGTGCATTTATTCTTTGCCCA 4542
λ2 CCAACTTGAAGTCCATAGGAAGATGTTTCTTCTTAAAACAATGTGGAATGCATGTTGTGGTGCATTTATTCTTTGCCCA 12393
λ3 CCAACTTGAAGTCCATAGGAAGATGTTTCTTCTTAAAACAATGTGGAATGCATGTTGTGGTGCATTTATTCTTTGCCCA 1319

12420 12440 12460 12480
λ1 ATTTGTATTCAGGTAGAGGACGACCTACATTGGGATTA-----CTTTGGATTTTTTTATATAT 4600
λ2 ATTTGTATAGCAGGTAGAGGAAAGACCTACATTGGGATTAAGGGGGTCACTGGCACTCGTTAACTTTGGATTTTTATATAT 12473
λ3 ATTTGTATAGCAGGTAGAGGAAAGACCTACATTGGGATTAAGGGGGTCACTGGCACTCGTTAACTTTGGATTTTTATATAT 1399
<----- 23R2

12500 12520 12540 12560
λ1 ATACAAGTGTATATACCTTATATATGGTCTATAATAGCTCTTGGGCACCCTAAACTATGATTGCTGTTTGGGGGCAATGG 4680
λ2 ATACAAGTGTATATACCTTATATATGGTCTATAATAGCTCTTGGGCACCCTAAACTATGATTGCTGTTTGGGGGCAATGG 12553
λ3 ATACAAGTGTATATACCTTATATATGGTCTATAATAGCTCTTGGGCACCCTAAACTATGATTGCTGTTTGGGGGCAATGG 1479

12580 12600 12620 12640
λ1 TCAAGGCCCTGCCACTGTGCTTTGAAAGCTGGATCTGAATCCTCTGAGCCTACAAT-----TATTCTTTTACGTT 4751
λ2 TCAAGGCCCTGCCCGTGTGCTTTGAAAGCTGGATCTGAATCCTCTGAGCCTACAATGATGCACCTTATTCTTTTACGTT 12633
λ3 TCAAGGCCCTGCCCGTGTGCTTTGAAAGCTGGATCTGAATCCTCTGAGCCTACAATGATGCACCTTATTCTTTTACGTT 1559

12660 12680 λ3 sub-
λ1 TTTGAGTTGAACAAATCTATGGTTAAAAATGTCCTAGAAAAACAAAAAGATTCAAGAATTGCGGCAAGCTGAATTTGA 4831
λ2 TTTGAGTTGAACAAATCTATGGTTAAAAATGTCCTAGAAAAA-----AAAAAGATTCAAGAATTGCGGCAAGCTGAATTCGA 12712
λ3 TTTGAGTTGAACAAATCTATGGTTAAAAATGTCCTAGAAAAA-----AAAAAGATTCAAGAATTGCGGCAAGCTGAATTCGA 1638
23F3 ----->

clone 23-7 12740 12760 12780 12800
λ1 ACTCAGAACCTTGTAGGAAAATATAACAGGAAAAAACACATATATATAGCATTTCGCCAGTGGCACCTAAGGGGCTCT 4911
λ2 ACTCAGAACCTTGTAGGAAAATATAACAGAAAAAACACATATATATAGCATTGGGCCAGTGGCACCTAAGGGGCTCT 12792
λ3 ACTCAGAACCTTGTAGGAAAATATAACAGAAAAAACACATATATATAGCATTGGGCCAGTGGCACCTAAGGGGCTCT 1718

12820 12840 12860 12880
λ1 TATTAACCTTGTAGTTCATTTAGTTTGTATTTATTTGTTTGGTTTTGACCTTGGTGTGTAGGTGCCATTGCACCCCTCCC 4991
λ2 TATTAACCTTGTAGTTCATTTAGTTTGTATTTATTTGTTTGGTTTTGACCTTGGTGTGTAGGTGCCATTGCACCCCTCCC 12871
λ3 TATTAACCTTGTAGTTCATTTAGTTTGTATTTATTTGTTTGGTTTTGACCTTGGTGTGTAGGTGCCATTGCACCCCTCCC 1797

