

Artsidentifikation og slægtskabsanalyse af to dødfundne guldsjakaler (*Canis aureus*) i Danmark

Notat fra DCE - Nationalt Center for Miljø og Energi

Dato: 20. april 2017

Liselotte W. Andersen
Institut for Bioscience

Rekvirent:
Miljøstyrelsen
Antal sider: 11

Faglig kommentering:
Professor Michael Møller Hansen, Institut for Bioscience, Aarhus
Kvalitetssikring, centret:
Susanne Boutrup



AARHUS
UNIVERSITET

DCE - NATIONALT CENTER FOR MILJØ OG ENERGI

Tel.: +45 8715 0000
E-mail: dce@au.dk
<http://dce.au.dk>

Indhold

Baggrund	3
Guldsjakalens forekomst og udbredelse	3
Materialer og Metoder	3
Individslægtskab	4
Resultater og diskussion	4
Referencer	6
Bilag 1	7

Baggrund

Efter anmodning fra Miljøstyrelsen (MST) har DCE analyseret vævsprøver fra to guldsjakaler (*Canis aureus*), den ene fundet påkørt i Danmark i 2015, den anden nedlagt under rævejagt i 2017. MST ønsker om muligt at få bestemt dels den geografiske oprindelse af de to individer samt deres indbyrdes slægtskab.

Guldsjakalens forekomst og udbredelse

Guldsjakalen (*Canis aureus*) er en mellemstørrelses carnivor, der ekspanderer fra sit geografiske kerneområde i det sydøstlige Europa mod det nordvestlige Europa formodentlig som et resultat af den globale opvarmning (Trouwborst et al. 2015). Den er observeret vandre over store afstande og er observeret i Østrig, Sveits, Polen, Letland, Litauen og Tyskland (Hatlauf et al. 2016, Rutkowski et al. 2015). I Danmark blev den første guldsjakal (en han) fundet trafikdræbt ved Karup i sommeren 2015. Selve identifikationen af arten blev foretaget dels morfologisk og dels ved en DNA analyse foretaget af Bioscience, Aarhus Universitet. I 2017 blev der nedlagt endnu en guldsjakal, ligeledes en han, under en rævejagt i Thorsminde, Vestjylland.

Guldsjakalen er en ny art i Danmark, dvs. der findes ikke historiske observationer af arten, og den er ikke fundet fossilt, dvs. det er en terra incognita art. Den findes på EU-habitatdirektivets bilag V (92/43/EØF) og er som sådan ikke fredet, men uden jagttid i Danmark.

Guldsjakal har en fleksibel social struktur, der gør den ekstremt tilpasningsdygtig, som betyder at den trives både i landbrugslandskabet, lossepladser landsbyer mm ud over dens naturlige habitat, som er steppelandskabet (Macdonald 1979). Fx i landbrugsområder med stor gnavertæthed, hvor der er begrænsede tilflugtssteder i dagtimerne, forekommer den alene eller i par (Jaeger et al. 2007), mens den i habitater med lettilgængelige føderessourcer kan forekomme i grupper på 10-20 individer (Jenks et al. 2015).

Der er foretaget få populationsgenetiske undersøgelser af guldsjakalen. I en populationsgenetisk undersøgelse med fokus på populationsstrukturen på det meste af det europæiske kontinent analyserede Rutkowski et al. (2015) prøver fra guldsjakal fra 5 geografiske regioner 1) sydøstlige Europa, 2) Kaukasus, 3) Baltikum, 4) sydlige Grækenland og 5) Samos. Resultaterne viste, at der foregår gene-flow mellem det sydøstlige Europa og Kaukasus og videre til den/de baltiske populationer. Samtidig var populationerne i det sydlige Grækenland tættere genetisk beslægtede med det sydøstlige Europa sammenlignet med resten. Yderligere understøtter resultaterne, at guldsjakalen former nye populationer ved at vandre over store afstande som en naturlig proces i deres udbredelsesmønster, og derfor ikke bør betragtes som en invasiv art (Rutkowski et al. 2015).

På baggrund af dette er spørgsmålet om det er muligt at bestemme den geografiske oprindelse af de to guldsjakaler fundet i Danmark, samt deres indbyrdes genetiske slægtskab ved hjælp af variation i mtDNA og microsatellit markører.

Materialer og Metoder

Analyserne blev foretaget på BIOS, Aarhus Universitet, i laboratorier, der er dedikerede til præ og post PCR analyser. DNA blev ekstraheret fra vævsprøver udtaget på de to døde individer. Til ekstraktionen blev benyttet E.Z.N.A.®

DNA tissue Kit (Omega) og dette blev foretaget i DNA-laboratorie benyttet til høj-koncentreret DNA.

