

**A**

1 - CGGGCATCCTAGAACGGTATTATAAAGTCGGATCAAATGGTTCGTGGGCACACTCAGCAAT - 60  
 -  
 61 - CGGTTCGATGGGGAAGATGAAGGCCCTCGTGATCCTGCTAGCTTTCCTCGCCTTGGTCGCA - 120  
 1 - M K A L V I L L A F L A L V A - 16

121 - GCTGCGCCCCGTGAGCGTCGCGATGCTATTGGGGCGGATATCACGGTGGCTACGGTGGT - 180  
 17 - A A P R Q R R D A I W G G Y H G G Y G G - 36

181 - CATCTTGGATACGCTCACGGTGTGGCGATCGCTGGTCCAGCCTTGGGACCGGCCAGCGTA - 240  
 37 - H L G Y A H G V A I A G P A L G P A S V - 56

241 - GCCGGTCTCACATCGGATCCACCATGGTGGCAGCGCCGTCCATAGGACCGGCTAAGCTG - 300  
 57 - A G P H I G S T M V A A P S I G P A K L - 76

301 - TCCGGATCAGTTGCTGGGCCGGTGACGTTTCCGGTGCTGTGGCCGGCTCTGCCGTTGTC - 360  
 77 - S G S V A G P V H V S G A V A G S A V V - 96

361 - ACTGCTTCCGTTGCCGGACCCGCTCACGTTGAGGGCTACGATGCTGGTCCCTACGATGGA - 420  
 97 - T A S V A G P A H V E G Y D A G P Y D G - 116

421 - GGAGTCGGTGTCGGATACGCGGGCCCGCCTACAGTTACGCGGGATACCCGGCATTCGCG - 480  
 117 - G V G V G Y A G P A Y S Y A G Y P A F A - 136

481 - GGAGTTGGCAGCCACGGAGCGGTGATAGCGGGTCCAGCGTCTCACGGTGCATCCTCGCG - 540  
 137 - G V G S H G A V I A G P A S H G A I L A - 156

541 - GGGCCAGCATCCCATGGCGCCGTGCTCTCCGGACCTCATTCGGAACCGCGGCGGTATCC - 600  
 157 - G P A S H G A V L S G P H S G T A A V S - 176

601 - GGTCCCCACGCTGGATCGGTGGTGATCGCCGGCCCCCTCCGGCAAATCACTGCCACGGG - 660  
 177 - G P H A G S V V I A G P S G K I T A H G - 196

661 - ACAGGTTACGGCGCGATCCACTCTGGCCACTCTGGCCATTGGTAACGA - 708  
 197 - T G Y G A I H S G H S G H W \* - 210

**B**

1 - AGTATCCCCCTGCTTCTCGTGGAGTATAAAGGACCCTGGTCTACCTTGCACAGATCACA - 60  
 -  
 61 - GAACAGAGCGGCATCGCAGAAGCCGACATGAATCCTCTGATCGCGTGTATAATAGTCGGT - 120  
 1 - M N P L I A C I I V G - 11

121 - CTAGCAGGGTTTCGCCCTCGCGGAACCACCGTCCGGCTACAGCTACAGCAGACCATCGGGG - 180  
 12 - L A G F A L A E P P S G Y S Y S R P S G - 31

181 - GGTGGTGGTTATTCTTCGGTGGTGGCGGCGGCGGTGGCGGTGGTTTCTCGCACGCGGG - 240  
 32 - G G G Y S F G G G G G G G G G F S H G G - 51

241 - GGTGGTGGATACACCTCGGTGTGACCGGCTATCAAACCAGCGAGGGAGCATCGATCGAC - 300  
 52 - G G G Y T S V S T G Y Q T S E G A S I D - 71

301 - GGC CGTGTGCTCGAGCAGATCCGTGAGATACTGCTGAGGGAAGAGCAGAACAGCGGATTC - 360  
 72 - G A L L E Q I R Q I L L R E E Q N S G F - 91

361 - GGAGGTGGAATCGGCGGTGGTTACGCCCTAGCTCGAGCTACGGCGCCCCATCCTCCCAA - 420  
 92 - G G G I G G G Y A P S S S Y G A P S S Q - 111

421 - TACGGTGTGCCAAGCTCGTCTACGGTGTACCGAGTTACCAGACCCGCGTGGTAGGAATA - 480  
 112 - Y G V P S S S Y G V P S Y Q T R V V G I - 131

481 - GATCTCGATGGGATCAGGCAGGCCATCCAGGTGGCCCAGTTCAACCAAGTGAGCCATGCG - 540  
 132 - D L D G I R Q A I Q V A Q F N Q V S H...A... - 151

541 - CCTGGCGGATATCCAAGCGGCCGAGCGGAAGCTACGGGTACCGAGCAGACCAAGCGGT - 600  
 152 - P...G...G...Y...P...S...G...P...S...G...S...Y...G...V...P...S...R...P...S...G... - 171

601 - AGTACGGTGCACCGTACTAA - 621  
 172 - S...Y...G...A...P...V...\*... - 191