

HsaCALR : -----MRFTFTSRCLALFLLLNHPITPILPAFSNQTYPTIEPKPLYVVGRRKMM : 49
 HsaGLP1R : -----MAGAPGLRLALLLLGMVGRAGPRPQGATVSLWETQKWR : 40
 HsaCRFR1 : -----MGGHPQLRLVKALLLLGLNPVSAS : 24
 CinS5A : -----MCKYM : 5
 CinS5B : -----MCKYM : 5
 CinS93 : -----MYNFET : 7
 CinS372 : -----MADDGITTQEVMEVLL : 17
 CinS752 : -----MADDGITTREMMEVLL : 17
 AdoDHR : -----MEDAWEADALEAAEAAAAAAQVAADAPTTPSPRTL : 37
 DmeCG8422 : -----MSDHNHIDSVNASGSDPLLDLHNLGDIGE : 29
 DmeCG13758 : MTLLSNILDCGGCISAQRFTRLRLRQSGSSGSPSAPTAGTFESKSMLEPTSSHSLATGRVPLLDHFDASTTESPGTVLD : 80
 DmeCG32843 : -----MSDQIGNPNATFSGSGSGSGTNVASIAESVAESGPDFD : 38
 AgaP14164 : -----MANETMPTTPTAAAIADDGSGGSPFGEQNVGTGISVENPSLV : 42
 CelC13B9 : -----MADATSPFNVSILDN-STKLSEMVESGWNVLASTSVQAFNEAMDVLE : 46
 CelC18B12 : -----MTSIIIR : 6
 CbrCAE6326 : -----MTSIIQ : 6
 CbrCAE7012 : -----MADATSPFNVSILDNSTAKLSEMVDSGWNVLASTSVQAFNGAMDVLE : 47

HsaCALR : DAQYKCYDRMQQLP-----AYQGEOPYCNRTWGGW-LCWDDTPASVLSYQFCPPDYFPDFDPSEKVT-----KYCD : 113
 HsaGLP1R : EYRRQCQRSLTED-----PPPATDLFCNRTFDEY-ACWPDGEPESFVNVSQPNYLPWASSVPQGH-----VYRFCT : 105
 HsaCRFR1 : LQDQHCESLSLAS-----NISGLQCNASVDLIGTCWPRSPAQLVVRPCAFFYGVRYNTNN-----GYRECL : 88
 CinS5A : QYRERCEKSLNETLKN-----FENQTFPCGIFDGY-ICWPHTPASQLLTFECPSEYIEWKN-FESLV-----AYRFCE : 70
 CinS5B : KYKEQCEKSLNETLKN-----FENQTFPCGFFDRQ-ICWPHTPASQLSTFEPSEYIEWR--NESLV-----AIRFCE : 69
 CinS93 : RQQFNCFVDNLNISRSNK-----SNEFVCSFCGAIWDGY-ACWPPQTQSKEAVQNCPSYLPRENTTEFAVR-----PCQ : 75
 CinS372 : EAQRNCKRDLEA-----GLPPKDKDGEWDKI-TCPWNSAPGRTVRLPCPEYIIDF--DHTGH-----ALRHCS : 77
 CinS752 : EAQRNCKRDLEA-----GLPPMDKDGWDKI-TCPWNSAPGRTVRLPCPEYIIDF--DHTGH-----ALRHCS : 77
 AdoDHR : QRQRACEALMEGDAP-----DAAPDAPLRCAIAWDG-NCWPEPTASALAVQPCFDELNGIRYDRQN-----ATRMCY : 105
 DmeCG8422 : SVELQCLVQEHIEASTYGN-----DSGHCLTQFDSI-LCWPRTAGSTLAVLQCMDELQGIHYDSSKN-----ATRFCH : 96
 DmeCG13758 : GVARVAQLALEPTVMDALPDSDTQVLGLYCNWTDTL-LCWPPTPASVTLARMNCPPGFHGVDRKFAIR-----KCE : 152
 DmeCG32843 : ALRAACETRLNASGQLAGSGG-PGAEAGTHCAITFDGW-LCWPDPAVSTSAVELCPDFITGDPARYAH-----KECG : 109
 AgaP14164 : EGLLALAMNASGAERCRLQQQAEEQLQDVACPSFFDMV-SCWPRTPPGSTLAVLCEFAELKGQVQYDSSQN-----ATRFCH : 116
 CelC13B9 : ESYPLCKKMLDHNNLFPER-----DPNDTRIWCNATYDTV-LCWPPTPANSSVTLCQPHMKGLDP-NK-----NITKDC : 114
 CelC18B12 : AEYAAQELKKLE-----NSSYNPGGCSVDFFKS-LCWASAHISQOMTRDCPFTFCTAIPGCEEIKDRYMVSRRNCN : 76
 CbrCAE6326 : TEYEACEKLKAQ-----NNSYTGSGCSVDFFRS-LCWASARLSQOMTRDCPFFKCTSIPGCEDIKEYMVSRRNCN : 75
 CbrCAE7012 : ESYPLCKKMLDHNNLFPER---DPNDTRIWCNATYDTV-LCWPPTPANSSVTLCQPHMKGLDP-NKNIVKRCENITKDC : 122

