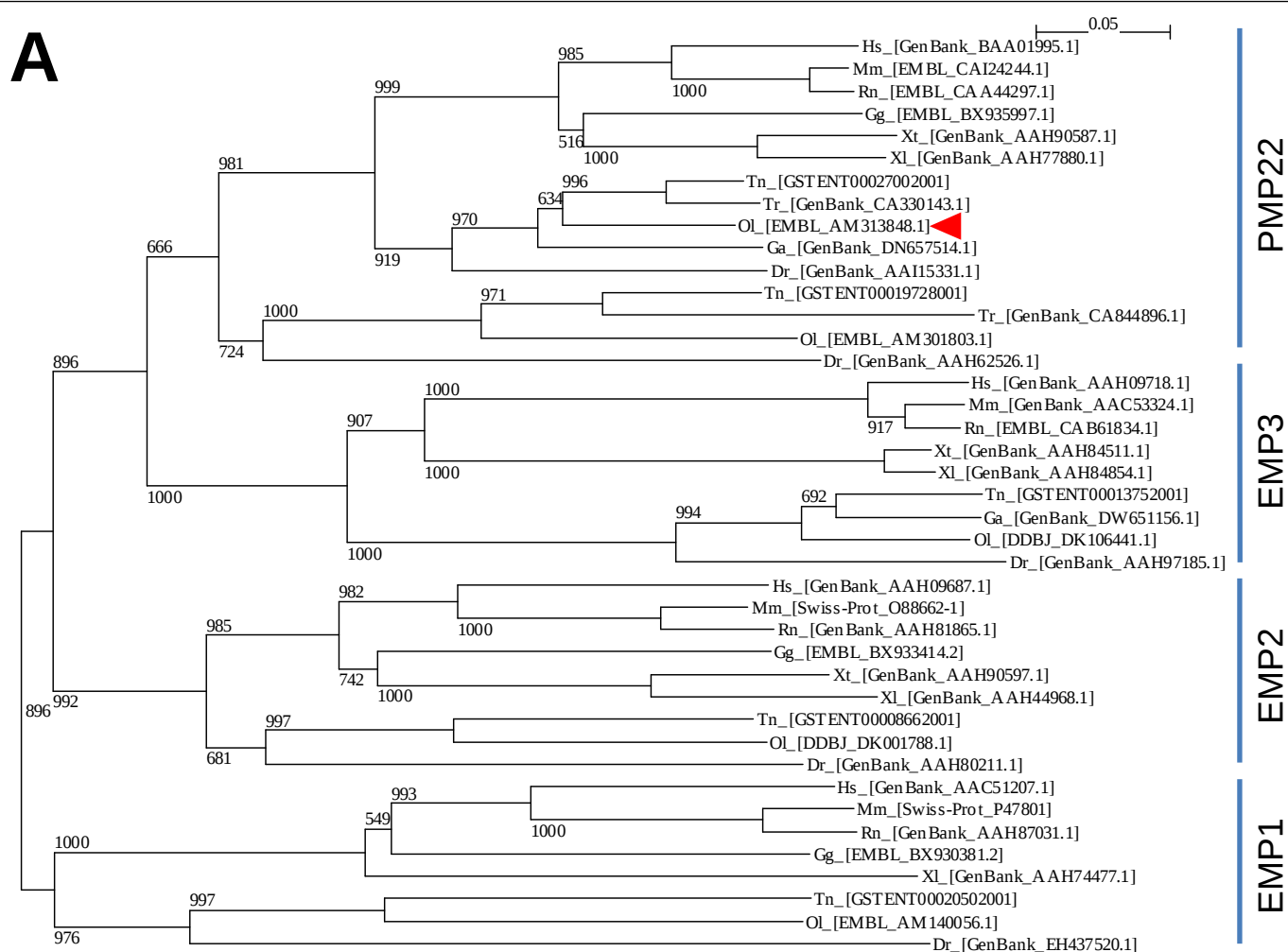


A



B

		20	40	60	80	100	
Hs_PMP22	:	MLLLLLSIIVLHVAVLVLLFVSTIVS	QWLVGNHGATDLWQNCSTSSSGNVHH	CFSSSPNEWLQSVQATMILSIIFSIL	SLFLFFCQLFTLT	KGGRFYITGI	: 101
Mm_PMP22	:	MLLLLLGILFLHIAVLVLLFVSTIVS	QWLVGNHGHTDLWQNCSTTSALGAVQH	CYSSSVSWLQSVQATMILSVIFSV	ALFLFFCQLFTLT	KGGRFYITGF	: 101
Rn_PMP22	:	MLLLLLGILFLHIAVLVLLFVSTIVS	QWLEGNHRTDLWQNCSTTSALGAVQH	CYSSSVSWLQSVQATMILSVIFSV	SLFLFFCQLFTLT	KGGRFYITGV	: 101
Gg_PMP22	:	MLLLLLGIIVLHVTVLVLLFVSTIVS	QWLVNGGQTADLWQNCSTSGTGA	IFCQLTSSNNEWLQSVQATMILSVIFSV	SLFLFFCQLFTLT	KGGRFYITGI	: 100
Xt_PMP22	:	MLLLLLGIIVLHVAVLVLLFVSTIVS	SWLVNGNGYSADLWQNCSTTTTG	TWHCLTSSNNEWLQSVQATMILSIIFS	SLFLFFCQLFTLT	KGGRFYITGF	: 100
Xl_PMP22	:	MLLLLLGIIVLHIALVLVLLFVSTIVS	SWLVNGNGYSADLWQNCSTSGPATG	TWQCLTSSNNEWLQSVQATMILSIIFS	SLFLFFCQLFTLT	KGGRFYITGL	: 100
Tn_PMP22	:	MLLLLLGIILLHIAALVLLFVSTIVS	AWTSETSTSLWQNCSTTIV	GAGQRCDPASTGEWIAQVQALMILSIIFS	SLFLFFCQLFTLT	KGGRFFLTGT	: 100
Tr_PMP22	:	MLLLLLGIVLLHIAALVLLFVSTIVS	VWTSETSTSLWQNCSTTTS	L-GQRCDPASTGEWIAQVQALMILSIIFS	SLFLFFCQLFTLT	KGGRFFLTGT	: 99
Ga_PMP22	:	MLLLLLGIVLLHIAALVLLFVSTIVS	VWRTGDTGNADLWQNCSTGAN	G-GYPCVPASAGEWIAQVQALMILSIIFS	SLFLFFCQLFTLT	KGGRFFLTGT	: 99
Dr_PMP22	:	MLLLLLGIVVLHVAALVLLFVSTIVS	AWVNSTSSSLWQNCSTTATDP	---CGTADTGWQSVQALMILSVIFS	SLFLFFCQLFTLT	KGGRFFLTGA	: 97
