





```

gi | 55956788 | ref | NP_005372.2 |      : :      : * * :      :
gi | 114583889 | ref | XP_516145.2 |      EKTFEEKGTEIDGRSISLYYTGKGNQDYRGGKNSWSESKTLVLNLSYSATTEELQEVFEKAFIKVPPONQNGKSKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKREIEGRAIRLELQGP--RGSPN 565
gi | 73993958 | ref | XP_850477.1 |      EKTFEEKGTEIDGRSISLYYTGKGNQDYRGGKNSWSDSRKTIPOSSAYVVRTSRLLQHVLESKTLVLNLSYSATTEELQEVFEKAFIKVPPONQNGKSKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKREIEGRAIRLELQGP--RGSPN 861
gi | 12018306 | ref | NP_072143.1 |      EKTFEEKGTEIDGRSISLYYTGKGNQDYRGGKNSWSESKTLVLNLSYSATTEELQEVFEKAFIKVPPONQNGKSKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKREIEGRAIRLELQGP--RGSPN 554
gi | 76682880 | ref | XP_614626.2 |      EKTFEEKGTEIDGRSISLYYTGKGNQDYRGGKNSWSESKTLVLNLSYSATTEELQEVFEKAFIKVPPONQNGKSKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKREIEGRAIRLELQGP--RGSPN 570
gi | 45384000 | ref | NP_990596.1 |      EKTFEEKGTEIDGRSISLYYTGKGNQDYRGGKNSWSESKTLVLNLSYSATTEELQEVFEKAFIKVPPONQNGKSKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKREIEGRAIRLELQGP--RGSPN 575
gi | 115496812 | ref | NP_001070120.1 |      EKALEEKQTEVDGRAMVLDYTGKSSQBSQKGGGE--RESKTLVLNLSYSATTEELQEVFEKAFIKVPPONQNGKSKGYAFIEFASFEDAKEALNSCNKREIEGRAIRLELQGP--RGSPN 543
gi | 6321599 | ref | NP_011675.1 |      EKALBEAAGSDVQGRSITVDFTGDKSR--GGGAPSS--ASKVLVNVNLAFASEDLSQVVFKEAVSIRIPON--NGRPKGYAFIEFENVEDSKALEENCNTTIEGRSIRLEYSQNDREGGGGG 545
gi | 50305507 | ref | XP_452713.1 |      EKAIQEMQCKEIDGRFINCDMSTSKPAGN-----EKAIKEMHGKEIDGRFINCDMSTSKPAGN-----NDRAKKFGDTFS 263
gi | 45198625 | ref | NP_985654.1 |      EKAVKEMHGKEIDGRAINCDSMSTSKPASAP-----EKAVKEMHGKEIDGRAINCDSMSTSKPASAP-----RDDRACKFGDTPS 293
gi | 19114443 | ref | NP_593531.1 |      KAAVAANGTKEIDGRMVNLDLNP RPANPQPY-----KAAVAANGTKEIDGRMVNLDLNP RPANPQPY-----RDDRACKFGDTPS 264
gi | 39951004 | ref | XP_363342.1 |      EKAKGEEKCAFIDGREIKVDFSTGKATN--SND-----EKAKGEEKCAFIDGREIKVDFSTGKATN--SND-----AQORAGNFGDQLS 362
gi | 32420169 | ref | XP_330528.1 |      OKAYDAKSGALLGREGMRLDFAAKDAGNKPOD-----OKAYDAKSGALLGREGMRLDFAAKDAGNKPOD-----KAANRAAKHGDTIS 280
gi | 15229678 | ref | NP_188491.1 |      OKAL--EMNGKLLLGRDVRLLDLANERG-----OKAL--EMNGKLLLGRDVRLLDLANERG-----TPRNSNPG--RKGG 475
gi | 15222009 | ref | NP_175322.1 |      OKAL--EFHGRPLLGREIRLDIAQERGERGERF-----OKAL--EFHGRPLLGREIRLDIAQERGERGERF-----AFTPQSNFR--SGGDG 397
gi | 115460618 | ref | NP_001053909.1 |      KKAL--ELAGHDLMGRVRLDLAHERG-----KKAL--ELAGHDLMGRVRLDLAHERG-----AYTPGSRDSSFKKPAQ 545
gi | 115475163 | ref | NP_001061178.1 |      KKAL--ELHGCDLDRPVRLLDLAHERG-----KKAL--ELHGCDLDRPVRLLDLAHERG-----AYTPHSRNDLGSFQKQNR 407
.....910.....920.....930.....940.....950.....960.....970.....980.....990.....1000.....1010.....1020.....1030.....1040.....1050