Til opformering af mtDNA til artsidentifikation blev benyttet primersættet WDLloopL/WDLloopH254 (Caniglia et al. 2013), der kan benyttes til at identificere ulv og hund og nu også guldsjakal. Analysen blev foretaget ved hjælp af en PCR-opformering, hvor der blev inkluderet to negative kontroller (blanke prøver) for at følge kontaminering ifølge almindelig laboratorie praksis. Efterfølgende blev de opnåede PCR-produkter fra hvert individ sekventeret begge veje med Sanger-sekventering. Sekventeringen foregik eksternt hos firmaet MacroGen Europe, Holland.

Til slægtskabsanalysen blev der benyttet 14 microsatellit markører, der også benyttes til ulv (Andersen et al. 2015). Hver prøve blev kørt to gange (to replikater). Analyserne blev ligeledes foretaget ved hjælp af en PCR-opformering som beskrevet ovenfor. PCR-produkterne fra disse blev sendt til eksternt fragment-analyse hos firmaet, GenoScan A/S, Aarhus N, Danmark.

De to opnåede sekvenser fra analysen udført hos MacroGen for hvert individ til artsbestemmelsen blev efterfølgende allignet og evalueret i software programmet Sequencher 5.3. Den opnåede sekvens blev dernæst sammenlignet med sekvenser i den globale database, GenBank, for at lede efter match.

Rådata filen fra fragment-analysen til slægtskabsundersøgelsen udført hos Genoscan, blev dernæst analyseret i GENMAPPER 4.2 (Applied Biosystem). Kriterierne ved tolkning af de opnåede chromatogrammer var, at en allel skulle optræde en gang med en tydelig top over 200 for at indgå i genotypen for individet.

Individslægtskab

Der findes på nuværende tidspunkt ikke populationsdata fra guldsjakal i Danmark, som gør det muligt at foretage statistisk evaluering af det individuelle slægtskab. Derfor vil evalueringen af om de to individer kan være helsøskende eller forældre-afkom blive beskrivende på baggrund af de opnåede genotyper. Det er ikke muligt at vurdere, om der er tale om halvsøskende på baggrund af de eksisterende data.

Resultater og diskussion

mtDNA data

De negative kontroller, der blev medtaget ved PCR-analysen til artsbestemmelse og individ bestemmelse, var blanke. Den opnåede mtDNA sekvens var 239bp lang og identisk for de to individer (Bilag 1). Sammenligningen med GenBank viste, at denne sekvens af mtDNA svarede til, at begge de undersøgte individer var guldsjakaler (Bilag 1).

Den observerede haplotype var også observeret hos en guldsjakal, der er fundet trafikdræbt i Polen (Kowalczyk et al. 2015). Ligeledes svarede sekvenserne til haplotypen H1 (Fig. 1) fra undersøgelsen af populationsstrukturen foretaget af Rutkowski et al. (2015). Det fremgår af figuren, at denne haplotype er udbredt, da den er fundet i stort set alle de undersøgte regioner, heriblandt også i den baltiske region og Polen. Dette understøtter, at de to individer kan være indvandret fra Polen/den baltiske region. Der er dog det forbehold, at selv om sekvensen på 239 bp matcher H1 100%, kan det ikke udelukkes, at en

længere sekvens ville adskille den opnåede sekvens fra H1. Dette er ikke undersøgt i nærværende undersøgelse, og ville ikke påvirke resultatet, at de pågældende individer er guldsjakaler.