12900 12920 12940 12960
λ1 TCTTTGATAGATTTGCACGCCAAAATTTTGTAGCTAGTAATTGGCATGATGTGTAAAGATAGTGGTGCACCTTTGAG 5071
λ2 TCTTTGATAGATTTGCACGCCAAAATTTTGTAGCTTGTAAATTGGCATGATGTGTAAAGATAGTGGTGCACCTTTGAG 12951
λ3 TCTTTGATAGATTTGCACGCCAAAATTTTGTAGCTTGTAAATTGGCATGATGTGTAAAGATAGTGGTGCACCTTTGAG 1877

12980 Exon 11: 138bp 13020 13040
λ1 AATCCTGGGTTCCGCTGTGATTGCACGGCAACAGTTCCAAGCTGATGGCCTACATGAAATAATCAAAGCTGGAGCAATG 5151
λ2 AATCCTGGGTTCCGCTGTGATTGCACGGTAACAGTTCCAAGCTGATGGCCTACATGAAATAATCAAAGCTGGAGCAATG 13031
λ3 AATCCTGGGTTCCGCTGTGATTGCACGGTAACAGTTCCAAGCTGATGGCCTACATGAAATAATCAAAGCTGGAGCAATG 1957
G N S S K P D G L H E I I K A G A M
A(λ2/3)
<----- 23R1

