

gi	84579891	ref	NP_062706.2	-----MASNSIFDSFPNYTPFIRDPSTSRRFPPPTAFPCGGGGGG--KMGENSALSAQAATAGPGGRTRPEVRSMDVVLADHAGELVRTDSPNFLCSVLPSSHWCNKTLPA	150
gi	18426856	ref	NP_569109.1	-----MRIP-----VDPSTSRRFPPPTAFPCGGGGGG--KMGENSALSAQAAGAPGGRTRPEVRSMDVVLADHAGELVRTDSPNFLCSVLPSSHWCNKTLPA	150
gi	72534652	ref	NP_001026850.1	-----MASNSIFDSFPPTYSPFIRDPSTSRRFPPPTAFPCGGGGGG--KMGENSALSAQAAGVPGGRTRPEVRSMDVVLADHAGELVRTDSPNFLCSVLPSSHWCNKTLPA	150
gi	119888840	ref	XP_874731.2	-----MRIP-----VDPSTSRRFPPPTAFPCGGGGGGCGGKMGENSALSAQAAGVPGGRTRPEVRSMDVVLADHAGELVRTDSPNFLCSVLPSSHWCNKTLPA	150
gi	114554729	ref	XP_530106.2	-----MVDVLADHAGELVRTDSPNFLCSVLPSSHWCNKTLPA	150
gi	73950191	ref	XP_544492.2	-----MVDVLADHAGELVRTDSPNFLCSVLPSSHWCNKTLPA	150
gi	118101585	ref	XP_001232978.1	-----MGE-----PSRERRAKRRSSGG	150
gi	40254693	ref	NP_571679.2	-----MHIP-----VDPSTSRRFPPPTAFPC-----KVTEQSMASPGPLRSRGPVRSRSMVDVVLADHAGELVRTDSPNFLCSVLPSSHWCNKTLPA	150
gi	116007180	ref	NP_001036285.1	-----MEHEGANSNNYKMHLLTSSNFIASNNANNNNNNTANNNT-----SSNNNTTNNGSSNNNTGNNNSSGNNSTENTPPPAQLLNEATKMTSDILAERTLGDFLTEHPGELIRTSPLFVCTVLPWHRSNKTLPA	150
gi	24643542	ref	NP_608398.1	MHISAEVSSITSSNGIQOQQOQQOQLLHQOQQOATITTTKRRNAESSASSNNNNNNNTSNTNNNNNNNNNTTNNNNNNNNNNVVKTKPVDTSFV--LTPENLIRTVVLLAHPGELVKTGSPHVCTLPTHWRSNKTLPA	150



