

Additional file 4. Alignment of *Cryptons* and *Crypton*-derived genes in animals in fasta format.

```
>WOC_Dm
MFFNTKHFNLTTVEEH-----MQLSFHSHIMKHWRSSQN--SKVPG-----SRNVLLRFY-----PPQAGLDAN-----
PRKKKVYEQQENEENPLRCPVR---LYEFYL-SKCPESV-----KTRNDVFYLY
PERSC-----VPDSPVWYSTQA-----LGQDAL---QRMLHRVK-----MVKEINIA
-----LLTT
>WOC_Tc
MFFNTKHFNLTSVQEH-----MQLSFHSHIMKHWRNPNQPGVTRVPG-----SRNVLLRFY-----PPQTAIQNN-----
--TRKKKVYEQQENDENPLRCPVK---LYEFYL-SKCPESV-----KTRNDVFYLY
QPERSC-----VPDSPVWYSTTA-----LPQEAL---EKMLHRVK-----MVKEINV
A-----LLTS
>WOC_Sm
LYYNTKHYGLRLGTVH-----RQLAFSQFQIS-----ETAVLCHLP-----GNMFGESDDSTTLSD
ANPQHPQRCPPVK---LYKAYF-ARCPPEL-----LDSDSVFYLNPLY-----PP
QSDLWFSTNP-----VRPTTEL---QVILNRIK-----MVKEIQEA-----FMNSQ
>WOC_Acal
IYFHTKHFILKTAQEH-----MSLSFAQILKHLKKGVPKTGSTAS-----SKNVALRYY-----CLANGKKDGLAARKS---
--KEGVPVYEVTENFDNPLRCPVK---LYEFFL-SKCPESI-----KNRHDIFYP
VPERSC-----VPDSPVWYSTQT-----MDLHTM---DKMLTRIL-----LVREIQES
-----HLHAQ
>WOC_Sp
FFFNCRNLRMRSAEH-----SKLAFFRMQKLVKKAPVPS-----GKVSLRLRYF-----PPKKKNEAE--AGKKGAVLNIGXR
KKREY---DYDAETLDQSENTENPLRCPVK---LYEFYL-SKCPESI-----KMR
NEIFYLLPEHSC-----IPDSPVWYSATT-----LPDEEV---ERMLRRYG-----MI
QEVQAG-----WQQKM
>ZMYM2_Hs
FYFNTKYFGLKTVEQH-----LRLSFGTVFRHWKKNPLTM-----ENKACLRYQ-----VSSLCGTDNEDKITTGKRKH
-----EDDEPVFEQIENTANPSRCPVK---MFECYL-SKSPQNL-----NQRMDV
FYLQPECSS-----STDSPVWYTSTS-----LDRNTL---ENMLLRVL-----LVKDI
YDK-----DNYEL
>ZMYM2_Xt
LYFNTKYFNLKTVEQH-----LRLSFGNVFRQWKSNNPLTN-----ESKACLQYQ-----VTSLCESDSEDKIAPGKRKH--
--EDEEPVFEQLENTADPSRCPVN---IFDYLY-SKSPQNL-----NQRMDVF
YLKPESSA-----STDSTIWTSSS-----LERNIL---ENMLLRVL-----LVKDIYD
K-----KSYEL
>ZMYM2_Dr
FYLNTKYFGLRTPEQH-----LRLSFANVYGPSSSKPHSH-----ETTV CIRIP-----SISQEQHEQSGSKRRRK-----D
YCDSNFSDSGSGGSAHCPVKKHCECLYELYL-SKCPESV-----RQRTDFFY
MKPEVSA-----SSDSPLWFSSTP-----LEKSVL---SRLLTRAL-----LVREVYK
D-----NQPEE
>ZMYM3_Hs
MFFNTKYFGLQTAEH-----MQLSFTNVVRQSRKCTTPRG T-----TKVVSIRYY-----APVRQRKGR-----DTGPGKRKR--
--EDEAPILEQRENRMNPLRCPVK---FYEFYL-SKCPESL-----RTRNDVFY
LQPERSC-----IAESPLWYSVIP-----MDRSML---ESMLNRIL-----AVREIYEE
-----LGRPG
>ZMYM3_Gg
MFFNTKYFGLQTAEH-----MQLSFTNVVRQSRKCTTAREH-----LFVPFLAF-----PVMSQLXSYSVPPPFADGSTGKR
KR-----EEEMPMLEQRENKMNPLRCPVK---FYEFYL-SKCPESM-----RNR
SDIFYLQPERSC-----IAESPLWYSVIP-----MDRSML---ESMLNRIL-----VVR
EIYEE-----HSRLS
>ZMYM4_Hs
LFFNTKYFQLKNVTEH-----LKL SFAHVMRRTRTLKYS-----TKMTYLRFF-----PPLQKQESE-----PDKLTVGKRKR N
ED---DEVFVGVEMAENTDNPLRCPVR---LYEFYL-SKCSSEV-----KQRNDV
FYLQPERSC-----VPNSPMWFSTFP-----IDPGTL---DTMLTRIL-----MVREV
HEE-----LAKAK
>ZMYM4_Xt
LFFTTKYFQLKTVSEH-----QQLSFAYVMRRTKTMKYN-----TKTTYLRFM-----PPCHKSDTE-----HEKPSVGKRKR V
ED---EDGQFVME MAENTDNPLRCPVR---LYEFYL-SKCSSEV-----KQRND
VFYLQPERSC-----VPNSPMWFSTMP-----IDPGTL---DSMLTRIL-----MVR
EVHEE-----LAKAK
>ZMYM4a_Dr
IYFFT KYFNRYRTAEQH-----RLLSFGHIVRCSRSGKN-----TKVACLRFY-----PPKDEADG-----VPAKRRKEEGE---
EEDETVYEIKENS DNPLRCPVR---LYEFYL-SKCSPSV-----RQRTDFYLS P
ERSC-----VPNSPMWFSSISA-----LSDEAL---NSMLTRIL-----TVRELHLD---
-----TEKTP
>ZMYM4b_Dr
LFFGSKLLNLKTVEEH-----RRLAFSNVSHCSKTTKS-----GLTSYLRFR-----LPNKEEKE-----KKSPAGKRKRDEE