λ1: 1966bp, λ3: 1935bp

	13880	13900	13920	
λ1	TAAATTTCTACTAAATTTTTTGGATTGAGAAACATCATATTGCAGGC			6031
λ3	TAAATTTCTACTAAATTTTTTGGATTGAGAAACATCATATTGCAGGC			2837
	<===== repeat 1 =====><===== repeat 2			
	13940	13960	13980	14000
λ1	TTAACCAATTATATGATATTGCAGGCAAACCTCACCAATTATATGATATTGCAGGCAAACCTC			6111
λ3	TTAACCAATTATATGATATTGCAGGCAAACCTC-----AACCAATTATATGATATTGCAGGCAAACCTC			2887
	===== ><===== repeat 3 =====><===== repeat 4 =====>			
	14020	14040	14060	14080
λ1	TTCAGCAATATCATCTAATATGTTGCCAGTAAACAGAATGACTGGT			6191
λ3	TTCAGCAATATCATCTAATATGTTGCCAGTAAACAGAATGACTGGT			2967
	14100	14120	14140	14160
λ1	CTTGTACTTTCGACGTTCTGAACGTCTACCTACAATAACCAATG			6271
λ3	CTTGTACTTTCGACGTTCTGAACGTCTACCTACAATAACCAATG			3047
	14180	14200	14220	14240
λ1	GTCGAGATTCATTGTATCATATAAGGAAAATCATATAGAATATTCTATAGGATACACTAGGATATTCTGAATCTAATTAT			6351
λ3	GTCGAGATTCATTGTATCATATAAGGAAAATCATATAGAATATTCTATAGGATACACTAGGATATTCTGAATCTAATTAT			3127
	14260	14280	14300	14320
λ1	AGAATATTTACTTACCTTTTAGCAATAGGAATTGCTTACCTACGCCATTTAATGTAGCCTAAGACTCCTATATAAGGAGCA			6431
λ3	AGAATATTTACTTACCTTTTAGCAATAGGAATTGCTTACCTACGCCATTTAATGTAGCCTAAGACTCCTATATAAGGAGCA			3207
	14340	14360	14380	14400
λ1	CCTCTTGTACACTGAAATCAAGTCAATGAGCTTCTTCTCTATTTTTCACATGGTATCAGAGTATTTCTATTTATGGTTTA			6511
λ3	CCTCTTGTACACTGAAATCAAGTCAATGAGCTTCTTCTCTATTTTTCACATGGTATCAGAGTATTTCTATTTATGGTTTA			3287
	14420	14440	14460	14480
λ1	CTCAATATTGCTCCATATTATGTTGTCCAACTCCAAATGTCTAGTCTCTGCCCCCTGGGTGGAGGGGGTGTAAAGTGTCT			6591
λ3	CTCAATATTGCTCCATATTATGTTGTCCAACTCCAAATGTCTAGTCTCTGCCCCCTGGGTGGAGGGGGTGTAAAGTGTCT			3367
	33F2 ----->			
	14500	14520	14540	14560
λ1	CACATTTGGTAGATGAAATGAGTTGTAGTCTCCTTGTGTGGTCTTAGACAATCCTCACCTCTTGAGCTAACCTTTGGGGATT			6671
λ3	CACATTTGGTAGATGAAATGAGTTGTAGTCTCCTTGTGTGGTCTTAGACAATCCTCACCTCTTGAGCTAACCTTTGGGGATT			3447
	<----- 33R3			
	14580	14600	14620	14640
λ1	AAGATAACCCCAAGCTCCATTTTATTATGGTACCAAAGTAGGTACAAGTCTGGGTTTGAGTCTCACCCTACCCTATC			6751
λ3	AAGATAACCCCAAGCTCCATTTTATTATGGTACCAAAGTAGGTACAAGTCTGGGTTTGAGTCTCACCCTACCCTATC			3527
	14660	14680	14700	14720
λ1	AAAAAGAATTTCCATGTGCTTGAATCATCCAAAGTTCCAAACAATCAAGCCACAAGTAAGGTGGCGTGGTGAAGACATA			6831
λ3	AAAAAGAATTTCCATGTGCTTGAATCATCCAAAGTTCCAAACAATCAAGCCACAAGTAAGGTGGCAATGGTGAAGACATA			3607
	14740	14760	14780	14800
λ1	ATTAGTAAATAAACTGTAGCTTTTTTAATAGTTTAAAGCTTTTATGTGAGATGGTCAAACACTTCAACATAGGTTATA			6911
λ3	ATTAGTAAATAAACTGTAGCTTTTTTAATAGTTTAAAGCTTTTATGTGAGATGGTCAAACACTTCAACATAGGTTATA			3687
	14820	14840	14860	14880
λ1	GTATGTATCCTGCTATTATGATTAGGGCTTCCAGGAAAGCAATATCTGTCTTTCTTACTTGTAGTTGATATAATCTA			6991
λ3	GTATGTATCCTGCTATTATGATTAGGGCTTCCAGGAAAGCAATATCTGTCTTTCTTACTTGTAGTTGATATAATCTA			3767
	14900	14920	14940	14960
λ1	TGTGTCTTGGACTCTTAAAAAATGTCAATGGGCACGTATCAGATTC			7071
λ3	TGTGTCTTGGACTCTTAAAAAATGTCAATGGGCACGTATCAGATTC			3845
	14980	15000	15020	15040
λ1	AAGGTCGGGCACCAATAGTGAAGAGTCCGCACAACCTTAGGATATAATAAGCTCATGTATGATTAAACCGAAAGTGCAT			7151
λ3	AAGGTCGGGCACCAATAGTGAAGAGTCCGCACAACCTTAGGATATAATAAGCTCATGTATGATTAAACCGAAAGTGCAT			3925
	15060	15080	15100	15120
λ1	ATAAGAGAAGCTTTTTGTAAGACAAATCTCACTTACAATCCCATGTACCAAGAGTCCGGAACCTAATTAAGCTGAGGAAAA			7231
λ3	ATAAGAGAAGCTTTTTGTAAGACAAATCTCACTTACAATCCCATGTACCAAGAGTCCGGAACCTAATTAAGCTGAGGAAAA			4005

