



UNIVERSITAS INDONESIA

**PERANCANGAN PEPTIDA SIKLIS DISULFIDA SEBAGAI
INHIBITOR FUSI PROTEIN *ENVELOPE* DENV**

TESIS


Diajukan sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar magister sains

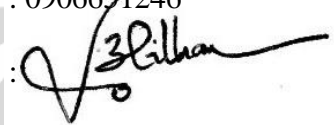
**WILLIAM
0906651246**

**FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
PROGRAM S2 MAGISTER ILMU KIMIA
DEPOK
JANUARI 2012**

HALAMAN PERNYATAAN ORISINALITAS

Tesis ini adalah hasil karya saya sendiri, dan semua sumber baik yang dikutip maupun dirujuk telah saya nyatakan dengan benar.



Nama : William
NPM : 0906651246
Tanda Tangan : 
Tanggal : Desember 2011

HALAMAN PENGESAHAN

Tesis ini diajukan oleh :
Nama : William
NPM : 0906651246
Program Studi : S2 Magister Ilmu Kimia
Judul Tesis : Perancangan Peptida Siklis Disulfida Sebagai
Inhibitor Fusi Protein *Envelope* DENV

Telah berhasil dipertahankan di hadapan Dewan Penguji dan diterima sebagai bagian persyaratan yang diperlukan untuk memperoleh gelar Magister Sains pada Program Studi Ilmu Kimia, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Indonesia

DEWAN PENGUJI

Pembimbing : Prof. Dr. Usman Sumo F.T.

(.....)

Penguji : Dr. Endang Saepudin

(.....)

Penguji : Dr. Yuni K. Krisnandi

(.....)

Penguji : Dr. Arry Yanuar

(.....)

Penguji : Alhadi Bustamam, Ph.D.

(.....)

Ditetapkan di : Depok

Tanggal : Desember 2011

KATA PENGANTAR

Puji syukur kepada Tuhan Yang Maha Esa, atas berkat dan karunia yang senantiasa menanungi kita semua sehingga penulis dapat menyelesaikan tesis ini. Penulisan tesis ini merupakan salah satu syarat untuk memperoleh gelar S2 Magister Sains Program Studi Ilmu Kimia pada FMIPA - Universitas Indonesia.

Penulis ingin berterima kasih kepada berbagai pihak yang telah membantu penyusunan tesis ini;

- (1) Prof. Dr. Usman Sumo Friend Tambunan, sebagai dosen pembimbing yang telah bersedia membantu penulis selama melakukan penelitian;
- (2) Dr. Yuni Krisnandi, selaku dosen pembimbing akademis yang telah mengarahkan penulis selama proses perkuliahan;
- (3) Dr. Endang Saepudin, selaku Ketua Program Studi Magister Ilmu Kimia FMIPA UI;
- (4) Dr. Ridla Bakri selaku Ketua Departemen Kimia FMIPA UI;
- (5) Seluruh dosen dan staff Departemen Kimia FMIPA UI
- (6) Tim Bioinformatika seperjuangan (Pak Idrus, Randy, Iki, Tyas, Jojo, Tirta, Firman, Adi, Hanum, Ardilla) beserta seluruh kolega (Bu Tini, Bu Ita, Bu Yeti, Kak Elya, Mba Tanti, Mba Nurul, Pak Deni)
- (7) Keluarga penulis, terutama nenek, paman dan tante yang telah memberikan dukungan material dan moral;
- (8) Teman terkasih, Huang yang telah dan akan menemani hari demi hari penulis.
- (9) Seluruh pihak yang terkait secara langsung maupun tidak langsung dalam penulisan tesis ini, Weewee, Sherfi, Yenni, Doli, Devi, Maria, Erwin, Agus dan nama-nama lainnya yang tidak mungkin untuk disebutkan satu per satu.

Akhir kata, saya berharap Tuhan Yang Maha Esa berkenan membalas segala kebaikan dari seluruh pihak yang telah membantu. Semoga tesis ini membawa manfaat bagi pengembangan ilmu.

Depok, Desember 2011

Penulis

**HALAMAN PERNYATAAN PERSETUJUAN PUBLIKASI
TUGAS AKHIR UNTUK KEPENTINGAN AKADEMIS**

Sebagai sivitas akademik Universitas Indonesia, saya yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : William
NPM : 0906651246
Program Studi : S2 Magister Ilmu Kimia
Departemen : Kimia
Fakultas : Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Jenis karya : Tesis

demi pengembangan ilmu pengetahuan, menyetujui untuk memberikan kepada Universitas Indonesia Hak Bebas Royalti Noneksklusif (*Non-exclusive Royalty Free Right*) atas karya ilmiah saya yang berjudul :

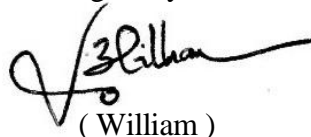
**Perancangan Peptida Siklis Disulfida Sebagai Inhibitor Fusi Protein
Envelope DENV**

beserta perangkat yang ada (jika diperlukan). Dengan Hak Bebas Royalti Noneksklusif ini Universitas Indonesia berhak menyimpan, mengalihmedia/format-kan, mengelola dalam bentuk pangkalan data (database), merawat, dan memublikasikan tugas akhir saya selama tetap mencantumkan nama saya sebagai penulis/pencipta dan sebagai pemilik Hak Cipta.

Demikian pernyataan ini saya buat dengan sebenarnya.

Dibuat di : Depok.
Pada tanggal :

Yang menyatakan


(William)

ABSTRAK

Nama : William
Program Studi : S2 Magister Ilmu Kimia
Judul : Perancangan Peptida Siklis Disulfida Sebagai Inhibitor Fusi Protein *Envelope* DENV

Penyakit demam berdarah (dengue) merupakan masalah kesehatan yang serius dan hingga saat ini belum ada langkah spesifik untuk mengobati penyakit ini. Dengue merupakan penyakit yang disebabkan oleh virus dengue (DENV), suatu *flavivirus* yang terselubung oleh *envelope*. Infeksi DENV dimulai dengan inisiasi proses fusi antara *envelope* virus dengan membran sel *host*, transfer materi genetik ke dalam sel target yang diikuti dengan replikasi serta pembentukan virus baru. Proses fusi ini dimediasi oleh peptida fusi yang diperkirakan merupakan suatu segmen antara residu D98-G112 pada protein *envelope* (E) DENV. Penelitian terdahulu menunjukkan bahwa peptida fusi ini tersembunyi di dalam suatu *cavity* dan akan diposisikan pada ujung *domain* II protein E DENV akibat perubahan konformasi sewaktu proses fusi terjadi. Penelitian ini bertujuan untuk merancang peptida siklis disulfida yang dapat menempati *cavity* ini dan berinteraksi dengan peptida fusi, sehingga mengganggu perubahan konformasi yang terjadi dan menghambat proses fusi. Pendekatan komputasi dilakukan untuk memprediksi afinitas dan stabilitas antara ligan peptida siklis disulfida dengan protein E DENV. Simulasi *molecular docking* dan *molecular dynamics* dilakukan dengan *software MOE 2008.10*. *Screening* terhadap 1320 ligan menghasilkan 3 ligan terbaik, CLREC, CYREC dan CFREC yang dapat berinteraksi dengan *cavity* target dan juga segmen peptida fusi. Ketiga ligan ini menunjukkan afinitas yang baik dengan target berdasarkan nilai energi bebas ikatan dan interaksi protein-ligan yang terbentuk. Stabilitas kompleks protein-ligan dianalisis dengan metode *molecular dynamics*. Hasil simulasi *molecular dynamics* menunjukkan bahwa hanya CLREC yang menunjukkan kestabilan konformasi protein-ligan dan mempertahankan interaksi antara ligan dengan *cavity* target. Oleh karena itu CLREC memiliki potensi sebagai inhibitor fusi DENV.

Kata Kunci : Dengue, peptida siklis disulfida, *molecular docking*, *molecular dynamics*, inhibitor fusi
xiv + 168 halaman : 25 gambar; 6 tabel
Daftar pustaka : 72 (1997-2011)

ABSTRACT

Name : William
Program Study : S2 Master in chemistry
Title : **Designing Disulfide Cyclic Peptide as Fusion Inhibitor that Targets DENV Envelope Protein**

Dengue has been a major health concern and currently there is no available option to treat the infection. It is an arboviral disease caused by dengue virus (DENV), an enveloped *flavivirus*. DENV initiates fusion process between viral envelope and host cell membrane, transfers its viral genome into target cell and infects host. This fusion process is mediated by a fusion peptide which was predicted to be a segment of DENV envelope (E) glycoprotein located between residues D98 – G112. Recent studies showed that this segment is hidden inside a cavity and will undergo conformational changes to be positioned at the tip of domain II E glycoprotein when fusion occurs. Our research is focused on designing disulfide cyclic peptides that can fit into this cavity and interact with fusion peptide, interrupt conformational changes and therefore inhibit the fusion process. Computational approaches were conducted to calculate the binding affinity and stability of disulfide cyclic peptide ligands with target DENV E glycoprotein. Molecular docking and molecular dynamics simulation were performed using Molecular Operating Environment 2008.10 software (MOE 2008.10). Screening of 1320 designed ligands resulted in 3 best ligands, CLREC, CYREC and CYREC that can form interaction with target cavity and peptide fusion. These ligands showed good affinity with target DENV E glycoprotein based on free binding energy and interactions. To evaluate protein-ligand stability, we performed molecular dynamic simulation. Only CLREC showed protein-ligand stability and maintained interaction between ligand and target cavity. Therefore we propose CLREC as potential DENV fusion inhibitor candidates.

Keywords : Dengue, disulfide cyclic peptide, *molecular docking*, *molecular dynamics*, fusion inhibitor

xiv + 168 pages : 25 pictures; 6 tables

Bibliography : 72 (1997-2011)

DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL.....	i
HALAMAN PERNYATAAN ORISINALITAS.....	ii
LEMBAR PENGESAHAN	iii
KATA PENGANTAR	iv
LEMBAR PERSETUJUAN PUBLIKASI KARYA ILMIAH	v
ABSTRAK.....	vi
ABSTRACT.....	vii
DAFTAR ISI.....	viii
DAFTAR GAMBAR.....	xi
DAFTAR TABEL.....	xii
DAFTAR LAMPIRAN	xiii
DAFTAR SINGKATAN	xiv
1. PENDAHULUAN	1
2. TINJAUAN PUSTAKA.....	6
2.1 Dengue.....	6
2.1.1 Klasifikasi Dengue	6
2.1.2 Gejala dan Penanganan Dengue	7
2.1.3 Transmisi Dengue	7
2.2 Struktur Virus Dengue.....	8
2.2.1 <i>Envelope</i> Dengue.....	9
2.3 Siklus Hidup Dengue.....	11
2.4 Proses Fusi.....	12
2.4.1 Peranan <i>Envelope</i> DENV Dalam Proses Fusi	13
2.5 Pengembangan dan Perancangan Obat Secara Komputasi	14
2.5.1 Peranan Bioinformatika Dalam Perancangan Obat Secara Komputasi	15
2.5.2 Perancangan Obat Berdasarkan Struktur (<i>Structure based Drug Design / SBDD</i>).....	16
2.5.3 Simulasi Molekuler	17
2.5.3.1 <i>Multiple Sequence Alignment</i>	18
2.5.3.2 <i>Homology Modeling</i>	19
2.5.3.3 Simulasi <i>Molecular Docking</i>	19
2.5.3.4 Simulasi <i>Molecular Dynamics</i>	21
2.6 Peptida Sebagai Obat	21
3. METODE PENELITIAN	23
3.1 Alat dan Bahan	23
3.1.1 Alat.....	23
3.1.2 Bahan	23
3.2 Prosedur Penelitian.....	23
3.2.1 Persiapan Protein <i>Envelope</i> DENV	23
3.2.1.1 Pencarian Data Sekuen Protein <i>Envelope</i> DENV.....	23

3.2.1.2	<i>Multiple Sequence Alignment</i>	23
3.2.1.3	<i>Homology Modeling</i> dan Identifikasi <i>Template</i>	24
3.2.1.4	Visualisasi <i>Cavity</i> pada Protein <i>Envelope</i> DENV	24
3.2.1.5	Optimisasi Geometri dan Minimisasi Energi Struktur Tiga Dimensi Protein <i>Envelope</i> DENV	24
3.2.2	Persiapan Ligan.....	24
3.2.2.1	Penentuan Ligan Peptida Siklis Disulfida Sebagai Inhibitor Fusi	24
3.2.2.2	Perancangan Struktur Tiga Dimensi Ligan Peptida Siklis Disulfida	25
3.2.2.3	Optimisasi Geometri dan Minimasi Energi Struktur Tiga Dimensi Ligan Peptida Siklis Disulfida.....	25
3.2.3	<i>Molecular Docking</i>	25
3.2.4	Analisis Data Hasil <i>Molecular Docking</i>	26
3.2.5	Simulasi <i>Molecular Dynamics</i>	26
3.2.5.1	Penentuan Waktu Inisialisasi	26
3.2.5.2	Simulasi <i>Molecular Dynamics</i> pada Temperatur 300 K	27
3.2.5.3	Simulasi <i>Molecular Dynamics</i> pada Temperatur 312 K	27
3.2.6	Analisis Data Simulasi <i>Molecular Dynamics</i>	27
3.2.7	Prediksi ADME-Tox Ligan Peptida Siklis Disulfida	27
3.2.8	Bagan Kerja Penelitian.....	27
4.	HASIL DAN PEMBAHASAN	28
4.1	Persiapan Protein <i>Envelope</i> DENV	28
4.1.1	Pencarian Data Sekuen Protein <i>Envelope</i> DENV	28
4.1.2	<i>Multiple Sequence Alignment</i>	28
4.1.3	<i>Homology Modeling</i> dan Identifikasi <i>Template</i>	29
4.1.4	Visualisasi <i>Cavity</i> pada Protein <i>Envelope</i> DENV	30
4.1.5	Optimisasi Geometri dan Minimisasi Energi Struktur Tiga Dimensi Protein <i>Envelope</i> DENV	31
4.2	Persiapan Ligan	32
4.2.1	Penentuan Ligan Peptida Siklis Disulfida Sebagai Inhibitor Fusi.....	32
4.2.2	Perancangan Struktur Tiga Dimensi Tiga Dimensi Ligan Peptida Siklis Disulfida	33
4.2.3	Optimisasi Geometri dan Minimasi Energi Struktur Tiga Dimensi Ligan Peptida Siklis Disulfida.....	33
4.3	<i>Molecular Docking</i>	34
4.4	Analisis Data Hasil <i>Molecular Docking</i>	36
4.4.1	Energi Bebas Ikatan (ΔG)	37
4.4.2	Interaksi Protein-Ligan.....	38
4.4.3	<i>Drug Likeness</i>	40
4.5	Simulasi <i>Molecular Dynamics</i>	41
4.5.1	Penentuan Waktu Inisialisasi.....	43
4.5.2	Simulasi <i>Molecular Dynamics</i> pada Temperatur 300 K	44
4.5.3	Simulasi <i>Molecular Dynamics</i> pada Temperatur 312 K	44

4.6 Analisis Data Hasil Simulasi <i>Molecular Dynamics</i>	45
4.6.1 Interaksi Protein-Ligan.....	45
4.6.1.1 Simulasi <i>Molecular Dynamics</i> pada Temperatur 300 K.....	45
4.6.1.2 Simulasi <i>Molecular Dynamics</i> pada Temperatur 312 K.....	47
4.6.1.3 Perbandingan Interaksi Ligan pada <i>Molecular Docking dan Molecular Dynamics</i>	49
4.6.2 Analisis Konformasi Selama Simulasi <i>Molecular Dynamics</i>	50
4.6.3 Analisis Energi Potensial Total Sistem Selama Simulasi <i>Molecular Dynamics</i>	54
4.7 Hasil prediksi ADME-Tox Ligan Peptida Siklis Disulfida CLREC, CYREC dan CFREC	56
5. KESIMPULAN DAN SARAN	59
5.1 Kesimpulan.....	59
5.2 Saran.....	60
DAFTAR REFERENSI	61



DAFTAR GAMBAR

Gambar 1.1.	Peta penyebaran dengue	1
Gambar 1.2.	Situs <i>binding pocket</i> β -OG pada protein <i>envelope</i> DENV-2	3
Gambar 2.1.	Gejala penyakit dengue	6
Gambar 2.2.	Genom DENV dan struktur proteomik DENV	7
Gambar 2.3.	Struktur virion dengue dan bentuk protein E	8
Gambar 2.4.	Dimer protein E DENV	9
Gambar 2.5.	Siklus virus dengue.....	10
Gambar 2.6.	Mekanisme terjadinya fusi	12
Gambar 2.7.	Perubahan konformasi <i>envelope</i> DENV.....	12
Gambar 2.8.	Proses pengembangan obat.....	13
Gambar 2.9.	Peranan bioinformatika dalam proses pengembangan obat.....	14
Gambar 2.10.	Diagram alir langkah kerja SBDD	16
Gambar 2.11.	Ilustrasi <i>molecular docking</i>	19
Gambar 4.1.	Struktur tiga dimensi protein <i>envelope</i> DENV.....	28
Gambar 4.2.	Hasil <i>superpose</i> antara 1OAN dengan 1OKE	30
Gambar 4.3.	Visualisasi <i>cavity</i> pada protein <i>Envelope</i> DENV	31
Gambar 4.4.	Rancangan ligan peptida siklis disulfida	33
Gambar 4.5.	Metode <i>triangle matcher</i>	35
Gambar 4.6.	Diagram alir tahapan proses <i>molecular docking</i>	36
Gambar 4.7.	Visualisasi <i>pose</i> ikatan ligan peptida siklis disulfida dengan protein <i>envelope</i> DENV.....	40
Gambar 4.8.	Kurva waktu simulasi vs energi potensial total sistem untuk penentuan waktu inisialisasi	44
Gambar 4.9.	Kurva waktu simulasi vs nilai RMSD	51
Gambar 4.10.	Visualisasi tiga dimensi kompleks protein-ligan hasil simulasi <i>molecular dynamics</i>	54
Gambar 4.11.	Kurva waktu simulasi vs energi potensial total sistem ...	56
Gambar 4.12.	Jalur ADME-Tox molekul bioaktif dalam tubuh	57

DAFTAR TABEL

Tabel 4.1. Data energi bebas ikatan (ΔG) hasil <i>molecular docking</i>	37
Tabel 4.2. Interaksi hidrogen protein-ligan	38
Tabel 4.3. Hasil analisis <i>Lipinski's Rule of Five</i> ligan peptida siklis disulfida	41
Tabel 4.4. Interaksi ligan dengan <i>envelope</i> DENV selama simulasi <i>molecular dynamics</i> pada suhu 300K.....	45
Tabel 4.5. Interaksi ligan dengan <i>envelope</i> DENV selama simulasi <i>molecular dynamics</i> pada suhu 312K.....	47
Tabel 4.6. Interaksi protein-ligan pada simulasi <i>molecular docking</i> dan <i>molecular dynamics</i>	50



DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1. Bagan kerja penelitian	66
Lampiran 2. Pencarian data sekuen protein <i>envelope</i> pada <i>database</i> NCBI	67
Lampiran 3. Hasil pensejajaran sekuen dengan <i>ClustalW2</i>	68
Lampiran 4. Data <i>envelope</i> DENV	122
Lampiran 5. Hasil pemodelan dengan <i>SWISS Model</i>	119
Lampiran 6. Hasil pensejajaran struktur <i>envelope</i> DENV	125
Lampiran 7. Daftar ligan peptida siklis disulfida	126
Lampiran 8. Hasil <i>virtual screening</i> dengan <i>molecular docking</i>	132
Lampiran 9. Diagram interaksi ligan dengan protein <i>envelope</i> DENV pada simulasi <i>molecular docking</i>	140
Lampiran 10. Grafik waktu inialisasi vs energi potensial sistem total ketiga kompleks protein-ligan	144
Lampiran 11. Data interaksi hidrogen ketiga kompleks protein-ligan pada simulasi <i>molecular dynamics</i>	147
Lampiran 12. Hasil prediksi ADME-Tox	168

DAFTAR SINGKATAN

ADE	<i>Antibody Dependent Enhancement</i>
ADME-Tox	<i>Absorpsi, Distribusi, Metabolisme, Ekskresi dan Toxicity</i>
CADD	<i>Computer Assisted Drug Design</i>
DENV	<i>Dengue Virus</i>
DF	<i>Dengue Fever</i>
DHF	<i>Dengue Hemorrhagic Fever</i>
DNA	<i>Deoxyribonucleic Acid</i>
DSS	<i>Dengue Shock Syndrome</i>
E	<i>Envelope</i>
MD	<i>Molecular Dynamics</i>
MDS	<i>Molecular Dynamics Simulation</i>
MOE	<i>Molecular Operating Environment</i>
NCBI	<i>National Center of Biotechnology Information</i>
PDB	<i>Protein Data Bank</i>
RMS	<i>Root Mean Square</i>
RMSD	<i>Root Mean Square Deviation</i>
RNA	<i>Ribonucleic Acid</i>
SBDD	<i>Structure Based Drug Design</i>
VGA	<i>Video Graphics Array</i>
vHTS	<i>Virtual High Throughput Screening</i>
WHO	<i>World Health Organization</i>
β-OG	<i>n-Octyl-β-D-Glucoside</i>

BAB 1

PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Selama beberapa dekade terakhir dengue telah menjadi masalah kesehatan yang diwaspadai masyarakat internasional. Dengue merupakan suatu infeksi yang ditularkan oleh nyamuk yang ditemukan pada daerah tropis dan sub-tropis di seluruh dunia. Sekitar 2,5 miliar orang atau dua per lima dari total penduduk dunia terancam oleh penyakit ini. Saat ini WHO memperkirakan bahwa kasus infeksi dengue di seluruh dunia adalah hampir sekitar 50 juta kasus setiap tahunnya. Dengue sekarang ini telah menjadi endemik di hampir lebih dari 100 negara di Afrika, Amerika, Timur Tengah, Asia Tenggara dan negara-negara yang berada di belahan bumi bagian barat

(<http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs117/en/>).



[Sumber : Murrell, Wu, & Butler, *et al*, 2010]

Gambar 1.1. Peta penyebaran dengue

Dengue disebabkan oleh virus dengue (DENV), suatu *flavivirus* dengan nyamuk sebagai pembawanya. DENV adalah suatu virus RNA dari keluarga

Flaviviridae, genus *Flavivirus*. Beberapa virus lain yang termasuk ke dalam genus ini diantaranya adalah *West Nile virus*, *Tick-borne Encephalitis virus*, *Yellow Fever virus*, dan beberapa virus lainnya yang dapat memicu *encephalitis*. Infeksi DENV menyebabkan penyakit yang kita kenal sebagai *dengue fever* (DF) hingga kasus *dengue hemorrhagic fever* (DHF) atau *dengue shock syndrome* (DSS) yang lebih parah dan dapat mengakibatkan kematian (<http://www.denguevirusnet.com/>).