---SVEEFLEMPENVENPLRCPVR---LYEFYL-SKCSNSV-----KQRPDLFY
LQPEASC-----HPSSPVWYSAQP-----LDSTMM---ESMLTRIL-----AIQDIHL
D-----SKHQQ
>QRICH1_Hs
MFFNTKYFLLKTVDQH-----MKLAFSKVL RQTKKNPSNPK-----DKSTSIRYL-----KALGIHQ TGQK---V
TDDMYAEQTENPENPLRCPVK---LYDFYL-FKCPQSV-----KGRNDTFYLT P
EPVV-----APNSPIWYSVQP-----ISREQM---GQMLTRIL-----VIREIQEA---
-----IAVAN
```

>QRICH1_Xt
 MFFNTKYFLLKTVDPQH-----NKLAFSKVLRLRHTTKKNPSNPK-----DKSTSIRYL-----KALGIHQAGQKQKF
 SITDDMYAEQETENPENPLRCPIK---LYDFYL-FKCPQSV-----KGRNDTFYLT
 PEPVV-----APNSPIWYSTQP-----ISREQM---EQMLTRIL-----LIREIQEA-----
 -----IVVAS
 >QRICH1_Dr
 MYFNTKYFHLTTVEQH-----MKVAFSKVLRLRHTTKKNPTNPK-----DKSTSIRYL-----KGVGPHHVGGQK---V
 TDDMYAEQAEDPENPLRCPIK---LYDFYL-FKCPQTA-----KGRNDTYLTP
 EPVV-----APNSPIWYSTQP-----ITSEQL---EHMLTRIM-----MVREIQEI-----
 -----ISITQ
 >KCTD1_Hs
 WFETCMYFCTRGRENQ-----RELEEDSFGLAMDE-----DGRKFVYFKSLGPYHKSRSSSWSKKRA-----ES-----
 --SDEENLPRMYETGT-EFCPYA---SFVKYL-SKRNPCLC-----KAFFQRPR
 DHC-----SEGDV--TWYENKA-----IGKNLL---GTRMQMLS---K---AAKL-----SKTYTNHCIGAVSIATLNSIAGIG
 TKLGSPAPQG-CYAEALNG-----A
 >KCTD1_Xt
 WFETCMYFCTRGRENQ-----RELEEDSFGLAMDE-----DGRRFVYFKALGPYHKSRSSSWGKKRS-----CPGGSTM
 E-----SDEENLPRMYETGT-EFCPYA---SFVKYL-SKRNPCLC-----KAFFQ
 RPRDHG-----SESDV--TWYENKA-----IGKNLL---GTRMQMLS---K---AAKL-----SKTYTNHCIGAVSVATLNSIA
 GIGTKLGPPY---LTDLSLNG-----S
 >KCTD1_Dr
 WFETCMYFCTRGRENQ-----RELEEDSFGLAVDE-----DGRKFVYFKALGPYHKSRASWTKKRS-----D-----
 TDDDNLPRMYETAT-EFCPYA---SFVKYL-SKRNPCLC-----KAFFQRPRD
 HC-----SDTDT--TWYENKA-----IGKNLL---GTRMQMLS---R---AAKL-----SKTYTNHCIGAVSIATLNGIAGIGSK
 LAPLR---ASPETVNG-----A
 >1958a_Hs
 VKYNSQYLNMRTLQEH-----ADLMYGDIELLKDP-----QNQPYFART-----DSVKRESRSGS-----TRVC
 HGKIYHEHSRGHKQCPYC---LLYKMYIHRPPTQ-----MEAKSPFYLTARK
 EA-----TDMGSVWYEEQR-----MGLRSL---RGIVPNLA---K---KVKLEN-----CENFTFVSFTQVSRRLGS-----
 -----HSCCQ
 >1958a_Xt
 VKYNSQ-LNMRTLQEH-----ADLMYGDIELLKDA-----NNRPFART-----DSVKRDQANP-----NKMC
 YGQIYHEHSKGRRCPYC---LLYKMYTYRPTQ-----IEVHSPFYLTARKE
 V-----TGNEKIWYEEQR-----MGLRSL---RGVVPKLA---K---RVKLDQ-----CENYTFVSFTQTLKKFG-----
 -----PLHNY
 >1958a_Cm
 VKFNSQYFNMRTLQEH-----VDLTYGDIELMKDA-----ENRPFART-----DMVKRENKVCG-----NKLF
 FGQIYHEHSEGLKRCPYC---LLYKMYAHRPLSH-----REPSPFYLVARKD
 F-----SQLDSVWFEEQR-----MGLRSL---RAVVPKLA---K---KVRLEQ-----SENFTFVSFTQAS-----LLKPG
 KF-----LSVNS
 >1958b_Hs
 WLNNTKAFGHCTGFHG-----STLKWGDIRLRVTE-----TGLEYLEWM---GQDTGDLNNAKTKRGGTDS-----
 -----RVYATQHAPQTCVPQ---DYKEYA-QRRPPAM-----RYEDAPFYLSIKPV
 V-----NLAAL--HWYNCQA-----LGKNKL---AKMVKTMC---E---KGN-----PGRKTNFSVYQSCSTL---SEAQSNQ
 LVLICNN-LSQQAQ---SVAGH
 >1958b_Xt
 WLNNTKAFGHCTGFHG-----STLKWGDVRLRVLE-----TGLEYLEWM---GQESPD-VKIKRAGTEC-----
 -----RVYATPHSPQTCVPQ---DYKEYA-QRRPPAM-----RYEDAPFYLSIKPVV
 -----NLAAL--HWYNCQA-----LGKNKL---AKMVKTMC---E---KGN-----PGRKTNFSVYQSCSTL---SEAQSNQL
 VLICNN-LSQQAQ---SMASH
 >1958b_Dr
 WLNNTKAFGHCTGFHS-----STLKWGDVRLLTTE-----TGSECLEWT---YQDLSDPNARNRRSTTEC-----
 -----RIYATPHAPQTCPVE---DYKHFA-QRRPQAM-----LYEDAPFYLSIKPVV