Ol_LG19	:	MLLLLLGIILLHIAALVLLFVSTIVS	AWTTGKGSTSLWQNCSTTS	-----CVPASAGEWIAQVQALMILSIIFS	ALFLFFCQLFTLT	KGGRFFLTGA	: 94
Ol_LG8	:	MLFILLGVLLHLVILLILLIVSTAA	SAWSAGVDKSTDLWYHCQITSGS	--YQKHASNEEWIAQVQALMILSCIFCF	ALIAFLYQLFRVMVKGQFFETA		: 99
		120	140	160			
Hs_PMP22	:	FQILAGLCVMSAAAIYTVRHPEVHLNSDY	-SYGFAYILAWAFPLALLSGVIYVILRKRE	:	160		
Mm_PMP22	:	FQILAGLCVMSAAAIYTVRHSEVHVNTDY	-SYGFAYILAWAFPLALLSGIYVILRKRE	:	160		
Rn_PMP22	:	FQILAGLCVMSAAAIYTVRHSEVHVNNDY	-SYGFAYILAWAFPLALLSGIYVILRKRE	:	160		
Gg_PMP22	:	FQILAGLCVMSGAAIFTVRHDTMHEASENTS	YGAYILAWAFPLALLSGIYVILRKRE	:	160		
Xt_PMP22	:	FQVLAACVMAGASIFTVRHSEVQTAVNDPS	YGAYILAWAFPLAAVSGIYVILRKRE	:	160		
Xl_PMP22	:	FQVLAACVMAGASIFTARHTEVQTAEVA	-SYGFAYILAWAFPLAAVSGIYVILRKRE	:	159		
Tn_PMP22	:	FQILASLFVMSGAIITYVMSPENVPQINT	--YGYSYILAWAFPLALLSGLIYVILRKRE	:	158		
Tr_PMP22	:	FQILASLFVMSGAIITYVMSPENVPQINA	--FGYSYILAWAFPLALLSGLIYVILRKRE	:	157		
Ga_PMP22	:	FQILASLFVMSGAIITYVMSPENVKDITD	--FGYSYILAWAFPLALLSGLIYVILRKRE	:	157		
Dr_PMP22	:	FQILASLFVMSGAIITYVMNHEVHESLN	--FGYSYILAWAFPLALLSGLIYVILRKRE	:	155		
Ol_LG19	:	FQILASLFVMSGAIITYVMSQVVPETDT	--GYTYILAWAFPLVLLSGLIYVILRKRE	:	152		
Ol_LG8	:	FQILASLFVMSGAIITYVMRDEETITHF	--GYAYVLAWAFPLALLSGLIYVILRKRE	:	156		