Dengue merupakan penyakit yang disebabkan oleh virus, belum ada obat-obatan ataupun antibiotik yang dapat diberikan untuk menyembuhkan penyakit ini. Penanganan kasus dengue yang dilakukan bertujuan untuk meringankan gejala (*symptoms*) yang muncul dan pemberian infus untuk menjaga kestabilan sirkulasi dalam tubuh (http://www.medicinenet.com/dengue_fever/page2.htm#treated).

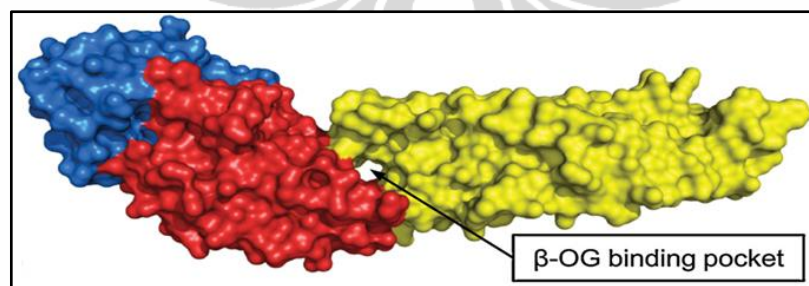
Virus dengue memiliki 4 serotipe, DENV-1, DENV-2, DENV-3 dan DENV-4. Setelah terinfeksi oleh salah satu serotipe dengue, maka sistem imun tubuh akan mengenali serangan serotipe DENV yang sama. Namun serangan dengue yang berikutnya umumnya lebih akut dan parah. Penemuan vaksin dengue merupakan suatu perkembangan besar untuk mengendalikan penyakit ini. Resiko timbulnya ADE (meningkatnya tingkat keparahan yang dipicu oleh antibodi) akibat infeksi oleh serotipe yang berbeda mengharuskan vaksin yang ditemukan dapat memberikan perlindungan terhadap keempat serotipe DENV. Selain vaksinasi, pengendalian nyamuk *Aedes aegypti* sebagai vektor penyebaran dengue juga merupakan alternatif untuk mencegah penyakit ini (Whitehorn & Farrar, 2010).

Berbagai antiviral telah diteliti secara meluas dan beberapa diantaranya yang telah dilaporkan mencakup penghambat sintesis RNA virus, inhibitor NS3 protein *helicase* dan protease, inhibitor yang menghambat pematangan DENV, antibodi monoklonal dan polianion yang mencegah ikatan dengan reseptor sel *host* (Yennamali, *et al.*, 2009; Noble, *et al.*, 2010). Penelitian mengenai peptida siklis disulfida sebagai antiviral DENV juga telah dilakukan (Tambunan & Alamudi, 2010; Tambunan, *et al.*, 2011).

Pemahaman terhadap siklus DENV memungkinkan penemuan suatu agen yang dapat menghambat siklus ini. Salah satu mekanisme potensial dari suatu obat anti-dengue adalah pencegahan masuknya virus ke dalam sel *host*. Proses fusi antara membran virus dengan membran *host* dimediasi oleh protein *envelope* (E) DENV (Whitehorn & Farrar, 2010).

Masuknya virus yang diselubungi oleh *envelope* ke dalam sel *host* diawali dengan penempelan virus terhadap reseptor sel *host* yang diikuti oleh fusi *envelope* virus dengan membran sel. Partikel virus masuk ke dalam sel secara endositosis dan penurunan keasaman di dalam endosom memicu perubahan konformasi protein *envelope* DENV dari dimer menjadi monomer, lalu diikuti dengan perubahan menjadi homotrimer. Sewaktu transisi dari dimer menjadi trimer, residu 83-100 bertindak sebagai zona fleksibel (*hinge region*) yang memungkinkan rotasi dan pergerakan pada protein E. Akibat dari perubahan ini, “peptida fusi” berinteraksi dengan membran target, menginisiasi proses fusi dan menyebabkan terjadinya penggabungan kedua *bilayer* sel *host* dan virus (Yenamali, *et al.*, 2009; Dubey, Chaubey, & Ojha, 2011).

Penelitian terdahulu oleh Modis, *et al.* (2003) menunjukkan adanya suatu daerah pengikatan (*binding pocket*) pada protein *envelope* DENV-2 yang ditempati oleh suatu molekul detergen *n-octyl-β-D-glucoside*.



[Sumber : Perera, Khaliq, & Kuhn, 2008]

Gambar 1.2. Situs *binding pocket* β -OG pada protein *envelope* DENV-2

Situs ini diketahui terletak pada *hinge region* protein *envelope* DENV. Beberapa penelitian terkait selanjutnya memfokuskan untuk menemukan inhibitor

fusi yang dapat berikatan dengan *binding pocket* β -OG ini. Dengan adanya ligan yang menempati situs *binding pocket* ini, proses fusi dapat dihambat karena pengaruh ligan terhadap fleksibilitas *envelope*. Transisi pembentukan trimer merupakan tahapan penting dalam siklus masuknya virus dengue ke dalam *host*. Oleh karena itu, *hinge region* ini merupakan target yang baik untuk menghambat virus dengue (Li, *et al.*, 2008; Kampmann, 2009; Wang, *et al.*, 2009; Poh, *et al.*, 2009; Dubey, Chaubey, & Ojha, 2011).

1.2. Permasalahan

Penelitian terbaru oleh Yennamali, *et al.* (2009) menemukan adanya situs *cavity* pada protein *envelope* DENV-2 yang terbentuk oleh 33 residu asam amino: residu 1–8, 28, 30, 44, 151–155 dan 316 dari rantai peptida A, dengan residu 97–109 dan 244–247 dari rantai peptida B. Situs ini memiliki volume 298 \AA^3 serta luas permukaan 1190 \AA^2 . Situs ini hanya terdapat dalam keadaan dimer namun mengalami perubahan konformasi sewaktu terjadi pembentukan trimer. Situs ini juga terletak berdekatan dengan peptida fusi (AA 98-111) (Huang, *et al.*, 2010) dan tiga residu asam amino hidrofobik (W101, L107 and F108) yang mempunyai peranan penting dalam aktivitas peptida fusi adalah residu asam amino yang membentuk *cavity* ini (Melo, *et al.*, 2009). Sehingga *cavity* ini berpotensi sebagai target untuk menghambat siklus hidup DENV.

1.3 Rancangan Penelitian

Dalam penelitian ini, pendekatan secara komputasi dilakukan untuk perancangan dan *virtual screening* ligan peptida siklis disulfida sebagai kandidat inhibitor fusi DENV. Simulasi *molecular docking* dengan 1320 ligan peptida siklis disulfida dilakukan untuk menganalisis dan memperoleh kandidat ligan yang memiliki afinitas dan interaksi dengan target *cavity* pada protein *envelope* DENV. Kestabilan kompleks protein-ligan yang dihasilkan dianalisis dengan melakukan simulasi *molecular dynamics* untuk mengamati perubahan kompleks

protein-ligan dalam keadaan tersolvasi, dimana dinamika kompleks protein-ligan dipengaruhi oleh molekul air sebagai pelarut.

1.4 Hipotesis

Adanya suatu ligan yang menempati *cavity* pada protein *envelope* DENV dapat menstabilkan dimer atau menghambat transisi dimer protein *envelope* DENV menjadi bentuk trimer, sehingga proses fusi dapat dicegah.

1.5 Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk merancang peptida siklis disulfida yang dapat berinteraksi dengan *cavity* target pada protein *envelope* DENV.

1.6 Manfaat Penelitian

Dengan adanya rancangan peptida siklis disulfida yang dapat berinteraksi dengan *cavity* pada protein *envelope* DENV, diharapkan dapat dijadikan sebagai kandidat antiviral untuk menghambat proses fusi antara *envelope* DENV dengan membran sel *host*.

BAB 2

TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Dengue

Dengue bersifat endemik bagi negara-negara yang berada di daerah tropis dan subtropis, dengue juga merupakan penyakit *arboviral* yang tersebar dengan cepat pada rentang daerah ini. Virus dengue dapat menyebabkan epidemik jika berada dalam kondisi lingkungan yang sesuai. Berbagai keadaan yang menyebabkan endemisitas dan epidemisitas dengue, di antaranya adalah adanya populasi nyamuk *Aedes* yang cukup besar yang menghuni daerah tersebut, lalu kelompok penduduk yang rentan terhadap serangan virus dan siklus penularan virus yang terus menerus terjadi (Guzman & Istúriz, 2010).

2.1.1 Klasifikasi Dengue

Berdasarkan sifat antigenik dari DENV, terdapat empat serotipe yang berbeda:

- DENV-1
- DENV-2
- DENV-3
- DENV-4

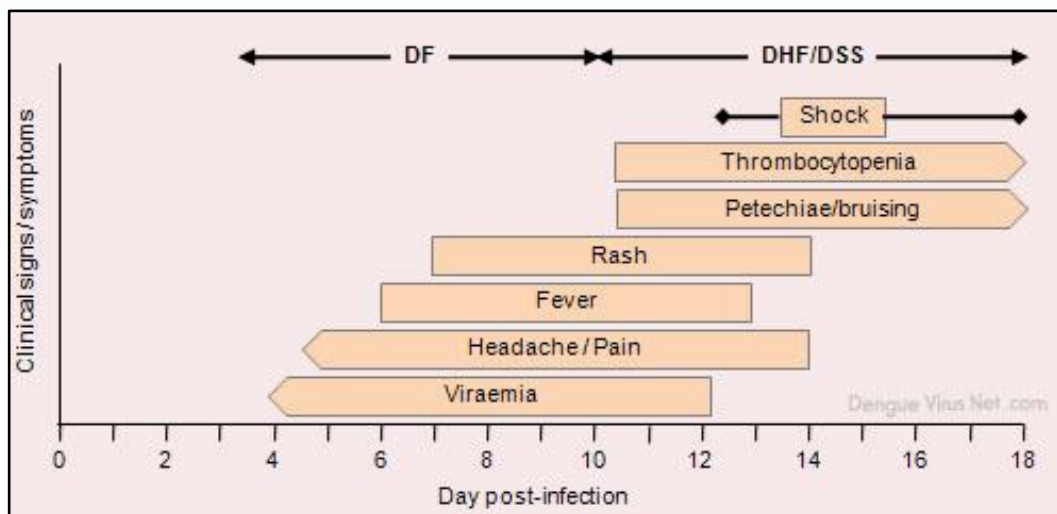
Pembagian serotipe DENV didasarkan pada sifat antigenik permukaan virus. Keempat serotipe DENV ini merupakan *strain* yang berbeda satu sama lain dengan tingkat homologi sekitar 60-80% dan perbedaan yang paling kontras antara keempat serotipe ini terletak pada protein permukaan yang menyusun DENV.

Infeksi oleh salah satu serotipe DENV memicu sistem imun tubuh untuk kebal terhadap serotipe DENV tersebut seumur hidup, tetapi tidak untuk serotipe DENV lainnya. Dalam kebanyakan kasus infeksi dengue, infeksi yang pertama umumnya menimbulkan gejala yang ringan namun infeksi kedua menimbulkan

gejala yang lebih parah (DHF atau DSS) pada penderita (<http://www.denguevirusnet.com/>).

2.1.2 Gejala dan Penanganan Dengue

Diagram berikut menggambarkan periode dan gejala yang timbul pada penderita yang terinfeksi DENV.



[Sumber : <http://www.denguevirusnet.com/>]

Gambar 2.1. Gejala penyakit dengue

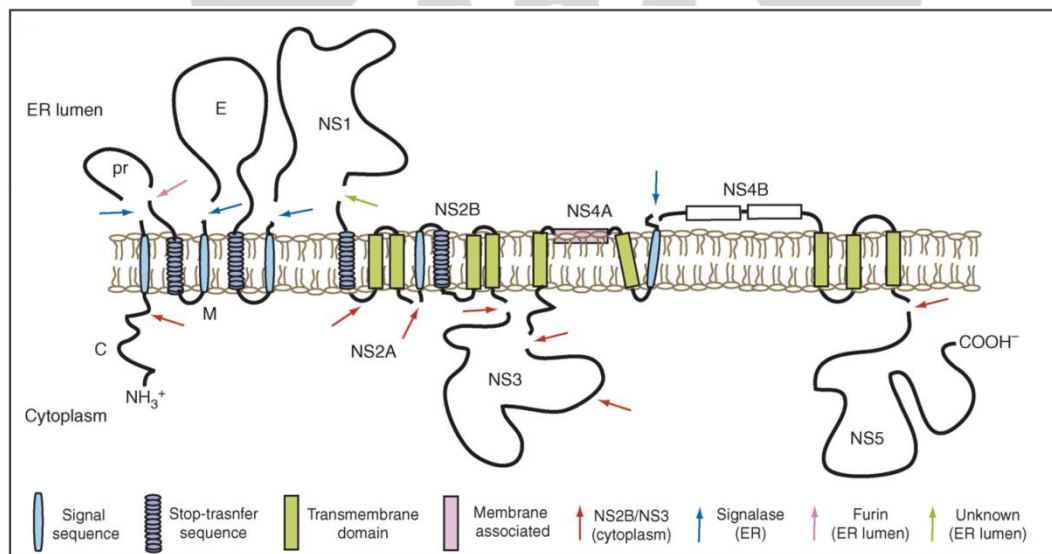
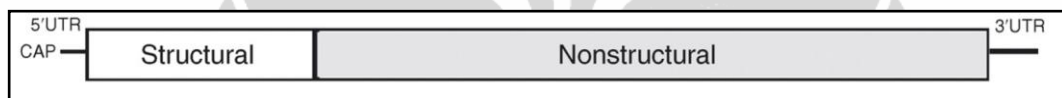
Belum ada *treatment* atau obat-obatan spesifik yang dapat diberikan terhadap penderita dengue. Istirahat dan mempertahankan keseimbangan cairan dalam tubuh baik melalui oral ataupun dengan infus adalah tindakan yang dilakukan pada pasien dengue (<http://www.denguevirusnet.com/>).

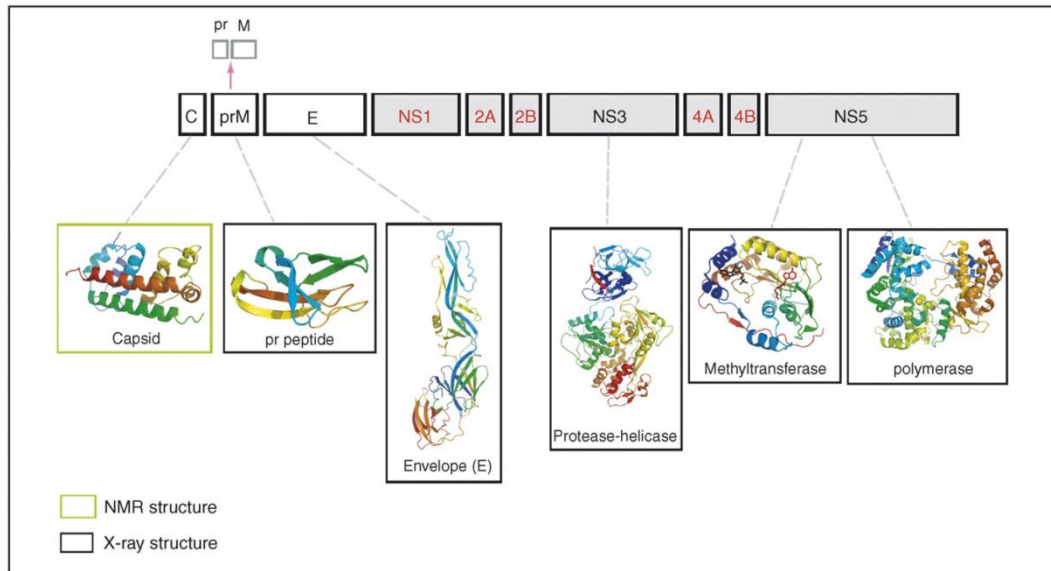
2.1.3 Transmisi Dengue

Virus dengue ditularkan kepada manusia melalui gigitan nyamuk *Aedes* betina. Nyamuk ini membawa virus dengue setelah menghisap darah penderita dengue. Setelah membawa virus ini, nyamuk *Aedes* dapat menularkan virus dengue kepada siapa saja sepanjang siklus hidupnya melalui gigitan sewaktu menghisap darah manusia (http://www.sdnbd.org/dengue_fever.htm).

2.2 Struktur Virus Dengue

Struktur DENV sudah diketahui sebelumnya dengan memanfaatkan mikroskopi *cryo-electron* dan kristalografi sinar-X. Struktur *intermediate* sewaktu proses *assembly* juga telah diperoleh sehingga memungkinkan pemahaman yang lebih baik dalam proses *assembly* dan pematangan DENV. Partikel DENV berukuran sekitar 50-60 nm, disusun oleh cangkang luar yang merupakan glikoprotein dan suatu lapisan lipid *bilayer* pada bagian dalam. Pada bagian inti, terdapat RNA genomik dan protein kapsid (C). Genom DENV merupakan satu rantai RNA *sense* positif yang berukuran ~11kb. RNA ini mengkodekan tiga protein struktural (C, prM dan E) yang menyusun virion, dan tujuh protein non-struktural yang terlibat dalam replikasi RNA (NS1, NS2A/BB, NS3, NS4A/B, NS5).



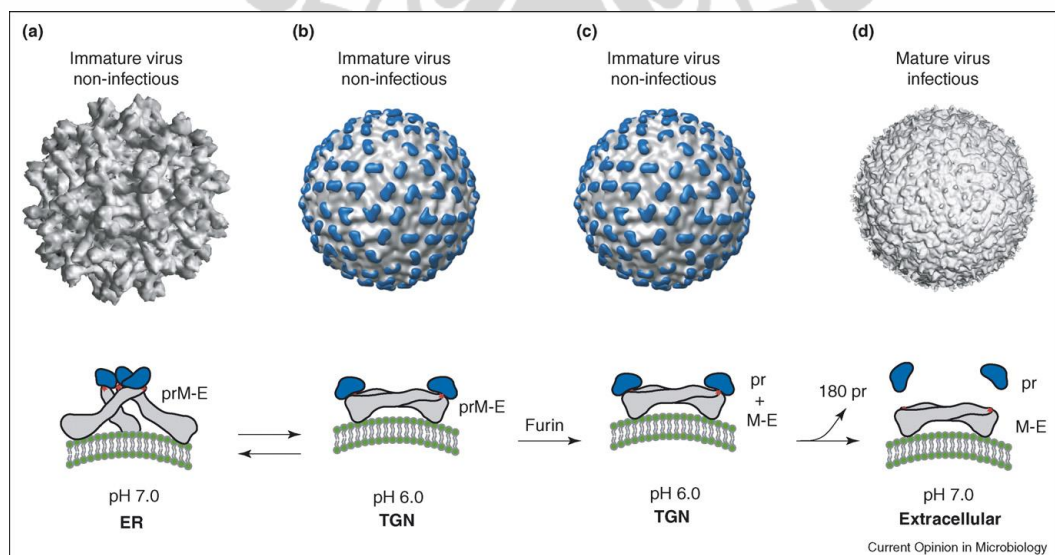


[Sumber : Perera & Kuhn, 2008]

Gambar 2.2. Genom DENV dan struktur proteomik DENV

2.2.1 *Envelope* DENV

Cangkang luar DENV tersusun oleh masing-masing 180 unit protein *envelope* (E) dan protein membran (prM/M).

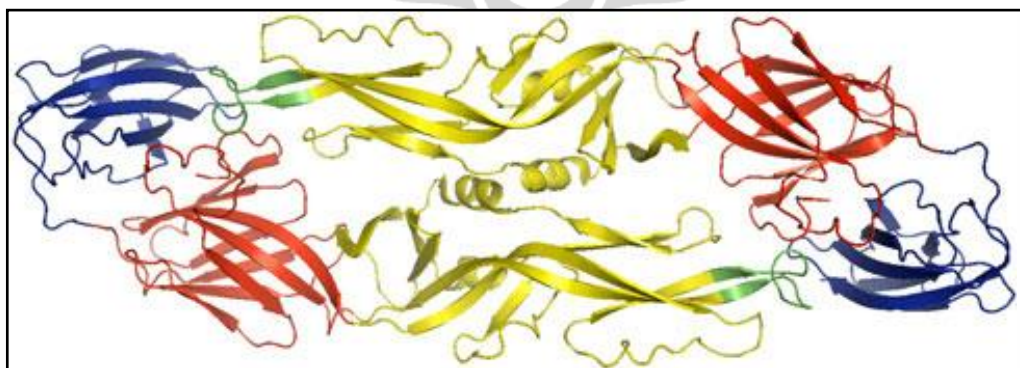


[Sumber : Perera & Kuhn, 2008]

Gambar 2.3. Struktur virion dengue dan bentuk protein E

Pada virion DENV yang belum dewasa, prM/M dan E membentuk 90 heterodimer yang terbentang sebagai 60 trimerik menyerupai *spike*. Sedangkan pada virus dewasa, E merupakan 90 homodimer yang bentuknya datar menyelubungi virus sehingga terlihat permukaan virus yang *smooth*. Perubahan struktur DENV dari belum dewasa '*spiky*' menjadi dewasa '*smooth*' terjadi ketika melewati *Trans-Golgi Network* (TGN) dan perubahan ini diakibatkan oleh adanya perubahan konformasi protein E. Perubahan konformasi E dipicu oleh kondisi pH yang rendah (~5.8-6.0). Dikatakan bahwa partikel DENV yang belum dewasa dapat berbentuk '*spiky*' atau '*smooth*' karena perubahan konformasi E bersifat *reversible* tergantung kepada pH.

Struktur protein E DENV yang *soluble* telah dielusidasi dengan kristalografi sinar-X dan hasilnya menunjukkan bahwa protein E DENV terdiri dari tiga daerah: daerah I, bagian N-terminal yang terletak pada bagian tengah; daerah II, daerah terjadinya fusi protein karena adanya sekuens peptida yang memicu terjadinya fusi; daerah III, merupakan daerah reseptor untuk berikatan dengan sel *host*. Sewaktu terjadinya endositosis, suasana asam dalam endosom menyebabkan protein E mengalami perubahan struktur dari dimer menjadi trimer. Trimer pada bagian permukaan virus inilah yang memicu terjadinya proses fusi karena sewaktu terjadinya perubahan konformasi, peptida fusi diarahkan menuju bagian puncak dari trimer, dan memicu penggabungan antara membran endosom dengan partikel virus (Qi, Zhang, & Chi, 2008).

