

Secondary Structure

```

...hhhhhh.....EEEEEEEE.....EEEEEEEE.....EEEEEEEE.....EEE
1  ---MSQYIG---KITSLISVT-DNRVYGLLEDISEKGVVTLKVRCFTGTEGRKNWGPEIY  PNPTVYNSVKNGSEVKDLISLDAN  INDIQVPVQMMP  93
1  ---MTEFIG---SRISLISKS-DIRYVGLIQDINSQDSTALKHVRWCGTEGRKQDPSQEIP  PSDNVFDYIVFRGSDVKDLRIEEPAT  7  QPPNDPAIIGSNS  101
1  ---MSEFLG---SRISLISRS-DIRYVGLTHNINSESTVSLENVRSFGTEGRKNHPDEEVP  ASDQVVEYIVFRGSDVKDLRIECPA  7  PMPDDPAILGSLT  101
1  -MDMNLHIG---QRFNLISKS-DIRYVGLTHEINPEASTIALENVVSFGTEGRGRNPAAEIP  PSASVVEYIVFRGSDVKDISVAEEK  8  RVPDDPAILGVSS  104
1  MSGGTPYIG---SKISLISKA-EIRYEGILYITDENSTVVLAKFALLTEDRPTDR---PIP  PRDEVFEYIIFRGSDIKDLTVECEPP  3  SLQDPAIVQSSL  98
1  MSNQTPIYIG---SKISLISKL-DIRYEGILYITVDNDSTIALAKVRSFGTEKRPTAN---PVA  ARDDVVEYIIFRGSDIKDLIVCDTPK  6  GLPYDPAIIVSS  101
1  MSGGLPELG---SKISLISKA-DIRYEGRLYITVDPQECTSSVSRSFGTEDRDTQF---QIA  PQSQIYDIYIFRGSDIKDITRVNNHT  1  PHHNDPAIMQAQL  96
1  GSSGTPYLG---SKISLISKA-QIRYEGILYITDENSTVALAKVRSFGTEDRPTDR---PAP  PREIIEYIIFRGSDIKDITVECEPP  3  TLQDPAIVQSSL  100
36  MSGGTPYIG---SKISLISQA-EIRYEGILYITDENSTVALAKVRSFGTEDRPTDR---PIP  PRDEVFEYIIFRGSDIKDLTVECEPP  3  SLQDPAIVQSSL  133
1  EDLVTSMIG---KFVAVMSNN-DIRYEGVISLNLQDSKLGLNVRVYGREVENDEQRVQF  VLKEVHSHMVFRGSDIKSVLEVLSP  PARHNSAIGHVGS  130
118  PARHNSAIG---HVGSLITTE-DVRIEGVISHVKFSDMIFMKNCMCYGTEGTRKRR---STV  ACNLGADDIVNLILARISSTSYQTL  1  VSKTFRLLLILSKE  214
21  QIPVEAYIG---SFVTLIANF-DIRYEGILCFNLQSETLGLNVVCYGTEGRNQNGV-QIP  PDTIKQNYILENGNNIKEIIVQPPTW  GLARGSTCSKSCL  116
1  NVNGDFTIG---SFISLISKY-EIRYEGILYHLNVQDSTLGLNVRSCTGTEGRKKDGP-QIP  PCDKVYDIYIFRGSDIKDLQVNPSP  5  EIQSEQDVNQSPH  127
1  SSAADSVG---SLISLISKS-EIRYEGILYHLNDESSIGLNVRSCTGTEGRKKDGP-QVP  PSDKVVEYIIFRGSDIKDLQVKAASP  6  TLNNDPAIIQSHY  112
3  SVSTLPYIG---SKISLISNS-EIRYEGILYITINHESTVALNVRSCTGTEGRRQP---DIA  PSNEVDFIIFRGSDIKDLTVESETGK  NIPDDPAIVSMNI  96
1  --MDDKLIG---SVISTETKD-GNVYQKLTLDTNNGNLTMANVIKNGL-----  ---PLHRCFTLSSSDISRLKVRIGAT  2  TQKSQPLPVQNSS  82