15140 15160 15180 15200
λ1 TAAATGAAGAAAGTAGAGGTGCCAT-----CAAATATATAGTATAAATTTATTTCTTTCTGGCTATTGTTGTTTCTTGAAG 7306
λ3 TAAATGAAGAAACTAGAGGTGCCATGCCATCAAATATATAGTATAAATTTATTTCTTTCTGGCTATTGTTAATTTCTTGAAG 4085
33F3 ----->

15220 15240 15260 15280
λ1 GTGGAATATATAAAAAGAAAGTAATTGAGTAGGTCATATCCTAGACCTAACGCCCTGCAGTTACAGATTTTGACGGGAG 7386
λ3 GTGGAATATGGAAAAAGAAACTAATTGAGTAGGCATATCCTAGACCTAACACCA-GCAGTTGGCAGATTTTGATGGGAG 4164

15300 15320 15340 15360
λ1 ACTGCAATTTTCCTTGTGCGAGGAACCTACAAAGCAGCAAGTAGTTTGGTCTGAAGGAGAGGCAGCGCCAAACTAATATCT 7466
λ3 ACTGCAATTTTCCTTGTGCGAGGAACCTACATGCAGCAAGTAGTTTGGTCTGAAGGAGAGGCAGCGCCAAACTGATATCT 4244
<----- 33R2

15380 15400 15420 15440
λ1 CCTTCCAGCTCTCCTAAACTATTTT-----AGTTTTCCATCTCATAACACTTGAAAAGACTCTT-AAAAATGCTTTTATCTCC 7541
λ3 CCTTCCAGCTCTCCTAAACTATTTTCTTTAGTTTTCCATCTGATAACACTTGAAAAGACTCTTAAAACTGCTTTTATCTAT 4324

15460 15480 15500 15520
λ1 TTTGTACAGTGAGTGCCATCCTTCATAAAATCATAATAATAACTTGAATGTAATCTTCTTAAAAGCTCAAGGGAGAGATT 7621
λ3 TTTGTACATCGAGTGCCATCCTTCATAAAATCATAATAATAACTTGAATGTCATCTTCTTAAAAGCTCAAGGGAGAGATT 4404

15540 15560 15580 15600
λ1 CAGAACTCAGAAGTATATGATAAAAGTTTAACTCTGTTGTTATCAATGTATATGTGTGTCTGCAAGTGGCCGTAGAAAAATG 7701
λ3 -----CAGAAGTATATGATAAAAGTTTAACTCTGTTGTTATCAATAGATATGTGTGTCTGCGGTGGG-GTAGAAAAATG 4476

15620 15640 15660 15680
λ1 GACAGGGGATCTAATTGCAACAGGACAAATTTATGTTGTCTAGTCAATATGAAAATAATCAATTAACCTGAGTAGTGTCTAGGT 7781
λ3 GACAGGGGATCGAATTGCAACAGGAGAATTTATGTTGTCTAGTCAATATGAAAATAATCAATTAATTTGAGTAGTGTCTAGGT 4556

15700 15720 15740 15760
λ1 TCTTCTGCTAAGCCTGTAATCAGCTACCTGCTGTGAGTTAGCACCGAATGTGATTGAGATGAATATATATCTACGAAAC 7861
λ3 TCTTCTGCTTAGGCCTAATCAGCTACCTGCTGTGAGTTAGCACTGAATGTGATTGAGATGAATATATATGCTATGAAAC 4636

15780 15800 Exon 15: 168bp 15840
λ1 TTGGCTGTATGATATAATATTGAACAGATACTTGTCTTACTAGGTCATTTGTAGAACATGGCAGACTGCCCAAGATGA 7941
λ3 TTGGCTGTATGATATAATATTGAACAGATACTTGTCTTACTCAGGTGATCTGTAGAACATGGCAGACTGCCCAAGATGA 4716
V I C R T W Q T A H K M K
...----- 843R
33F4 ----->
<----->