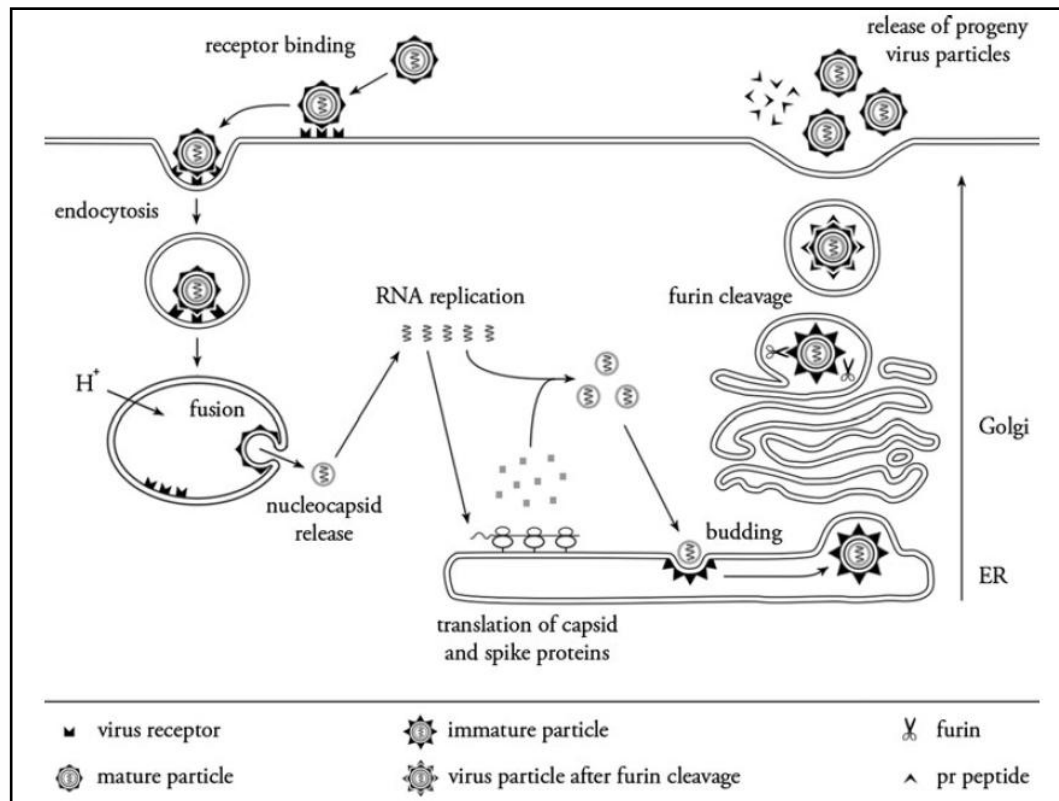


[Sumber : Rodenhuis-Zybert, Wilschut, & Smit, 2010]

Gambar 2.4. Dimer protein E DENV. Daerah I (merah), daerah II (kuning) peptida fusi (hijau) dan daerah III (biru)

2.3 Siklus Hidup DENV

Siklus hidup DENV dimulai dengan penempelan virion pada permukaan sel *host* dan kemudian masuk ke dalam sel secara endositosis. Penurunan pH dalam endosom memicu trimerisasi protein E yang bersifat *irreversible* dan terjadi fusi protein antara virus dengan membran sel *host*.



[Sumber : Rodenhuis-Zybert, Wilschut, & Smit, 2010]

Gambar 2.5. Siklus virus dengue

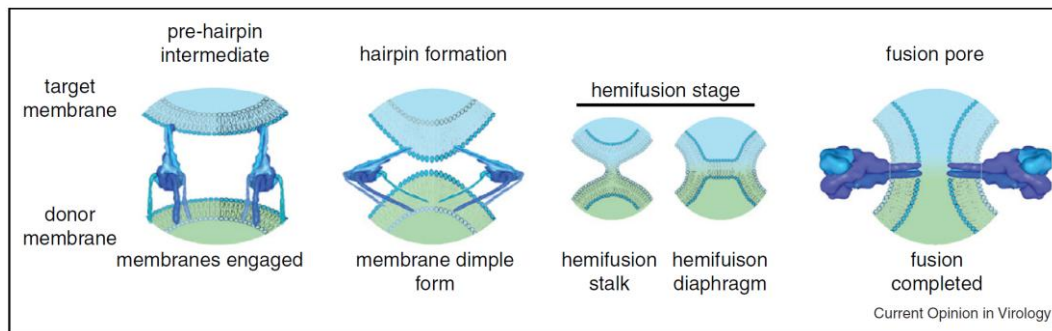
Setelah terjadi fusi protein, nukleokapsid (NC) dibebaskan dalam sitoplasma mengakibatkan terurainya protein C dan RNA dapat ditranslasikan menghasilkan poliprotein. Poliprotein kemudian mengalami modifikasi ko-translasi dan post-translasi oleh protease virus dan *host*. Proses replikasi genom virus terjadi dalam membran intraseluler. *Assembly* dan pembentukan partikel virus baru yang belum dewasa terjadi pada permukaan *endoplasmic reticulum* (ER). Meskipun partikel virus ini memiliki E dan prM, membran lipid dan NC, proses fusi antara membran virus dengan *host* belum dapat terjadi, sehingga

partikel virus ini belum dapat menyebabkan infeksi karena protein prM perlu dimodifikasi lebih lanjut. Partikel subviral juga dihasilkan di ER, tetapi hanya tersusun oleh glikoprotein dan membran, tanpa protein C dan RNA genomik sehingga partikel subviral ini juga belum dapat menginfeksi *host*. Keseluruhan partikel virus yang belum dewasa dan partikel subviral ini diangkut melalui *trans golgi network* (TGN). Partikel virion mengalami pemotongan oleh furin protease *host*, menghasilkan virus dewasa yang dapat menginfeksi *host*. Partikel subviral juga mengalami pemotongan oleh furin protease. Lalu keduanya dilepaskan dari dalam sel *host* secara eksositosis (Qi, Zhang, & Chi, 2008). DENV merupakan salah satu virus yang menyerang sel *monocyte-macrophage* (MΦ) dan memanfaatkannya sebagai *host* untuk replikasi (Chaturvedi, Nagar & Shrivastava, 2006).

2.4 Proses fusi

Sebagai parasit intraseluler obligat, virus harus mentransfer informasi genetik melewati membran seluler untuk menginfeksi penderita dan menghasilkan virus baru. Untuk virus yang terselubungi oleh *envelope*, proses ini memerlukan penggabungan *envelope* virus dengan membran sel target dan pembentukan ‘rongga fusi’ sehingga genom virus dapat ditransfer ke dalam sel. Proses fusi ini dimediasi oleh adanya kompleks protein membran. Glikoprotein yang menyusun *envelope* ini diamati sebagai ‘*spike*’ pada permukaan virion dengan menggunakan pemindaian mikroskop elektron. Perkembangan analisa struktur protein yang diperoleh dari berbagai famili virus menunjukkan tiga kelas glikoprotein membran fusogenik berdasarkan penataan struktur dan mekanisme terjadinya fusi. Dua prinsip dasar mekanisme fusi mencakup interaksi dengan membran target dan pelipatan (*fold*ing) membentuk *hairpin*. Pertama, partikel virus menempelkan diri dengan sel target, penataan ulang konformasi protein *envelope* dan penyisipan peptida fusi yang bersifat hidrofobik ke dalam membran target. Konformasi *intermediate prehairpin* yang terbentuk menghubungkan *envelope* virus dan membran sel *host*. Kedua, pelipatan peptida fusi dari masing-masing rantai

peptida, membentuk *hairpin* trimer, sehingga membran target dan donor terletak berdekatan (Plempner, 2011).

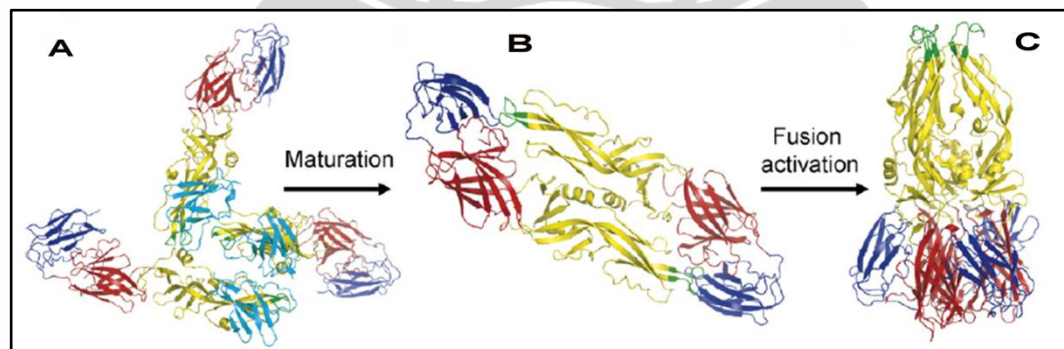


[Sumber : Plempner, 2011]

Gambar 2.6. Mekanisme fusi

2.4.1 Peranan *Envelope* DENV dalam proses fusi

Proses fusi *envelope* virus dengan membran sel dikatalisis oleh perubahan struktur kompleks pada protein E dengue. Pada awal proses ini, kondisi pH yang rendah dalam endosom mengkatalisa protonasi residu histidina tertentu yang dipertahankan (*conserved*) pada protein E dan memicu terjadinya disosiasi dimer protein E.



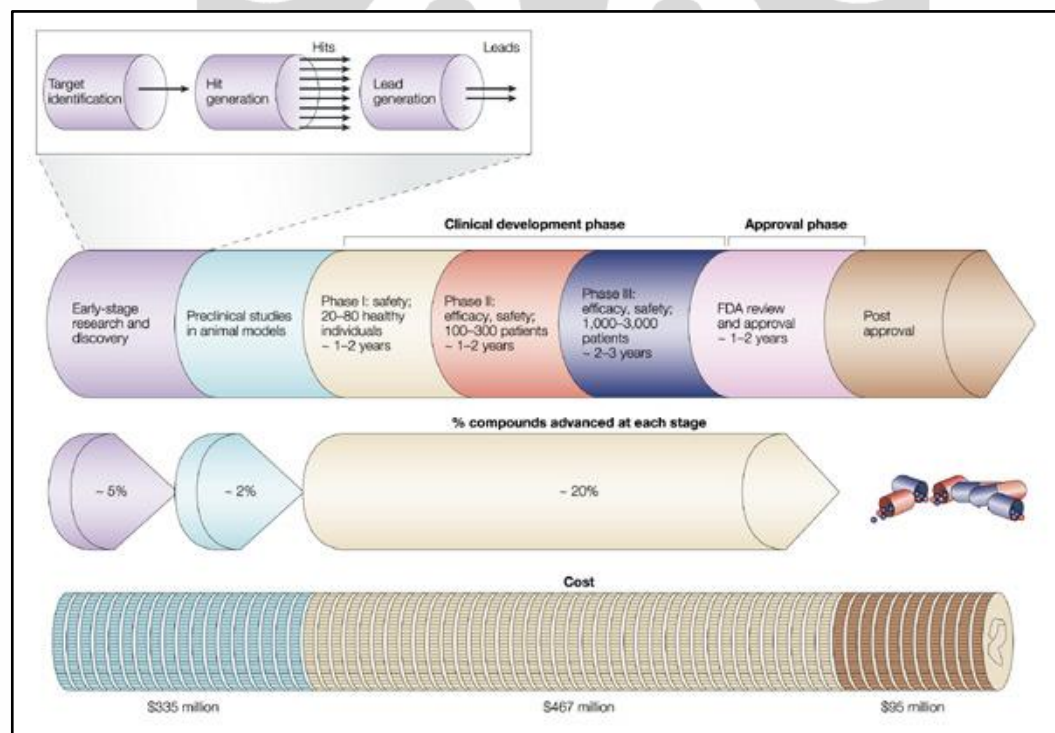
[Sumber : Perera, Khaliq, & Kuhn, 2008]

Gambar 2.7. Perubahan konformasi *envelope* DENV. (A) Virus yang belum dewasa; (B) Virus dewasa; (C) Virus pada saat fusi

Pemaparan *loop* peptida fusi pada ujung *domain* II terjadi akibat pergerakan *domain* II sekitar *hinge region* antara perbatasan *domain* I-II. Pemaparan ini menyebabkan masuknya peptida fusi ke dalam membran sel *host*. Pada tahapan transisi ini, protein E menghubungkan virus dengan membran sel *host*. Kedua membran saling berdekatan memicu terjadinya fusi sewaktu protein E bergabung membentuk trimer (Kampmann, *et al.*, 2009).

2.5 Pengembangan dan Perancangan Obat Secara Komputasi

Penemuan suatu obat dimulai dari konsep awal hingga menjadi obat yang komersial membutuhkan perjalanan yang panjang dan secara statistik lebih sering berakhir dengan kegagalan dibandingkan dengan kesuksesan. Waktu yang dibutuhkan adalah sekitar 12 – 15 tahun agar suatu obat dapat diedarkan ke pasar, dan hanya 1 dari 5000 senyawa yang telah diseleksi yang dapat dipasarkan.



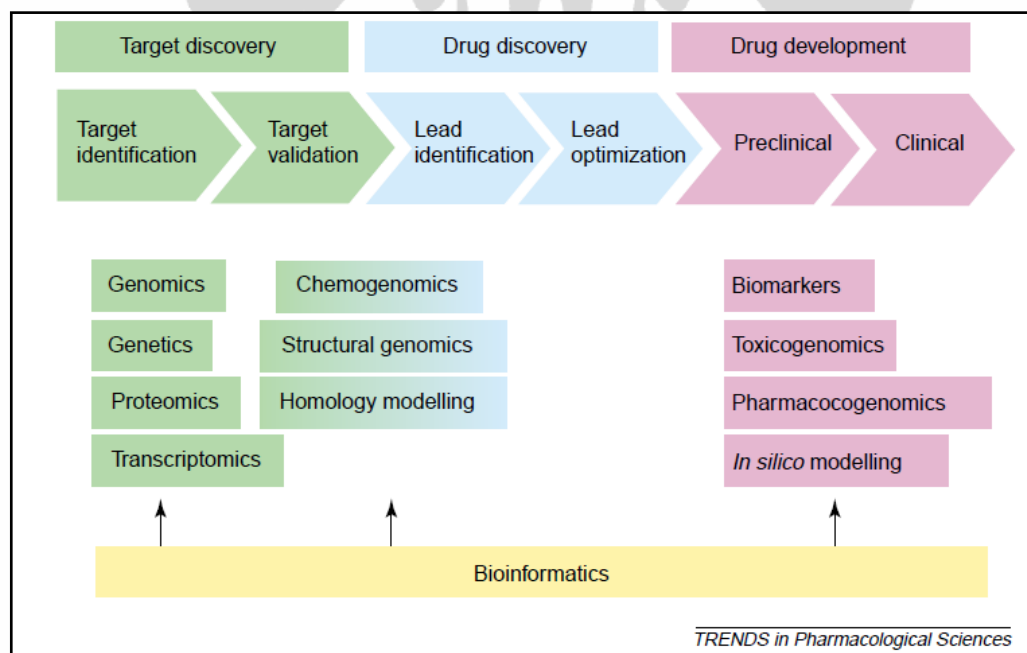
[Sumber : http://www.nature.com/horizon/chemicalspace/background/figs/odyssey_fl.html]

Gambar 2.8. Proses Pengembangan Obat

Dalam kebanyakan kasus, kegagalan uji coba sudah terlihat pada tahapan preklinis, meskipun demikian hanya 20% dari senyawa yang memasuki tahapan percobaan pada manusia yang disetujui, sementara itu biaya yang diperlukan untuk pengembangan senyawa obat hingga pada tahapan klinis sudah mencapai ratusan juta dollar, sehingga kegagalan ini perlu terdeteksi sedini mungkin sewaktu pengembangan obat. Oleh karena itu *computer-assisted drug design* (CADD) atau pendekatan secara komputasi dilakukan dalam industri farmasi untuk mempercepat proses ini (Zhang, 2011).

2.5.1 Peranan Bioinformatika Dalam Perancangan Obat Secara Komputasi

Paradigma dalam penemuan dan pengembangan obat menekankan pada penelusuran genomik dan pengetahuan terkait genomik lainnya, dengan bioinformatika sebagai kunci untuk mengungkap informasi yang terdapat pada sekuens DNA (genom), mRNA (transkriptom) dan protein (proteom) dalam sel.



[Sumber : Whittaker, 2003]

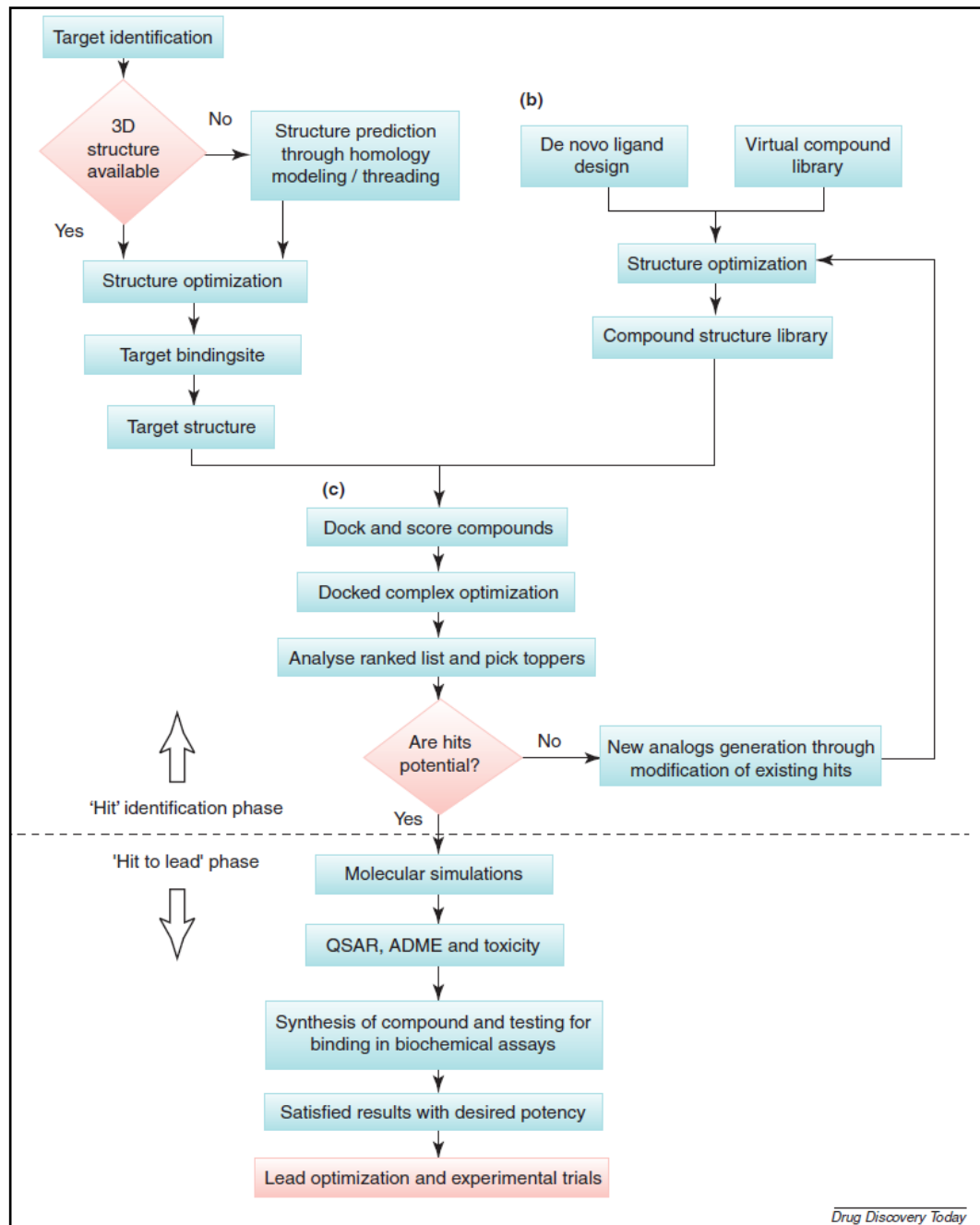
Gambar 2.9. Peranan bioinformatika dalam proses pengembangan obat

Dalam tahapan penentuan target, langkah komputasi (algoritma) digunakan untuk menggali *database* sekuen DNA, data ekspresi gen dan data profil protein untuk: (1) mengidentifikasi target obat; (2) membantu identifikasi varian sekuen gen yang mempengaruhi seseorang menjadi penderita penyakit tertentu dan (3) membantu untuk mengkaitkan hubungan antara target yang sesuai dengan penyakit yang bersangkutan (validasi target).

Ketersediaan struktur tiga dimensi dari protein yang diperoleh baik secara eksperimen (*structural genomics*) atau secara komputasi (*homology modeling*) membantu proses perancangan obat secara rasional (*rational drug design*) dan identifikasi ligan yang spesifik terhadap target (*chemogenomics*). Dalam tahapan pengembangan obat, bioinformatika digunakan untuk menggabungkan *genomic*, *transcriptomic*, *proteomic* dan data klinis untuk menentukan molekul biologis (*biomarker*) yang dapat memprediksi respon pasien terhadap obat yang diberikan (*pharmacogenomics*) dan efek samping obat (*toxicogenomics*). Sehingga database dan *tools* bioinformatika dapat digunakan untuk pemodelan secara *in silico* untuk menganalisa efek dari obat terhadap sel, jaringan dan organ yang sakit maupun yang sehat (Whittaker, 2003).

2.5.2 Perancangan Obat Berdasarkan Struktur (*Structure based Drug Design/ SBDD*)

Perancangan obat berdasarkan struktur (SBDD) merupakan pendekatan komputasi yang turut berperan dalam penemuan obat seperti ‘identifikasi *hit*’ dan proses ‘*hit* menjadi *lead*’. Tahapan awal mencakup identifikasi senyawa ‘*hit*’ yang menunjukkan potensi dan spesifisitas terhadap target. Tahapan selanjutnya adalah evaluasi ‘*hit*’ hasil penapisan untuk mendapatkan molekul ‘*lead*’ sebelum dilakukan optimisasi ‘*lead*’ dalam skala besar. Metode ini telah diakui dan diterima secara meluas sebagai salah satu bagian yang penting dalam penelitian tentang obat-obatan. Diagram alir langkah kerja dalam metode SBDD yang paling banyak diikuti ditunjukkan oleh **gambar 2.10**.