1  --MATDWIG---SIVSINCDSLGVYQRSVSADVQSCTLIRPFHNGVK-----  ---LVPEVTFRAGDITELKILEIPG  PGDNQHFGDLHQT  82
4  --TDQDWIG---CAVSIACDEVLGFQGLIKQISAE---EITTVRFRNGVPL-----  ---RKQNAEVVLKCTIRSIDLDIEAPK  QLDGHTAPPPVV  85
1  --MDDKHIG---SVISAETKD-GSVYQKLTLDTHNGNLTMANVIKNGLPL-----  ---HRCATLSTSDISSLKVRIGAT  QTASPVKPSSNS  80
6  LDVLNRLSK---SPVIVRLKG-GREFRGTLDGYDIHM---NLVLDLAEIQNG-----  EVVRKGVSVVRGDTVVFVSPAPGGE*  77
5  NQMVKSVMG---KIIRVEMKEENGVLKEGLVDYDM---NLVLTNAMECKGE-----  EKVRSLGEIVLRCNNVLHRPQE*  75
124  LHFLTAVVG---STCDVKVKN-GTTYIEGIFKLSSKF---ELAVDARKHASEPAGGP-----  RREDIVDTMVEVRGSDVMLVHRNFVD  5  DKFTSAIAMNSK  218
43  TAAIVSSVD---RKIFVLLRD-GRMLFGVLRTFDQYA---NLLIQDCVERIYFSEENK-----  YAEEDRGIFMRGENVMLGEVDI---  DKEDQPLEAMERI  130
4  FSFFKTLVD---QEVVVELKN-DIEIKGTLSVQDFL---NLKLDNISCTDEKY-----  PHLGSVRNIFRGSTVRYVYLNKMM  2  NLLQDATRREVMT  92
5  LDLLKLNLD---ERVYIKLKG-ARTLVGTLQAFDSHC---NLVLSDAVETIYQLNNEELS-----  ESERRCEMVFIRGDTVLTISTPSED  DGAVE*  89
4  LYLLTNAKG---QQMIELKN-GEIIQGILTNVDNWM---NLTLSNVTEYSEESAINSEDNAES  SKAVKLNEIYIRGTFIKFIKLQDNI-  IDKVKQQINSNN  103
9  LEVIDKTIN---KQVLVLQS-NREFEGTLVGFDDFV---NLVLDAEWLIDPEDESRNE---  KVMQHGRMSVLSNNIALIPGGKT  PTEAL*  93
50  TEFLSDIIG---KTNVNKLAS-GLIYSRLESIDGFM---NVLESATEHYESNNK-----  LLNFNSDVLIRGQVMYSEQKT  123
19  ILDLAKYKD---SKIRVKLMG-GKIVGVLKGYDQLM---NLVLDTVEYMSNPDDENNTELIS  KNARKLGLTVRGTILVLSSSAEGSD  VLYMQK*  107
3  ILKLSDFIG---NTLIVLSLE-DRILVGSLVADAQM---NLLLDHVERMG-----  SSSRMGLVSVPRSVCTIMIDKVL  QBLTANKVELMA  86
1  SATLKDYLN---KRVVLIKVD-GECLIASLVGDKNT---NLFITNVNRIS-----  KEFICKQ-LLRGESIALVDAEN  3  APIDEKVPMLKD  109
9  SSRLANLID---YKRVLTQD-GRVYIGLMAFDKHM---NLVNECIERVPKTQLDKLRPK  11  VEKRVGLTIIRGEILSTVDEKP  118
4  VNFLKLRN---EQVTIELKN-GTVVGTLQSVSPQM---NAILTDVKLTLPQRLNKLNSGI  16  DNASLQYINRGTIRQILPDSLN  2  SLVDQQKQLNSLR  117
31  MSLINDAMVTRPVIISLRN-NHKIIRVKAFRHC---NMVLENVKELTVEKKGNVI---  NRERFISKFLRGSVIVLKTPEV*  110
8  VKLLNEAQ---HIVSLLETT-GATYRKLVESEDSM---NVLRDVATEPQ---  GAVTHMDQ
```