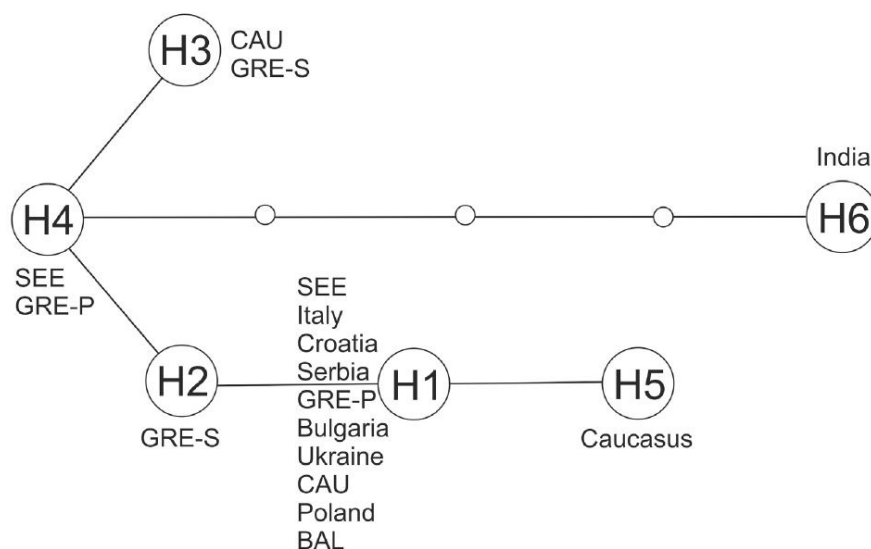


Fig 5. The minimum spanning network of mtDNA haplotypes of golden jackals sampled in this study (SEE, CAU, BAL, GRE-P, GRE-S) as well as those deposited in GenBank (Italy, Croatia, Serbia, Bulgaria, Ukraine, NW Poland, the Caucasus, and India). The length of each line between two circles is proportional to the number of mutations.

Figur 1. mtDNA haplotype slægtskab hos guldsjakalen i de fem undersøgte europæiske regioner (Rutkowski et al. 2015) samt fra andre regioner, hvor haplotype sekvenserne er downloadet fra GenBank.

Slægtskabs analyse

Der var 10 af markørerne, der på baggrund af kriterierne for tolkningen, kunne bidrage til en DNA-profil for de to individer (Tabel 1). DNA-profilerne er opnået ved analyse af fragmentfilerne, og kriteriet har været at en allel skulle optræde en gang ud af de to replikater.

Tabel 1. Genotype for de 10 markører. Hvert tal angiver en allel for den pågældende markør. Der er to alleler for hver markør repræsenterende en allel fra hver forældre. Fx har GS1 (guldsjakal 1, 2015) en genotype 148/152 for markør A etc. GS1= guldsjakal 1(2015) og GS2= guldsjakal 2 (2017).

Individ	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J
GS1	148 152	229 241	217 227	199 209	129 129	100 100	176 180	213 229	264 264	173 177
GS2	144 148	229 241	213 227	195 209	129 129	100 100	156 176	225 225	264 264	169 173

Såfremt de to individer er forældre-afkom eller helsøskende må de dele mindst en allel på tværs af de 10 markører A-J, eller det skal være muligt at forudsige forældrenes genotyper på baggrund af de to individers genotyper. For A deler de allel 148, for B både allel 229 og 241, for C allel 227, for D allel 209, for E begge alleler 129, for F begge alleler 100, for G allel 176, H ingen, I begge alleler, J allel 173. Det fremgår, at det kun er markør H, hvor de ikke deler en allel. Her kan det ikke udelukkes, at de er helsøskende, da forældrene kan have genotyperne 213/225(hun) og 225/229 (han), henholdsvis. Krydses disse kan der opnås den heterozygote genotype 213/229, som ses hos GS1 og den homozygote genotype 225/225 som ses hos GS2 i markør H.

Konklusionen er, at det ikke er muligt at afvise eller bekræfte, om de to guldsjakaler, der er fundet i Danmark, er helsøskende, mens det kan udelukkes, at

de er forældre-afkom. For en egentlig statistisk test af dette vil det være nødvendigt med baggrunds-genetiske data fra et større antal individer fra populationen, ud over genotypedataene fra de to individer, man er interesseret i.

Referencer

Andersen LW, Harms V, Caniglia R, Czarnomska SD, Fabbri E, Jędrzejewska B, Kluth G, Madsen AB, Nowak C, Pertoldi C, Randi E, Reinhardt I, Vik Stornen A (2015) Long-distance dispersal of a wolf, *Canis lupus*, in northwestern Europe. *Mamm. Res.* DOI 10.1007/s13364-015-0220-6.

Caniglia R, Fabbri E, Mastrogiuseppe L, Randi E. 2013 Who is who? Identification of livestock predators using forensic genetic approaches. *Forensic Science International: Genetics* 7, 397–404 DOI.org/10.1016/j.fsigen.2012.11.001.

Jaeger MM, Haque E, Sultana P, Bruggers RL (2007) Daytime cover, diet and space-use of golden jackals (*Canis aureus*) in agro-ecosystems of Bangladesh. *Mammalia*, 71: 1–10.