[Sumber : Kalyanamoorthy & Chen, 2011]

Gambar 2.10. Diagram alir langkah kerja SBDD

2.5.3 Simulasi Molekuler

Simulasi molekuler merupakan gabungan ilmu interdisiplin yang memiliki aplikasi berbeda untuk berbagai bidang penelitian. Dalam bidang perancangan obat dan bioinformatika terdapat dua fokus penelitian yang

dilakukan, yaitu perancangan algoritma matematika untuk perhitungan yang lebih nyata dan penerapan algoritma untuk penelitian biologi molekuler, seperti simulasi interaksi antara protein-ligan atau protein-protein, dan penggunaan data hasil simulasi untuk eksperimen biomolekuler lebih lanjut. CADD menawarkan alternatif eksperimen secara *in silico* bagi kimia *medicinal* untuk mempelajari struktur dan memprediksi aktivitas biologis dari kandidat obat. Metode ini lebih menguntungkan dari segi waktu dan biaya yang dibutuhkan dan telah diterapkan dalam kebanyakan perusahaan farmasi.

Perancangan obat berdasarkan struktur dan perancangan obat berdasarkan ligan merupakan dua metode pendekatan dalam CADD. Perancangan obat berdasarkan struktur memanfaatkan pengetahuan struktur tiga dimensi molekul reseptor dan sisi aktifnya untuk menganalisa interaksi, energi ikatan dan bentuk sterik dari ligan dan reseptor. Perancangan obat berdasarkan ligan, sebaliknya memanfaatkan pengetahuan tentang ligan yang berinteraksi dengan target yang diinginkan. Pendekatan ini menggunakan metode statistik untuk menyelidiki pengaruh struktur ligan terhadap aktivitas biologis dan mengidentifikasi karakteristik spesifik yang harus dimiliki suatu ligan untuk dapat berinteraksi dengan target. Baik perancangan berdasarkan struktur maupun berdasarkan ligan dapat diaplikasikan dalam proses awal penemuan suatu obat dan memandu penemuan molekul *lead* yang digunakan sebagai senyawa awal untuk dimodifikasi lebih lanjut untuk meningkatkan karakteristik farmakokinetika, kelarutan, selektivitas, kemampuan atau kestabilan.

Simulasi molekuler dalam perancangan obat secara komputasi (CADD) dapat dikategorikan menjadi 3 bagian, yaitu: (i) perancangan obat berdasarkan struktur, (ii) perancangan obat berdasarkan ligan, dan (iii) simulasi *molecular dynamics* (Huang, *et al.*, 2010).

2.5.3.1 Multiple Sequence Alignment

Multiple sequence alignment merupakan salah satu analisis bioinformatika yang banyak digunakan secara meluas. Analisis ini mencakup penggunaan *ClustalW*, *ClustalX*, *T-Coffee*, *MAFFT* dan *MUSCLE* (Larkin, *et al.*, 2007).

Program *Clustal* digunakan untuk melakukan pensejajaran berbagai set nukleotida atau sekuen asam amino secara otomatis. Versi yang paling dikenal adalah *ClustalW*, yang menggunakan sistem teks sederhana dan dapat digunakan *portable* pada berbagai sistem komputer. *ClustalX* memiliki fitur yang lebih interaktif karena dilengkapi dengan fungsi grafis yang lebih baik sehingga mempermudah interpretasi hasil pensejajaran. *ClustalW* dan *ClustalX* menghasilkan data pensejajaran yang sama. Perbedaan satu-satunya hanya terletak pada bagaimana cara pengguna berinteraksi dengan program.

Tanda bintang mengindikasikan kolom dengan residu yang identik dan tanda titik dua serta titik menunjukkan kolom dimana terletak adanya *conserved region* dari sekuen. Sebagai contoh, jika hasil pensejajaran menunjukkan bintang dan titik yang jumlahnya sedikit maka sekuen yang kita analisis tidak memiliki kesamaan (homologi) (Thompson, 2002).

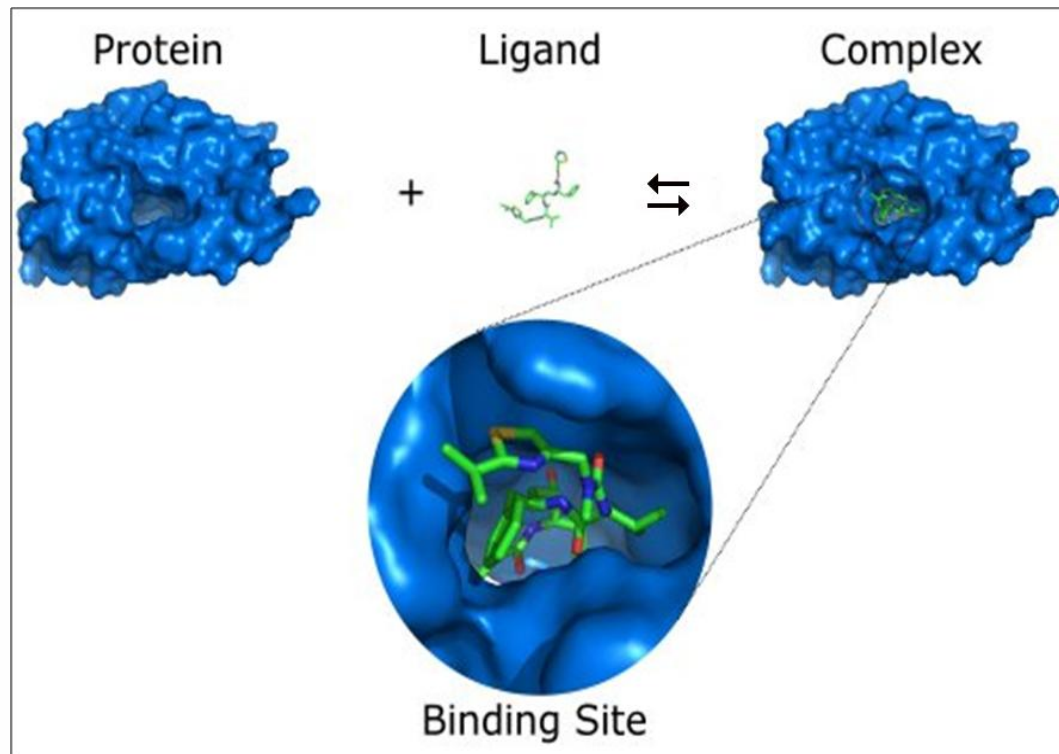
2.5.3.2 Homology Modeling

Homology dan *comparative modeling* seringkali digunakan dalam *structure-based drug discovery*. Metode ini dilakukan untuk memprediksi struktur tiga dimensi dari protein target berdasarkan pensejajaran sekuen (*sequence alignment*) dengan protein homolog yang sudah diketahui strukturnya (*template*). Ketepatan dari prediksi ini bergantung kepada kualitas pensejajaran sekuen dan struktur '*template*' yang digunakan. Model yang dihasilkan dapat dikatakan baik jika target dan *template* memiliki kekerabatan yang dekat. Penggunaan metode ini telah terbukti berhasil dan penerapannya semakin meluas dalam inovasi penelitian dan pengembangan obat.

2.5.3.3 Simulasi Molecular Docking

Teknik *molecular docking* memegang peranan penting dalam perancangan obat dan memahami mekanisme bagaimana masuknya suatu molekul ke dalam situs pengikatan (*binding site*) pada makromolekul target membentuk ikatan non-kovalen. *DOCK*, *AutoDock* dan *Molecular Operating Environment* (MOE)

merupakan program *docking* fleksibel yang dapat memperkirakan struktur kompleks makromolekul biologis dan ligan dengan ketepatan dan kecepatan yang baik.



[Sumber : <http://www-ucc-old.ch.cam.ac.uk/research/cg369-research.html>]

Gambar 2.11. Ilustrasi *molecular docking*

Program *docking* ini merupakan filter yang tangguh untuk melakukan penapisan secara komputasi, mengurangi tenaga dan biaya yang diperlukan untuk pengembangan senyawa obat yang memiliki potensi. Selain digunakan untuk penapisan, program *docking* juga dapat digunakan untuk memahami mekanisme bioaktivitas senyawa obat tersebut. Berdasarkan beberapa narasumber, *MOE* dapat menghasilkan data analisa yang sebanding dengan program *docking* lainnya. Teknik *molecular docking* ini tidak diragukan lagi akan tetap berperan penting dalam proses penemuan dan pengembangan obat (Perveen, *et al.*, 2011).

2.5.3.4 Simulasi *Molecular Dynamics*

Simulasi *molecular dynamics* merupakan salah satu *tools* yang penting untuk digunakan dalam studi biomolekuler secara teoritis. Sistem molekuler umumnya terdiri dari partikel-partikel dalam jumlah yang besar. Selama simulasi berlangsung, atom dan molekul dapat berinteraksi selama rentang waktu tertentu. Pergerakan dari setiap atom dikalkulasi untuk menganalisa perilaku secara keseluruhan. Algoritma yang diterapkan dalam simulasi MD mencakup: (1) Penentuan posisi dan kecepatan awal dari setiap atom; (2) Kalkulasi energi atom yang diselidiki menggunakan potensial inter-atomik; (3) Perubahan posisi atom dan kecepatan selama periode waktu tertentu. Posisi dan kecepatan yang mengalami perubahan ini kemudian digunakan sebagai *input* untuk tahap 2, tahap-tahap selanjutnya juga mengalami hal yang sama. Simulasi *molecular dynamics* telah dilakukan secara rutin untuk mempelajari struktur, dinamika dan termodinamika biomolekul dan kompleksnya. Data hasil simulasi ini menunjukkan fluktuasi dan perubahan konformasi dari protein secara mendetail. Selain itu, pengaruh molekul pelarut terhadap perubahan struktur protein keseluruhan juga dapat dipelajari (Huang, *et al.*, 2010).

2.6 Peptida Sebagai Obat

Peptida yang digunakan sebagai obat dapat berupa peptida yang secara alami terdapat di alam ataupun peptida yang merupakan hasil sintesis. Terdapat berbagai jenis peptida di alam yang memiliki aktivitas biologis sebagai obat.

Penelitian tentang peptida dalam perancangan obat dan penemuan obat adalah salah satu bidang yang paling menjanjikan untuk mengembangkan suatu obat baru. Inhibisi interaksi protein-protein oleh molekul peptida dan evolusi ligan peptida menjadi tiruannya (*mimetics*) yang memiliki ukuran molekul lebih kecil adalah tujuan yang ingin dicapai dalam bidang ini, dan telah menunjukkan beberapa hasil yang menjanjikan. Oleh karena itu, sepertinya peptida merupakan suatu kandidat obat yang sesuai. Tetapi peptida rentan terhadap protease dan

memiliki *bioavailability* yang rendah akibat strukturnya yang sukar untuk melewati membran (<http://www.peptideguide.com/peptides-drug-discovery.html>).

Obat-obatan yang berbasis peptida mempunyai keunggulan dimana, aktivitasnya lebih tinggi dan bekerja dengan lebih spesifik. Interaksi antara obat dengan obat lainnya juga lebih minim dan tingkat *toxicity* rendah karena tidak terakumulasi dalam jaringan tubuh. Namun sintesis peptida merupakan pekerjaan yang rumit dan memerlukan biaya yang mahal. (Ayoub & Scheidegger, 2006)

Peptida yang terdapat di alam ataupun dihasilkan secara sintesis diklasifikasikan sebagai peptida linear atau peptida siklis. Peptida siklis (CP) mencakup peptida yang memiliki ikatan antar residu yang membentuk cincin tertutup. Peptida ini dapat diklasifikasikan sebagai *homodetic* (semua ikatan adalah ikatan peptida) dan *heterodetic* (dimana ikatan peptida ataupun ikatan lainnya seperti ester atau ikatan antar sisteina terbentuk) berdasarkan jenis ikatan dalam molekul peptida tersebut. Peptida siklis seringkali ditemukan memiliki kestabilan metabolik yang lebih tinggi, selektif terhadap reseptor, *bioavailabilty* yang terkendali dan profil aktivitas yang meningkat. Selain itu, peptida siklis juga lebih lambat diproses dalam metabolisme karena ketahanan terhadap degradasi kimiawi; dan di sisi lainnya lebih cepat diekskresikan karena sifatnya yang hidrofobik (<http://www.biosyn.com/tew.aspx?qid=158>).

BAB 3

METODE PENELITIAN

3.1 Alat dan Bahan

3.1.1 Alat

Dalam penelitian ini digunakan perangkat komputer dengan *processor Intel Core i3 3,20 GHz* yang didukung oleh *VGA card NVIDIA CUDA 1024 MB, 128 bit*. Sistem operasi yang digunakan adalah *Microsoft Windows 7 Ultimate* untuk menjalankan berbagai *software* pemodelan dan simulasi baik secara *offline* maupun *online*.

3.1.2 Bahan

Bahan yang digunakan dalam penelitian ini mencakup data sekuen protein *envelope* DENV dalam format FASTA, struktur tiga dimensi protein *envelope* DENV dalam format PDB, dan struktur tiga dimensi ligan peptida siklis disulfida dalam format MDL molfile.

3.2 Prosedur Penelitian

3.2.1 Persiapan Protein *Envelope* DENV

3.2.1.1 Pencarian Data Sekuen Protein *Envelope* DENV

Data sekuen protein *envelope* DENV dalam format FASTA diunduh dari *database* NCBI (*National Center of Biotechnology Information*) yang diakses pada situs <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>.

3.2.1.2 *Multiple Sequence Alignment*

Pensejajaran sekuen protein *envelope* DENV dilakukan dengan menggunakan program *ClustalW2* secara *online* melalui situs http://www.ebi.ac.uk/Tools/services/web_clustalw2/toolform.ebi.

3.2.1.3 Homology Modeling dan Identifikasi Template

Hasil dari *multiple sequence alignment* selanjutnya digunakan sebagai *input data* untuk *homology modeling*. *Homology modeling* dilakukan dengan menggunakan *Swiss-Model Workspace* (<http://swissmodel.expasy.org/>), sehingga didapatkan struktur tiga dimensi *template* protein dari *envelope* DENV. Setelah itu dilakukan pencarian struktur tiga dimensi protein tersebut pada *Protein Data Bank* (PDB) melalui situs <http://www.rcsb.org/pdb/>.

3.2.1.4 Visualisasi Cavity pada Protein Envelope DENV

Struktur tiga dimensi dan *cavity envelope* DENV divisualisasikan dengan menggunakan *software Discovery Studio 3.1 clients*.

3.2.1.5 Optimisasi Geometri dan Minimisasi Energi Struktur Tiga Dimensi Protein Envelope DENV

Proses optimisasi geometri dan minimisasi energi protein *envelope* DENV dilakukan dengan menghilangkan molekul air. Selanjutnya protonasi protein dengan memilih opsi *protonate3D*, penambahan atom hidrogen pada struktur protein dengan menggunakan opsi *hydrogen fix* dan pengaturan muatan parsial protein menggunakan opsi *partial charge*. Parameter yang digunakan adalah *current force field*. Selanjutnya dilakukan minimisasi energi dengan *force field MMFF94x*, solvasi *gas phase*, dan RMS *gradient* 0,05 kkal/Å mol (Shattuck, 2009). Parameter lainnya menggunakan *default* standar *MOE* dan *file output* dalam format *.moe*.

3.2.2 Persiapan Ligan

3.2.2.1 Penentuan Ligan Peptida Siklis Disulfida Sebagai Inhibitor Fusi

Penentuan ligan peptida siklis disulfida sebagai inhibitor dilakukan dengan menganalisa dan mempertimbangkan karakteristik dari *cavity* yang terdapat pada protein *envelope* DENV. Asam amino yang bersifat hidrofobik dan yang

bermuatan dipilih sebagai penyusun peptida siklis berdasarkan sifat dari *cavity* yang juga bersifat hidrofobik dan bermuatan (Yennamali, *et al.*, 2009). Beberapa ligan dari penelitian terdahulu tentang inhibitor fusi (Kampmann, *et al.*, 2009; Poh, *et al.*, 2009; Wang, *et al.*, 2009; Yennamali, *et al.*, 2009) digunakan sebagai pembandingan dalam penelitian ini.

3.2.2.2 Perancangan Struktur Tiga Dimensi Ligan Peptida Siklis Disulfida

Perancangan dan pemodelan tiga dimensi ligan dilakukan dengan menggunakan *software ChemBioOffice 2010* dan format penyimpanan yang digunakan adalah MDL Molfile. Penyimpanan ulang struktur tiga dimensi ligan dengan menggunakan *software VEGA ZZ 2.4.0* dilakukan agar molekul dapat dikenali oleh *software MOE 2008.10*. Tahap selanjutnya adalah impor struktur ligan ke dalam *MOE database viewer (dv)* dan disimpan dalam format *.mdb* menggunakan *software MOE 2008.10*.

3.2.2.3 Optimisasi Geometri dan Minimisasi Energi Struktur Tiga Dimensi Ligan Peptida Siklis Disulfida

Optimisasi ligan dilakukan pada *window MOE database viewer (dv)* dalam format *.mdb*. Dilakukan *wash* untuk semua ligan dan pengaturan muatan parsial dilakukan dengan memilih opsi *partial charge*. Parameter *forcefield MMFF94x* dan solvasi *gas phase* digunakan untuk proses optimisasi ligan. Tahapan selanjutnya, dilakukan minimisasi energi dengan RMS *gradient* 0,001 kkal/Å mol (Shattuck, 2009). Parameter lain menggunakan nilai *default* dan *file output* disimpan dalam format *.mdb*.

3.2.3 Molecular Docking

Proses *docking* dilakukan dengan menggunakan *MOE 2008.10*. Opsi *simulation – dock* dipilih dan pengaturan *placement method* yang digunakan adalah *triangle matcher* dengan banyaknya jumlah putaran 2.500.000. Fungsi *scoring* yang digunakan adalah *london dG* dengan menampilkan 100 data terbaik.

Selanjutnya dari 100 tampilan data terbaik tersebut dilakukan pengukuran ulang (*refinement*) berdasarkan parameter *force field*. Tampilan hasil keseluruhan proses *docking* yang dipilih adalah satu data terbaik. Parameter lainnya sesuai dengan *default* dari *software MOE 2008.10* dan *file output* dalam format *mdb*.

3.2.4 Analisis Data Hasil *Molecular Docking*

Identifikasi kontak residu kompleks protein - ligan dan ikatan hidrogen hasil *docking* dilakukan dengan menggunakan *LigX – interaction* dalam *MOE 2008.10* (CCG, 2008). Visualisasi kompleks protein – ligan menggunakan *software Discovery Studio 3.1 clients*. Nilai ΔG ditunjukkan oleh harga S pada *output* data hasil *docking*.

3.2.5 Simulasi *Molecular Dynamics*

Preparasi kompleks protein – ligan diperlukan sebelum melakukan simulasi *molecular dynamics*. Optimisasi geometri dan minimisasi energi dilakukan dengan menggunakan *software MOE 2008.10*. Pengaturan *partial charge* kompleks protein - ligan dilakukan dengan parameter *current forcefield*. Lalu pengaturan solvasi sistem menggunakan *born solvation* dan dilakukan minimisasi energi dengan *RMS gradient* 0,05 kkal/Å mol (Shattuck, 2009).

Proses simulasi *molecular dynamics* dilakukan untuk ketiga ligan terbaik yang memiliki afinitas dan interaksi dengan *cavity target*. Simulasi *molecular dynamics* dilakukan dengan menggunakan *software MOE 2008.10* program *MOE-dynamic*. Parameter yang digunakan yaitu *ensemble* NVT dan algoritma NPA. *Force field* yang digunakan adalah *MMFF94x*.

3.2.5.1 Penentuan Waktu Inisialisasi

Dilakukan simulasi *molecular dynamics* untuk kompleks protein-ligan selama 100 piko detik untuk menentukan waktu inisialisasi yang harus dilakukan sebelum menjalankan simulasi utama.

3.2.5.2 Simulasi *Molecular Dynamics* pada Temperatur 300 K

Dilakukan simulasi *molecular dynamics* untuk kompleks protein-ligan dengan suhu 300 K dengan waktu simulasi utama selama 5000 piko detik dan pendinginan selama 20 piko detik hingga suhu mencapai 1 K. Hasil *position*, *velocity* dan *acceleration* disimpan setiap 0,5 piko detik. Parameter yang lainnya dilakukan sesuai dengan *default MOE-dynamic*.

3.2.5.3 Simulasi *Molecular Dynamics* pada Temperatur 312 K

Dilakukan simulasi *molecular dynamics* untuk kompleks protein-ligan dengan suhu 312 K dengan waktu pemanasan selama 20 piko detik, simulasi utama selama 5000 piko detik dan pendinginan selama 20 piko detik hingga suhu mencapai 1 K. Hasil *position*, *velocity* dan *acceleration* disimpan setiap 0,5 piko detik. Parameter yang lainnya dilakukan sesuai dengan *default MOE-dynamic*.

3.2.6 Analisis Data Simulasi *Molecular Dynamics*

Hasil simulasi *molecular dynamics* dapat dilihat pada *output database viewer* MOE. Interaksi antara protein dengan ligan selama proses *molecular dynamics* dapat dilihat dengan menggunakan *LigX – Interaction* (CCG, 2008).

3.2.7 Prediksi ADME-Tox Ligan Peptida Siklis Disulfida

Prediksi sifat ADME-Tox (Absorpsi, Distribusi, Metabolisme, Ekskresi dan *Toxicity*) ligan peptida siklis disulfida dilakukan secara online menggunakan *ACD I-labs/Percepta* yang diakses melalui situs <https://ilab.acdlabs.com/iLab2/index.php>.

3.2.8 Bagan Kerja Penelitian

Langkah kerja dalam penelitian ini dapat dilihat pada **lampiran 1**.

BAB 4

HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Persiapan Protein *Envelope* DENV

4.1.1 Pencarian Data Sekuen Protein *Envelope* DENV

Sekuen data protein *envelope* DENV diperoleh dari *database* NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) dengan memasukkan *query* pencarian glikoprotein *envelope* dan virus dengue, sehingga diperoleh 309 data sekuen protein *envelope* dari keempat sub tipe DENV (**Lampiran 2**). Seluruh data sekuen protein *envelope* DENV ini diunduh dalam format FASTA. Format FASTA merupakan urutan abjad yang mewakili kode satu huruf nukleotida atau asam amino sesuai dengan ketentuan IUB dan IUPAC. Baris pertama pada data FASTA dimulai dengan tanda (“>”) berisi deskripsi singkat tentang sekuen termuat, dilanjutkan pada baris kedua berisi sekuen asam amino/nukleotida (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/blastcgihelp.shtml>).

4.1.2 *Multiple Sequence Alignment*

Pensejajaran sekuen protein *envelope* DENV yang telah diunduh dilakukan dengan menggunakan *software Clustal W2 online* yang diakses melalui situs http://www.ebi.ac.uk/Tools/services/web_clustalw2/toolform.ebi.