gi	84579891	ref	NP_062706.2	FKVVALGDVDPDGTVVTVMAGNDENYSAELRNASAVMKNQVARFNDLRFVGRSGRGSFLLITIVFTNPQVATYHRAIKVTVDPREPRRRHROKIEDTKAFPPDRFGDLR-----MRVTPSTSPRGLSLTSHFSSQAQTPIQG	300
gi	18426856	ref	NP_569109.1	FKVVALGDVDPDGTVVTVMAGNDENYSAELRNASAVMKNQVARFNDLRFVGRSGRGSFLLITIVFTNPQVATYHRAIKVTVDPREPRRRHROKIEDTKAFPPDRFGDLR-----MRVTPSTSPRGLSLTSHFSSQAQTPIQG	300
gi	72534652	ref	NP_001026850.1	FKVVALGDVDPDGTVVTVMAGNDENYSAELRNASAVMKNQVARFNDLRFVGRSGRGSFLLITIVFTNPQVATYHRAIKVTVDPREPRRRHROKIEDTKAFPPDRFGDLR-----MRVTPSTSPRGLSLTSHFSSQAQTPIQG	300
gi	119888840	ref	XP_874731.2	FKVVALGDVDPDGTVVTVMAGNDENYSAELRNASAVMKNQVARFNDLRFVGRSGRGSFLLITIVFTNPQVATYHRAIKVTVDPREPRRRHROKIEDTKAFPPDRFGDLR-----MRVTPSTSPRGLSLTSHFSSQAQTPIQG	300
gi	114554729	ref	XP_530106.2	FKVVALGDVDPDGTVVTVMAGNDENYSAELRNASAVMKNQVARFNDLRFVGRSGRGSFLLITIVFTNPQVATYHRAIKVTVDPREPRRRHROKIEDTKAFPPDRFGDLR-----MRVTPSTSPRGLSLTSHFSSQAQTPIQG	300
gi	73950191	ref	XP_544492.2	FKVVALGDVDPDGTVVTVMAGNDENYSAELRNASAVMKNQVARFNDLRFVGRSGRGSFLLITIVFTNPQVATYHRAIKVTVDPREPRRRHROKIEDTKAFPPDRFGDLR-----MRVTPSTSPRGLSLTSHFSSQAQTPIQG	300
gi	118101585	ref	XP_001232978.1	TAVVALGDVDPDGTVVTVMAGNDENYSAELRNASAVMKNQVARFNDLRFVGRSGRGSFLLITIVFTNPQVATYHRAIKVTVDPREPRRRHROKIEDTKAFPPDRFGDLR-----MRVTPSTSPRGLSLTSHFSSQAQTPIQG	300
gi	40254693	ref	NP_571679.2	FKVVALGDVDPDGLTVTVMAGNDENYSAELRNASAVMKNQVARFNDLRFVGRSGRGSFLLITIVFTNPQVATYHRAIKVTVDPREPRRRHROKIEDTKAFPPDRFGDLR-----MRVTPSTSPRGLSLTSHFSSQAQTPIQG	300
gi	116007180	ref	NP_001036285.1	FKVVALGDVDPDGTVVTVMAGNDENYSAELRNASAVMKNQVARFNDLRFVGRSGRGSFLLITIVFTNPQVATYHRAIKVTVDPREPRRRHROKIEDTKAFPPDRFGDLR-----MRVTPSTSPRGLSLTSHFSSQAQTPIQG	300
gi	24643542	ref	NP_608398.1	FKVVALGEVMDGTLIVTVIRAGNDENYSAELRNASAVMKNQVARFNDLRFVGRSGRGSFLLITIVFTNPQVATYHRAIKVTVDPREPRRRHROKIEDTKAFPPDRFGDLR-----MRVTPSTSPRGLSLTSHFSSQAQTPIQG	300



gi	84579891	ref	NP_062706.2	-----SSDLNPFSSDPRQFDRSFPFLQSLTESRFPDPRMHYPGAMSAAFPYSATPSGTSLSGLSVAGMPASSRFHHTYLPFPYVPGAPONSQSG	450
gi	18426856	ref	NP_569109.1	-----SSDLNPFSSDPRQFDRSFPFLQSLTESRFPDPRMHYPGAMSAAFPYSATPSGTSLSGLSVAGMPASSRFHHTYLPFPYVPGAPONSQSG	450
gi	72534652	ref	NP_001026850.1	-----TSELNPFSSDPRQFDRSFPFLQSLTESRFPDPRMHYPGAMSAAFPYSATPSGTSLSGLSVAGMPASSRFHHTYLPFPYVPGAPONSQSG	450
gi	119888840	ref	XP_874731.2	-----TSELNPFSSDPRQFDRSFPFLQSLTESRFPDPRMHYPGAMSAAFPYSATPSGTSLSGLSVAGMPASSRFHHTYLPFPYVPGAPONSQSG	450
gi	114554729	ref	XP_530106.2	KSQPKSHTSQAHSSPSSAKPRPGAESGLDITVIRSGSGSPSLSDCCLLQLLPRQVRVASS-----TSELNPFSSDPRQFDRSFPFLQSLTESRFPDPRMHYPGAMSAAFPYSATPSGTSLSGLSVAGMPASSRFHHTYLPFPYVPGAPONSQSG	450
gi	73950191	ref	XP_544492.2	REELPPWTSQGLQILNLSLPAEAAP-----CTPSSPGGPTLPEAVSAATDCAPCRPPG-----TSELNPFSSDPRQFDRSFPFLQSLTESRFPDPRMHYPGAMSAAFPYSATPSGTSLSGLSVAGMPASSRFHHTYLPFPYVPGAPONSQSG	450
gi	118101585	ref	XP_001232978.1	-----TSELNPFSSDPRQFDRSFPFLQSLTESRFPDPRMHYPGAMSAAFPYSATPSGTSLSGLSVAGMPASSRFHHTYLPFPYVPGAPONSQSG	450
gi	40254693	ref	NP_571679.2	-----LWPDQIDPPILKTKVVEDDLRNTSDFLQQRTSFPLSPLTAPRFSDSHMHY-----SHFTYSANPSTGIGGLSVAGMPTSSRYH-----TYLPPYPVPGN-----ONQNS	450
gi	116007180	ref	NP_001036285.1	-----PYLASSGLSCTTPTSAQFNPAFGFICSSNDGSSNQDFGATNRDCVPLPDTAEDLDQHLSSLVGTSQGMTHSLLGAGGQTSISSTVNGAGGGGAGAGTAGGGAGGGAG	450
gi	24643542	ref	NP_608398.1	-----FR-----GNQCFG	450