 -----NLAAL--HWYNCQA-----LGKNKL---AKMVKTMC---E---KGN-----PGRKTNFSVYQSCSSL---SEAQSNQL
 VLICND-LRQQAVH-----SGSSH
 >1958L_Oa
 ILNIVRGFGALQCFQN-----VTVTWQGILKKR-----GNLEILEWH-----GDEN-----PSPDKKNYIT
 EKPEPEDCPIL---DYKEYS-RKRPLDM-----LSCNSPFYLAAPKPV---SV
 CDQ---IWFSKKS-----LLKTKV---KKLLKTLL---Q-----HIKRGSL-----K
 >1958L_Gg
 FVNIRGFGASTHNKG-----QNLYWQGVLRRDV-----AGLEYLEWK-----HDLNADGAVGESVP-----
 HLFARPNSPENCVPQ---DYKKYA-EKRPQDM-----LHDYDPLYLSPRHY---
 ---SVWDQ---VWYSRKS-----LTTAKI---GNMLKVIL---R---QVK-----ASEKKLR-----
 -----K
 >ATFIP7_Tg
 WFDLQLHFAKRGREIL-----RDLAPDAFVVEKDK-----NGRRYAMFR-----YPGKGKNGE-----DPQK
 MGKMYDMPGD-PNCPVF---SLELYL-SKLPPEP-----PAFYLHPLKLT---A
 --SEQMQEQPVWYKREP---MGVNYL---GTMMPRIS---V---AARL-----SQRYTNHSLRTTTIQLLCE-AGLGPREI
 MAVTGH-RSESAIRH-----YWGSA
 >AAVX010680
 WFDLQLHFAKRGREIL-----RDLPPDAFVIKRD---NGRRYAMLK-----YTGKGRNRE-----DPLKL
 GRMYDMPGD-INCPVT---SLDVYL-SKLPPDP-----PAFYLHPLKLT---A
 PEQIQEQSVWYKREP---MGVNYL---GSMMPRIS---I---AARL-----SQRYTNHSLRTTTVRLLCD-AGLGAREIMA
 LTGH-RSESSIRN-----YWGAA
 >CRE
 FLGIAYNLTLLRIAIEA-----RIRVKDISRTD-----GGRMLIHIG-----RTKTLVSTA-----GVEKAL
 SLGVTK---LVERWI-SVSGVADDPNN---Y-----CRVRKNGVAAPS-----A
 TSQ-----LSTRAL---EGIFEATHRLIYGAKD---DSGQR-----YLAWSGHARSARVGAARDMAR-AGVSIPEIMQAGGW-TNV
 NIVMN-----YIRNL
 >Lambda
 AMELAVVTGQRVGDLC-----EMKWSDIV-----DGYLYVE-----QSKTGVKIAIPTAL-----HID-----ALGI-----
 -----SMKETL-DKCKEIL-----GGETIIAS-----TRREP-----

--LSSGTV---SRYFMRAR-----K-----ASGLSFE-----GDPPTFHELRSLSARLYE--KQISDKFAQHLLGH-KSDTMASQ-----
-----YRDDR
>FLP
LFLATFINCGRFSDIK-----NVDPKSFKLVQNKYL-----GVIIQCLVT-----ETKTSVSRHIYFF-----S
ARGRIDPLV---YLDEFL-RNSEPVL-----KRVNR-----
--TGNSSS---NKQEYQLL-----KDNLVRSYNKALKKNAPYSIFAIKNGPKSHIGRHLMTSFLSM-KGLT-ELTNVVGWNW-SDKR
ASAV--ARTTYTHQITAIPDHYFALV
>FLP_Klac
LLLGAVGNCCRYSDLK-----NLDPRTFEINYNSFL-----GPIVRATVT-----ETKSRTERYVNFY-----
-PVNGDCDLLI---SLYDYL-RVCSPIE-----KT-----
-VSSNRP---TNQTHQFL-----PESLARTFSRFLTQHVDEPVFKIWNNGPKSHFGRHLMATFLS--RSEKKGKYVSSLGNW-AGDRE
IQSAVARSHYSHGSVTVDDRVFAFI
>Tn916
EILILLKTGLRISEFG-----GLTLPDLDFE-----NRLVNIDHQLLRDTEIGYYIETPKTKSGE-----
---RQVPMVEEAYQAFKRVL-ANRKNDK-----RVEIDGYSDFLFLN-----
----RKNYP-----KVASDY---NGMMKGLV-----KKYKNYNEDKLPHTPHSLRHTFCTNYAN-AGMNPALQYIMG
H-ANIAMTLN-----YYAHA
>XerD
MLEVLYATGLRVSELV-----GLTMSDISLR-----QGVRVIGK-----GNKERLVPL
GEEAVYWLETYL-EHGRPWL-----LNGVSIIDVLFPS-----QRAQQ---
-----MTRQTF---WHRIKHYA-----V-----LAGID-----SEKLSPHVLRHAFATHLLN-HGADLRVVQMLLGH-SDLSTTQI-----
-----YTHVA
>At_Ti
MLLIGYAGGFRSEIV-----GLDLK-----ADQTEDGRGWIEILDKGMLVTLR-----GKTGWREVEI-----
--GRGSSDATCPVA---NVETWI-KFAKLAH-----GPLFRRVTGQGKS-----
-----VGSER-----LNDKEI---ARLVKRTA-----M-----AAGIRGDLAIEIR-----QFKFSGHSLRAGLASS---AEVDERYVQKHLG
H-ASAEMTRR-----YQRRR
>Vlfi_AcNPV
VFCIMLGTGMRINEAR-----QLSVDDLNVLIKRGKLH-----SDTINLKRK-----RSRNTLNNI-----
-----KMKPLE---LAREIY-SRNPIL-----Q-----I
SKNTSTP-FKDFRRL-----E-----ESGVE-----MERPRSNMIRHYLSSNLYN-SGVPLQKVAKLMNH-ESSASTKH-----
---YLNKY
>DIRS1
LVLCKMFGLARSSDLV-----KWSFKGLIIT-----PDSIKGPVI-----NAKEQRSGVVSILE-----LTS-----LD
DTNSQVCPVR---HLATYL-RASKGRR-----KPHSGDSVFIK-----N
