

```

gi |111160869|ref|NP_932770.2|MSDVEENNFEGRSRSQSKSPTGTPARVKESESRSGSRSPSRVSKHSESHSRSRKSRSRRRHSRRRYTRSR---SHSHRRRRSRRSYTPFYRRRRSRSHSPMSNRRRHTGSR---ANPDPNTCLGVFGLSLYT 128
gi |109472018|ref|XP_575468.2|MSDVEENNFEGRSRSQSKSPTGTPARVKESESRSGSRSPSRVSKHSESHSRSRKSRSRRRHSRRRYTRSR---SHSHRRRRSRRSYTPFYRRRRSRSHSPMSNRRRHTGSR---ANPDPNTCLGVFGLSLYT 128
gi |9558733|ref|NP_037425.1|MSDVEENNFEGRSRSQSKSPTGTPARVKESESRSGSRSPSRVSKHSESHSRSRKSRSRRRHSRRRYTRSRSH---SHSHRRRRSRRSYTPFYRRRRSRSHSPMSNRRRHTGSR---ANPDPNTCLGVFGLSLYT 130
gi |114612370|ref|XP_001158245.1|MSDVEENNFEGRSRSQSKSPTGTPARVKESESRSGSRSPSRVSKHSESHSRSRKSRSRRRHSRRRYTRSRSH---SHSHRRRRSRRSYTPFYRRRRSRSHSPMSNRRRHTGSR---ANPDPNTCLGVFGLSLYT 130
gi |114052084|ref|NP_001039845.1|MSDVEENNFEGRSRSQSKSPTGTPARVKESESRSGSRSPSRVSKHSESHSRSRKSRSRRRHSRRRYTRSRSH---SHSHRRRRSRRSYTPFYRRRRSRSHSPMSNRRRHTGSR---ANPDPNTCLGVFGLSLYT 130
gi |73976024|ref|XP_851249.1|MSDVEENNFEGRSRSQSKSPTGTPARVKESESRSGSRSPSRVSKHSESHSRSRKSRSRRRHSRRRYTRSRSH---SHSHRRRRSRRSYTPFYRRRRSRSHSPMSNRRRHTGSR---ANPDPNTCLGVFGLSLYT 130
gi |57530708|ref|NP_001006360.1|MSDVEENNFEGRSRSQSKSPTGTPARVKESESRSGSRSPSRVSKHSESHSRSRKSRSRRRHSRRRYTRSRSHSHSHSHRRRRSRRSYTPFYRRRRSRSHSPMSNRRRHTGSR---ANPDPNTCLGVFGLSLYT 132
gi |41055454|ref|NP_956710.1|MSDTEQQQFRRESRSASKDRGSPAPKMESESRSPSRASKRSRDRSRSRKSRSRRRHSRRRYTRSR---SHSHRKKSRRSYSPESRRRRSRSAFNSNRRKHAGRSSYSHDSKKDHNQCDARANPDPNTCLGVFGLSLYT 146
gi |158286824|ref|XP_308949.4|MSHSRNYIYE-PSRERSRERS---YRREYRDDSERINPGISESGRTFADYGGSSSYRRSSHRSRSHHT---AHYIDPPASAS---ASGGAHECCSSHSG-T---SGKVLAVFNLSVYT 107
gi |145609325|ref|XP_367600.2|---MASTMDYDS---ANVDRFDEEPARTYDERRSASP---RHDVTE--RRRNASPANGDRDRERDRAPP---DNGGGRDGDG--AINPGSN---LFVTGIHPLR 89
gi |32405782|ref|XP_323504.1|---MATTAMDYEN---ANGDRFDEEAPR-YDRDRSASP---RRDDGVHDSRRRMSR-NGN---DRAPAK---DEGOSKGEEDGARPNGN---LFVTGIHPLR 85
gi |42561780|ref|NP_563787.2|MGK-REIHFT---FVGRQVQVLEYP---LRLNRSR---MSYSRRS---RYSPSLSPYDKRGRSRSRSL---SRSPTRSVSSD-AENPGNS---LYVTGLSHRV 86
gi |115476220|ref|NP_001061706.1|MSQSEVRYTARSITPPADRNGTSSKSKSPTLTVRSR---SRSPPPKSDSRSPPPRRRSRSPRRRHRGRSRSR---DRSRSRSRRDD-LRNPNGN---LYVTGLSHRV 102
1.....10.....20.....30.....40.....50.....60.....70.....80.....90.....100.....110.....120.....130.....140.....150