TM1

HsaCALR : EKGVWFKHPENNRTWS-----NYTMCNAFTPEKLNAYVLYYLAIVGHSLSIFTLVISLGIFVFFR : 174
 HsaGLP1R : AEGLWLQKDNSSLPWR-----DLSECEESKRGRERSSPEEQLLFLYLIITYVGYSLSFSAIVIASAILLGFR : 170
 HsaCRFR1 : ANGSWAARVNYSECQ-----EILNEEKSKSVHYHVAITINYLGHICISLVALLVAFVFLRLR : 145
 CinS5A : FDGSWMVRNDTGT-----SVQWVN-----RIQCDIIVDTKIYTAGYIFSLVCMVIALFILMFFK : 125
 CinS5B : FDGSWMVRNDTGT-----SVQWVN-----RIQCDIFDVVIKIYTAGYIFSLVCMVIALFILMFFK : 124
 CinS93 : ANGGEWFRYPPTQYQWT-----NYSRQCLQKGQEAQWAKYRLAISGYSVSMITLLVALFIFHFH : 134
 CinS372 : RDGRWAMVRDNTNR-----TFSDYSCNIPREEDAKMKSFIDLITVGYGSFSLVALVFAMILLAYFK : 137
 CinS752 : RDGRWAMVRDNTNR-----TFSDYSSCNIPREEDATMKSFIDLITVGYGSFSLVALVFAMILLAYFK : 137
 AdoDHR : SNGTWRNYSYDVHCR-----ELVEAESDEDAAMAFVFFVGFCFLSLVAIAVAIWFILFYFK : 159
 DmeCG8422 : ANGTEWKEYYNYDACAHL-----APESVEFEVIELEPTEIYIYIGTSLSLVALVAVLVYFK : 155
 DmeCG13758 : LDGRWGSRPNATEVNPWGWDYDGY-PCYKPEIIRLMQMGSKDFDAYIDIARRTTLEIVGLCLSLFALIVSLLIFCTFR : 230
 DmeCG32843 : LDGEWFKHPLTNKTWS-----NYTTVCNLEDNLNRHTVNLISEVGYGTSLAALLSLAILGYFK : 168
 AgaP14164 : VDGTYNYTDYDRCEHLE-----QPPPLPSFEPEIELEPTEIYIYIGTSLSLVALVAVLVYFK : 174
 CelC13B9 : VSGVWSGRNAGMGPTLPGWNTFMCTYDEVIYIMQNLNNESTLIAQEVARNARKLEFVGLGLSLVSLILAISIFSFR : 193
 CelC18B12 : SMGVWQDSNYTMCIK-----VVEEYAQCLQGFCRVCPDVLRLDVLVSVSLTSLFVSIVLLVAAIVLFSIFD : 141
 CbrCAE6326 : NQGVWQDNTYTMCIK-----VAEYSQCLSGFCRVCPDVLRLDVLVSVSLTSLVSVIVLLVAAIILFSVFD : 140
 CbrCAE7012 : VSGVWSGRNAEMGPTLPGWNTFMCTYDEVIYIMQNLNNESTLIAQEVARNARKLEFVGLGLSLVSLILAISIFSFR : 201