EVNR-----SKLMIL---TQIVLSTL-----S-----KSGID-----IVKFKSHSTRSAMASLLVS-NNVPFHVVKMGRW-KSNDTV
DT-----FYDKR
>Kangaroo
CCQFMWHTSYRGHDTG-----KLRLRDFRDPRG-GGPFGRGFPLPLDPFGAYPSLSLRIEQL-----GKTSTKGRRAPPLE-----
L-----RPDPSPRHCFLR---TLALYW-QLCHAPD-----APPGSAISDYLFRPTDRG
HQR-----FVERP-----FSSSAL---AMRVGKHL-----E-----EAGV-----YVGQTPHGFRRGTIQTATQA-AGA
SRAELHAFSQI-RSAQVLER-----YTDAS
>Pioneer1
RCRCRCRSTRSCDTC-----GARFASRPATWPYWCTCATSCASCSCGRPLSAPTTLASAWATSWTQCGRTSPTRAFCRL--
-----RRGSTCAVCPAS---ASRAGY-QDVPPGCACHLAGASTCGAGLLHTARAGVVHVVPAGVPP-----
-----TCCSGPSLRTSA-----ASRTP-----LRTSTL---SARLKLHL-----Q-----AAGL-----YAGESCH
SFRRGALQAAAG-GGATSEELMGLSHI-RTPAVLGR-----YLDEE
>DIRS-1_CR
CVLLLWQTAVRGHDLG-----KLGTDGFVNPDNTALPFQGFPLLPWQWGSYLGPILCFCER-----GTKTHKLARAPPIF-----
-LM-----PDVAEPRLSIPR---VLALYM-ALCSAAD-----APPGSAVADLLFRPLAP
DGKR-----FKETP-----LSSAM---GARLRMHL-----V-----AAGL-----YGGETVHSFRRGSLQNAQA-VG
LPPSSLLDLGQL-RTPAVLER-----YLDSS
>SPPat1
LLILCFTGFLRYDEAR-----SLKCNDSVIY-----DDYISLNI-----KSKTDQYRQGNVSV-----ISA
GVTEACPVK---MVKKYI-NVARISL-----DSNHFFFKPAYRSKGVSALI-----
---RKDKP-----LSYTTARERVISLLKEVC-----G-----DANL-----GLHSLRAGGATMVAN-TSTKDRLWKIHRW-KTD
KAKDG-----YVVDI
>DIRS-1_SK
MILLCFSAFLRFDEVS-----SLRCCDVTVF-----DGHIAINIT-----RSKTDQYREGNSV-----VAT
IDSVACPVS---MLRRYV-KAASIDL-----SNSLFLFRPMVRSGVKCAFV-----
---KHKK-----LSYTRARETIVCRLKEV-----G-----GANL-----SFVLHSLRSGGATAAAN-AGVGDRCWKRLGRW-RS
ESALDG-----YMMDS
>DIRS-1_SP
CFLAAFWGFLRIGFT-ANSRSTSDVSLEGRDVIVDGSAP-----RRHVLHIR-----SSKTDQQGGGCYL-----M-----
-----PEADGCLPCPVQ---AVLDYM-AIRPQSS-----GAFFCR-----
-----FDGNH-----VTRREF---TAVLRKCL-----S-----FLDLP-----VARFTSHSFRIGAATSAAM-AGFDSGEIQNMGRW-SS
DAHKR-----YVRIN
>DIRS-32_AC
AYTTAFFGALRLGEVV-ADSKSDGSGRALQLRDVSIG-----HNSLVIRIR-----QSKTDQGGRGASLN-----I-----
-----QGLEPGRPCPVR---ALSEYL-HMRRSSP-----GTLFIH-----
-RNGTP-----LSRYQF---MAIFRSAL-----X-----GLGLP-----AAEYGGHSFRIGAATTAAV-GGVVVDIIKTMGRW-KSAAY
AS-----YIRPG
>DIRS-53_XT
LFVIVYFAAMRISEAV-APNKLTGPGILRK-DIALM-----GDRLRINIR-----VSKTDVAVGKGCIW-----L-----
-GHFVDSLCPVR---NFQTFC-DIRPESD-----GPFFMH-----
RNGEY-----LSRFQF---NKVFSMCL-----K-----KLGIP-----DKNYRSHSFRIGAATQAAL-WGENERMIKKIGRW-SSNR
YKL-----YIRPS
>DIRS-25_NV
ACNLAYFGFLRSAEFTVPNAKSFSPALHLQLSDLAFDERSN-----PSCVRVWIK-----ASKTDPFRKGCYIH-----
-----IGRGTYPLCAVD---ALSTYI-IRSGDIQ-----GPLFQF-----
---QDGRP-----LTRAKL---TTWLRISV-----A-----AAGI-----PXNFSSHSFRIGAASVAAQ-NGIPDHLIQLGRW-RSGAY
QL-----YIRTP

>DIRS-9B_DR
 MFTLAFGFLRCSEIT--TTSKFNPSIHPTISDLTVLD-----KETISFFVK-----QSKTDQIRKGGHHY-----
 --IFDIPSPTHHFQ---TLLAFL-QFRKLQD-----PNPLSPLFTD-----
 -DYNRP-----VTRFWF---QKHLKEIL-----R-----LSGLS-----PDSFSSHSFRIGAATTAH-NGLSQSQIQALGRW-SSDAF
 NS-----YIRFS
 >DIRS-30_NV
 MCLTAFFAFLRVGEMT--VNQKEANLPLQLHQLSPILNSDNKVTGYKVSFQDFKHSYNQPTFSITIN-----RQK-----
 -----GICPVT---ALTEYL-RLRGSRA-----GALFLG-----
 -----IDGSP-----VSRSTF---SSLLCQAI-----K-----YCGLD-----SSKYKGHSFRIGAASHVTN-LGFSDAQIRTLRW-KSN
 AFLR-----YIRIA
 >DIRS-23_NV
 M-----ARIANIVPLSIKAFNPTRDLTRGDVLCN-----EHGLIVTFK-----HTKTIQFGQRRLLHI-----PL-----