```



```

gi | 55956788 | ref | NP_005372.2 |      AR--SOPSKLFLVKGLESDTTEE--ILKESFDGSS--VRARIVVDRETGSSKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 684
gi | 114583889 | ref | XP_516145.2 |      AR--SOPSKLFLVKGLESDTTEE--ILKESFDGSS--VRARIVVDRETGSSKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 980
gi | 73993958 | ref | XP_850477.1 |      AR--SOPSKLFLVKGLESDTTEE--ILKESFDGSS--VRARIVVDRETGSSKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 673
gi | 12018306 | ref | NP_072143.1 |      AR--SOPSKLFLVKGLESDTTEE--ILKESFDGSS--VRARIVVDRETGSSKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 689
gi | 76682880 | ref | XP_614626.2 |      AR--SOPSKLFLVKGLESDTTEE--ILKESFDGSS--VRARIVVDRETGSSKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 694
gi | 45384000 | ref | NP_990596.1 |      ARGGFNQSKLFLVKGLESDTTEE--ILKESFDGSS--ISARIVVDRETGSSKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 667
gi | 115496812 | ref | NP_001070120.1 |      RGN--SGPTKILFLVKGLESDTTEE--ILKESFDGSS--IAARIAVDRETGSSKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 670
gi | 6321599 | ref | NP_011675.1 |      -----EPDDLFLGNLSPFNADRD--AIFELFAKHGEVSVRIPHPETEOPKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 387
gi | 50305507 | ref | XP_452713.1 |      -----EPDDLFLGNLSPFNADRD--NLYEIFGKYGEIVSVRIPHPETEOPKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 418
gi | 45198625 | ref | NP_985654.1 |      -----EPDDLFLGNLSPFNADRD--ALFELFSKHGNVISVRIPHPETEOPKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 369
gi | 19114443 | ref | NP_593531.1 |      -----EPDDLFLGNLSPFNADRD--DLSTAFGGCQDIQSIRLPTDQESGRRLKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 476
gi | 39951004 | ref | XP_363342.1 |      -----EPDDLFLVGNLSPFNADRD--SVGAFFSEVAEVSLSRLRPTDQESGRRLKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 460
gi | 32420169 | ref | XP_330528.1 |      -----EPDDLFLVGNLSPFNADRD--VVDFFNVSVAASVLRIPDQESGRRLKGFVDFNSEDAAKAKEAMEDGEIDGNKVTLWDWAKPKGEGGFGG--RGGGRGGFGGRGGG--RGGGRGGFGGRGG--GF 406
gi | 15229678 | ref | NP_188491.1 |      -----SQSRILIVRGGSSSLGDEDEIKKELRSHFSKCGEIVRVHVPDRETGASRGAVIDLTS--GFDEALQLSGSEIGGG--LHVESRPR--DSEGRSSN--RAPARGAPRGRHSDR--APRGGRFSDRAPRGRHSDR--AF 605
gi | 15222009 | ref | NP_175322.1 |      -----GDEKKIFVKGFDASLSEDDILRLRHFSSCCGEIKNVSVPIDRDTGNSKGIAYLRFSE--GKEKALFLNGSDMGGGFYLVDVEFRPRGSSGGGGFG--RGNRFGSSGGGRGRD--GGRG--RFGSSGGGRGRDGGGRGFG--AF 531
gi | 115460618 | ref | NP_001053909.1 |      -----SSGNLIFIKGFDTSLDLTHLIRNSLEHGFSSCGEIVRVSIPKDYETGASKGMAMDFADNGLSKAYELNGLSDLGGYS--LIVDEARPRPDNREGGFGS--GGRDFNSSG--RGRRRGRGRDGRGRGRGRGRGFG--RD 678
gi | 115475163 | ref | NP_001061178.1 |      -----GSSQ--IFVKGFDSSLEESKIRELEGHFADCGEIVRVSVPMDRDTGASKGIAYLDFKQASFSKALELSSDGLGGY--LIVDEAKPKGSRDGGGRR--GGRSGDRFGGRSGDRFGGRSGGRFGGRGRGRG--GRD 542
.....1060.....1070.....1080.....1090.....1100.....1110.....1120.....1130.....1140.....1150.....1160.....1170.....1180.....1190.....1200

```



```

gi | 55956788 | ref | NP_005372.2 |      GGRGG--FRGGRGGG--DHKPKGKTKFE-- 710
gi | 114583889 | ref | XP_516145.2 |      GGRGG--FRGGRGGG--DHKPKGKTKFE-- 1006
gi | 73993958 | ref | XP_850477.1 |      GGRGG--FRGGRGGG--DHKPKGKTKFE-- 699
gi | 12018306 | ref | NP_072143.1 |      GGRGG--FRGGRGGG--DHKPKGKTKFE-- 715
gi | 76682880 | ref | XP_614626.2 |      GGRGG--FRGGRGGG--DHKPKGKTKFE-- 720
gi | 45384000 | ref | NP_990596.1 |      GGRGGG--FRGGRGGG--DHKPKGKTKFE-- 694
gi | 115496812 | ref | NP_001070120.1 |      GGRGGGGGFRGGRGGGGRGGGDRPQCKKIKFD-- 704
gi | 6321599 | ref | NP_011675.1 |      SSSGANTAPLGRSRNTA-----SFGSKKTFD-- 414
gi | 50305507 | ref | XP_452713.1 |      FSSGSNASPLGATRQTA-----SFGSKKTFD-- 445
gi | 45198625 | ref | NP_985654.1 |      TSSGANNAPLQKPRQSA-----AFKGTKTKFD-- 396
gi | 19114443 | ref | NP_593531.1 |      GGARSQNPNRG--SVA-----PFGSKKTFD-- 500
gi | 39951004 | ref | XP_363342.1 |      GGRGGGRGGFGGSRGGG--GFGKTKFE-- 486
gi | 32420169 | ref | XP_330528.1 |      --RGGGRGGFGGSRGG--FQCKTKFE-- 428
gi | 15229678 | ref | NP_188491.1 |      RGRFSTRGRGPKSVMES-----SKGKTKVFNDEE 636
gi | 15222009 | ref | NP_175322.1 |      GGRGSDRGRG--RPSFTF-----GKTKTKFDE-- 557
gi | 115460618 | ref | NP_001053909.1 |      RG-HGGRG--TPFKQASGTF-----SCKKTKFDDD 707
gi | 115475163 | ref | NP_001061178.1 |      GGRGGGRGGFGGSRGSAFTA-----TGKTKTKFDE-- 572
.....1210.....1220.....1230.....

```

