

gi 41387168 gb AAS01524.1	MWKLKVAEAGGNPWLRITVNNHVGRIQIWEFDPKLGSPPEELAEIEKARENFFHN	50
gi 41387158 gb AAS01523.1	MWKLKIAEGNGAYLYSTNNFVGRQIWEYDPDAGTPEERLEVEKLRETYKY	50
	*****:***.::*:*:*.*****:***.*:****:**:*:::	
gi 41387168 gb AAS01524.1	HRFEK--QHSSDLLMRLQFANEN-PRHEVLPQVKVKDIGDISEDKVITTL	97
gi 41387158 gb AAS01523.1	NLINNGIHPCGDMLMRLQLIKESGLDLLSIPPVRLGEQEEVNYQVVTTAV	100
	:::: :.***:***: :*. :*:***: :*:**:::	
gi 41387168 gb AAS01524.1	KRALSFYSTLQANDGHWAGDYGGPMFLMPGLVITLSITEALNAILSKEHK	147
gi 41387158 gb AAS01523.1	KKALRLNRAIQAHGDHWPAAENAGPMFFTPPLIALYISGAIDHTLTIQHK	150
	*,** : :***:***.::*.***: **:**:**:**::*:**:	
gi 41387168 gb AAS01524.1	REICRYLYNHQNRDGGWGLHIEGPSTMFGSVLNYVTLRLLGEGTKDQGGA	197
gi 41387158 gb AAS01523.1	KEMIRFIYHLQNKDGGWGFYIEGHSTMIGSALSYVALRLLGEGPDDGDGA	200
	*:**:**:***:***.::*****:**:**:*:***:***.***:***	
gi 41387168 gb AAS01524.1	MEKGRQWILDHGGATAITSWGRMWLSVLGVFEWSGNNPLPPEIWLFPYNL	247
gi 41387158 gb AAS01523.1	VERARKWILDHGGASIPSWGKTYLAVLGVYEWEGCNPLPPEFWLFEAL	250
	*:**:*:***:***.::*:***:*:**:*:***:***:****	
gi 41387168 gb AAS01524.1	PFHPGRMWCHCRMVYLPMSYLYGKRFGPITPTVLSLRKELFTVPYHEID	297
gi 41387158 gb AAS01523.1	PYHPAKMWCYCRTTYMPSYLYGKKYHGPIITDLVISLRKEIHPIPYEKIN	300
	*,**:*:***:***.***:***:***:***:***:***:***:***:***	
gi 41387168 gb AAS01524.1	WNQARNLCAKEDLYPHPLVQDILWASIDKVLPEILMRWPGKKLREKALR	347
gi 41387158 gb AAS01523.1	WNKQRHNCKEDLYPHSFQDILLWDGLHYFTPEI IKMFPFNKLRKKG MK	350
	: *:*::***.::*:***.::*.***: ***:***:***:***	
gi 41387168 gb AAS01524.1	TVMEHIHYEDENTRYICIGPVNKNVLNMLCCWAEDPNSAEFKLHLPLRYDF	397
gi 41387158 gb AAS01523.1	RAIELMRYGGYESRFITIGCVSKSLDMMCWAAENPNGEPFKHHLARVPDY	400
	.*:**::*:.::*:**:**:**:*:***:***.*****:*:***:	
gi 41387168 gb AAS01524.1	LWLAEDGMKMQGYNGSQLWDTAFAVQAIISTSLTEYCGPTLRKAHTFMKD	447
gi 41387158 gb AAS01523.1	LWLAEDGMKMQSF-GSQLWDCVLATQAVMSTGMVDEYGDCLKKAHFYIKE	449
	*****:***.*****:*:***:***:***.*****:*:***:***:	
gi 41387168 gb AAS01524.1	SQVLDDCPGDLDFWYRHISKGAWPFFSTADHGWPISDCTAEGFKAVLLLSK	497
gi 41387158 gb AAS01523.1	SQCCKNPSPGDYASMCRYFTKGSWTFSDQDQGWVSDCTAEALKCLLALSQ	499
	** .:.*** *:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	
gi 41387168 gb AAS01524.1	FPAELVGEPLDAKRLYDAVNVLISLQN-SDGGYATYELTRSYRWLELINP	546
gi 41387158 gb AAS01523.1	MPEEIAEGKADVERLYDAVNVLILYLSQSPISGGFAIWEPPVPRPYLQVLNP	549
	*:***:***:***:***:***:***.*****:*:***:***.***:***	
gi 41387168 gb AAS01524.1	AETFGDIVIDYPYAECTSAAIQALSFAFKKLYPGHRREEIQCSIKAADFI	596
gi 41387158 gb AAS01523.1	SEIFADIVVEKEHTECTASIIAALVAFKRLHPGHRSKETSVAIAKAVHFL	599
	:*:*:***:*.::*:***:*****:*:***:***:***:***:***:***	
gi 41387168 gb AAS01524.1	EKIQASDGSWYGSWGVCFYTGTFWGVKGLISAGRTFSNCSSIRKACYFLL	646
gi 41387158 gb AAS01523.1	EGKQLEDGSWYGYWGICFLYGTFFALAGLASVGQTYENSETVRKAVKFFL	649
	* * :***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	
gi 41387168 gb AAS01524.1	SKQLASGGWGESYLSQNKVYTNLEGERSHVNTGWAMLALIEAGQAERD	696
gi 41387158 gb AAS01523.1	STQNEEGGWGESLESCPSEIFTPLEGNRTNLVQTSWAMLGLMFGGQATRD	699
	. :***:*** ** .::*:***:***:***:***:***:***:*****	
gi 41387168 gb AAS01524.1	ATPLHHAAKLLINSQMENGDFPQEEIMGVFNKNCMITYAAYRNIFPIWAL	746
gi 41387158 gb AAS01523.1	PTPLHRAAKLLINAGLNNGDFPQQETTGVMKNCMLHYAEYRNVPFLWAL	749
	*****:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***:***	
gi 41387168 gb AAS01524.1	GDYKCRVLLAP 757	
gi 41387158 gb AAS01523.1	GEYKRLWLSN 760	
	*.****:**:	