gi	84579891	ref	NP_062706.2	-----PFQANPAPYHLFYGASSSGYQFSMAAAG-----GGRSPTRMLTSCP-----FGASVSAG-----NLMNPSLG-----QADGVEADGSHSNPTALSTPGRMDEAVWRPY	600
gi	18426856	ref	NP_569109.1	-----PFQANPAPYHLFYGASSSGYQFSMAAAG-----GGRSPTRMLTSCP-----FGASVSAG-----NLMNPSLG-----QADGVEADGSHSNPTALSTPGRMDEAVWRPY	600
gi	72534652	ref	NP_001026850.1	-----PFQANPSPYHLYYGTSSGYQFSMVAGS-----GGDRSPTRMLTSSAASVAAG-----NLMNPSLGGQSDGVEADGSHSNPTALSTPGRMDEAVWRPY	600
gi	119888840	ref	XP_874731.2	-----PFQANPSPYHLYYGTSSGYQFSMVAGS-----GGDRSPTRMLTSSAASVAAG-----NLMNPSLGGQSDGVEADGSHSNPTALSTPGRMDEAVWRPY	600
gi	114554729	ref	XP_530106.2	-----PFQANPSPYHLYYGTSSGYQFSMVAGS-----GGDRSPTRMLTSSAASVAAG-----NLMNPSLGGQSDGVEADGSHSNPTALSTPGRMDEAVWRPY	600
gi	73950191	ref	XP_544492.2	-----PFQANPSPYHLYYGTSSGYQFSMVAGS-----GGDRSPTRMLTSSAASVAAG-----NLMNPSLGGQSDGVEADGSHSNPTALSTPGRMDEAVWRPY	600
gi	118101585	ref	XP_001232978.1	-----PFQANPSPYHLYYGTSSGYQFSMVAGS-----GGDRSPTRMLTSSAASVAAG-----NLMNPSLGGQSDGVEADGSHSNPTALSTPGRMDEAVWRPY	600
gi	40254693	ref	NP_571679.2	-----HFQTNSSPYHLYYGTSSGYQFSMTPGGSG-----GGDRSPTRMLTSSAAGGAGTGNLNLLINANLGNQSDGVDADGSHSNPTAMSASTRIDESVWRPY	600
gi	116007180	ref	NP_001036285.1	GNSILVPRYHTNASNEVNSQNGPRSLSDSQAESVQEDLLTNTNPLNGSTAGGCAANGGAGSNAGSAGAGGAGGASAVGNPAMLCANQNPGLVNVQAQHSAAASVGGGTGVVGGCHSAAAAAAGCNGSLYVLPASLLYS	600
gi	24643542	ref	NP_608398.1	-----RLRRKRRRHTERNSSYSLK-----	600



gi		84579891		ref		NP_062706.2		-----	707
gi		18426856		ref		NP_569109.1		-----	707
gi		72534652		ref		NP_001026850.1		-----	707
gi		119888840		ref		XP_874731.2		-----	707
gi		114554729		ref		XP_530106.2		-----	707
gi		73950191		ref		XP_544492.2		-----	707
gi		118101585		ref		XP_001232978.1		-----	707
gi		40254693		ref		NP_571679.2		-----	707
gi		116007180		ref		NP_001036285.1		-----	707
gi		24643542		ref		NP_608398.1		-----	707
						QLYTAANQSAHGFHSHTLPAHASPNSSVREGELQSVMDHISNVGVROQHNIMAGGGVTHPGDLTLIGNCGAEVRRNIEDGNSNRQVAALAAHRCGHHNPLDNGGSVWRPY		-----	707
					610.....620.....630.....640.....650.....660.....670.....680.....690.....700.....			