15860 15880 15900 15920
λ1 AGTCATTTAGAGGACCATTGGACATTGACGGATCAGACAATGACAATTTCCGGATCAAGCGATACATCGCAAAATACACT 8021
λ3 AGTTATTTAGAGGACCATTGGACATTGACGGATCAGACAATGACAATTTCCGGATCAAGCGATACATCGCAAAATACACT 4796
S F R G P L D I D G S D N D N F R I K R Y I A K Y T
L
- D2 <----->

15940 15960 Intron 15, λ1: 1181bp,
λ1 AATAATCCAGCAATTGCTAATGGGATCTCTCAATATGTCGGATCAGTTGAGGTCTGTCTTATCATCACTGTTTATCTCA 8101
λ3 AATAATCCAGCAATTGCTAATGGGATCTCTCAATTTGTCGGATCAGTTGAGGTCTGTCTTATCATCACTGTTTATCTCA 4876
I N P A I A N G I S Q Y V G S V E
----- B1 F
<----- 33R1

λ3:1195bp 16020 16040 16060 16080
λ1 TGTTTGTTTAAATCTTTTACCGATTGTTTACCTTTGACTTTCAAT-----TCCAAATCTCTAGAGAGATGCTTCTGT 8174
λ3 TGTTTGTTTAAATCTTTTACCGATTGTTTACCTTTGACTTTCAATACCAAATTCCAAATCTCTAGAGAGATGCTTCTGT 4956

16100 16120 16140 16160
λ1 GATTTCTATGAGTTGGACAAATCTTCTGTGATTCTATGAATCAGACAAATTTTCTTACTTCTTTTGTAGACGGTGGGGT 8254
λ3 GATTTCTATGAGTTGGACAAATCTTCTGTGATTCTATGAATCAGACAAATTTTCTTACTTCTTTTGTAGACAGTGGGGT 5036

