

A	1	10	20	30	40	50	60	%I
pep ClTx	-----	-----	-----	MCMPCFTTDHQM	ARKCDDCCGGKGRGK	CYGPGQCLCR	--	100
c MegClTx1	MKFLYGIVFITL	FLTVMIATHTEA	AMCMPCFTTNLN	MEQE	CRDCCGGTGR	--	CFGPGQCLCGYD	66
g MegClTx1	MKFLYGIVFITL	FLTVMIATHTEA	AMCMPCFTTNLN	MEQE	CRDCCGGTGR	--	CFGPGQCLCGYD	66
c MegClTx2	MKFLYGIVFIAL	FLTVMIATHTEA	-MCMPCFTTRPN	MAQQ	CRDCCGRGRGK	--	CFGPGQCLCGYD	63
g MegClTx2	MKFLYGIVFIAL	FLTVMIATHTEA	-MCMPCFTTRPN	MAQQ	CRDCCGRGRGK	--	CFGPGQCLCGYD	63
g MegClTx3	MKFLYGIVFITL	FLTVMIATHTEA	-MCMPCFTTRPN	MAQQ	CRDCCGRGRGK	--	CFGPGQCLCGYD	63
g MemBm12	MKFLYGIVFIAL	FLTVMFATQTDG	--	CGPCFTTDAN	MARKCRECCGGI	GK--	CFGPGQCLCNRI	66
consensus	MKFLYGIVFI	.LFLTVMIATHTEA	.MC	.PCFTT...MA	..CRDCC	.G.GK..	CFGPGQCLC...	
g MemBm12			▽					

B

MegCITx1_ cDNA-LIB



c|MegCITx1



g|MegCITx1



c|MegCITx2



g|MegCITx2



g|MegCITx3



g|MemBm12

