

► HaGAS1 : MAAVGASATPLTNTKSTAEFVRPVRANFPSPVWGDLFSLFSLDKIMBEYAEAMEEPKEQVRRLILPTMDSNKKLSLIYTV : 81
 ► HaGAS2 : MAAVGASATLLTNTKSTAEFVRPVRANFPSPVWGDLFSLFSLDMSMMBEYAEAMEEPKQVRKLILPTMDSNKKLSLIYTV : 81
 ► LsLTC2 : MAAVDTNATIQ--EKVTAEPVRPLANFPSPVWGDRLFSFTLDNSELBGYAKAMEAPKEELRLIVQDTMDSNKKLSLIYSV : 79
 CIGAS : MRAVEANGTFQANTKTTFVRPVRPLANFPSPVWGDRLFSFSLDTTELBGYAKAMEEPKEEVRKLIVPTMDSNKKLSLIYSV : 80
 ► HaCS : MATTEANTMAQANSQTHIEVRHRLANFPSPISWGDQFLSFLSDNSQLBAYSKAMEQPKENVRRLMILPAIDTNEKGLIYCV : 81
 TEAS : -----MASAAVANYEBITVRPEVADFSPSLWGDQFLSFLSIDNQVAKYKEITBALKECTRNMLLATGKKLADTNLIDTT : 74

► HaGAS1 : HRLGLTYMELKIEIAQLDRLFKEBNLEDYVLELDLYTTSINFOARHLGLGYKLPCDVFNKFKNDSTTFKESITGDVRGMLGL : 162
 ► HaGAS2 : HRLGLTYMEFKIEIGOLDRLFKENLEDYVVDLYTTSINFOARHLGLGYKLSCDVFNKFKNYDSNTIFKESIASDVRGMLGL : 162
 LsLTC2 : HRLGLTYMELQIEIAQLDRLFKEBNLEDYVLDLYTTSINFOVRHLGLGYKLPCDVFNKFKNDSTGAFKEDISTDVGKMLGL : 160
 CIGAS : HRLGLTYMELQIEIAQLDKLFKEBNLDYDLYTTSINFOVRHLGHKLPCDVFNKFKDSSGTGFKESINDVKGMLGL : 161
 ► HaCS : YRLGLTYNRSKDIDGQLDELFCQNLQSNBQADLYTTSIHQVRERHFGYFSCDVFNKFKDSSGKFKEDMDRVRGWMISL : 162
 TEAS : ERLGISYHREKIFIDDLQCY--N-QNSNCNDLCTSAORLLRQHGNTSPEISKQDEN-GKFKESLASDVLGLLNL : 150

► HaGAS1 : YESAQLRLKGENILDEASAFATKLSLVNILECSLAQOVQKSLRRPFFHCGMPMVEARLYFSN-YOECSAHDSTIKLAKL : 242
 ► HaGAS2 : YESAQLRLKGEKILDEASAFATKLSLVNILECSLAQOVQKSLRRPFFHCGMPMVEARLYFSN-YOECSRHDSLLKLAKE : 242
 LsLTC2 : YESAQLRGRGESILDEASAFATKLSLVNNLECNLAQOVQKSLRRPFFHCGMPMVEARLYFSN-YSEECATHECLLAKL : 240
 CIGAS : YESAQLRLRGEKILDEASAFATKLSLVNILECNLAQOVQKSLRRPFFHCGMPMVEARLYFSN-YDEECSTHESLPKLAKE : 241
 ► HaCS : YESAQLRLRGESILDEAGAFSKLKTIEKLDLTLAQOVKHVERPNRKHQVVEARLYFLF-DEETSRYDSLMLAKV : 242
 TEAS : YEASHVRTHADDILEDALAFSTIHLESAAPHLKSPLEQVTHAEQCLRGVVRVETRFESISYDKEOSKNNVLLRFAKL : 231