 LRIPGSLLCPPVA---AYNNMI-RLVPASA-----RKPLFLLLGH-----S
 GPFA-----LTKSRF---VTEFRLAL-----C-----SVGVAH-----ADSYRGHSFRRGCASWAFN-HGVPGELIQLYGDW-ASDSY
 KL-----YLEFS
 >DIRS-1_NV
 VMLMSLVSAQRGQTIH-----MLNLKDMINE-----ETGITFVMS-----VPMKQTKPGSKSVTV-----QFK-----
 ---PYHVDPTLCVVT---ALREYV-LRTETLR-----GECKQLFISYL-----
 ---KPFKP-----VSRSTI---SRWVKVVM-----K-----TAGIN-----TDKFKPHSTRAASTSNANI-SSVPVDQIMSVAGW-SSAS
 TFAK-----FYNKP
 >DIRS-2_NV
 TMLIALLSGQRCQTLH-----ALDISTMDLT-----DKHCIFYIQ-----ELLKSSRPSKHFGRL-----ELK-----
 AYENDKRLCVVT---IKEYV-ERTKLLR-----GNDSRFLISFQ-----
 KPHKP-----ISTDTI---GRWLKKVL-----A-----KSGIN-----INKYSAHSTRSASMSAGKT-ANISIKTIMDAAGW-SNVGTF
 RT-----YYDKP
 >DIRS-1_DPu
 ATLFALATLLRVSELA-----SIPFSSIKFT-----ENSQFALS-----KPRKAQRNGPLQSFT-----L-----PAC
 PDSACPVA---SLRSYV-ERTGTNR-----PSKDEGMLFISTI-----AP
 FGP-----VTSNTV---GRWIKNFL-----K-----TAGID-----TSIFSAHSTRSAAASLAVA-RGLSIDAVLQAGHW-ASQTTTFGR--
 -----FYNRG
 >DIRS-10_DR
 ALLVALASVKRVGDLE-----AFSVS-----DSCLEFXPAYSHVVLPRPGYVPKVPTTPFKDQVV-----SLQ-----AL
 PAEE---ADPALSLLCPVR---ALRTYV-DRTQSFR-----SSDQLFVCYGGG-----
 -----QKGSA-----VSKRRL---AHWRVDAI-----S-----LAYLSQGEPC-----PPGVRAHSTRSIASSWALA-RGASLTDICRA
 AGW-ATPNTFAR-----FYNLR
 >DIRS-2_DR
 AFLLAISSLKRVDLQ-----ALSVA-----PSFLEFAPGMSKAFLYPRPGYVPKVPT-HVARPA-----VLQ-----AFH
 PPPFQSSDQEKLNLLCPVR---ALNTYV-NRVINWR-----KSEQLLVCFGPS-----
 -----KRGSP-----ANKQTI---SNWIVETI-----S-----FTYQAAGRPA-----PKFVKAHSTRAVGASKASI-SGSALSIDICL
 AAGW-STPHTFVR-----HYQLD
 >DIRS-23_XT
 VFLVAVCSARRVGELQ-----ALSCK-----NSCLQVFPD--RIILKADPLFRPKVSSNFHRNFEV-----ILP-----AFFA
 EPRNK-VEEKHLHLLDAKR---CVLFYL-NKVKPFR-----ISHNLVFSFWGK-----
 -----NKGKR-----ASKTSI---SRWIKQAI-----S-----LAYSASGKSI-----PPNLKAHSTRAVSASQAEV-GGVSDQICRT
 ASW-ASFRTFAE-----HYRLN
 >DIRS-9_XT
 LFLVAVASACRVGELQ-----ALSCS-----PGHISFLHD--RVILKPVKSFLPKVVSTFHLKREI-----SLP-----VFSA
 DVQ---NLEELQKIDAVR---CLKHYL-EVSNFSR-----RSDKLFVIPAGC-----
 -----RKGLG-----AATSTI---SRWITICI-----E-----KAYQAQGKLA-----PEGLRAHSTRAVSTSWAAW-AEVPQAQICEVAS
 W-SSARTFIR-----HYQLD
 >DIRS-1_XT
 VFLVAISSIRRVSELS-----ALSCS-----PPFLIFQED--RAVLRTTPGFLPKVVSPFHINTEI-----SLP-----SFCNSP
 SNE-KEAKLHRLDVVR---ALRTYI-SRTKSLR-----RSDALFVLPSPG-----
 -----KKGLP-----ATKTTL---ARWIKAI-----R-----RAYLAKRRTP-----PLRLRAHSTRALGASWAHR-HMASADQVCKAA
 TW-ASLHTFTK-----FYQFN
 >DIRS-8_XT
 TFLIAITSAKRVSSEMA-----ALSSK-----EPWLTLLHHD--KAVLRTSPGFLPKVVTERHMNQDI-----ILP-----SFC
 PKPSNE-KERLLHKLDDVVR---ALRIYL-KRSADYR-----QSESLISYSTT-----
 -----QKGKA-----VSKRTI---ARWLVEI-----H-----TAYDRKNVPR-----PFAVKAHSTRAQSTSWALQ-NLATADQICRA
 ATW-VSPNTFIK-----FYKLN
 >DIRS-1_ACa
 AFLTAITTARRACELC-----ALRAD-----EPYLRFHKD--KAVLRTDISFLPKVVSFHLSDI-----ILP-----AFFQ
 NPVSP-LEHALHALDVRR---ALAYYV-DRTRAYR-----KSPRLFVKYRQD-----
 -----AMGLP-----ITSQRL---SAWIVAAI-----R-----LAYNLAGREP-----PTTLKAHSTRAVATSCAFM-KGVPLEEVCRA
 ATW-ATPSTFVS-----HYKVD
 >Cry_Cn1
 AQAVGIHGLLRADDQL-----RITLSSMSLRLF-----E-DEGPTP---CRGVVFAIR-----EGKTTHDGGIQYST-----LLR-----N
 KDV-----TRCPVS---FLVLYL-FARFHFSE-EPFINSVDFPSPSLKNRQDWYHIPLFVSRQSNV-----
