

Hsap_RLN1	--KWK-DDVIKLCGRE-LVRAQIAICGMSTWS-----
Hsap_RLN2	--SWM-EEVIKLCGRE-LVRAQIAICGMSTWS-----
Hsap_RLN3	--RAA-PYGVRLCGRE-FIRAVIFTCCGGSRW-----
Hsap_INSL3	--APTPEMREKLCGHH-FVRALVRVCGGPRWSTEA----
Hsap_INSL4	-----AELRGCGPR-FGKHLLSYCPMPEKFTTTTPGG
Hsap_INSL5	-----KESVRLCGLE-YIRTWIIYICASSRW-----
Hsap_INSL6	RELSDISSARKLCGRY-LVKEIEKLCGHANWSQF----
Pmar_RLN3a	-----LGVKLCGRE-FIRAVIFTCCGGSRW-----
Pmar_RLN3b	-----YGVKLCGRE-FIRAVIYTCCGGSRW-----
Pmar_RLN3c	-----GGVKLCGRE-FIRAVIFACGGSRW-----
Bflo_ILP1	NNSTPRLEPVRLCGRD-FIRTVVRVCPDEG-----
Bbel_ILP1	NNSTPRLAPVRLCGRD-FIRTVVRVCPDQG-----
Bflo_ILP2	-----SPRYCGRD-FLREVRTCARS-----
Bbel_ILP2	-----SPRYCGRD-FLREVRTCARS-----
Bflo_ILP3	-----VKLCGRS-FLRATFLVCGMH-----
Bbel_ILP3	-----VKLCGRA-FLRATFLVCGMH-----
Amed_RLP	-----TTIRCGSE-FRAAVRTVC-MA-----
Spur_RLP	--QQG--PRNRYCGLE-FARAVFTQCSMAN-----
Hsca_RGP	-----VRLCGAD-LSRAVYRVCSHG-----
Ovic_RLP	-----KPTYCGSD-FIRVVYETCASLI-----
Asol_RGP1	-----EKFCNDN-EHLAVYQTCSTH-----
Arub_RGP1	-----AEKYCDED-EHMAVYRTCTEH-----
Mgla_RGP1	-----APKYCDEE-EHMAVYRTCTSEH-----
Pmin_RGP1	-----EKYCDDD-EHMAVFTCAVS-----
Asol_RGP2	-----DSSSKHCGSA-FPQFVWTTACSA-----
Arub_RGP2	--RSDHASVKHFCGLE-FSYAVVTACGEA-----
Mgla_RGP2	--NND-SRVKQYCGLA-FSYAVVTACAEA-----
Pmin_RGP2	T-----ETTNRHCGAA-FPDFVLAACSA-----
Ofus_RLP	-----HGEIKYCGRN-VPKLIIIIACEML-----
Dmel_Dilp8	-----SFCSLERMKKFAMEACEHL---FQADEGA

*

*

Hsap_RLN1	RP----YVALFEKCCOLIGCTKRSL--A-KYC-----
Hsap_RLN2	QL----YSALANKCCHVGCTKRSL--A-RFC-----
Hsap_RLN3	DV----LAGLSSSCCKWGCSKSEI--S-STC-----
Hsap_INSL3	AA----ATNPARYCCLSGCTQQDL--L-TTC-P---Y
Hsap_INSL4	SG----RHRFPDFCCEVICDDGTS--V-KLC-----T
Hsap_INSL5	Q-----DLQTLCCDTGCSMTDL--S-ALC-----
Hsap_INSL6	-----GYSEKCOLTGCTKEEL--S-IACLPHYIDF
Pmar_RLN3a	AT----KAGLASICCHWGCSKSDI--S-TTC-----
Pmar_RLN3b	VPQ---AMGLAGLCCTWGCSKGDI--S-TTC-----
Pmar_RLN3c	DL----AGGLSSVCCCKWGCTRGEI--N-ALC-----
Bflo_ILP1	NV-----RLAERCCHQGCTIAEI--AESVC-----F
Bbel_ILP1	NV-----RLAERCCHQGCTIAEI--AESVC-----F
Bflo_ILP2	Q-----AGLAYYCCERGCSHEDI--A-SIC-----
Bbel_ILP2	-----SGLAYYCCERGCSHDDV--A-SIC-----
Bflo_ILP3	YA----YKGIADYCCRKGCNRRQL--A-VAC-----
Bbel_ILP3	YA----YKGIADYCCRKGCNRRQL--A-VVC-----
Amed_RLP	SRST--YTGPPhDFCCTHGCDDDFI--RVRVC-----
Spur_RLP	SIHNRGQLPMGQLCCVYGCTLVEL--A-SVC-----T
Hsca_RGP	N-----GGIARRCCASGCSSSDI--A-KLC-----
Ovic_RLP	QD-----QGMAQYCCRHGCSDDQEI--S-RVC-----
Asol_RGP1	SE----YDGIASYCCHGCTPSEL--A-VVC-----
Arub_RGP1	PET---YVGMSYCCLVGCTRDQL--S-QVC-----
Mgla_RGP1	TET---YSGMGSFCCLVGCTTEQL--S-QVC-----
Pmin_RGP1	SE----YTGIAASYCCLHGCTPSEL--S-VVC-----
Asol_RGP2	QD----YDGMADYCCIIIGCSTNELIAS-GIC-----
Arub_RGP2	QD----YQGMATYCCITNGCTISQLTNS-GIC-----
Mgla_RGP2	QD----YQGMATYCCSNCGSLSQLANS-GIC-----
Pmin_RGP2	EE----YMTIADYCCSVGCSPSDLVAS-GIC-----
Ofus_RLP	DGMA--IVSLIDQCGRNGCKLNQL--L-GIC-----D
Dmel_Dilp8	DHSSR-SYNNIPYCCLNQCEEEFF-----C

**

*

*