

```

gi |13624311|ref|NP_112445.1|      * * * . : * * . : : * * . * . . : * . * * * * : * * * : * * : * * : * * :
-----MKFLSARDFHPVA-FLGLMLVTTTAPFP SQVRRGDFTEDT PNRPVVYTS-QVGLLITVVLWEIVEMRKELCNGNSDCMNNDDALAENNLKLPETQRNDGCYOTGYNQEI CLLKISSGLLEFVHSVLEYM 127
gi |7549769|ref|NP_036721.1|      -----MKFLSARDFQPVA-FLGLMLLTAAAFPSQVRRGDFTEDT PNRPVVYTS-QVGLLITVVLREILEMRKELCNGNSDCMNSDDALSENNLKLPETQRNDGCYOTGYNQEI CLLKICSGLLEFRFVLEFV 127
gi |10834984|ref|NP_000591.1|      -----MNSFSTSAFGPVAFSLGLLLVLPAAFPAPVPPGEDSKDVAAPHRQPLTSSERIDKQIRVYLDGISALRKETCNKSNMCESSKEALAENNLNLPKMAEKDGCFOSGFNEETCLVKIITGLLEFEVYLEYL 129
gi |114612318|ref|XP_001154511.1|  -----MNSVSTSAFGPVAFSLGLLLVLPAAFPAPVPPGEDSKDVAAPHRQPLTSSERIDKQIRVYLDGISALRKETCNKSNMCESSKEALAENNLNLPKMAEKDGCFOSGFNEETCLVKIITGLLEFEVYLEYL 129
gi |73975410|ref|XP_855592.1|      -----MNSLSTSAF-----SLGLLLVMTAFAFP PGPLAGDSKDDA SNLPLTSAANKVEELIKYILGKISALRKEMCDKFNKCEDSKALAENNLHLPKLEKDGCFOSGFNQETCLIRITGLVFEQLHLNII 124
gi |27806867|ref|NP_776348.1|      -----MNSRFTSAFTPFVAVSLGLLLVMTSAFP PGPLGEDFKNDT PGRLLLTPEKTEALIKRMVDKISAMRKEICEKNDECESSKELAENKLNLPKMEKDGCFOSGFNQAI CLIRITAGLLEYQIVLDYL 129
gi |45382889|ref|NP_989959.1|      MNFTEGCEATGRRPGSAGSRRRRAPRPGVVALPLLLPLLLPAAAVPLPAAADSSGEVGLLEEAGARRALDCEPLARVLRDRAVQLDEMCKKFTVCENSMRMLVRRNINLPKVTEDGCLLAGFDEKCLIKLSSGLFAFQTYLEFI 150
1.....10.....20.....30.....40.....50.....60.....70.....80.....90.....100.....110.....120.....130.....140.....150

```



```

gi |13624311|ref|NP_112445.1|      : : . . . : : : . * : : . : : : * : : : : * : : : : * : : : : * : : : : * : : : : *
KNNLKDNKKDKARVLRDTE TLVHIFNQEVKDLHKIVLPTPISNALLTDKLESQKEWLRTKIQFILKSLLEFLKVLRSRQT----- 211
gi |7549769|ref|NP_036721.1|      KNNLKDNKKDKARVICSNTE TLVHIFPKQEKDSYKIVLPTPISNALLMEKLESQKEWLRTKIQILKALEEFLKVMRSRQT----- 211
gi |10834984|ref|NP_000591.1|      QNRFESSE-EQARAVQMSRKVLIQFLQKKAKNLDAITTPDPTTNASLLTKLQACNWLQDMTHLILRSFKEFLOS SLRALROM----- 212
gi |114612318|ref|XP_001154511.1|  QNRFESSE-EQARAVQMSRKVLIQFLQKKAKNLDAITTPDPTTNASLLTKLQACNWLQDMTHLILRSFKEFLOS SLRALROM----- 212
gi |73975410|ref|XP_855592.1|      QNNVEGDK-ENVRDLRKNIRTLIQILKQKIA--DLIT--PATNTDLLEKMQSNEWVKNAKIILILRNLENFLQSLRAIRMK----- 207
gi |27806867|ref|NP_776348.1|      QNVEGDK-ENVRDLRKNIRTLIQILKQKIA--DLIT--PATNTDLLEKMQSNEWVKNAKIILILRNLENFLQSLRAIRMK----- 208
gi |45382889|ref|NP_989959.1|      QETFDSEK-QNVESLCYSTKHLAAITRMVINPDEVVIPSAAQKSLLANLKDWDWIEKIMHLILRDFTSFMKTVRAVRYLKKTRFSFA 241
.....160.....170.....180.....190.....200.....210.....220.....230.....240..

```