	16180	16200	16220	16240	
λ1	TGCTTATGATACATGGACTCTTCATTACCTAGATGTATGAAGGTGTATGATAAGGGTATGGATATATTTCTGCAAGT				8334
λ3	TGCTTATGATACATGGACTCTTCATTACCTAGATGTATCGAAGGTGTATGACAAGGGTATGGATATATTTCTGTAAGT				5116
	16260	16280	16300	16320	
λ1	CCTTCAAATACTCCAAAATGCCTGTAAAAACATCGGACATGACCAATGTTAGATCCCATATACAAAACCTAATATCTGAGT				8414
λ3	CCTTCAAATACTCCAAAATGCCTGTAAAAACATCGGACATGCCCACTTAGATCCCATATACAAAACCTAATATCTGAGT				5196
			<+++++... + + +		
			λ1 subclone 28		
			λ3 subclone 28		
	16340	16360			
λ1	CTATGTTAAGTTTGGGGGGGGGAGC-----ATTGACTAAATAAGGAAAAGATAGAGTTGAATTCATCTCGAAGGAGTA				8488
λ3	CTATGTTAAGTTTGGGGGGGGGAGC-----ATTGACTAAATAAGGAAAAGATAGAGTTGAATTCATCTCGAAGGAGTA				5276
	+ + <=microsatellite=> + + + + + + + + +				
	16420	16440	16460	16480	
λ1	CAAAGTAAACACGTTTATATCATTTTTAGC-ATAACATAAAGCG--AAAGCCAAATCTCATCAATCACATATTAAGAA				8565
λ3	CAAAGTAAACACGTTTATATCATTTTAGCATATAGCATAAAGCGGAAAGCCAAATCTCATCAATCACATATTAAGAA				5355
	+ + weak similarity to sequence coding for a viral coat protein +				
	16500	16520	16540	16560	
λ1	ATTTTAGTACACTGAGTTTACTCCATTTGTTGAGATAAAGAGGACCCCTTCTATGGCTTTTAAATGTAGAATAAGTT				8645
λ3	ATTTTAGTACACTGAGTTTACTCCATTTGTTGAGATAAAGAGGACCCCTTCTATGGCTTTTAAATGTAGAATAAGTT				5432
	+ + + + + + + + + + + + + + +				
	16580	16600	16620	16640	
λ1	AATATCTGCTCTATGGCGATGATTTTGGAGTAACCTAATTTGGTAAACAAAGGAAGCTTCTAGTCTTTTTGCCGATAGAT				8725
λ3	AATATCTCCTCTATGGCGATGATTTTGGAGTAACCTAATTTGGTAAACAAAGGAAGCTTCTAGTCTTTTTGCCGATAGAA				5512
	+ + + ...++++++>				
	16660	16680	16700	16720	
λ1	TTTTGCTTTGATTTTATCAGTATGCTGCAGGTATGGAAATGACCGACTTTTATCAGATCCTATGATGTGGACTCACATA				8805
λ3	TTTTGCTTTGATTTTATCAGTATGCTGCAGGTATGGAAATGACCGACTTTTATCAGATCCTATGATGTGGACTCACATA				5592
			28SA ----->		
	16740	16760	16780	16800	
λ1	--CCTTTGTGTCATCAGTCAATGACGTTTCTTTCTTTTCTTTGTTGGGTGGGTCGACAATCTAAATGTGGTATC				8883
λ3	TACCTTTGTGTCATCAGTCAATGACGTTTCTTTCTTTTCTTTGTTGGGTGGGTCGACAATCTAAATGTGGTATC				5672
	16820	16840	16860	16880	
λ1	ATCCGGCCTTATTAAGATTGGGGGATCAAAAATATGCAGTTTTCAGGAGCTCTAGGTAAAAACTATTAATCTCATTTTAA				8963
λ3	ATCCGGCCTTATTAAGATTGGGGGATCAAAAATATGCAGTTTTCAGGAGCTCTAGGTAAAAACTATTAATCTCATTTTAA				5752
	16900	16920	16940	16960	
λ1	TCAAACAGAGAAAGCCAAGGAGTTGATTTGATTAGCTTGAAATAAAATCACAATAATATAAAACAACATACCCAGTGA				9043
λ3	TCAAACAGAGAAAGCCAAGGAGTTGATTTGATTAGCTTGAAATAAAATCACAATAATATAAAACAACATACCCAGTGA				5832
			<----- 28R4		
	16980	17000	17020	17040	
λ1	TCACAATAATATAAACCATGTTAGAAAACCTAAAGCACGCTAGTTCAACTAATTTCTAGAAAACCTGCGTTGCATAAAGC				9123
λ3	TCACAATAATATAAACCATGTTAGAAAACCTAAAGCACGCTAGTTCAACTAATTTCTAGAAAACCTGCGTTGCATAAAGC				5912
	17060	17080	17100	17120	
λ1	TATTAGAATCTTGAGAGGTTGATTATTCTATCCTTTATCATTGTAGTTCTGAAGGCATTGTCCTCTGAAAAGTCTAGCACT				9203
λ3	TATTAGAATCTTGAGAGGCGATTATTCTATCCTTTATCATTGTAGTTCTGAAGGCATTGTCCTCTGAAAAGTCTAGCACT				5992
	17140	17160	Exon 16: 135bp	17200	
λ1	TCAACTCTCATTGTCAATAGATTGCAGTTTCATTTATTGGATGTCTTGCAGGTAGGGAAATAGCCGATCTTGTGGTGTGG				9283
λ3	TCAACTCTCATTGTCAATAGATTGCAGTTTCATTTATTGGATGTCTTGCAGGTAGGGAAATAGCTGATCTTGTGGTGTGG				6072
			V G K L A D L V V W		
	17220	17240	17260	17280	
λ1	AAACCCCTCATTTTTCGGAGCAAACAGAAAATGGTGTACAAAGGAGGCGTAATAGCTTGGTCAAACATGGGAGACCCAAA				9363
λ3	AAACCCCTCATTTTTCGGAGCAAACAGAAAATGGTGTACAAAGGAGGCGTAATAGCTTGGTCAAACATGGGAGACCCAAA				6152
	K P S F F G A K P E M V I K G G V I A W S N M G D P N				
	<----- B2			28F2 -----	