Jenks KE, Aikens EO, Songsasen N, Calabrese J, Fleming C, Bhumpakphan N, Wanghongsa S, Kanchanasaka B, Songer M, Leimgruber P (2015) Comparative movement analysis for a sympatric dhole and golden jackal in a human-dominated landscape. *RAFFLES BULLETIN OF ZOOLOGY* 63: 546–554, <http://zoobank.org/urn:lsid:zoobank.org:pub:774828E1-2CF9-43C6-8173-61AB0417992C>

Hatlauf J, Banea OC, Lapini L (2016) 2016 © GOJAGE Golden Jackal Informal Study Group Assessment of golden jackal species (*Canis aureus*, L.1758) records in natural areas out of their known historic range. 12 of February 2016 GOJAGE eBulletin

Kowalczyk R, Kołodziej-Sobocińska M, Ruczyńska I, Wójcik JM (2015) Range expansion of the golden jackal (*Canis aureus*) into Poland: first records. *Mammal Research* 60: 411–414.

Macdonald DW (1979) The flexible social system of the golden jackal, *Canis aureus*. *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 5: 17–38.

Rutkowski R, Krofel M, Giannatos G, Ćirović D, Männil P, Volokh AM, Lanszki J, Heltai M, Szabó L, Banea OC, Yavruyan E, Hayrapetyan V, Kopaliani N, Miliou A, Tryfonopoulos GA, Lymberakis P, Penezić A, Pakeltytė G, Suchecka E, Bogdanowicz W (2015) A European concern? Genetic structure and expansion of golden jackals (*Canis aureus*) in Europe and the Caucasus. *PLoS ONE* 10: e0141236. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0141236>

92/43/EØF -<http://svana.dk/natur/international-naturbeskyttelse/eu-direktiver/naturbeskyttelsesdirektiver/>

Trouwborst A, Krofel M, Linnell JDC (2015) Legal implications of range expansions in a terrestrial carnivore: the case of the golden jackal (*Canis aureus*) in Europe. *Biodiversity and Conservation* 24: 2593–2610. <https://doi.org/10.1007/s10531-015-0948-y>

Bilag 1

Guldsjaka_001_15_06_2015

TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAG-
TATCTCCAAAAATCCTTCTTTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTT-
GCCCCATGCATATAAGCATGTACATGATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAG-
TCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAACAGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAA-
GATGAGTCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC
TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAG-
TATCTCCAAAAATCCTTCTTTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTT-
GCCCCATGCATATAAGCATGTACATGATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAG-
TCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAACAGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAA-
TAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC

[Download](#)[GenBank](#)[Graphics](#)[Next](#)[Previous](#)[Descriptions](#)

Canis aureus isolate CA_PL1 D-loop, partial sequence; mitochondrial

Sequence ID: [KT268318.1](#) Length: 640 Number of Matches: 1

Related Information

Range 1: 9 to 247 [GenBank](#)[Graphics](#)[Next Match](#)[Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
442 bits(239)	2e-120	239/239(100%)	0/239(0%)	Plus/Plus
Query 1	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT	60		
Sbjct 9	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT	68		
Query 61	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT	120		
Sbjct 69	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT	128		
Query 121	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC	180		
Sbjct 129	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC	188		
Query 181	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC	239		
Sbjct 189	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC	247		

Canis aureus isolate TrCa3 D-loop, partial sequence; mitochondrial

Sequence ID: [KT988008.1](#) Length: 439 Number of Matches: 1

Range 1: 115 to 353 [GenBank](#)[Graphics](#)[Next Match](#)[Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
442 bits(239)	2e-120	239/239(100%)	0/239(0%)	Plus/Plus
Query 1	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT	60		
Sbjct 115	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT	174		
Query 61	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT	120		
Sbjct 175	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT	234		
Query 121	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC	180		
Sbjct 235	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC	294		
Query 181	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC	239		
Sbjct 295	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC	353		

[Download](#)[GenBank](#)[Graphics](#)[Next](#)[Previous](#)[Descriptions](#)

Canis aureus haplotype CRBlg01 D-loop, partial sequence; mitochondrial

Sequence ID: [KT343803.1](#) Length: 442 Number of Matches: 1

Related Information

Range 1: 113 to 351 [GenBankGraphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
442 bits(239)	2e-120	239/239(100%)	0/239(0%)	Plus/Plus
Query 1	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT	60		
Sbjct 113	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT	172		
Query 61	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT	120		
Sbjct 173	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT	232		
Query 121	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC	180		
Sbjct 233	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC	292		
Query 181	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC	239		
Sbjct 293	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC	351		

[Download](#)[GenBankGraphics](#)[Next](#)[Previous](#)[Descriptions](#)