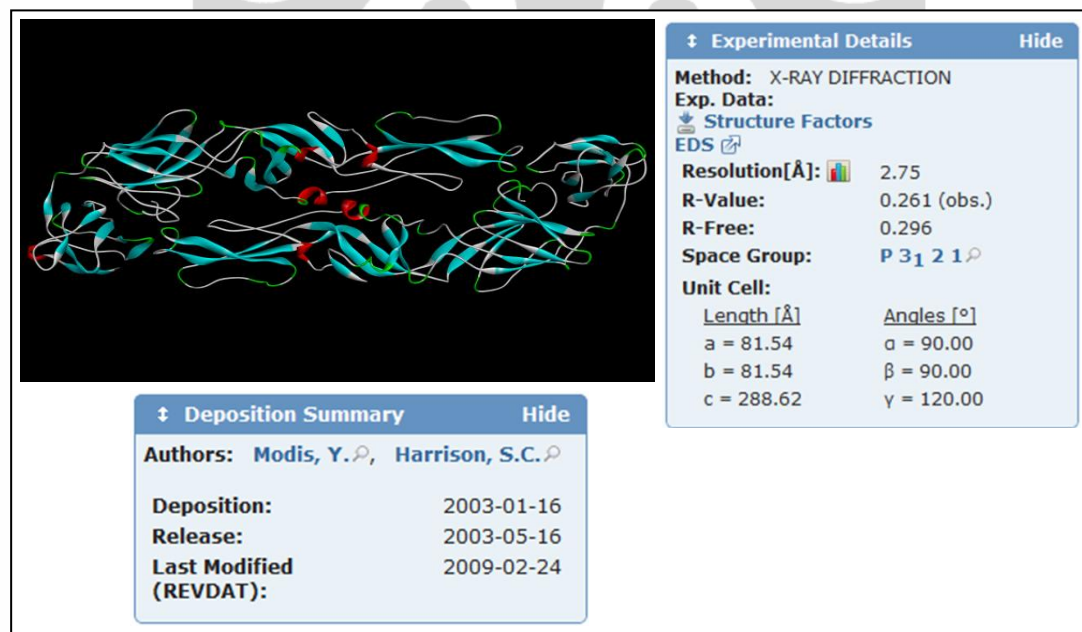
Pensejajaran dilakukan untuk mencari sekuen representatif yang dapat mewakili keseluruhan populasi data protein *envelope* DENV berdasarkan pada kemiripan antara sekuen yang satu dengan sekuens lainnya.

Dari hasil pensejajaran 309 sekuen protein *envelope* DENV dengan panjang sekuen ~495 aa, diperoleh 147 tanda bintang (*) yang menunjukkan residu yang identik antara keseluruhan sekuen, 84 tanda titik dua (:) dan 43 tanda titik (.) yang menunjukkan *conserved region* (**Lampiran 3**). Data sekuen protein *envelope* DENV dengan kode Genbank AAY34763.1 (**Lampiran 4**) didapatkan sebagai sekuen representatif hasil pensejajaran dengan kesamaan identitas tertinggi.

4.1.3 Homology modeling dan Identifikasi Template

Homology modeling atau *comparative modeling* merupakan metode yang dapat diandalkan untuk memprediksi struktur target dan memperoleh struktur tiga dimensi yang homolog dengan protein yang digunakan (>40% homologi). (Kalyaanamoorthy & Chen, 2011)

Data sekuen protein *envelope* DENV dengan kode Genbank AAY34763.1 digunakan sebagai *input* untuk pemodelan struktur tiga dimensi protein menggunakan *Swiss-Model Workspace* (<http://swissmodel.expasy.org/>). Hasil pemodelan seperti ditunjukkan pada **Lampiran 5**. Struktur tiga dimensi protein dengan kode PDB 3G7T didapatkan sebagai *template* dengan nilai homologi tertinggi (92%) namun, merupakan protein *envelope* DENV dalam konformasi setelah proses fusi terjadi. Protein dengan kode 1UZG (*score* 77%) juga tidak digunakan sebagai *template* karena terdapat perbedaan residu yang menyusun *cavity* pada *envelope* DENV.

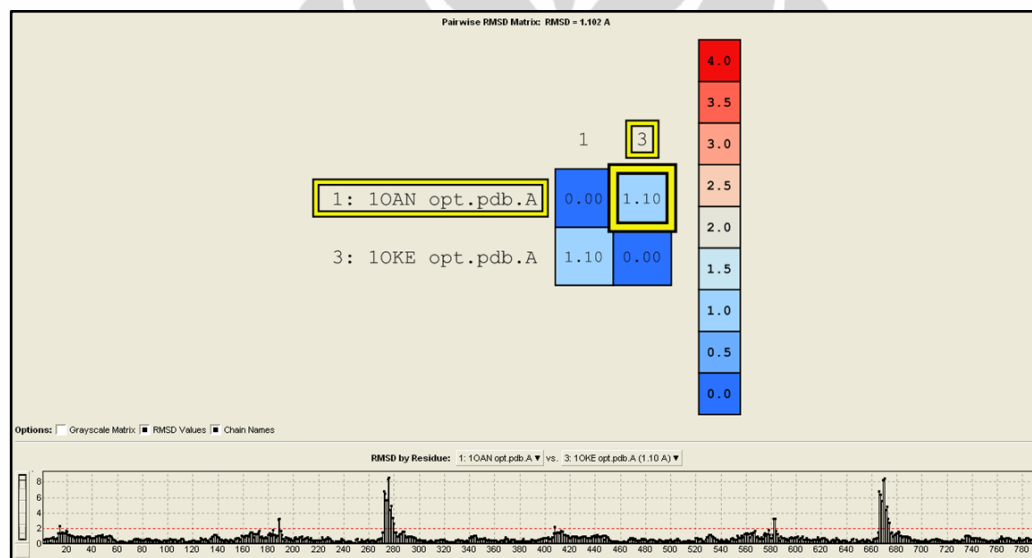


[Sumber : <http://www.rcsb.org/pdb/explore.do?structureId=1oan>]

Gambar 4.1. Struktur tiga dimensi protein *envelope* DENV (kode PDB: 1OAN)

Protein dengan kode 1OKE dengan nilai kesamaan 67% dipilih sebagai *template* pada penelitian ini namun yang digunakan adalah struktur tiga dimensi protein dengan kode PDB 1OAN (**gambar 4.1**), sesuai dengan penelitian

Yennamali, *et al.* (2009) yang menemukan *cavity* target pada struktur ini. Struktur protein dengan kode PDB 1OAN memiliki kesamaan sekuen 100% dengan 1OKE (**Lampiran 6**). *Superpose* antara protein 1OAN dan 1OKE menunjukkan nilai RMSD (*Root Mean Square Deviation*) sebesar 1,102 Å (**gambar 4.2**). Semakin kecil nilai RMSD antara kedua struktur, maka semakin tinggi kemiripannya. Dua atau lebih struktur protein dikatakan homolog jika memiliki nilai RMSD ≤ 3 Å, sehingga protein *envelope* DENV dengan kode PDB 1OAN dapat dikatakan homolog dengan 1OKE. Perbedaan antara kedua struktur ini terletak pada adanya suatu ligan deterjen *n-octyl-β-D-glucoside* yang menempati *binding pocket* β-OG pada struktur 1OKE.

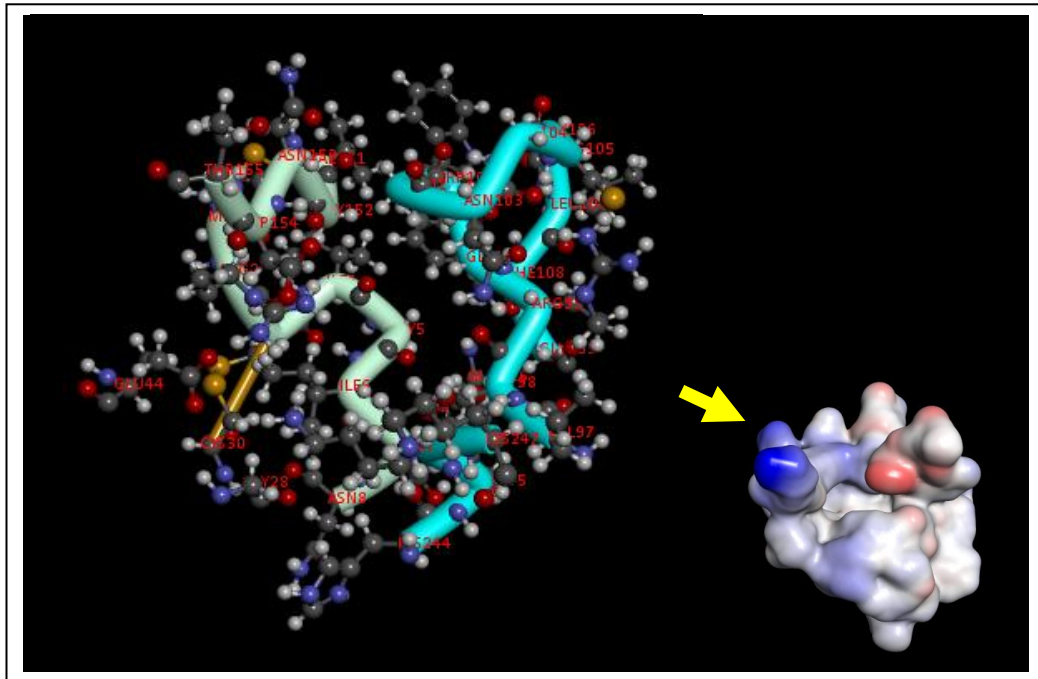


Gambar 4.2. Hasil *superpose* antara 1OAN dengan 1OKE

4.1.4 Visualisasi *Cavity* pada Protein *Envelope* DENV

Situs pengikatan (*binding site*) merupakan suatu area kecil berupa kantung (*pocket*) atau benjolan (*bumps*), dimana molekul ligan dapat berikatan atau menempati situs ini sehingga menghasilkan efek yang kita harapkan. Mengenali *binding site* atau residu yang membentuk *active site* pada struktur target adalah hal yang penting dalam perancangan obat berdasarkan struktur (Kalyaanamoorthy & Chen, 2011).

Penelitian Yennamali, *et al.* (2009) menunjukkan adanya suatu celah (*cavity*) yang dapat ditempati oleh ligan dan mempengaruhi konformasi dari protein *envelope* DENV. *Cavity* ini dibentuk oleh 33 residu asam amino: residu 1–8, 28, 30, 44, 151–155 dan 316 dari rantai peptida A, dengan residu 97–109 dan 244–247 dari rantai peptida B. Dengan menggunakan *software Discovery Studio 3.1 clients*, visualisasi *cavity* ini dapat terlihat pada **gambar 4.3**.



Gambar 4.3. Visualisasi *cavity* pada protein *Envelope* DENV

4.1.5 Optimisasi Geometri dan Minimisasi Energi Struktur Tiga Dimensi Protein *Envelope* DENV

Proses optimisasi geometri dan minimisasi energi protein *envelope* DENV dilakukan dengan menggunakan *software MOE 2008.10*. Optimisasi protein *envelope* DENV dilakukan dengan memilih opsi *protonate3D* dalam *software MOE 2008.10* untuk menambahkan atom hidrogen pada struktur protein dan mengubah protein menjadi dalam keadaan terionisasi (Labute, 2008), sehingga menyerupai bentuk yang sesuai dengan keadaan aslinya. Hal ini diperlukan untuk memperkirakan interaksi intermolekuler dan intramolekuler selama simulasi. Kemudian dilakukan penambahan muatan parsial (*partial charge*) dengan

parameter metode *current force field* untuk mengkalkulasi energi potensial elektrostatik molekul. Perlakuan *hydrogen fix* hanya dilakukan untuk memperbaiki struktur molekul apabila terdapat hidrogen yang hilang.

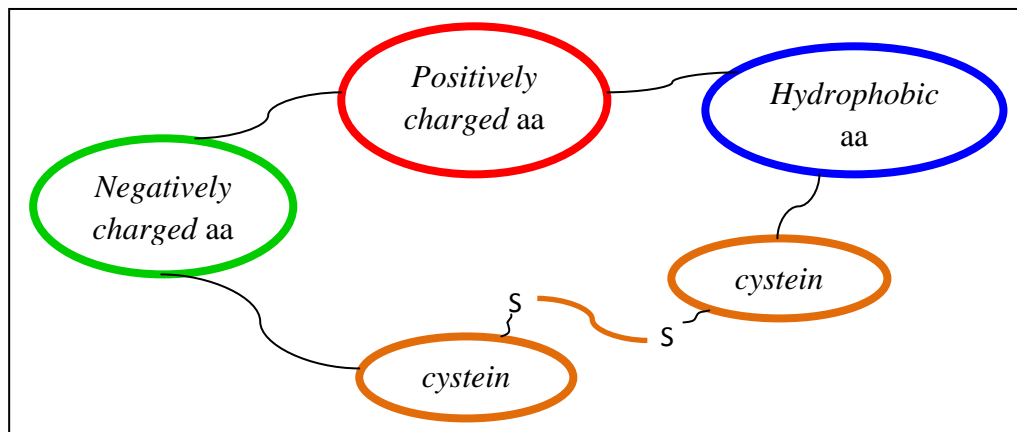
Proses selanjutnya adalah minimisasi energi protein *envelope DENV*. Pengaturan parameter dilakukan pada menu *potential setup*, yaitu penggunaan *force field* yang sesuai dan penentuan solvasi sistem selama simulasi. *Force field* yang sesuai dengan keadaan sistem adalah *MMFF94x (Merck Molecular Force Field 94x)*. Penggunaan *force field MMFF94x* dinilai lebih baik jika dibandingkan dengan *force field* lainnya untuk mengoptimisasi geometri protein (Panigrahi & Desiraju, 2007). Sedangkan untuk pengaturan solvasi sistem, *gas phase* digunakan dalam *molecular docking* dimana protein berada dalam keadaan kaku (*rigid*), sehingga energi solvasi tidak diperhitungkan.

Minimisasi energi dilakukan hingga nilai RMS *gradient* 0.05 kkal/Å yang sesuai untuk protein (Shattuck, 2009). Selama proses minimasi, terjadi perubahan konformasi dari struktur protein *envelope DENV*. Minimisasi energi bertujuan untuk menghilangkan interaksi yang tidak sesuai (*bad contact*) dari struktur dan diperoleh konformasi protein dengan energi terendah. Parameter lainnya menggunakan parameter *default MOE*.

4.2 Persiapan Ligan

4.2.1 Penentuan Ligan Peptida Siklis Disulfida Sebagai Inhibitor Fusi

Perancangan ligan peptida siklis dilakukan dengan mengkombinasikan asam amino yang bersifat hidrofobik dan bermuatan berdasarkan sifat dari *cavity* yang juga bersifat hidrofobik dan bermuatan (Yennamali, *et al.*, 2009), lalu dihubungkan oleh dua residu sisteina membentuk siklis jembatan disulfida seperti terlihat pada **gambar 4.4**.



Gambar 4.4. Rancangan ligan peptida siklis disulfida

Kombinasi 10 asam amino dengan rantai samping hidrofobik (alanina, fenilalanina, glisina, isoleusina, leusina, metionina, prolina, triptofan, tirosina dan valina), 3 asam amino dengan rantai samping bermuatan positif (arginina, histidina dan lisina), serta 2 asam amino dengan rantai samping bermuatan negatif (asam aspartat dan asam glutamat) menghasilkan 1320 ligan peptida siklis yang terdiri dari tripeptida, tetrapeptida dan pentapeptida (**lampiran 7**).

4.2.2 Perancangan Struktur Tiga Dimensi Ligan Peptida Siklis Disulfida

Peptida siklis disulfida dirancang dengan menggunakan *software ChemBioDraw Ultra 12.0*, kemudian dimodelkan kedalam bentuk tiga dimensi menggunakan *software ChemBio3D Ultra 12.0*. Format penyimpanan yang digunakan adalah *MDL Molfile*. Agar ligan yang telah dirancang dapat dibaca oleh *software MOE 2008.10*, maka *software VEGA ZZ 2.4.0* digunakan untuk penamaan ulang (*rename*) dari struktur tiga dimensi peptida siklis disulfida.

4.2.3 Optimisasi Geometri dan Minimisasi Energi Struktur Tiga Dimensi Ligan Peptida Siklis Disulfida

Ligan dalam format *MDL Mol* selanjutnya diimpor ke dalam *database viewer (dv) MOE 2008.10* untuk dilakukan optimisasi geometri dan minimisasi energi. Optimisasi geometri diawali dengan melakukan *wash* yang terdapat pada

database viewer MOE 2008.10 untuk seluruh ligan dengan tujuan untuk memperbaiki posisi atom hidrogen yang terdapat pada ligan dan memperbaiki struktur ligan. Kemudian dilakukan pengaturan *potential setup* dengan *force field MMFF94x* dan solvasi *gas phase*. Penambahan *partial charge* dilakukan jika diperlukan. Proses minimisasi energi pada ligan dilakukan dengan *RMS gradient* 0,001 kkal/Å dan parameter *force field MMFF94x* (Shattuck, 2009).

4.3 *Molecular Docking*

Virtual High Throughput Screening (vHTS) merupakan pendekatan komputasi untuk melakukan penapisan *library* molekul dalam jumlah besar untuk mendapatkan senyawa yang mempunyai kecocokan dengan target. Penapisan secara vHTS dilakukan dengan *molecular docking* untuk mengkalkulasi energi ikatan dengan target. *Molecular docking* merupakan suatu metode untuk memprediksi konformasi dan orientasi ligan terhadap struktur target. Pencarian konformasi ligan dilakukan dengan menempatkan ligan di dalam reseptor dengan orientasi yang berbeda untuk memperoleh *binding mode* reseptor-ligan yang paling sesuai dan aktual. Fungsi *scoring* digunakan untuk menghitung energi dari tiap *pose* interaksi reseptor-ligan. *Score* yang diperoleh menggambarkan interaksi dan aktivitas biologis dari ligan terhadap reseptor (Kalyaanamoorthy & Chen, 2011).

Alur kerja dalam proses *docking* terbagi ke dalam beberapa tahap, yaitu:

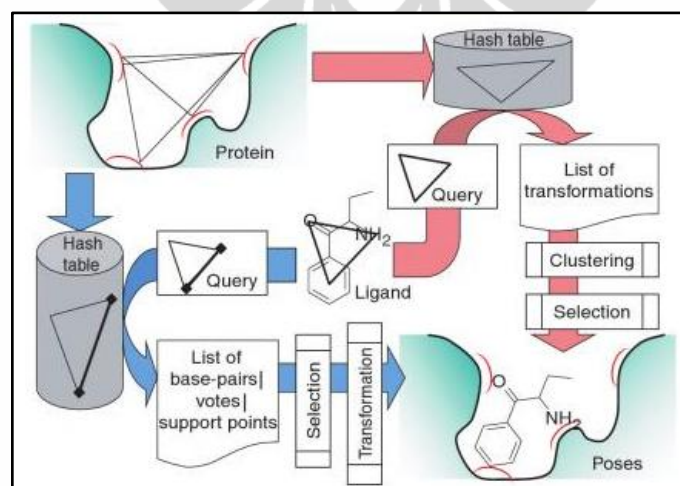
- Analisis konformasi, untuk menciptakan berbagai konformasi ligan yang memungkinkan tanpa mengubah sudut dan panjang ikatan.
- *Placement*, penentuan ligan dengan *pose* yang sesuai dari seluruh konformasi ligan yang memungkinkan untuk ditempatkan pada reseptor.
- *Scoring*, untuk menentukan afinitas antara ligan dengan reseptor
- *Refinement*, untuk memperbaiki atau menyesuaikan *pose* kompleks ligan-reseptor dengan parameter *force field* yang digunakan.

Dalam penelitian ini, *molecular docking* dilakukan dengan menggunakan fitur *dock* yang terdapat pada *software MOE 2008.10*. Pada proses *docking*

protein dikondisikan sebagai molekul yang *rigid* sedangkan ligan berada dalam keadaan yang fleksibel. Fleksibilitas ligan hanya terbatas pada ikatan yang dapat berotasi (*rotatable bonds*) sesuai dengan hasil analisis konformasi, sehingga menghasilkan berbagai bentuk konformasi ligan untuk proses *docking*.

Metode penempatan ligan pada reseptor menggunakan *triangle matcher* (Zhu, *et al.*, 2011). Metode ini merupakan *placement method default* dari *MOE 2008.10* yang digunakan untuk mengorientasikan ligan ke dalam reseptor. Prinsip dari metode ini adalah kesesuaian geometri antara ligan dengan reseptor. Tiga atom dari molekul ligan pada *pose* tertentu divisualisasikan membentuk segitiga (*triangle*) berdasarkan jarak relatif antara atom, lalu molekul ligan ini ditempatkan ke dalam daerah reseptor target yang juga dianalogikan membentuk segitiga. (Oprea, *et al.*, 2006). Dalam simulasi, metode *triangle matcher* digunakan untuk menghasilkan 2,5 juta *pose* ligan yang memungkinkan untuk proses *docking* (CCG, 2008). Ilustrasi mengenai metode ini dapat dilihat pada **gambar 4.5**.

Fungsi *scoring* yang digunakan adalah *london dG* untuk memperkirakan aktifitas biologi berdasarkan ikatan dan interaksi non kovalen yang terjadi antara ligan dengan target reseptor (Masand, *et al.*, 2011; Sotriffer, *et al.*, 2011). Dalam penelitian ini, hanya 100 *pose* yang ditampilkan (*retain*) sebagai hasil *docking* antara protein *envelope* DENV dengan peptida siklis disulfida.



