>Ppa\_HOP-1

MPPAVPHGKTTSGSWSATFPVDQESFQDSTLFMKRLLYVAFSQIISSRDLLPSNCFKKRRCENLRLYVFNTVIPEAFECADQLRAVCETIEKGYFRELHLNIFDEKRKADEIIEVYKMGVTYGDDKVSPSVTLSSNEMGRVEIDYKGKEVLKDQTRELLIRLHQITEKLADLPDTAQWTFYILYNDEKTPKGFQARGFNRRPEPYSIAPDAQKLVIGDSSANHHACHFEVTSVFIEDPVEFEELISGDLSAIQNSLRMDSRDTTIDVTTPTKDSNLNDTFDAIPPPSEDADPPKELKRRAKAGGGGVVADLEKAAQKMQIEDKNGNLISASSPEERQPAPKSMSPKKARQTKEKTASPSKTIKASKAVKKTPGNVGVRSSKKRAQTLLI

>Cele\_HIM-3

MATKEQIVEHRESEIPIASQWKATFPVDLEIEKNSEMFALRYIKCASAFILDRRGILDEKCFKTRTIDKLLVTAFQSSVPAAKRVSSTFDGLRDAIQQGYLREFAIVFYKKPNEEDINEVFAFRFAYGDEGEIFVSLNNGIDTNESSQELLQAKFVDTDNTKQMFASTIKKLHRCIKKMEPLPQGSDASFRVSYTEKAPKDYTPEGYLLSPMFYTLNQDIRKASIGIVCGGHHKIQMLAASQYLKQDFDLDKTTTLNPNMSIMANQSKRKGRISRDSPYGLSQGITKKNKD

>Hsap\_HORMAD1

MATAQLQRTPMSALVFPNKISTEHQSLVLVKRLLAVSVSCITYLRGIFPECAYGTRYLDDLCVKILREDKNCPGSTQLVKWMLGCYDALQKKYLRMVVLAVYTNPEDPQTISECYQFKFKYTNNGPLMDFISKNQSNESSMLSTDTKKASILLIRKIYILMQNLGPLPNDVCLTMKLFYYDEVTPPDYQPPGFKDGDCEGVIFEGEPMYLNVGEVSTPFHIFKVKVTTERERMENIDSTILSPKQIKTPFQKILRDKDVEDEQEHYTSDDLDIETKMEEQEKNPASSELEEPSLVCEEDEIMRSKESPDLSISHSQVEQLVNKTSELDMSESKTRSGKVFQNKMANGNQPVKSSKENRKRSQHESGRIVLHHFDSSSQESVPKRRKFSEPKEHI

>Mmus\_Hormad1

MATMQLQRTASLSALVFPNKISTEHQSLMFVKRLLAVSVSCITYLRGIFPERAYGTRYLDDLCVKILKEDKNCPGSSQLVKWMLGCYDALQKKYLRMIILAVYTNPGDPQTISECYQFKFKYTKNGPIMDFISKNQNNKSSTTSADTKKASILLIRKIYVLMQNLGPLPNDVCLTMKLFYYDEVTPPDYQPPGFKDGDCEGVIFDGDPTYLNVGEVPTPFHTFRLKVTTEKERMENIDSTILKPKESKTQFEKILMDKDDVEDENHNNFDIKTKMNEQNENSGASEIKEPNLDCKEEETMQFKKSQSPSISHCQVEQLVSKTSELDVSESKTRSGKIFQSKMVNGNNQQGQTSKENRKRSLRQFRKTVLHVLESSQESVLKKRRVSEPKEHT

>Athal\_Asy1

MVMAQKLKEAEITEQDSLLLTRNLLRIAIFNISYIRGLFPEKYFNDKSVPALDMKIKKLMPMDAESRRLIDWMEKGVYDALQRKYLKTLMFSICETVDGPMIEEYSFSFSYSDSDSQDVMMNINRTGNKKNGGIFNSTADITPNQMRSSACKMVRTLVQLMRTLDKMPDERTIVMKLLYYDDVTPPDYEPPFFRGCTEDEAQYVWTKNPLRMEIGNVNSKHLVLTLKVKSVLDPCEDENDDMQDDGKSIGPDSVHDDQPSDSDSEISQTQENQFIVAPVEKQDDDDGEVDEDDNTQDPAENEQQLARVKDWINSRHLDTLELTDILANFPDISIVLSEEIMDQLVTEGVLSKTGKDMYIKKRDKTPESEFTFVKEEADGQISPGKSVAPEDYLYMKALYHSLPMKYVTITKLHNMLDGEANQTAVRKLMDRMTQEGYVEASSNRRLGKRVIHSSLTEKKLNEVRKVLATDDMDVDVTETINKTNGPDAKVTADVSTCGGIHSIGSDFTRTKGRSGGMQQNGSVLSEQTISKAGNTPISNKAQPAASRESFAVHGGAVKEAETVNCSQASQDRRGRKTSMVREPILQYSKRQKSQAN

>Scer\_Hop1

MSNKQLVKPKTETKTEITTEQSQKLLQTMLTMSFGCLAFLRGLFPDDIFVDQRFVPEKVEKNYNKQNTSQNNSIKIKTLIRGKSAQADLLLDWLEKGVFKSIRLKCLKALSLGIFLEDPTDLLENYIFSFDYDEENNVNINVNLSGNKKGSKNADPENETISLLDSRRMVQQLMRRFIIITQSLEPLPQKKFLTMRLMFNDNVDEDYQPELFKDATFDKRATLKVPTNLDNDAIDVGTLNTKHHKVALSVLSAATSSMEKAGNTNFIRVDPFDLILQQQEENKLEESVPTKPQNFVTSQTTNVLGNLLNSSQASIQPTQFVSNNPVTGICSCECGLEVPKAATVLKTCKSCRKTLHGICYGNFLHSSIEKCFTCIFGPSLDTKWSKFQDLMMIRKVFRFLVRKKKGFPASITELIDSFINVEDQNNEVKERVAFALFVFFLDETLCLDNGGKPSQTIRYVTSSVLVDVKGIVIPNTRKQLNVNHEYKWHFTTSSPKAESFYQEVLPNSRKQVESWLQDITNLRKVYSEALSPSSTLQELDLNSSLPTQDPIISGQKRRRYDLDEYLEEDKSSVVNDTIKAKDFDESVPAKIRKISVSKKTLKSNW

>Spom\_Hop1

MNSYKEEILQTKSDFTLKNLIFFAISTLCYKRALFNENCYKKVNFEIEHFKGADFDCQLKPTVVSLQAGVDKEADSFLEMMKTYIFSLVSMKVPFTVYLIISSQCKSILEDDAVEKEIFSFTINPGSEEKICCESFVSYQRSERFVIKLFLSGNVKTECKDEEKVVQIITKMERFQLSKGEATKAGVFLNTVETKDCMSWLNRGEFKDIVSFYESNNGIAISHCSHAFVPISTEKIMINKESSLFDSQEKIDSQLEKFLQPLKYDEIGSTQILDEQSVEKSLSQGKCEKMQNESRGLREIKNNNPCEEVKKSNWLKKNISGSDKVDKAEKKKALLNCECGDSTEDSEMFQCERCDGWVHCACYGFESDSDPRQPNQLLCYTCLLVDSESSLYDRMTMLVAYRRAIRCIWASEYQGFQKLAARLNCSYADAKRIEERLVNENIIYKEKKRKWIYFTNKSPEMVSYLREKYFTPSRWISHLNFQNYRQENQRVNMRSFLRPERMEVIERPKKVSKTSNTKETDTMKPLRI