 -----TR-----LKYDAL---NKSVRKAL-----Q-----SCNI-----HCRASHTTSRKWGAQLAED-GGAPEE
 DIMRQGRW-CTKVMETV-----YLSKF
 >CryF1_CGlo
 DFLFGNHMLLRQSNRR-----PMELPDCFRLEL-----P-NEGQKSKEFPTYALVVMN-----QGKTNQHGHRMEYGA-----AL
 R-----HRDA-----RCCLVS---ALAFYL-FWRWQVEQVEP-----FPTFQCEDWYDIKVLRRSAKEAT-----
 -----KE-----LSAQTA---NSWTSRLY---A-----ACGI-----RTSKISHAPRVAAAQNADM-DGA
 SEGQIRIRAGRWNNGDQLTGC-----YLTSL
 >CryF1_TS
 CFLFGNSMLLRSLNRL-----PMELPDLFSMPL-----P-NEGPKGK---GWCLVTVMD-----QGKTNQHGHRLEYGA-----ALR--
 -----HRDH-----QSCLIG---ALATYF-FWRWHCSG-ES-----FPCFRTSQDWYNIKVLKRDNNHLT-----
 -----EP-----LSDSTA---ASWTRRLY---S-----EAGI-----KSSKVTHAGRVSGARLAEL-NGVSE
 DQIRRGGRW-NADQMTGC-----YLTTL
 >MarCry1_FO
 DLLFGHYLLRGENRR-----KMELADLSLLDY-----PSSEGPTP---CGCLVTLLR-----DGKLNKTAKKEFMG-----ALR-----

--HKDP-----LFCTQG----ALAQLF-FWRWHVAG-EP-----SPSFRRRQDWYRIKVLV-GRDRE-----
-----QE-----LSYPTQ---LQETWRIF-----G-----AAGL-----MASKKTHLPRRVGAQDAET-HGTSLA
QISQAGRW-NQSVLCQA-----YLTRL
>CryF1_CI
DFLMGHSMLLRGESRR-----TAQLADLFTLEL-----T-NEGPTP---CFPMVLIMG-----NGKTNQMGWIEYAT-----VMH---
----HRNL-----LLCTMA----QTAFYL-FYRWDIRV-EP-----PPQFHNHQDWYQLHLIK-RDDVR-----
-----KP-----LSYKTQ---LDWIRCIY---S-----GTGL-----SGLKKTHAGRAAGARHAEQ-VGVSEG
QICRAGRW-NSDALSCQ-----YLTNI
>CryF2_TS
DFLFGHNMLLRGEDRR-----HLELADLFTLRM-----DEGPTP---CWPMILMKL-----NGKTNQFGRLEYMG-----VVR---
----HKDP-----LLCTIC----HTAFYL-FHXWEIMH-EP-----VPQFYQRQQWYKXVLFK-GSDSE-----
-----HS-----FSYETQ---LKWINQVF---Q-----SIGL-----NSKKKTHSGRSSGARHAEL-QGV DEN
SIRRAGHW-NQDSMSNC-----YLSEL
>CryF1_RO
CFMSHAMLMRSETAL-----GTQLPDLFIMEL-----K-NQGPST---CFAIVATIT-----FGKTNKDGKIYGS-----ALR-----
HRDV-----EVCPHG---AFAQYF-FSLFHHQN-LP-----FPNFSTRRDWY-----
-----CGV-----HSSKLTHINRKSAINMVAN-EGVSGDQQRQVGRW-GSDRMVGC--
-----YLSGL
>CryF1_PI
SHFLCHACLLRGESAR-----NLDLPDLFSVIL-----E-HEGFTE---CRALVMIME-----QGKTNQFGRREFGS-----CIR-----
HRNV-----EVCPLV---ALALYL-FWRWSVQK-EA-----VPDFLVPERWYDIKLLK-SNKDIT-----
-----TP-----MTYRAH---YDATVKAF---S-----ALGM-----RSKAKTHAARGSGARMAEL-AGATESQI
RRLGRW-NASAMEGC-----YLSAL
>CryF2_PS
DFLVGHALLARGESRR-----FIQFPDMLSLEL-----T-DEGPQV---CSPLVVIMR-----KGKSNQVGRVEYGA-----AMR-----
-CKDV-----MLCPLN---AVALYL-FWRWHVDL-EP-----FPSFTDRKLWYDIRLLK-GKCAT-----
-----RD-----IAYNTQ---LEHVKSFAF---T-----ACGI-----DSSVWTHANRSGAKLAEL-QGADENQIR
RAGRW-NGERMEAC-----YLTTL
>CryF3_PS
AFLLSHYALMRGESAR-----LMELADLHSIVL-----E-NEGYSV---CRALVMVMT-----QGKTNQVGRIEYGA-----CMR-----
--SKKV-----EICGHG---LLGFYL-FWRWHVDK-ES-----FPDFTKSEQWYPIKLLK-TGKDPT-----
-----KP-----MSYKVH---RAAIVDAL---D-----HIGL-----RSRAKTHLGRGSGSRMADL-GGASEA
QIRRLGRW-NTQAMEKC-----YLTSL
>CryI1_NVi
VLIFGILGALRRGELT-----NITDDIEDD-----STRLLIKIP-----VTKNNVPRSAFV-----RG
EFYQ---ICKNYM-NLRPTEI-----DKHKRFFIHIDGK-----CTRQP--
-----IGLNTI---GQMPKQIA-----D---WLKLPN-----PHLYTGHSFRRTSATLLVD-GGGNLTDLKRHGGW-KSSTVAEG---
-----YINES
>CryI1_TC
VTIFGIFGACRCDELL-----SLTPNDVEDT-----GKYIHTLR-----NTKNFTTRRFTIT-----DEE
CRFQPCV---LYRKYA-SLRPTQA-----ESLRLFLTYRGGK-----CISL
N-----AGQHTI---GGIPKKIA-----S---YLKLSE-----PELYTGHSFRRSAATMVVD-SGGDILALKRAGGW-KSSAVAEG--
-----YVEDS
>CryI2_TCa