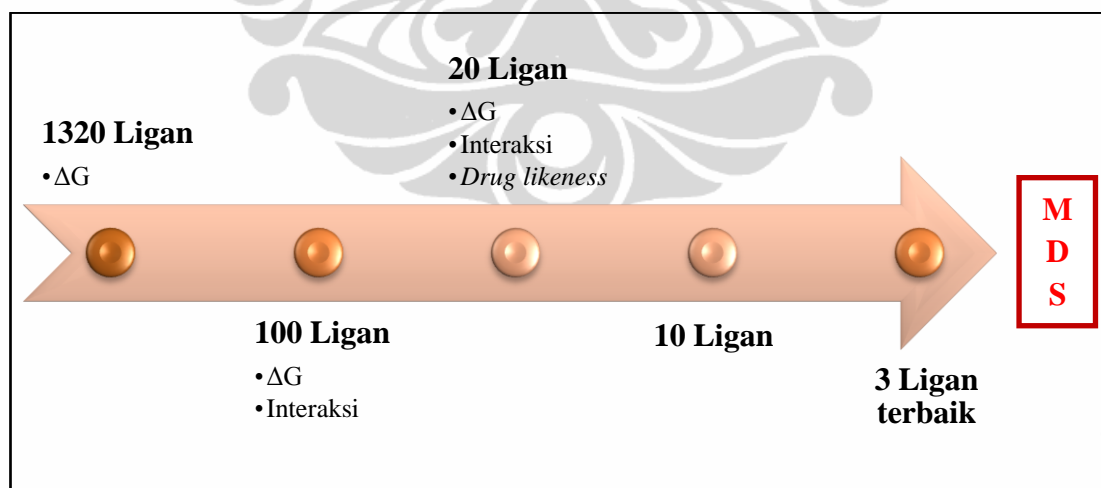
[Sumber : Oprea, *et al.*, 2006]

Gambar 4.5. Metode *triangle matcher*

Tahapan *refinement* digunakan untuk menyesuaikan *pose* ikatan ligan-reseptor sesuai dengan parameter yang digunakan. *Refinement* yang dilakukan menggunakan parameter *force field*. Pada metode ini akan dilakukan minimisasi energi kompleks ligan-reseptor hasil *docking* sehingga hasil yang diperoleh lebih akurat (CCG, 2008). Pada akhir tahapan *docking*, hanya 1 *pose* kompleks antara ligan peptida siklis disulfida dengan protein *envelope* DENV yang ditampilkan sebagai hasil *refinement*.

4.4 Analisis Data Hasil *Molecular Docking*

Screening terhadap 1320 ligan peptida siklis disulfida menghasilkan 3 ligan terbaik berdasarkan parameter energi bebas ikatan, interaksi protein-ligan dan kriteria *Lipinski's Rule of Five*. Tahapan *screening* dibagi menjadi tiga tahap, dimana tahap pertama dilakukan penapisan untuk mendapatkan 100 ligan terbaik, lalu tahap kedua untuk mendapatkan 20 ligan terbaik dan tahap ketiga untuk mendapatkan 10 ligan terbaik. Penentuan 3 ligan terbaik kandidat inhibitor fusi protein *envelope* DENV diperoleh dari hasil *molecular docking* 10 ligan terbaik. Masing-masing tahapan simulasi dilakukan sebanyak lima kali perulangan.



Gambar 4.6. Diagram alir tahapan proses *molecular docking*

4.4.1 Energi Bebas Ikatan (ΔG)

Data hasil *screening* 1320 ligan pada setiap tahapan *molecular docking* dapat dilihat pada **lampiran 8**, sehingga diperoleh 3 ligan terbaik kandidat inhibitor fusi.

Tabel 4.1. Data energi bebas ikatan (ΔG) hasil *molecular docking*

No.	Ligan	ΔG (kkal/mol)
1.	1071 CLREC	-30,7284
2.	1171 CYREC	-30,3522
3.	1121 CFREC	-28,8963
4.	C6 standar Wang	-19,4870
5.	NITD448 standar Poh	-19,3088
6.	A5 standar Kampmann	-18,4387
7.	R1 standar Yennamali	-15,0584
8.	A4 standar Kampmann	-13,6520

Tabel 4.1 menunjukkan energi bebas ikatan antara ligan dengan protein *envelope* DENV pada simulasi *molecular docking*. Proses *docking* bertujuan untuk memperoleh *pose* protein-ligan. Setelah memperoleh *pose* ini, analisa afinitas ikatan bertujuan untuk mengevaluasi molekul ligan yang cenderung dapat berinteraksi dengan target dan memberikan peringkat (*rank*) pada tiap molekul untuk menunjukkan potensi aktivitas biologis. Secara termodinamika, interaksi intermolekuler dan pembentukan kompleks protein-ligan ditentukan oleh perubahan energi bebas Gibbs (ΔG). Jika harga ΔG bernilai negatif, maka keseluruhan proses atau reaksi berlangsung secara spontan (Sotriffer, *et al.*, 2011).

Dari **tabel 4.1**, terlihat bahwa ligan CLREC, CFREC dan CYREC memiliki nilai S atau ΔG yang lebih rendah (negatif) daripada ligan pembanding sehingga afinitas antara ketiga ligan peptida siklis disulfida dengan *cavity* pada *envelope* DENV lebih baik jika dibandingkan dengan ligan pembanding.

4.4.2 Interaksi Protein-Ligan

Pembentukan ikatan antara ligan dengan protein umumnya berupa interaksi non kovalen yang dipengaruhi oleh interaksi elektrostatis, seperti pembentukan jembatan garam, ikatan hidrogen dan interaksi van der Waals. Dalam perancangan obat, ikatan hidrogen mempunyai peranan penting untuk membentuk ikatan antara ligan dengan reseptor. Ikatan hidrogen didefinisikan sebagai interaksi elektrostatis antara dua pusat elektonegatif dengan atom hidrogen yang terikat secara kovalen pada salah satunya. Atom hidrogen berada di antara awan elektron kedua pusat elektronegatif ini (Sotriffer, *et al.*, 2011; Böhm & Schneider, 2003).

Dari *pose* protein-ligan, dapat diamati kontak residu dan ikatan hidrogen yang terbentuk antara residu asam amino ligan dengan protein *envelope* DENV. Identifikasi kontak residu dilakukan menggunakan program *LigX-interaction* pada *software MOE 2008.10*. Tampilan kontak residu antara ligan dengan protein dapat dilihat pada **tabel 4.2**. Ilustrasi dua dimensi yang menggambarkan interaksi antara ligan peptida siklis disulfida dengan target *cavity* pada *envelope* DENV dapat dilihat pada **lampiran 9**.

Tabel 4.2. Interaksi hidrogen protein-ligan

No.	Ligan	Interaksi hidrogen
1.	1071 CLREC	Ser72 (2), Gly102 (2), Asp154 (1), Arg2 (1), Asn103 (2), Lys246 (2)
2.	1171 CYREC	Ser72 (2), Gly102 (2), Asp154 (1), Lys246 (2), Arg2 (1), Arg99 (2), Asn103 (2)
3.	1121 CFREC	Ser72 (2), Gly102 (2), Asp154 (1), Thr155 (1), Arg2 (1), Lys246 (1)
4.	C6 standar Wang	---
5.	NITD448 standar Poh	Arg2 (1), Ser72 (2), Gly102 (2), Asn103 (2),

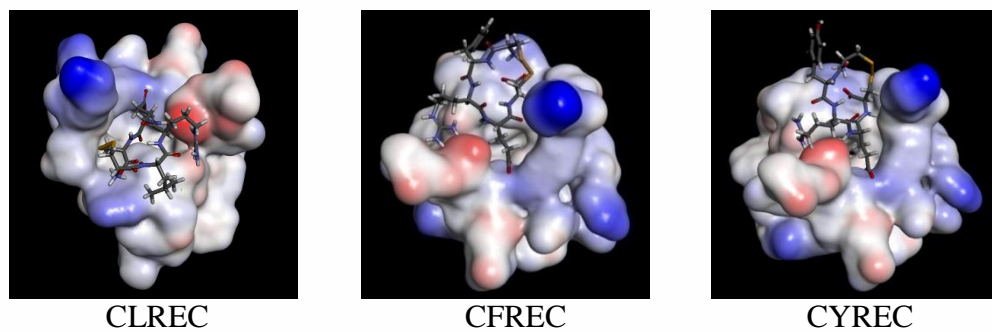
		Lys246 (2)
6.	A5 standar Kampmann	---
7.	R1 standar Yennamali	---
8.	A4 standar Kampmann	Arg99 (2)

Ket: Residu bercetak tebal adalah residu yang membentuk *cavity* protein *envelope* DENV.

Residu bercetak merah adalah residu penyusun peptida fusi.

- (1) Rantai A dimer protein *envelope* DENV.
- (2) Rantai B dimer protein *envelope* DENV.

Dari **tabel 4.2** dapat terlihat bahwa interaksi hidrogen antara ligan peptida siklis disulfida dengan *cavity* target lebih baik jika dibandingkan dengan ligan pembeding, dimana jumlah interaksi hidrogen yang dibentuk oleh ligan CLREC adalah 5 ikatan hidrogen, CYREC sebanyak 6 ikatan hidrogen dan CFREC sebanyak 5 ikatan hidrogen dengan residu penyusun *cavity* target. Sedangkan untuk ligan pembeding, hanya molekul NITD448 standar Poh yang membentuk 4 ikatan hidrogen dengan residu penyusun *cavity* target dan molekul A4 standar Kampmann yang memiliki 1 interaksi hidrogen dengan target residu. Dengan adanya interaksi hidrogen dengan residu penyusun *cavity* target, diharapkan fleksibilitas dari protein *envelope* menjadi berkurang dan perubahan konformasi terganggu. Ukuran molekul ketiga ligan, CLREC, CYREC dan CFREC adalah $457,585 \text{ \AA}^3$; $474,229 \text{ \AA}^3$ dan $466,826 \text{ \AA}^3$ yang lebih besar daripada volume *cavity* target 298 \AA^3 . Namun, dari **gambar 4.7** terlihat bahwa ketiga molekul ligan menempati *cavity* pada protein *envelope* DENV. Visualisasi *pose* terikatnya ligan peptida siklis disulfida pada *cavity* protein *envelope* DENV ditunjukkan pada **gambar 4.7**.



Gambar 4.7. Visualisasi *pose* ikatan ligan peptida siklis disulfida dengan protein envelope DENV

4.4.3 Drug likeness

Menurut *Lipinski's Rule of Five*, rancangan obat yang baik memiliki kisaran berat molekul sekitar 500 g/mol, kemampuan H-donor < 5 , kemampuan H-acceptor < 10 , serta nilai $\log P < 5$. Nilai Mr (berat molekul) menentukan ukuran dari molekul obat, H-donor dan H-acceptor merupakan deskripsi kemampuan obat untuk berinteraksi. Ketiga parameter ini menentukan permeabilitas suatu obat untuk dapat melewati membran *bilayer* dari sel. Sedangkan nilai $\log P$ berhubungan dengan hidrofobisitas molekul obat. Semakin positif nilai $\log P$, maka sifat hidrofobik molekul meningkat (Oprea, 2002; Ursu, *et al.*, 2011).

Dari **tabel 4.3** terlihat bahwa rancangan ligan memiliki sifat hidrofilik yang hampir sama. Dan ketiga ligan menunjukkan ketidaksesuaian dengan *Lipinski's Rule of Five*. Ukuran molekul ligan peptida siklis disulfida yang lebih besar dari 500 g/mol menyebabkan ligan memiliki permeabilitas membran *bilayer* yang rendah dan jumlah H-donor yang lebih besar dari 5 memungkinkan interaksi yang terlalu kuat dengan reseptor target sehingga mempengaruhi karakteristik ADME-Tox dari ligan.

Tabel 4.3. Hasil analisis *Lipinski's Rule of Five* ligan peptida siklis disulfida

Ligan	CLREC	CYREC	CFREC
Parameter			
Berat molekul (g/mol)	620,753	654,770	670,769
H-donor	8	8	9
H-acceptor	8	8	9
LogP	-7,299	-7,103	-7,397

Ket: Warna merah menunjukkan pelanggaran *Lipinski's Rule of Five*.

4.5 Simulasi *Molecular Dynamics*

Dalam tahapan perancangan obat secara rasional, diperlukan pemahaman terhadap mekanisme dan kinetika molekul protein. Simulasi *molecular dynamics* dilakukan untuk memperkirakan perilaku dinamis dari suatu sistem yang kompleks. Pengetahuan dinamika dan struktural molekul protein seperti fluktuasi atom, efisiensi ikatan protein-ligan, energi bebas dan pergerakan molekul protein dapat diamati selama periode waktu tertentu dalam simulasi (Wagner, Steinmetz, & Bode, 2009). Metode *docking* yang digunakan dalam perancangan obat secara komputasi dapat dikombinasikan dengan simulasi *molecular dynamics* untuk memprediksikan kompleks protein-ligan yang lebih akurat. Pada proses *docking* protein tidak berada dalam keadaan yang fleksibel, sehingga tidak memungkinkan pergerakan protein untuk menyesuaikan konformasi akibat berikatan dengan ligan. Sedangkan dalam simulasi *molecular dynamics*, ligan dan protein berada dalam keadaan fleksibel, sehingga memungkinkan model *induced-fit* pada kompleks protein-ligan (Alonso, Bliznyuk, & Gready, 2006).

Simulasi *molecular dynamics* menggambarkan interaksi intra dan intermolekuler, mencakup perubahan bentuk ikatan antara atom akibat adanya tekukan, uluran atau rotasi. Perhitungan keseluruhan energi dalam sistem ini mempergunakan model *molecular force field*. Berbeda dengan proses *docking* yang menggunakan solvasi *gas phase* sehingga enzim berada dalam keadaan *rigid*,

pada simulasi dinamika molekul menggunakan solvasi *born*, sehingga energi solvasi (E_{sol}) turut diperhitungkan dalam energi potensial sistem molekular yang merupakan fungsi dari koordinat atom :

$$E(x) = E_{str} + E_{ang} + E_{stb} + E_{oop} + E_{tor} + E_{vdw} + E_{ele} + E_{sol}$$

Dimana, E_{str} = energi *stretching*, E_{ang} = energi *angular*, E_{stb} = energi *stretching* dan *bending*, E_{oop} = energi *out of plane*, E_{tor} = energi torsional, E_{vdw} = energi *intermolecular* vdw, E_{ele} = energi elektrostatis, E_{sol} = energi solvasi pelarut (Wagner, *et al.*, 2009; Huang, *et al.*, 2010; CCG, 2008).

Koordinat awal suatu biomolekul umumnya diperoleh dari hasil kristalografi sinar X atau pemodelan struktur tiga dimensi, yang jarak antar satu dengan lainnya sangat dekat ataupun sangat jauh dari posisi kesetimbangan. Adanya ketidaksesuaian geometri tersebut menyebabkan terjadinya interaksi yang tidak disukai (*bad contact*) maupun efek-efek sterik berenergi tinggi yang dapat mengakibatkan sistem menjadi tidak stabil. Maka dilakukan proses minimisasi sehingga posisi geometri atom yang tidak sesuai dapat diperbaiki dan diperoleh energi potensial terendah bagi sistem (Nurbaiti, 2009).

Simulasi *molecular dynamics* dilakukan dengan memilih opsi simulasi *dynamic* pada *software MOE.2008.10* untuk ketiga kompleks protein-ligan. Algoritma yang digunakan adalah NPA (*Nosé-Poincaré-Andersen*) (Sturgeon & Laird, 2008), dengan *force field MMFF94x*, *ensemble* kanonikal NVT, pada suhu 300 K dan 312 K, serta tekanan sebesar 101 kPa. *Force field MMFF94x* digunakan dalam simulasi *molecular dynamics* karena cocok untuk digunakan dalam model solvasi implisit *Generalized Born* (CCG, 2008). Dengan mempergunakan model pelarut implisit, maka simulasi dapat berlangsung lebih cepat tanpa perlu memperhitungkan adanya molekul pelarut eksplisit. Dengan model ini, setiap detail atom dikondisikan untuk tetap memiliki pergerakan akibat pengaruh solven terhadap molekul protein seperti dalam model pelarut eksplisit. (Wang, *et al.*, 2008). Suatu *ensemble* merupakan kumpulan dari seluruh sistem yang mungkin dan memiliki karakteristik makroskopis yang sama, namun berbeda secara mikroskopis. Penggunaan *ensemble* NVT dilakukan dengan jumlah atom (N) dan volume (V) yang sama, juga temperatur (T) yang distabilkan dengan

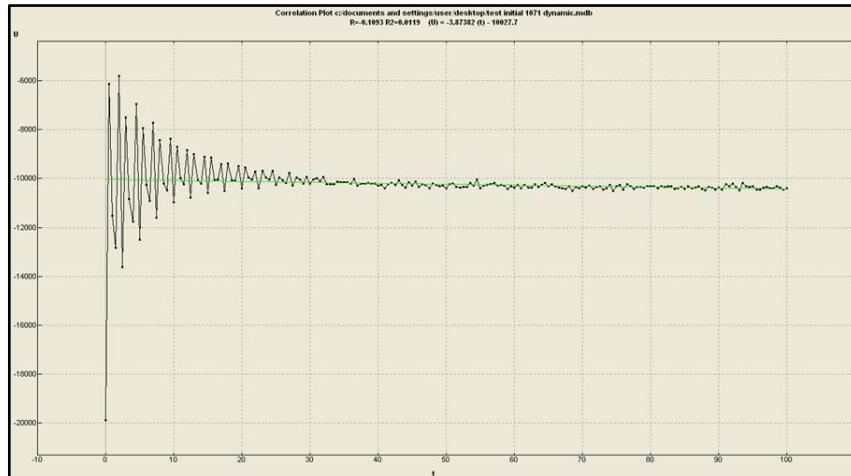
menggunakan thermostat selama simulasi berlangsung

(http://www.ch.embnet.org/MD_tutorial/pages/MD.Part1.html).

Ada 3 tahapan dalam simulasi *molecular dynamics*, yaitu inisialisasi, ekulibrasi dan produksi. Pada tahapan inisialisasi, dilakukan penentuan keadaan awal sistem seperti koordinat atom, kecepatan dan energi potensial sistem. Setelah itu simulasi dijalankan hingga sistem mencapai ekulibrasi yang ditunjukkan dengan semakin menurunnya energi potensial sistem. Ekuilibrasi merupakan proses pemerataan kerapatan posisi atom di semua bagian sistem sekaligus memberikan kondisi rileks pada molekul akibat pengekangan ketika sistem dipanaskan (Nurbaiti, 2009). Posisi atom yang baru ditentukan sebagai hasil dalam tahapan produksi dimana sistem telah mencapai kesetimbangan. (Keffer, 2002). Tahapan produksi menghasilkan *trajectory* dari suatu simulasi. *Trajectory* yang diperoleh merupakan koordinat yang dibentuk dengan mengambil *snapshot* perubahan dari waktu ke waktu yang menunjukkan keadaan setiap atom pada rentang waktu simulasi (Sharma, *et al.*, 2009). Berdasarkan data tersebut dapat diamati interaksi yang terjadi antara ligan dengan enzim dengan visualisasi dua dimensi program *LigX-Interaction software MOE 2008.10* serta perubahan konformasi yang terjadi pada enzim.

4.5.1 Penentuan Waktu Inisialisasi

Simulasi *molecular dynamics* dilakukan pada suhu 300 K, selama 100 piko detik, lalu dibuat plot korelasi antara waktu simulasi vs energi potensial total sistem seperti terlihat pada **gambar 4.8**. Penentuan waktu inisialisasi berdasarkan kepada waktu dimana energi potensial total sistem mulai memasuki kesetimbangan. Berdasarkan plot korelasi antara waktu simulasi vs energi potensial total sistem, dapat terlihat bahwa energi potensial total sistem mulai mencapai kesetimbangan setelah simulasi 40 piko detik. Untuk setiap simulasi *molecular dynamics*, dilakukan inisialisasi terlebih dahulu selama 40 piko detik sebelum menjalankan simulasi utama untuk menentukan kondisi awal kompleks protein-ligan. Plot korelasi waktu inisialisasi vs energi potensial total sistem untuk ketiga kompleks CLREC, CYREC dan CFREC dapat dilihat pada **lampiran 10**.



Gambar 4.8. Kurva waktu simulasi vs energi potensial total sistem untuk penentuan waktu inisialisasi

4.5.2 Simulasi *Molecular Dynamics* pada Temperatur 300 K

Hasil dari tahap inisialisasi untuk setiap kompleks protein-ligan, dilanjutkan dengan simulasi *molecular dynamics* pada temperatur 300 K. Simulasi utama dijalankan selama 5000 piko detik, kemudian dilakukan *cooling stage* selama 20 piko detik. Temperatur 300 K merupakan temperatur kamar yang biasanya digunakan untuk melakukan simulasi *molecular dynamics*. Setelah simulasi utama, sistem akan didinginkan (*cooling stage*) dengan tujuan untuk menemukan energi konformasi terendah dari molekul. *Cooling stage* membuat temperatur simulasi mencapai 1 K. Hasil *position*, *velocity* dan *acceleration* disimpan setiap 0,5 pikodetik. *Output* hasil simulasi berupa *database* dengan format *.mdb*.

4.5.3 Simulasi *Molecular Dynamics* pada Temperatur 312 K

Perlakuan yang sama dilakukan pada simulasi *molecular dynamics* pada temperatur 312 K. Temperatur 312 K merupakan temperatur tubuh manusia saat mengalami demam. Hasil inisialisasi dengan parameter yang sama dilanjutkan untuk simulasi pada temperatur ini. Penambahan fase *heating stage* dari selama 20 piko detik bertujuan untuk menaikkan temperatur sistem dari 300 K hingga 312 K.

Simulasi utama dilakukan selama 5000 piko detik. Hasil *position*, *velocity* dan *acceleration* disimpan setiap 0,5 piko detik. Hasil simulasi berupa *database* dengan format *mdb*.

4.6 Analisis Data Hasil Simulasi *Molecular Dynamics*

Untuk menganalisis dan membandingkan afinitas ligan peptida siklis disulfida terhadap *cavity* protein *envelope* DENV dan kestabilan kompleks protein ligan dalam simulasi *molecular dynamics*, dilakukan pengamatan interaksi ligan dengan residu enzim selama simulasi untuk mengetahui pengaruh solvasi terhadap pergerakan kompleks protein-ligan yang terbentuk. Interaksi ligan yang diamati meliputi kontak residu dan ikatan hidrogen.

4.6.1 Interaksi Protein-Ligan

4.6.1.1 Simulasi *Molecular Dynamics* pada Temperatur 300 K

Pengaruh solvasi terhadap kompleks protein-ligan menyebabkan terjadinya perubahan interaksi ketiga ligan terhadap *cavity* protein *envelope* DENV. Perbandingan interaksi protein-ligan selama simulasi *molecular dynamics* pada suhu kamar (300K) dapat dilihat pada **tabel 4.4**.