```



```

gi |111160869|ref|NP_932770.2|TERDLREVFSTRYGLPLSGVNVVYDORTGRSRGFVAFVYFERIDDSKEAMERANGMELDGRIRVDYSITKRAHTPTPGIYMGRPHTS---GGGGGGGGGGGGGGGGGGRRRDSYDRG---YDRG--- 245
gi |109472018|ref|XP_575468.2|TERDLREVFSTRYGLPLSGVNVVYDORTGRSRGFVAFVYFERIDDSKEAMERANGMELDGRIRVDYSITKRAHTPTPGIYMGRPHTS---GGGGGGGGGGGGGGGGGGRRRDSYDRG---YDRG--- 245
gi |9558733|ref|NP_037425.1|TERDLREVFSTRYGLPLSGVNVVYDORTGRSRGFVAFVYFERIDDSKEAMERANGMELDGRIRVDYSITKRAHTPTPGIYMGRPHTS---GGGGGGGGGGGGGGGGGGRRRDSYDRG---YDRG--- 245
gi |114612370|ref|XP_001158245.1|TERDLREVFSTRYGLPLSGVNVVYDORTGRSRGFVAFVYFERIDDSKEAMERANGMELDGRIRVDYSITKRAHTPTPGIYMGRPHTS---GGGGGGGGGGGGGGGGGGRRRDSYDRG---YDRG--- 245
gi |114052084|ref|NP_001039845.1|TERDLREVFSTRYGLPLSGVNVVYDORTGRSRGFVAFVYFERIDDSKEAMERANGMELDGRIRVDYSITKRAHTPTPGIYMGRPHTS---GGGGGGGGGGGGGGGGGGRRRDSYDRG---YDRG--- 244
gi |73976024|ref|XP_851249.1|TERDLREVFSTRYGLPLSGVNVVYDORTGRSRGFVAFVYFERIDDSKEAMERANGMELDGRIRVDYSITKRAHTPTPGIYMGRPHTS---GGGGGGGGGGGGGGGGGGRRRDSYDRG---YDRG--- 244
gi |57530708|ref|NP_001006360.1|TERDLCEVFSTRYGLPLSGVNVVYDORTGRSRGFVAFVYFERIDDSKEAMERANGMELDGRIRVDYSITKRAHTPTPGIYMGRPHTS---GGGGGGGAG---RRRDSYDRG---YDRG--- 240
gi |41055454|ref|NP_956710.1|TERDLREVFSTRYGLSLAGVNVVYDORTGRSRGFVAFVYFERIDDSKEAMERANGMELDGRIRVDYSITKRAHTPTPGIYMGRPHTN---GGGGGGGGSSSGG---RRRDSYDRG---YDRG--- 258
gi |158286824|ref|XP_308949.4|TEAELYDIFSKFGPLRKTIVVLDAKTGRSRGFVAFVYFESAEADAKVAHQANGIEIGDRIRVDYSITKRAHTPTPGIYMGRPHTS---KTGYGGHSHGMASSHYHCRACEVEA---RERER--- 225
gi |145609325|ref|XP_367600.2|TEAEVTRMFEKYGEVEKCGQIMRDPHRESRGGFVFKMVTSDQADAAREGLQGEELSGRTLSIEKARRARPTPTPGKYFGPPKREGGGGGGGGGRRDDR---RRGGYGGGGYGGGRDDPYR-YRGYDRRND---DR-DQRCYDRDRGY 230
gi |32405782|ref|XP_323504.1|EAEVTRMFEKYGEVEKCGQIMRDPHRESRGGFVFKMVTSDQADAAREGLQGEELSGRTLSIEKARRARPTPTPGKYFGPPKREGGGGGGGGGRRDDR---RRGGYGGGGYGGGRDDPYR-YRGGYDRRND---DR-DQRCYDRDRGY 227
gi |42561780|ref|NP_563787.2|TERDLEDHFAKEGKVTIVHLLVLPWTRRESRGGFVFKMVTSDQADAAREGLQGEELSGRTLSIEKARRARPTPTPGKYVGLRFA---RGRHKSPSYSRRRSVSCSRSRSSSSD---RGRSYPSPYGRG 211
gi |115476220|ref|NP_001061706.1|TEEDLEKFPFSEKGVQSCHVVLDPRIKESRGGFVAFVIMDSVDARCTIKYLHRRVLEGLRLVTEKAKTRRERPTPGKYCGRRGS---RSSRSR---SPYRSRRRRSRSRDRQRD---RSRSR--- 217
.....160.....170.....180.....190.....200.....210.....220.....230.....240.....250.....260.....270.....280.....290.....300