ALIFGIAGALRREELY-----KMKCEDVNDT-----GNVLIITVP-----DTKTHIERRFTVI-----GETP
KHNLNLDI---IYKKYK-NQRPTNV-----KTDHFFLQYRQ GK-----C
KTQV-----VGINTF---SKIPSQIA-----T---YLNLPD-----PSSYTGHAFRRSSASLLVD-SGGDLMQLKKHGGW-KSSTVA
EG-----YVDES
>CryI1_RPro
VFVIGISGACRSCELV---QLELSQIKFL-----EDFITINIP-----NTKNNVQRTFFIS-----NEVG
LYNFKQ---IFQQYI-NLRPKHT-----KHPRLLVGYNHGK-----CNIQ
P-----VGINTI---SKIPSRIA-----K---YLKKDN-----FQRYTGHAFRRTSASLLAN-EGGDLIQVKKHGGW-KSSTVAEG--
-----YIERS
>CryI1_AA
AMVVGVCGACRREEIT-----KLTLNDIEDM-----GDSVKITIP-----NTKTKILRQFVITA-----G
NAPGVDMLK---LFRSYR-QLRPADT-----NHLRFFVCYRSGK-----
CTKQP-----IGINTI---AKMPKIIA-----E---FLKLPS-----PADYTGHCFRSSASLLAD-SGVDISVLKRHGGW-KSSTVA
EG-----YVENS
>CryI1_CQ
ALIIGVYGACRREEIM-----KLSLDDIEDL-----KDSIKITIP-----NTKTKIMRQFIVTK-----GEA
PGVDMLK---LFRLYA-EKRPAGT-----GHSRFFVSYRFGK-----CTK
QA-----MGINTI---AKLPIIA-----E---HLKLPS-----PELYTGHCFRSSASLLAD-SGVDISVLKRHGGW-KSSSVAEG--
-----YVENS
>CryA1_NV
WFNLCYYLGRRRGREGW---RGLTKTSLEFKHDD-----LEQKYVCIK-----HTEQSKNYQGGY-----KQK-----D
QDYSDLRMYGIPGS-PLDPIA---ALEKML-EKLHPEC-----DALFQTPLVN
F-----DKKGS---CWYKNEP-----LGKNSI---SKLMPKIS---Q---KAGL-----SKVYTAHSVRALTITSLHQ-AGDDAK
QICAITKH-NNEQSLSS-----YIKDS
>CryA1_SP
FMDVMLYFCNRRGRENL-----REMTLDSFDICDE-----GGKCSITLK-----DTLTKNNR-----ADK-----LEKSQ
GGVMIPTNG---PRCPVA---SFLRYK-DKLNPPC-----KSFWRQRPANAQAK
RELKSNPSSD---QWYCNAP-----LGKNSI---GDKMKTIS---S---RAG-----TKAYTNHCLRATSISTLQN-AGFRDR
EIMSVSGH-KAETSLKH-----YAMTS
>CryA2_SP
FVDFMTYFCNRRGRENL---RELKPDDFRLETDE-----DGLRYITKR-----DQLTKNNR-----EDD-----DEVS
NNGVMYEPGS-SKCPVE---SFMQFV-SKLNKDC-----PFLWQKPKAKK--
-----PEDGD---NWYCNAP---VGKNTM---GNKMKQIS---Q---KAGC-----SKLYTNHCLRATCITTLDR-AGFESRDI
QSVSGH-HSEQSLRN-----YCNTS
>CryA1_SK
WFSIMLYFCRRGREGQ---RDLRGSHFMVKSDD-----NGSKYVIQV-----GSEVSKNHQ-----CD-----DDGV
SGGIMYANNNSPRHCPVR---AFELYL-SKANRRRC-----DALFQRPDNY--
-----SADDD---VWFENKP---IGKNLT---SEMMALIS---K---CASL-----SQRYTNHCIRATSITILSE-AGFNNRHTM

SVSRH-RXELRAGY-----XN
>CryA2_SK
WYNTVHFGLRGNTEH-----RNCWGDVSLCTDS-----SGREYLEFS-----ERQTKTRTGE-----NPR-----DT
RKVKPKMWDVPANPRRCPPVA-----IFKKYL-SLRPAGY-----TNSDDPYIATH
SRGL-----PRPGE---QWFRHQ-----IGINKI---GSLMKNMA-----T-----AANLPP-----NKRLTNHSARKHLIQKLS-D-QNI
PPTQIMQISGH-RNIQSVNA-----YSTIS
>CryA3_SK
WYNTTKLFLGRGNEH-----RQMEWGDVVLQSD-----ENGEFLVYN-----ERLTCTRHE-----PG-----NTR
SFAPKAYATPKTPDICPVR-----AYKAYA-AHRPDRM-----NCSSAPFYLGIEYV
PC-----TIAGK---IWFRNQ-----MGINKL---TTIMKSMS-----K-----AADL-----TGKLSNHSARKTCVQRLLD-AGVPPN
TAAQLSGH-KNVSSLNR-----YSVPN
>CryA1_OL
WFDIQLCLARRGREGC-----RELTMAFSIHRDE-----AGAEYLSLS-----HNPDTKNHKTP-----NDP-----HKQ
NLRGFMFARPGD-PLCPIQ---SFKKYI-SKCPPDA-----KSFYLHPKRSV---
---TAAAE---VWYSREP---MGVNYL---GAMLKKIS-----E-----EVGL-----SQIYTNHSLRSTAVGRLSD-AGLESRQIMS
VTGH-RCESLQA-----YWAPS
>CryA1_LG
LFLFGLHFLRAAQEH-----RNLRFGQLSVKYDL-----EGKKYLQYI-----EDVSKTNQGG-----LDH-----RKV
SPKMTRAYENSNPLRCPVR---LYEKYI-ALRPKNG-----TVDAFYLRPKKM
P-----CSDVWYCDSP-----VGIHTI---QSTVKRLC-----Q---SAGI-----IGNFSNHSLRATAATRLYQ-AGVDEQLIT
EKTGH-RSNAVRA-----YKRTS
>CryS1_Alai
