

B.	-----MALRIKKPSKCDEGSPDYMLTYGDMVTLLLVFFVTMFSLNDIIFQENVIRI	51
E.	MKNQAHPIIVVKRRKAKSH-GAAHGSWKIAYADFMTAMMAFFLVMWLISISSP-KELIQI	58
S.	MKNQAHPIVVVKRRRHKPHGGGAHGSWKIAYADFMTAMMAFFLVMWLISISSP-KELIQI	59
B.	MSASF-TGAGFFKGGKTLDFSKLSYLSNSFMSLPSTVRNKQASQ--TAKNKSMIEFIEKI	108
E.	AEYFRTPLATAVTGGDRIS-----NSESPIPGGGDDYTQSQGEVNKQPNIEELKKRM	110
S.	AEYFRTPLATAVTGGNRIA-----NSESPIPGGGDDYTQQQGEVEKQPNIDELKKRM	111
B.	QS-----K-----NIVVRQEERGI---VISLAADAFFDSASADVKL	141
E.	EQSRLRKLRGDLDQLIESDPKLRALRPHLKDIDLVQEGLRIQIIDSQNRPMFRTGSADVEP	170
S.	EQSRLNKLRGDLDQLIESDPKLRALRPHLKDIDLVQEGLRIQIIDSQNRPMFKTGSAEVEP	171
B.	EENRDSIQKIASFIGFLSPRGYNFKIEGHTDNIDTDVNGPWKSNWELSAARSVNMLEHI-	200
E.	Y-MRDILRAIAP---VLNGIPNRISLSGHTDDFPYASGEKGYSNWELSADRANASRRELM	226
S.	Y-MRDILRAIAP---VLNGIPNRISLAGHTDDFPYANGEKGYSNWELSADRANASRRELV	227
B.	LNYLDQSDVKRIENNFEVSGFGGSRPIATDDTPEGRAYNRRIDILITTDASLS-FPKEIK	259
E.	VGGLDSGKVLRV-----VGMA--ATMRLSDRGPDDAVNRRISLLVLNKQAEQAILHENA	278
S.	AGGLDNGKVLRV-----VGMA--ATMRLSDRGPDDAINRRISLLVLNKQAEQAILHENA	279
B.	Q-----	260
E.	ESQNEPVSALEKPEVAPQVSVPTMPSAEPR	308
S.	ESQNEPVSVLQQPAAAPPASVPTSPKAEPR	309