RxR
DDxxD

► HaGAS1 : HFNYLOLOQKEELRIVSXXWKMDMRQEATTPYIRDRVPEIYIWLGLGYFEPYRSLARIATKTLFLVLVLLDDTYDAYATIEE : 323
 ► HaGAS2 : HFNYLOLOQKEELRIVSXXWKMDMRQEATTPYIRDRVPEIYIWLGLGYFEPYRSLARIATKTLFLVLVLLDDTYDAYATIEE : 323
 LsLTC2 : HFNYLOLOQKEELRIVSXXWKMDMRQEATTPYIRDRVPEIYIWLGLGYFEPYRSLARIATKTLFLVLVLLDDTYDAYATIEE : 321
 CIGAS : HFNYLOLOQKEELRIVSXXWKMDMRQEATTPYIRDRVPEIYIWLGLGYFEPYRSLARIATKTLFLVLVLLDDTYDAYATIEE : 322
 ► HaCS : HFNYLOLOQKEELRIVSXXWKDLDLPAKTLVYRDRVPEIYIWLAFLEPEYSEVRITITKTLVLVLVLLDDTYDAYATIEE : 323
 TEAS : DFNLQMLKQELAQVSRXXWKDLDLVTLPYARDRVVECFWALGVYFEPQYQARVMLVKITSMISIVDDTFDAYGTWKE : 312

► HaGAS1 : IRLLTDAINRWDISAMNOIPEYIRFFYKILLDEYAELEKOLAKEGRANSVIASKEAFQDIARGYLEAEFWTNSGYVASFPE : 404
 ► HaGAS2 : VRLLTDAINRWDIGAMSOIPEYIRFFYKILLDEYAELEKOLAKEGRANSVIASKEAFQDIARGYLEAEFWTNSGYVASFPE : 404
 LsLTC2 : IRLLTDAINRWDSAMEOIPEYIRFFYKILLDEYAELEKOLAIKRAKSVIASKEAFQDIARGYLEAEFWTNSGYVASFPE : 402
 CIGAS : IRLLTDAINRWDISAMNOIPEYIRFFYKILLDEYAELEKOLAKEGRAKSVIASKEAFQDIARGYLEAEFWTNSGYVASFPE : 403
 ► HaCS : SRLLTDAINRWBSAMLQLEPYMKELYELLNEYDGPYKH---GRTNVETSKKAFIQDLARSYHGESEWRHAKVPSHEE : 400
 TEAS : LEAYTDAICRWIDINIDRLDPYMKISYKAILDLKDYKEKISSACRSHVICHAIERMKDVVRNYNVESTWFIEGTPPVSE : 393

► HaGAS1 : YMKNGLITSAYNVISKSALVGMGEIVSDEDAIWWYESHPOILOASELISRLQDDVMYTOFERERGOQSATGVDSYIKTYGVSE : 485
 ► HaGAS2 : YMKNGLITSAYNVISKSALVGMGEIVSDEDAIWWYESHPOILOASELISRLQDDVMYTOFERERGOQSATGVDAIKTYGVSE : 485
 LsLTC2 : YMKNGLITSAYNVISKSALVGMGEIVSNALAWYESHPKTLQASELISRLQDDVMYTOFERERGOQSATGVDAIKTYGVSE : 483
 CIGAS : YMKNGLITSAYNVISKSALVGMGEIVSGEDAIAWYESHPKTLQASELISRLQDDVMYTOFERERGOQSATGVDSYIKTYGVSE : 484
 ► HaCS : YMKNGITTSANVNLKTAIIGMNLVTREALAWYESYKTIYQSELIGLEDDVVSVEFERERAPATSVDAIMKTYGVSE : 481
 TEAS : YLSNLAITATTYYLATTSYLGMKSATEDD-FEWLSKNPKILENSVIIICRVIDETATYVEVKSERGQATIECCMRDYGIST : 473

► HaGAS1 : KVAIDELKKMIENAWKEINEGLKLPREVSMDLLAPILNARMIDVVYRYD-DGFTPGKTLKEYITLLFVGSSPM : 559
 ► HaGAS2 : KBAIDELKKMIENAWKEINEGLKLPREVSMDLLAPILNARMIDVVYRYD-DGFTPGKTLKEYITLLFVGSSPM : 559
 LsLTC2 : KBAIDELKMIENAWKIDNEGLKLPREVSMDLLAPILNARMIDVVYRYD-DGFTPGKTMKEYITLLFVGSVSM : 557
 CIGAS : KBAIDELNKMENAWKIDNEGLKLPREVSMDLLAPILNARMIDVVYRYD-DGFTPGKTMKEYITLLFVGSVSM : 558
 ► HaCS : NVAVKILKILVENGKDLNEAQLKPEVSVLMDLLAPIIGLTNMTIVAYSHN-DGLTFPKTLKEYITLLFVGVPEM : 555
 TEAS : KBAMAKFQNMABTAWKIDNEGLLRETFVSTEFLLPILNARINBVYIHNLDGYTHPEKVLKPHITNLVDSIKI : 548