Tabel 4.4. Interaksi ligan dengan *envelope* DENV selama simulasi *molecular dynamics* pada suhu 300 K

Ligan \ Tahap	CLREC	CYREC	CFREC
Inisialisasi 40 ps	Asp154 (1), Ser72 (2)	Glu71 (2), Asp154 (1), Arg99 (2), Gly100 (2), Asn103 (2)	Asp249 (2), Val250 (2), Lys247 (2), Asn276 (1)
Simulasi 500 ps	Thr70 (2), Glu71 (2), Asp154 (1), Arg2 (1), Ser 72(1), Arg99 (2), Lys 246 (2)	Met1 (1), Ile4 (1), Thr70 (2), Glu71 (2), Ser274 (1), Thr70 (2), Arg99 (2), Asn103 (2),	Asp249 (2), Val250 (2), Thr155 (1), Lys157 (1), Lys 247 (2)

		Leu277 (1)	
Simulasi 1000 ps	Glu71 (2), Asn103 (2), Asp154 (1), Arg2 (1), Asp98 (2), Arg99 (2), Lys246 (2)	Thr68 (2), Glu71 (2), Asp98 (2), Asp154 (1), Lys93 (2)	Asp249 (2), Val250 (2), Asn153 (1), Asp154 (1), Thr155 (1), Lys157 (1), Lys247 (2)
Simulasi 1500 ps	Glu49 (1), Glu71 (2), Ser 274 (1), Arg99 (2), Lys246 (2)	Met1 (1), Arg2 (1), Thr68 (2), Glu71 (2), Arg99 (2), Thr155 (1), Glu161 (1), His27 (1), Lys93 (2)	Asp249 (2), Val250 (2), Asn153 (1), Asp154 (1), Lys157 (1), Lys247 (2)
Simulasi 2000 ps	Glu71 (2), Asn103 (2), Ser274 (1), Arg99 (2), Asn153 (1), Lys246 (2)	Arg2 (1), Thr68 (2), Glu71 (2), Lys93 (2), Arg99 (2), Asp249 (2)	Asp249 (2), Val250 (2), Asn153 (1), Lys157 (1), Lys247 (2), Gln271 (1)
Simulasi 2500 ps	Glu71 (2), Asn103 (2), Lys47 (1), Arg99 (2), Lys246 (2), Lys247 (2)	Ile4 (1), Glu71 (2), Asp249 (2), His27 (1), Lys93 (2), Arg99 (2)	Asp249 (2), Asn153 (1), Asp154 (1), Lys247 (2)
Simulasi 3000 ps	Glu71 (2), Gly102 (2), Arg99 (2), Trp101 (2), Lys247 (2)	Ile4 (1), Thr68 (2), Glu71 (2), Glu147 (1), Lys93 (2), Lys247 (2)	Asp249 (2), Val250 (2), Asn153 (1), Lys247 (2)
Simulasi 3500 ps	Asp249 (2), Ser273 (1), Ser274 (1), Lys47 (1), Lys51 (1), Arg99 (2)	Ile4 (1), Thr68 (2), Glu71 (2), Glu147 (1), Lys93 (2), Arg99 (2), Lys160 (1), Lys247 (2)	Asp249 (2), Val250 (2), Arg99 (2), Lys247 (2)
Simulasi 4000 ps	Asn103 (2), Asp249 (2), Arg99 (2), Lys157 (1), Lys247 (2), Ser274 (1)	Gly5 (1), Thr68 (2), Glu71 (2), Glu147 (1), Asn153 (1), Asn366 (1), Met1 (1), Arg2 (1), Lys93 (2), Arg99 (2), Lys247 (2)	Asp249 (2), Val250 (2), Arg99 (2), Val151 (1), Asn153 (1), Lys247 (2)
Simulasi 4500 ps	Asn103 (2), Asp249 (2), Asp274 (1), Arg99 (2), Asn103 (2), Gln 248 (2)	Ile4 (1), Gly5 (1), Thr68 (2), Glu71 (2), Glu147 (1), Gly152 (1), Met1 (1), Lys93 (2), Lys247 (2)	Asn103 (2), Asp249 (2), Val250 (2), Ser72 (2), Arg99 (2), Asn153 (1), Lys247 (2)
Simulasi 5000 ps	Arg99 (2), Trp101 (2), Gly102 (2), Lys246 (2), Lys 47 (1), Arg99 (2), Lys157 (1), Ser274 (1)	Gly5 (1), Thr68 (2), Glu71 (2), Glu147 (1), Arg2 (1), Lys93 (2), Arg99 (2), Thr115 (2), Lys247 (2)	Ser72 (2), Asp249 (2), Val250 (2), Arg99 (2), Val151 (1), Asn153 (1), Lys247 (2)
Pendinginan 20 ps	Trp101 (2), Gly102 (2), Thr155 (1), Gly156 (1), Glu161	Glu71 (2), Glu147 (1), Arg2 (1), Lys93 (2), Thr115 (2),	Asp249 (2), Val250 (2), Ser72 (2), Arg99 (2), Val151 (1),

	(1), Lys47 (1), Lys110 (2)	Lys247 (2),	Lys247 (2)
--	-------------------------------	--------------------	-------------------

Ket: Residu bercetak tebal adalah residu yang membentuk *cavity* protein *envelope* DENV.

Residu bercetak merah adalah residu penyusun peptida fusi.

(1) Rantai A dimer protein *envelope* DENV.

(2) Rantai B dimer protein *envelope* DENV.

Dari **tabel 4.4** dapat dilihat bahwa ketiga ligan CLREC, CYREC dan CFREC tetap mempertahankan interaksi dengan *cavity* target, tetapi hanya ligan CLREC dan CFREC yang membentuk ikatan hidrogen dengan segmen peptida fusi protein *envelope* DENV. Selama simulasi 5000 piko detik, ligan CLREC tetap konsisten berinteraksi dengan segmen peptida fusi ini. Terutama interaksi dengan residu Trp101 yang masih dipertahankan hingga akhir simulasi. Selain dengan adanya interaksi antara ligan dengan *cavity* target yang akan mengurangi pergerakan *envelope* sewaktu mengalami perubahan konformasi, berdasarkan hasil penelitian Melo, *et al.*, (2009) yang menyatakan bahwa tiga residu asam amino yang bersifat hidrofobik (Trp101, Leu107 and Phe108) mempunyai peranan penting dalam aktivitas peptida fusi, maka interaksi antara ligan dengan residu ini juga diharapkan dapat menghambat aktivitas dari peptida fusi.

4.6.1.2 Simulasi *Molecular Dynamics* pada Temperatur 312 K

Hal yang sama seperti dalam simulasi *molecular dynamics* pada suhu 300K, simulasi *molecular dynamics* pada suhu 312 K juga menunjukkan perubahan interaksi protein-ligan seperti ditunjukkan pada **tabel 4.5**.

Tabel 4.5. Interaksi ligan dengan *envelope* DENV selama simulasi *molecular dynamics* pada suhu 312 K

Ligan Tahap	CLREC	CYREC	CFREC
Inisialisasi 40 ps	Asp98 (2), Lys246 (2), Gly275 (1),	Asn276 (1), Lys47 (1),	Gly102 (2), Gln248 (2), Lys157 (1),

	Asn276 (1), Leu277 (1)	Asn276 (1)	Lys247 (2)
Pemanasan 20 ps	Asp98 (2), Lys246 (2), Gly 275 (1), Asn276 (1), His244 (2), Lys247 (2),	Asp154 (1), His27 (1), Lys157 (1)	Gln248 (2), Thr70 (2), Lys247 (2)
Simulasi 500 ps	Arg2 (1), Ile4 (1), Thr70 (2), Asn103 (2), Cys30 (1), Lys247 (2)	Thr70 (2), Glu71 (2), Gly102 (2), Asn103 (2), Thr115 (2), Asp154 (1), Met1 (1), Thr70 (2), Thr155 (1), Lys157 (1)	Ser72 (2), Thr115 (2), Asp249 (2), Thr68 (2)
Simulasi 1000 ps	Gly5 (1), Glu71 (2), Ser72 (2), Asp98 (2), Gln248 (2), Cys30 (1), Lys247 (2), Gln248 (2)	Glu71 (2), Gln77 (2), Glu79(2), Asp154 (1), Gln77 (2), Thr155 (1), Lys157 (1)	Glu71 (2), Thr115 (2), Asp249 (2), Thr268 (2), Gln248 (2)
Simulasi 1500 ps	Arg2 (1), Glu71 (2), Ser72 (2) Asp98 (2), Gln248 (2), Arg99 (2), Leu277 (1), Leu278 (1)	Thr70 (2), Ser72 (2), Asp154 (1), Ser273 (1), His149 (1), Thr155 (1), Lys157 (1)	Glu71 (2), Thr115 (2), Asp249 (2), Gln248 (2)
Simulasi 2000 ps	Asp98 (2), Asp98 (2), Arg2 (1), Arg73 (2), Arg99 (2), Gly275 (1), Leu 277 (1)	Glu49 (1), Leu65 (2), Asp154 (1), Lys202 (2), Asp203 (1), Lys157 (1), Lys202 (1)	Ala245 (2), Lys246 (2), Asp249 (2), Asn153 (1), Lys247 (2), Ser273 (1)
Simulasi 2500 ps	Thr69 (2), Asp249 (2), Val250 (2), Asp98 (2), Arg99 (2), Lys247 (2)	Glu49 (1), Asp154 (1), Gln167 (1), Asp203 (1), Thr155 (1), Lys157 (1), Lys202 (1)	Ser72 (2), Asn103 (2), Asn249 (2), Ser273 (1), Lys247 (2)
Simulasi 3000 ps	Glu26 (1), Cys30 (1), Thr249 (2), Asp98 (2), Arg99 (2), Lys247 (2)	Glu49 (1), Asp154 (1), Asp203 (1), Asp203 (1), Lys51 (1), Lys157 (1)	Thr70 (2), Glu71 (2), Asp203 (1), Asp249 (2), Lys247 (2)
Simulasi 3500 ps	Glu26 (1), Ser29 (1), Thr69 (2), Asp249 (2), Asp98 (2), Arg99 (2) Lys247 (2)	Glu49 (1), Asp154 (1), Lys202 91), Asp203 (1), Lys157 (1), Lys202 (1)	Thr70 (2), Glu71 (2), Asp249 (2), Lys247 (2)
Simulasi 4000 ps	Glu26 (1), Cys30 (1), Asp249 (2), Asp98 (2), Arg99 (2), Lys247 (2)	Glu49 (1), Asp154 (1), Asp203 (1), Gln271 (1), Ser273 (1), Lys51 (1), Lys157 (1), Lys202 (1), Ser273 (1)	Arg249 (2), Ser274 (1), Lys202 (1), Lys204 (1)
Simulasi 4500 ps	Glu26 (1), Thr69 (2), Glu71 (2), Asp249 (2), Lys93 (2), Arg99 (2), Lys246 (2), Lys247 (2)	Glu49 (1), Asn67 (2), Asp154 (1), Gln 167 (1), Asp203(1), Lys51 (1), Lys157 (1), Lys202 (1)	Asp203 (1), Gly254 (2)
Simulasi 5000 ps	Ala63 (2), Thr69 (2), Glu71 (2), Asp249 (2),	Glu49 (1), Asp154 (1), Asp203 (1), Gln271	Lys204 (1), Lys241

	Lys93 (2), Arg99 (2), Lys247 (2)	(1), Lys51 (1), Thr155 (1), Lys157 (1), Gln200 (1), Lys202 (1)	(2), His261 (1)
Pendinginan 20 ps	Ala63 (2), Thr69 (2), Glu71 (2), Asp249 (2), Arg2 (1), Lys93 (2), Arg99 (2), Lys247 (2)	Glu49 (1), Asp154 (1), Asp203 (1), Gln271 (1), Ser273 (1), Lys51 (1), Lys157 (1), Lys202 (1), Ser273 (1)	Lys204 (1), Lys241 (2), Gln256 (2), His261 (1)

Ket: Residu bercetak tebal adalah residu yang membentuk *cavity* protein *envelope* DENV.

Residu bercetak merah adalah residu penyusun peptida fusi.

- (1) Rantai A dimer protein *envelope* DENV.
- (2) Rantai B dimer protein *envelope* DENV.

Ligan CLREC dan CYREC tetap mempertahankan interaksi dengan *cavity* pada *envelope* DENV sementara ligan CFREC tidak lagi berinteraksi dengan *cavity* target setelah waktu simulasi 4000 piko detik. Pada simulasi 312 K, ligan CLREC juga tetap konsisten mempertahankan interaksi dengan segmen peptida fusi, meskipun tidak lagi berinteraksi dengan ketiga residu penting pada peptida fusi.

4.6.1.3 Perbandingan Interaksi Ligan pada *Molecular Docking* dan *Molecular Dynamics*

Perbandingan interaksi antara ligan peptida siklis disulfida dengan *cavity* pada protein *envelope* DENV dalam keadaan *rigid* pada *molecular docking* dengan interaksi protein-ligan dalam simulasi *molecular dynamics* pada suhu 300 K dan 312 K dapat dilihat pada **Tabel 4.6**. Dapat terlihat bahwa pengaruh solvasi terhadap pergerakan dinamis molekul akan mempengaruhi afinitas dan kestabilan ikatan antara ligan dengan protein target. Data perubahan interaksi ketiga kompleks protein-ligan selama simulasi pada suhu 300 K dan 312 K terlampir pada **lampiran 11**.

Tabel 4.6. Interaksi protein-ligan pada simulasi *molecular docking* dan *molecular dynamics*

Ligan Simulasi	CLREC	CYREC	CFREC
<i>Molecular docking</i>	Ser72 (2), Gly102 (2), Asp154 (1), Arg2 (1), Asn103 (2), Lys246 (2)	Ser72 (2), Gly102 (2), Asp154 (1), Lys246 (2), Arg2 (1), Arg99 (2), Asn103 (2)	Ser72 (2), Gly102 (2), Asp154 (1), Thr155 (1), Arg2 (1), Lys246 (1)
<i>Molecular dynamics 300 K</i>	Trp101 (2), Gly102 (2), Thr155 (1), Gly156 (1), Glu161 (1), Lys47 (1), Lys110 (2)	Glu71 (2), Glu147 (1), Arg2 (1), Lys93 (2), Thr115 (2), Lys247 (2),	Asp249 (2), Val250 (2), Ser72 (2), Arg99 (2), Val151 (1), Lys247 (2)
<i>Molecular dynamics 312 K</i>	Ala63 (2), Thr69 (2), Glu71 (2), Asp249 (2), Arg2 (1), Lys93 (2), Arg99 (2), Lys247 (2)	Glu49 (1), Asp154 (1), Asp203 (1), Gln271 (1), Ser273 (1), Lys51 (1), Lys157 (1), Lys202 (1), Ser273 (1)	Lys204 (1), Lys241 (2), Gln256 (2), His261 (1)

Ket: Residu bercetak tebal adalah residu yang membentuk *cavity* protein *envelope* DENV.

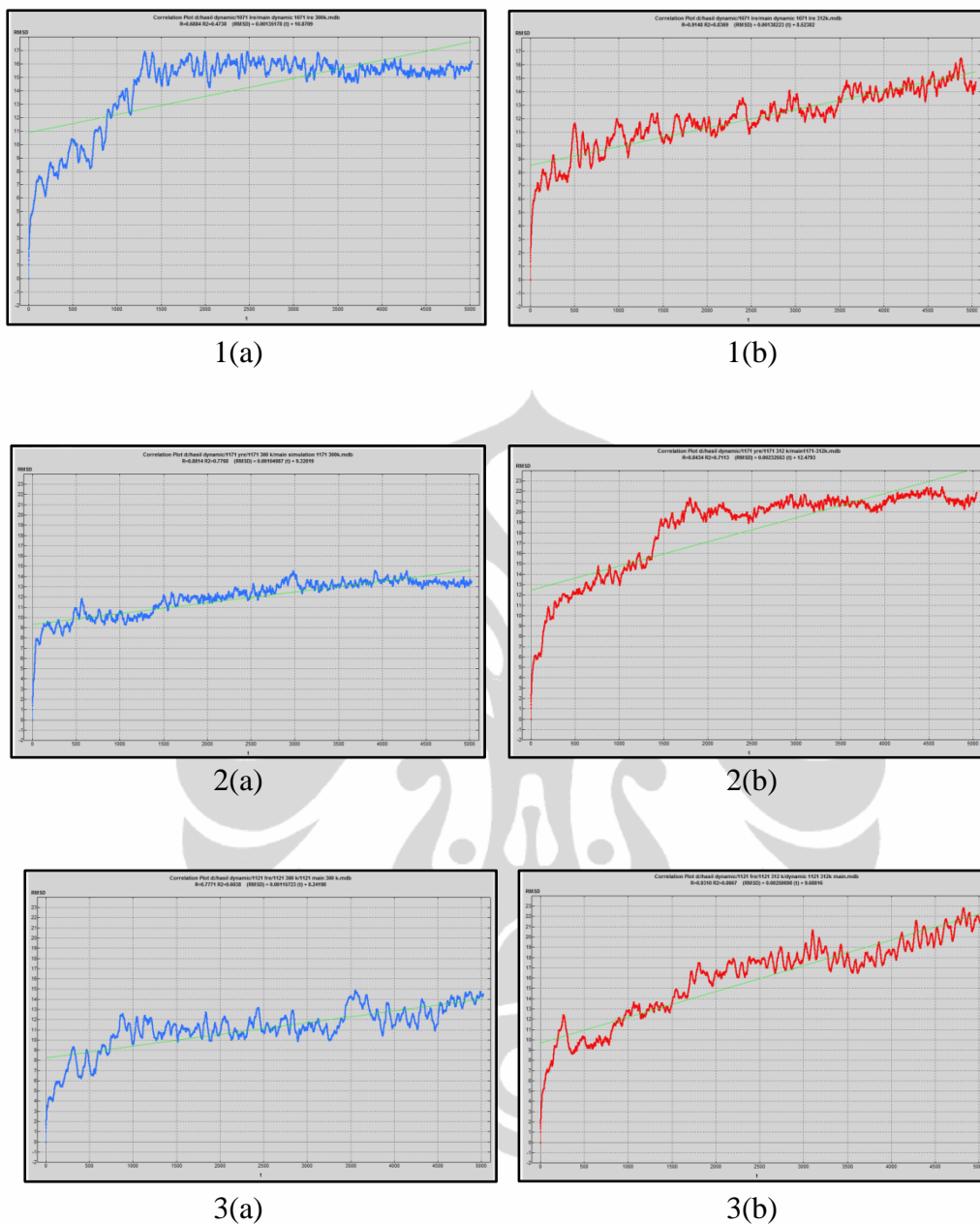
Residu bercetak merah adalah residu penyusun peptida fusi.

(1) Rantai A dimer protein *envelope* DENV.

(2) Rantai B dimer protein *envelope* DENV.

4.6.2 Analisis Konformasi Selama Simulasi *Molecular Dynamics*

Perubahan konformasi kompleks protein-ligan dapat dilihat dari kurva waktu simulasi vs RMSD. Konformasi protein merupakan kumpulan dari koordinat tiga dimensi atom-atom penyusunnya. Sehingga, selama simulasi *molecular dynamics* pergerakan protein pada setiap *trajectory* akan mengubah konformasi protein. Besarnya perubahan konformasi antara kedua koordinat atom ini digambarkan sebagai besarnya nilai RMSD (*Root Mean Square Deviation*) (<http://boscoh.com/protein/rmsd-root-mean-square-deviation>).

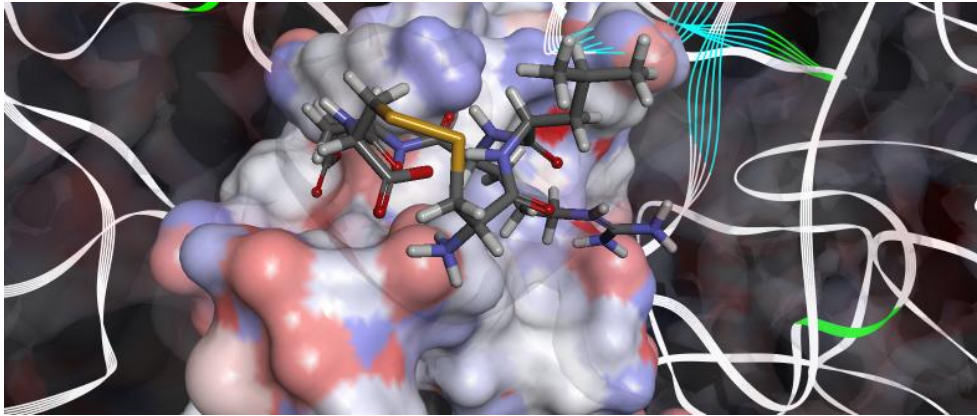


Gambar 4.9. Kurva waktu simulasi vs nilai RMSD. 1(a) ligan CLREC (300 K); 1(b) ligan CLREC (312 K); 2(a) ligan CYREC (300 K); 2(b) ligan CYREC (312 K); 3(a) ligan CFREC (300 K); 3(b) ligan CFREC (312 K)

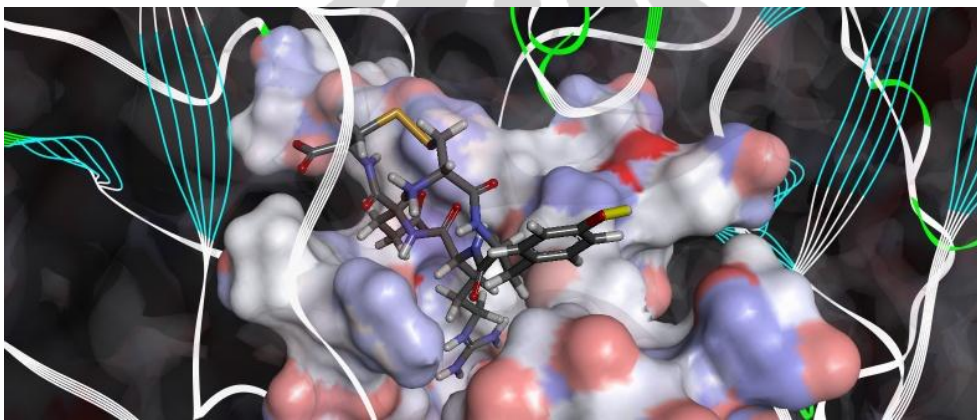
Gambar 4.9 menunjukkan plot waktu simulasi dengan besarnya perubahan konformasi ketiga kompleks protein-ligan selama simulasi *molecular dynamics* yang dinyatakan dalam nilai RMSD.

Dari grafik, terlihat bahwa konformasi ketiga kompleks protein-ligan pada simulasi 300 K cukup stabil. Hal ini ditunjukkan oleh pola grafik yang cenderung linear yang berarti fluktuasi nilai RMSD tidak terlalu besar dan kompleks protein-ligan tidak mengalami perubahan signifikan. Namun pada simulasi 312 K, pola grafik yang semakin meningkat menunjukkan bahwa konformasi kompleks protein-ligan masih mengalami perubahan akibat adanya kenaikan temperatur. Pengaruh ligan terhadap kestabilan kompleks juga dapat terlihat pada grafik dimana, kompleks ligan CLREC dengan protein *envelope* DENV lebih stabil jika dibandingkan dengan kedua kompleks CYREC dan CFREC. Nilai RMSD yang menunjukkan perubahan konformasi untuk kompleks ligan CLREC pada simulasi 300 K dan 312 K tidak berbeda jauh. Hal ini juga ditunjukkan oleh interaksi protein-ligan yang konsisten selama simulasi. Sedangkan untuk ligan CYREC dan CFREC, rendahnya kestabilan kompleks protein-ligan mengakibatkan perubahan interaksi protein-ligan akibat solvasi pelarut air dan juga perubahan konformasi kompleks protein-ligan yang ditunjukkan oleh fluktuasi nilai RMSD. Afinitas antara ligan CYREC dan CFREC dengan *envelope* DENV yang kurang baik menyebabkan perubahan interaksi protein-ligan selama simulasi yang akan mempengaruhi konformasi kompleks protein-ligan yang terbentuk. Dengan kenaikan temperatur yang mengakibatkan peningkatan pergerakan protein, maka interaksi antara protein dan ligan mengalami perubahan dan kompleks protein-ligan menjadi tidak stabil. Hal ini ditunjukkan oleh nilai RMSD yang semakin meningkat.