LLSLLWYMFGRASDLS-----LVRKQNVSVDA-----GGVFFVRFI-----RVKTCEEQGLSIF-----PD
-TDFITCPLY---AIALAL-ITQTAPHADLL-----ENLPV---QLPSTSVVLSPETPLIDL-----DHPPAAVIGHQDT---
-----ITTGPAMSS---TLHIHV---NRLDRVA-----K---RAGV-----EQQLTSHSFRRGGAQHANSSSQLTARW
IFDRGAW-NMSTTNKA-----FNYVFNT
>CryS1_PU
LLALLWYLFGRASDLL-----LLQKQHVSVCS-----RNVFFLRFV-----RVKTAEEQGLTLF-----P
DR-NFVTCPLL---AIALAL-ATQRRASPLL-----DHLSDV---QHEEGCDALPASISLMERL-----LGSAAAVDGTK
ER-----AASAP-----GVHSYV---NRLLRRIA-----A---KAGV-----SKPLSLHSFRRGGAQHANGEPDVS
LQWILDRGAW-NLSTTNKA-----FAYVFNT
>CryS22_PI
LLTMMWHTFGRAVDTC-----FARKQQLSISA-----SGELFLHIA-----RIKTSMVQGVSIY-----KS
PERWQQCMLH---AFGLLF-ICYDEPSEYLF-----PLAPNFAESDLPGNKPYSQEEAVL---YWGQLEDDNSTS
EPPQKR-----ERKRP-----NIASYI---TEVIRDSL-----KSMPPDLSQTV-----TPNMTSHSIRRGAAAYAN
ASPKLSIQWISTRGAW-LLESITKA-----FAYIGTT
>CryS1_PTri
YLTLTRYLAGRGQ-EVA-----MISRSRVS LGEPSEWADSG-----DKTFVVRLW-----RSKVSHEQDLSIV-----
---PHQSEMLLDWVF---AFAYSA-VMNTNPNDSLFPTFAEKVELRNLSAGNINDEEIGNETTQDST-----
-----LKAKV-----DSSKKVTKYFQALLERLIKTLTGEET---TVGLDPPANAAYYSGLLKHKGISAGLSTHS
AKRS-AVEMANESALLLTWVCFRAGW-LMKAVHTI-----FDYLSFN
>CryS2_PU
LLVTQWHCMGRAVETG-----LRHSSMKFVPKP-----IGALQFIVG-----RSKTNVHQHVHAF-----
CDRESWEADIFH---AKASHL-ATCANVD-----DE-----FQF
RN-----VTAKMI---NTILSNVC-----G---QAGAE-----LSKFTSHSGRRGCASEALSHNGVSVTEVIARGGW-AFDAVSR
V-----FLYFCGR
>CryS12_PI
LVMMWYMYGRSSDAE-----QLEKQQLSILP-----GGVLFLRFK-----RVKTALLQGSLF-----K
DPSNFLTCPLF---TLASAL-AMQTAPSKRIF-----PQFLSTRSTTCAVDVEELSLVELL---EADSIPALLEDSDQ
SAP-----KRTVP-----GAQAYV---NRLIVRVK---TLGDEK-QIRL-----TTGLTSHSFRRGAAMHAND-G
SVAENWIERGGW-QLDRVNKA-----FGYMLGT
>CryS9_PS
LLNLWYLLGRSSDTM-----CLVKNQVAVYP-----GGCLFITFK-----RMKSASYQGASIF-----HD
PNDFSSCPIH---ALALAT-IMQSTPSEFLM-----DQLPR---DTQELLPTGETPLRELL---DARTSPATSNSSES
PT-----PKAPAKKATVP-----GIHAYV---NRVLQKWS---GVCQTE-GTNL-----TPGLSSH SFRRGAAQAN
SDSKISTPWILDRGGW-SMSAVSKA-----FNYIVGT
>CryS18_PI
LLALMWYAFGRASDLG-----FVAKSNLTVSA-----DGVVVFVRL-----RVKTSEEQGLSIF-----PD
QVSFVTCPLH---AIAMAL-VMQDTPSSRL-----DHPQLA---TGDEERIVTPTDISLAEAL-AAC-DGDDTETASET
SSKPR-----TKKRKTNDE---SMKIHAYV---NRIVKSAS-----EAQA---RARP-----TPNLTSHSFRRGGAQH
ANGDASLSAQWIFDRGSW-NVTSTSKA-----FAYVFNT
>CryS4_PS
LLSIMWYALGRASDLA-----FIQKRNLVSGS-----GNVLFLRLI-----RAKTSEEQGLSLF-----PD
KSSFITCPLH---AIAMAL-AMQTFPVSSVL-----DLEHLSGLNVGDEAP-ATEATPLTDAL-VHCSDDEPANATP
EATSPR-----RKSTP-----LKMQGYV---NRVLKAAS---ARQA---DAGV-----SSGLSSH SFRRGGAQHAN
ADASLSPQWIFDRGSW-NMTATNKA-----FAYVFNT
>CryS1_PS
LACLMWHCFGRSSDLG-----YISKQHITVSA-----DNVFFYVRL-----RVKTAEEQGLTLV-----P
DRDDFLT CPLH---TLAVAL-VMQEAPCVSLL-----SQLPA---LATTAGTSLDAGAPLLEVLRVSVADSSDTAAALE
ASLSPPSTASLLPTPSPSSNPSQATTASLPAQLTASSPARSSLGRGEDGVQAYV---NRFLKRVA-----E-----PAGA-----TSN
LTSHSFRRGGAQHANGDERLAAQWIFDRGSW-DMTRTNKG-----FAYVFNT
>CryS1_HAra
LVCLMWHVFGRASDLS-----LVLKQGLSISA-----NNVLFVRLI-----RVKTSEEQGLSLF-----PD
KETFTCPVH---AIAVAL-LMQSAPCISLL-----PQLT---KIDVSDPASTVSIPLVELL-----EGGCHVEAGHIKE---
-----TTSGPANTR---APGVHSYV---NRILKNSA---K---RAGV-----ESELTSHSFRRGGAQHANGNPQLS
AQWIFDRGAW-NLTATNKA-----FSYVFNT