>Ppa\_MND-1

YRRSSTFYRLMAARKKGLSADEKRKRMLDLFYERREFFQLKELEKIAPKEKGVISQSVKEVTQLLVDEGFVECEKIGTFVCYWAFPTKASQMRQKRLDDLSNKIEDVKKKIEEGREQLKQEAMGKETDNERDKLKTELEEVKQVQLNLQNDLKALQKYDPESLKESRKRSIKHVEDANRWTGVQIYYDCYKSRAECELEQYLLVHKMVQKKVQYGRESASEAVRNSG

>Hsap\_MND1

MSKKKGLSAEEKRTRMMEIFSETKDVFQLKDLEKIAPKEKGITAMSVKEVLQSLVDDGMVDCERIGTSNYYWAFPSKALHARKHKLEVLESQLSEGSQKHASLQKSIEKAKIGRCETEERTRLAKELSSLRDQREQLKAEVEKYKDCDPQVVEEIRQANKVAKEAANRWTDNIFAIKSWAKRKFGFEENKIDRTFGIPEDFDYID

>Mmus\_Mnd1

MSKKRGLSGEEKRTRMMEIFFETKDVFQLKDLEKLAPKEKGITAMSVKEVLQSLVDDGMVDCERIGTSNYYWAFPSKALHARKRKLEALNSQLSEGSQKHADLQKSIEKARVGRQETEERAMLAKELSSFRDQRQQLKAEVEKYRECDPQVVEEIREANKVAKEAANRWTDNIFAIKSWAKRKFGFEESKIDKNFGIPEDFDYID

>Athal\_Mnd1

MSKKRGLSLEEKREKMLQIFYESQDFFLLKELEKMGPKKGVISQSVKDVIQSLVDDDLVAKDKIGISIYFWSLPSCAGNQLRSVRQKLESDLQGSNKRLAELVDQCEALKKGREESEERTEALTQLKDIEKKHKDLKNEMVQFADNDPATLEAKRNAIEVAHQSANRWTDNIFTLRQWCSNNFPQAKEQLEHLYTEAGITEDFDYIELSSFPLSSSHEADTAKQLVQDEA

>Scer\_Mnd1

MGPKRQTVSLQEKKNRILNFFQETYTFYNIKELEKSIPKKCGISPMIVKDLVQQMIDEDGVISVEKCGNINIYWCFKNQTLQKLYDSSELIKKKIQEVKCDIATYKQELDKTLATGRRKKFTVGQKSYNREALLEKRKKIQDEIKKKSNSLQKIESIRWDAAKIQENKQQIRLKKVHLEKTTDNIEILIDYLYKKFFLKPEQIRKEFGIPEEFKEFTEV

>Spom\_Mcp7

MPPKGLSLAEKRRRLEAIFHDSKDFFQLKEVEKLGSKKQIVLQTVKDVLQSLVDDNIVKTEKIGTSNYYWSFPSDAKRSRESVLGSLQAQLDDLKQKSKTLDENISFEKSKRDNEGTENDANQYTLELLHAKESELKLLKTQLSNLNHCNPETFELKNENTKKYMEAANLWTDQIHTLIAFCRDMGADTNQIREYCSIPEDLDDLQLPIL