Canis aureus haplotype CRInd15 D-loop, partial sequence; mitochondrial

Sequence ID: [KT343801.1](#) Length: 422 Number of Matches: 1

Related Information

Range 1: 129 to 367 [GenBankGraphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
442 bits(239)	2e-120	239/239(100%)	0/239(0%)	Plus/Plus
Query 1	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT	60		
Sbjct 129	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT	188		
Query 61	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT	120		
Sbjct 189	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT	248		
Query 121	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC	180		
Sbjct 249	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC	308		
Query 181	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC	239		
Sbjct 309	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC	367		

[Download](#)[GenBankGraphics](#)[Next](#)[Previous](#)[Descriptions](#)

Canis aureus isolate gj2 tRNA-Pro gene and D-loop, partial sequence; mitochondrial

Sequence ID: [KJ490946.1](#) Length: 659 Number of Matches: 1

Related Information

Range 1: 36 to 274 [GenBankGraphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
442 bits(239)	2e-120	239/239(100%)	0/239(0%)	Plus/Plus
Query 1	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT			60
Sbjct 36	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT			95
Query 61	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT			120
Sbjct 96	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT			155
Query 121	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC			180
Sbjct 156	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC			215
Query 181	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC			239
Sbjct 216	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC			274

[Download](#) [GenBankGraphics](#) [Next](#) [Previous](#) [Descriptions](#)

Canis aureus D-loop, partial sequence; mitochondrial

Sequence ID: [HQ845260.1](#) Length: 305 Number of Matches: 1

Related Information

Range 1: 8 to 246 [GenBankGraphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
442 bits(239)	2e-120	239/239(100%)	0/239(0%)	Plus/Plus
Query 1	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT			60
Sbjct 8	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT			67
Query 61	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT			120
Sbjct 68	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT			127
Query 121	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC			180
Sbjct 128	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC			187
Query 181	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC			239
Sbjct 188	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC			246

[Download](#) [GenBankGraphics](#) [Next](#) [Previous](#) [Descriptions](#)

Canis aureus control region, partial sequence; mitochondrial

Sequence ID: [GU936680.1](#) Length: 392 Number of Matches: 1

Related Information

Range 1: 128 to 366 [GenBankGraphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
442 bits(239)	2e-120	239/239(100%)	0/239(0%)	Plus/Plus
Query 1	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT			60
Sbjct 128	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT			187
Query 61	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT			120
Sbjct 188	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT			247
Query 121	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC			180
Sbjct 248	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC			307
Query 181	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC			239
Sbjct 308	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC			366

[Download](#)[GenBankGraphics](#)[Next](#)[Previous](#)[Descriptions](#)

Canis aureus haplotype j1 mitochondrial control region, partial sequence

Sequence ID: [AF184048.1](#) Length: 595 Number of Matches: 1

Related Information

Range 1: 55 to 293 [GenBankGraphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
442 bits(239)	2e-120	239/239(100%)	0/239(0%)	Plus/Plus
Query 1	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT			60
Sbjct 55	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT			114
Query 61	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT			120
Sbjct 115	TTCCCTCCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT			174
Query 121	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC			180
Sbjct 175	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC			234
Query 181	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC			239
Sbjct 235	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC			293

[Download](#)[GenBankGraphics](#)[Next](#)[Previous](#)[Descriptions](#)

Canis aureus isolate TrCa1 D-loop, partial sequence; mitochondrial

Sequence ID: [KT988006.1](#) Length: 439 Number of Matches: 1

Related Information

Range 1: 115 to 353 [GenBankGraphics](#) [Next Match](#) [Previous Match](#)

Score	Expect	Identities	Gaps	Strand
436 bits(236)	9e-119	238/239(99%)	0/239(0%)	Plus/Plus
Query 1	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT			60
Sbjct 115	TACATTCATATATTGGACCACCTCTACTGTGCTATGTCAGTATCTCCAAAAATCCTTCT			174
Query 61	TTCCTCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT			120
Sbjct 175	TTCCTCCCTATGTACGTCGTGCATTAATGGCTTGCCCCATGCATATAAGCATGTACAT			234
Query 121	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC			180
Sbjct 235	GATATTATATCTTTACATAGGACATGTCTAGTCCAATTCCACAACCCATTGATCCTCAAC			294
Query 181	AGTAACTAGATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC			239
Sbjct 295	AGTAACTAAATGCATATCACTTAGTCCAATAAGGGCTTAATCACCATGCCTCGAGAAAC			353