```



```

gi |111160869|ref|NP_932770.2|---YDR-YEDYDTRY-RRRSPSPYYSRYRSRSRSSYSPRRY--- 282
gi |109472018|ref|XP_575468.2|---YDR-YEDYDTRY-RRRSPSPYYSRYRSRSRSSYSPRRY--- 282
gi |9558733|ref|NP_037425.1|---YDR-YEDYDTRY-RRRSPSPYYSRYRSRSRSSYSPRRY--- 282
gi |114612370|ref|XP_001158245.1|---YDR-YEDYDTRY-RRRSPSPYYSRYRSRSRSSYSPRRY--- 282
gi |114052084|ref|NP_001039845.1|---YDR-YEDYDTRY-RRRSPSPYYSRYRSRSRSSYSPRRY--- 281
gi |73976024|ref|XP_851249.1|---YDR-YEDYDTRY-RRRSPSPYYSRYRSRSRSSYSPRRY--- 281
gi |57530708|ref|NP_001006360.1|---YDR-YEEDYDTRY-RRRSPSPYYSRYRSRSRSSYSPRRY--- 277
gi |41055454|ref|NP_956710.1|---YDRYDEYDTRY-RRRSPSPYYSRYRSRSRSSYSPRRY--- 297
gi |158286824|ref|XP_308949.4|---WERDARSREHYIYDSYSGHDSRNRSMIGRSRSGSSDYVGGTSIR--- 271
gi |145609325|ref|XP_367600.2|---DRGYDRN---GGAPR---EDR-FERRER---DDGYG-GRDRIYRDDRGDR---GYGPRDDRPFMDRERERGGDR-FERDREG---PRSRPPAAGYDAPR-GEARDSY---DVGSR 326
gi |32405782|ref|XP_323504.1|DRGYERNRYSYREDRGRYDRSRYGEDRGRYDRRRRGGGADEAYRGGDRYRDDRGGYGGSGRGGP-DERRAPG-YDRDRGYDRPSDRDARP---PRDAAPGTSSYGEAPREAREPWAPQHGNLLVTPIKELLDMAFLQARGFSSDVLV 370
gi |42561780|ref|NP_563787.2|RSSSYSPFYRRRRRYSRSPSPDDRYNRDRD---RSYSPYVRRDRSRYSYERNCRARDRSPYIMRRYRSRYSYPRYARDRSCSPYVGRDRSYPHYQGRDRSYPESRYRRRHSVSGEVSPPGGRSMRSTSPRKGKRESRSKS 357
gi |115476220|ref|NP_001061706.1|---DRRRD---RSRS-RDRRRDRSR---RDR---RRDRSR---DR---RGSPPH---RD---SHR 261
.....310.....320.....330.....340.....350.....360.....370.....380.....390.....400.....410.....420.....430.....440.....450

```



```

gi |111160869|ref|NP_932770.2|
gi |109472018|ref|XP_575468.2|
gi |9558733|ref|NP_037425.1|
gi |114612370|ref|XP_001158245.1|
gi |114052084|ref|NP_001039845.1|
gi |73976024|ref|XP_851249.1|
gi |57530708|ref|NP_001006360.1|
gi |41055454|ref|NP_956710.1|
gi |158286824|ref|XP_308949.4|
gi |145609325|ref|XP_367600.2|
gi |32405782|ref|XP_323504.1|
gi |42561780|ref|NP_563787.2|
gi |115476220|ref|NP_001061706.1|

```

```

----- 282
----- 282
----- 282
----- 282
----- 281
----- 281
----- 277
----- 297
----- 271
----- 326
----- 370
----- 357
----- 261
.....460.....470.....

```