	716bp till end	18360	18380	18400	
λ1	CTCCAGTAGTTTTGGTTGTCCTCCAATTGGTTA	ATCTTATGTAGCTTGGCTGGTAGAATTTAATTTTCTAAAATTCACAG			10445
λ3	CTCCAGTAGTTTTGGTTGTCCTCCAATTGGTTG	TCTTATGTAGCTTGGCTGGTAGAATTTAATTTTCTAAAATTCACAG			7267
	18420	18440	18460	18480	
λ1	TTTCTTTGGCTGCATAATTCTATAGAGTGCAAGTC	GAGAAACAATAAAAAGAGTTGTAACCTTGAATAGCTTAAATGCTG			10525
λ3	TTTCTTTGGCTGCATAATTCTATAGAGTGCAAGTC	AAGAAACAATAAAAAGAGTTGTAACCTTGAATAGCTTAAATGCTG			7347
	18500	18520	18540	18560	
λ1	TAGCACTGTCATACAGGATTCATACCTTATTTAAGA	ACTTAAATTCCTGTTTCTGTAATAAAATTTGCACATGATAGTAT			10605
λ3	TAGCACTGTCATACAGGATTCATACCTTATTTAAGA	ACTTAAATTCCTGTTTCTGTAATAAAATTTGCACATGATAGTAT			7427
	18580	18600	18620	18640	
λ1	GTTTATACAACCTAAAATTCCTGGTAGCATTGTCACG	TTTTCGCCACAATATGTTCAATTTGGTTGTAATTTAAAGGCACA			10685
λ3	GTTTATACAACCTAAAATTCCTGGTAGCATTGTCACG	TTTTCGCCACAATATGTTCAATTTGGTTGTAATTTAAAGGCACA			7507
		<----- 28RA			
	18660	18680	18700	18720	
λ1	AGTCATCAACGGTTACTTATTGTTACATAATTCGTT	TAGAAAGTTAGAGCTCTTAATGTTTCCATCTATGAAATTTGTG			10765
λ3	AGTCATCAACGGTTACTTATTGTTACATAATTCGTT	TAGAAAGTTAGAGCTCTTAATGTTTCCATCTATGAAATTTGTG			7587
	18740	18760	18780	18800	
λ1	GGCTGAGAATATATATTCATCTCTTCCCTAATATTC	CTTTTACCATCACCTGAAAATATACATTAATAATTTGTGTTTTTT			10845
λ3	GGCTGAGAATATATATTCATCTCTTCCCTAATATTC	CTTTTACCATCACCTGAAAATATACATTAATAATTTGTGTTTTTT			7667
	18820	18840	18860	18880	
λ1	TAGTTGTTGGGTGGGTTATATGAGTATATTTTGT	TACTTGAATTGCTTTAATTGATTTTCATCATGG	GAGAACCCTTATTCG		10925
λ3	TAGTTGTTGGGTGGGTTATATGAGTATATTTTGT	TACTTGAATTGCTTTAATTGATTTTCATCATGG	AAGAACCCTTATTCG		7746
	18900	18920	18940	18960	
λ1	ATATTATTTATATTCCTACTTATGATGAAA	ACTGTGTGTCAGCACTCATTTATATAGATAAGGGCTA	TTAGAACGGCTA		11004
λ3	ATATTATTTATATTCCTACTTATGATGAAA	ACTGTGTGTCAGCACTCATTTATATAGATAAGGGCTA	ATAGAACGGCTA		7826
	18980	19000	19020		
λ1	AATTTAACTGAAGAATTAGATTATACA	ACTGTTTGGACCAAACCTTTATTTGACTAAAGAATTC		11066	
λ3	AATTTAACTAAAGAATTAGATTATACA	ACTGTTTGGACCAAACCTTTATTTGACTAAAGAATTC		7888	