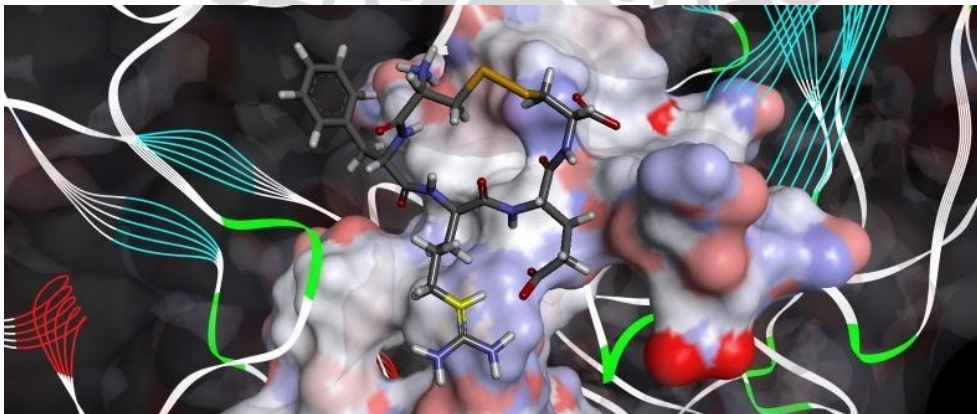
Visualisasi tiga dimensi *pose* protein-ligan hasil simulasi *molecular dynamics* ditunjukkan pada **gambar 4.10**. Dari gambar, terlihat bahwa ketiga ligan CLREC, CYREC dan CFREC masih berada pada daerah *cavity* target setelah *cooling stage* simulasi *molecular dynamics* pada suhu 300 K dan sesuai dengan hasil analisis interaksi protein-ligan, interaksi antara ligan dengan residu penyusun *cavity* masih teramati untuk ketiga kompleks protein-ligan. Sedangkan pada akhir simulasi *molecular dynamics* pada suhu 312 K, terlihat bahwa ligan CFREC sudah tidak lagi berada pada daerah *cavity* target.



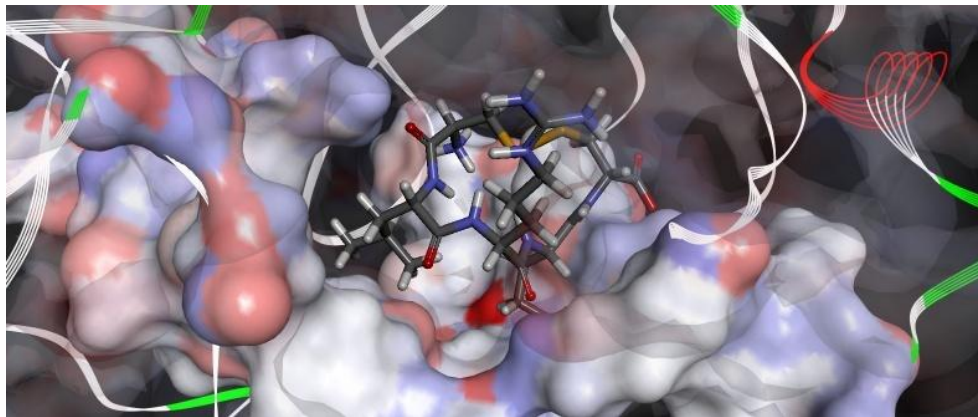
1(a)



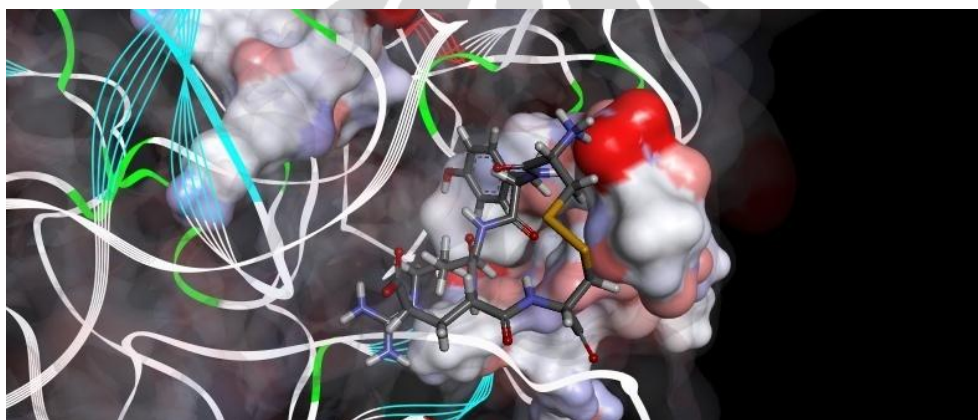
1(b)



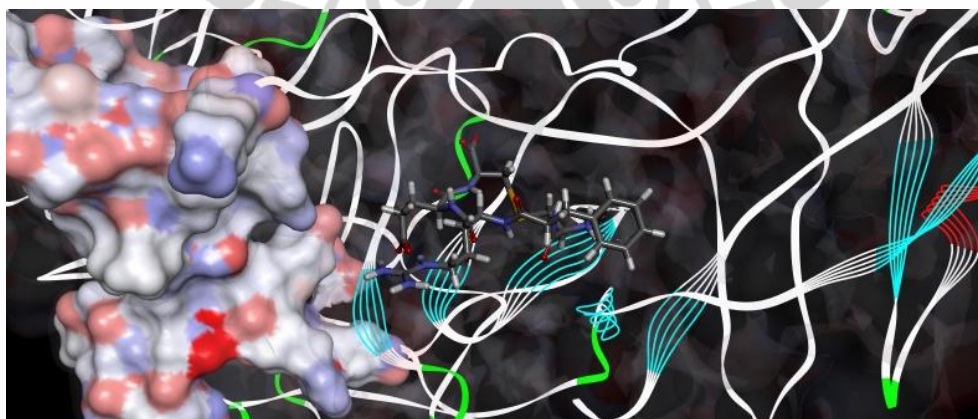
1(c)



2(a)



2(b)



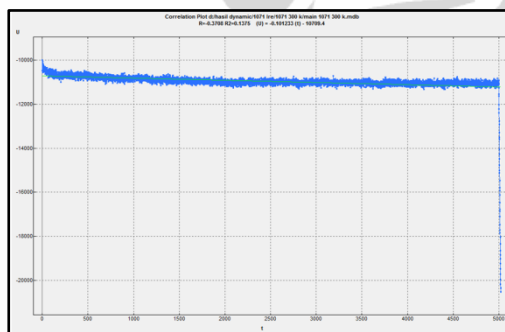
2(c)

Gambar 4.10. Visualisasi tiga dimensi kompleks protein-ligan hasil simulasi *molecular dynamics*. 1(a) ligan CLREC (300 K); 1(b) ligan CYREC (300 K); 1(c) ligan CFREC (300 K); 2(a) ligan CLREC (312 K); 2(b) ligan CYREC (312 K); 2(c) ligan CFREC (312 K)

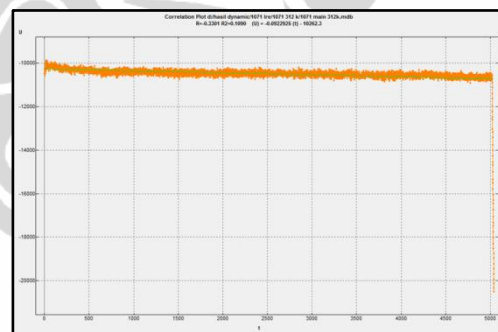
Dari hasil analisis interaksi juga terlihat bahwa ligan CFREC tidak lagi membentuk interaksi dengan *cavity* target. Ligan CYREC juga kehilangan kestabilan kompleks protein-ligan dimana terlihat bahwa ligan bergerak menjauhi *cavity* target meskipun masih membentuk interaksi dengan residu penyusun *cavity* target. Hanya ligan CLREC yang tetap berada pada *cavity* target dan mempertahankan interaksi dengan residu penyusun *cavity* pada protein *envelope* DENV.

4.6.3 Analisis Energi Potensial Total Sistem Selama Simulasi *Molecular Dynamics*

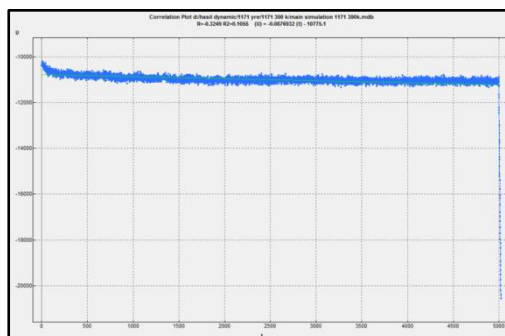
Pada *database* hasil simulasi dinamika molekul, diperoleh data energi potensial total sistem selama simulasi. **Gambar 4.11** merupakan plot korelasi antara energi potensial total sistem selama simulasi. Terlihat bahwa energi potensial total sistem dari ketiga kompleks protein-ligan selama simulasi mengalami penurunan yang menunjukkan bahwa sistem yang dibentuk semakin stabil (Manavalan, *et al.*, 2010).



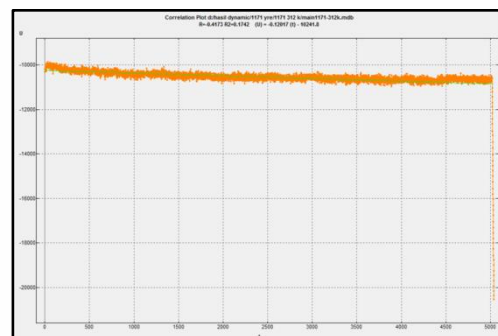
1(a)



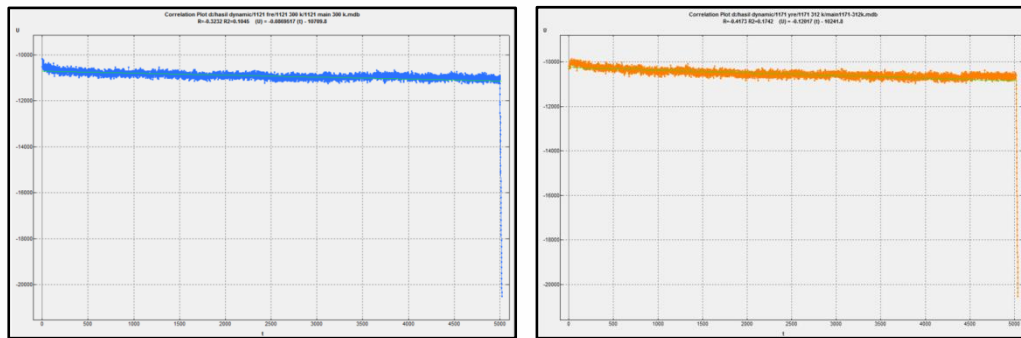
1(b)



2(a)



2(b)



3(a)

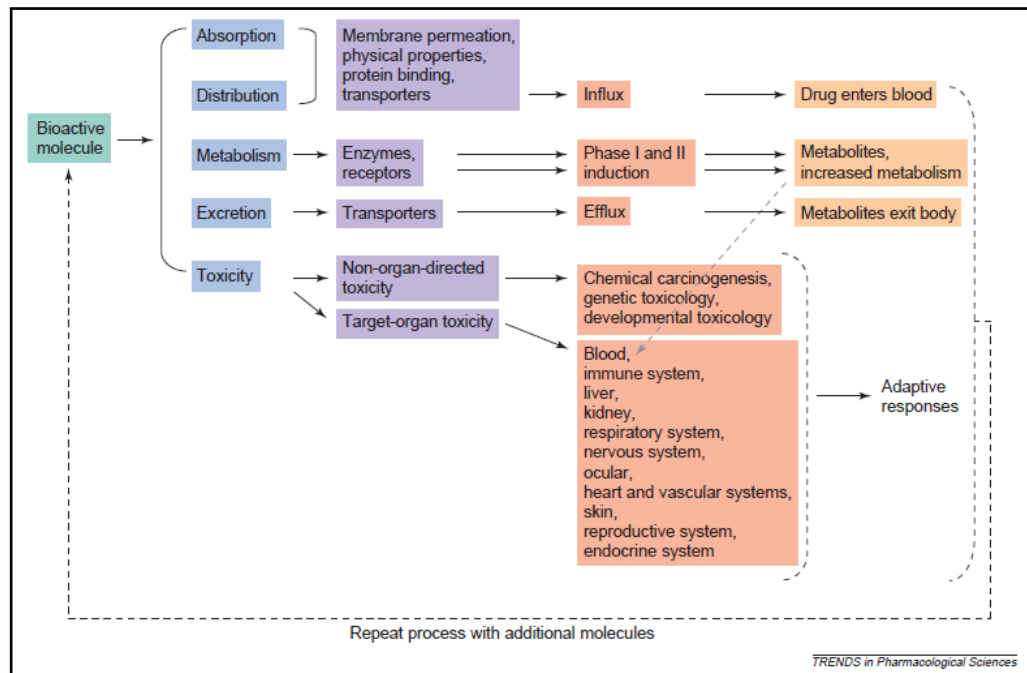
3(b)

Gambar 4.11. Kurva waktu simulasi vs energi potensial total sistem.

1(a) ligan CLREC (300 K); 1(b) ligan CLREC (312 K); 2(a) ligan CYREC (300 K); 2(b) ligan CYREC (312 K); 3(a) ligan CFREC (300 K); 3(b) ligan CFREC (312 K)

4.7 Hasil prediksi ADME-Tox Ligan Peptida Siklis Disulfida CLREC, CYREC dan CFREC

Dalam proses pencarian obat untuk menyembuhkan suatu penyakit, kompleksitas dari keseluruhan organisme mencakup sistem *transporter*, *channel*, reseptor dan enzim yang berperan pada tingkat molekuler untuk merespon molekul asing yang masuk kedalam tubuh manusia mempengaruhi ADME-Tox (Absorpsi, Distribusi, Metabolisme, Ekskresi dan *Toxicity*) dari molekul obat tersebut. Pemahaman terhadap interaksi antara molekul obat dengan target diperlukan untuk memprediksikan potensi *toxic* molekul obat selama berada di dalam tubuh (Ekins, Nikolsky, & Nikolskaya, 2005).



[Sumber : Ekins, Nikolsky, & Nikolskaya, 2005]

Gambar 4.12. Jalur ADME-Tox molekul bioaktif dalam tubuh

Salah satu aplikasi teknik komputasi dalam proses penemuan dan pengembangan obat adalah untuk memprediksi sifat ADME-Tox. Dengan pendekatan ini, karakteristik suatu molekul bioaktif mencakup kelarutan, absorpsi, *mutagenicity*, *bioavailability*, kestabilan dalam metabolisme, permeabilitas *blood-brain barrier*, *toxicity*, pengikatan dengan protein membran, Transpor (*influx* dan *efflux*), serta interaksi obat-obat dapat diprediksikan. Kandidat obat yang tidak memenuhi kriteria ini akan tereliminasi sehingga kemungkinan kegagalan dalam uji klinis dapat ditekan. Meskipun demikian, prediksi ADME-Tox pada saat ini masih belum dapat menggantikan peranan uji aktivitas dengan pendekatan *in vitro* dan *assay in vivo*. (Moroy, *et al.*, 2011; Kapetanovik, 2008; Banik, 2004).

Sifat ADME-Tox ketiga ligan peptida siklis disulfida hasil analisis dengan menggunakan *ACD I-labs/Percepta* ditunjukkan pada **lampiran 12**. Prinsip dari analisis yang dilakukan oleh *software* ini adalah perbandingan antara fragmen ligan peptida siklis disulfida dengan struktur molekul yang telah tersimpan dalam *database* (<http://www.acdlabs.com/resources/ilab/index.php>). Ketiga ligan memiliki karakteristik ADME yang sama dan mempunyai *oral bioavailability*

yang rendah. Transpor pasif juga tidak dimungkinkan karena ukuran molekul yang besar dan sifat ligan yang hidrofobik. *Transporter* oligopeptida 1 (PepT1) dan *Apical Sodium-dependent Bile acid Transporter* (ASBT) merupakan bagian dari transpor aktif pada usus penyerapan. Hasil prediksi transpor aktif dari ketiga ligan peptida siklis disulfida juga menunjukkan hasil yang negatif. P-Glikoprotein (PGP) merupakan molekul *transporter* dalam transpor aktif yang mengangkut molekul asing keluar dari dalam sel. PGP memiliki spesifisitas substrat yang meluas sehingga dapat mengenali berbagai molekul baik bermuatan atau netral, linear maupun siklik serta aromatik dan non-aromatik. Dari hasil prediksi, terlihat bahwa molekul ligan tidak menghambat kinerja dari PGP sehingga dapat diekskresikan dari dalam tubuh. Ketiga ligan juga tidak dapat menembus *blood-brain barrier* dan tidak menyebabkan gangguan pada sistem saraf pusat (*Central Nervous System, CNS*) (Moroy, *et al.*, 2011; Bahadduri, *et al.*, 2010; Kortagere, *et al.*, 2008). Namun untuk uji *toxicity*, hasil analisis menunjukkan bahwa ligan CYREC dan CFREC dapat membahayakan kesehatan ginjal. Hal ini mungkin disebabkan karena adanya cincin aromatis pada rantai samping residu fenilalanina dan tirosina yang menyusun ligan peptida siklis disulfida.

BAB 5

KESIMPULAN

5.1. Kesimpulan

Perancangan ligan dengan mengkombinasikan asam amino yang mempunyai rantai samping hidrofobik dan polar bermuatan menghasilkan 5 ligan tripeptida, 65 ligan tetrapeptida dan 1250 ligan pentapeptida yang dihubungkan oleh jembatan disulfida dari sisteina membentuk peptida siklis disulfida. Dari proses *molecular docking* diperoleh tiga ligan terbaik yang memiliki nilai ΔG paling rendah dan interaksi yang paling baik dengan target *cavity* pada protein *envelope* DENV dibandingkan dengan ligan pembanding yang bertindak sebagai inhibitor fusi dari penelitian-penelitian terdahulu. Ketiga ligan CLREC, CYREC dan CFREC dapat berinteraksi dan membentuk ikatan hidrogen dengan residu penyusun *cavity envelope* DENV pada simulasi *molecular docking*. Namun pada simulasi *molecular dynamics*, hanya ligan CLREC dan CYREC yang tetap mempertahankan interaksi dengan *cavity* target. Pada simulasi *molecular dynamics* suhu 300 K, ketiga ligan peptida siklis disulfida mempertahankan interaksi dengan residu penyusun *cavity* target pada akhir simulasi 5000 ps. Sedangkan untuk simulasi *molecular dynamics* pada suhu 312 K, hanya ligan CLREC yang mempertahankan interaksi dengan residu penyusun *cavity* target pada akhir simulasi 5000 ps. Dari analisa perubahan konformasi pada kedua suhu 300 K dan 312 K, terlihat bahwa ligan CLREC dapat mempertahankan kestabilan konformasi kompleks protein-ligan. Sedangkan ligan CYREC dan CFREC mengalami perubahan konformasi yang cukup signifikan selama simulasi 5000 ps. Hasil analisa sifat ADME-Tox juga menunjukkan bahwa ligan CLREC tidak menunjukkan potensi *toxic* dibandingkan CYREC dan CFREC. Oleh karena itu, ligan CLREC memiliki potensi untuk dikembangkan sebagai inhibitor fusi protein *envelope* DENV.

5.2. Saran

Perlu dilakukan simulasi *molecular dynamics* pada suhu 309 K untuk mempelajari interaksi protein-ligan dalam tubuh manusia sehat. Dan juga perlu dilakukan eksperimen secara *wet lab* untuk mengkaji lebih lanjut bagaimana aktivitas dari ligan peptida siklis terhadap tingkat infeksi DENV baik secara *in vitro* maupun *in vivo*.



DAFTAR REFERENSI

- Alonso, H., Bliznyuk, A.A., & Gready, J.E. (2006). Combining docking and molecular dynamic simulations in drug design. *Medicinal Research Reviews*, **Vol. 26, No. 5**, 531-568.
- Arnold K., Bordoli L., Kopp J., & Schwede T. (2006). The SWISS-MODEL Workspace: A web-based environment for protein structure homology modelling. *Bioinformatics*, **22**, 195-201.
- Ayoub M., & Scheidegger D. (2006). Peptide drugs, overcoming the challenges, a growing business. *Chemistry Today*, **Vol 24 nr 4**, 46-48.
- Bahadduri, P.M., Polli, J.E., Swaan, P.W., Ekins, S. (2010). Targeting drug transporters – Combining in silico and in vitro approaches to predict in vivo. *Methods in Molecular Biology*, **637**, 65-103.
- Banik, G.M. (2004). In silico ADME-Tox prediction: The more, the merrier. www.currentdrugdiscovery.com, 31-34.
- Böhm, H.J., & Schneider, G. (2003). Protein-ligand interactions from molecular recognition to drug design. Wiley-VCH, 137.
- CCG. (2008). MOE tutorial. Quebec. Canada.
- Chaturvedi, U.C., Nagar, R., & Shrivastava, R. (2006). Macrophage & dengue virus: Friend or foe?. *Indian J Med Res*, **124**, 23-40.
- Dubey, K.D., Chaubey, A.K., & Ojha, R.P. (2011). Role of polarization in ligand docking and binding affinity prediction for inhibitors of dengue virus. *Medical Chemistry Research*.
- Ekins, S., Nikolsky, Y., & Nikolskaya, T. (2005). Techniques: Application of systems biology to absorption, distribution, metabolism, excretion and toxicity. *TRENDS in Pharmacological Sciences*, **Vol.26 No.4**, 202-209.
- Goujon, M., McWilliam, H., Li, W., Valentin, F., Squizzato, S., Paern, J., Lopez, R. (2010). A new bioinformatics analysis tools framework at EMBL-EBI. *Nucleic acids research*, **38**, W695-9
- Guex, N., & Peitsch, M. C. (1997). SWISS-MODEL and the Swiss-PdbViewer: An environment for comparative protein modelling. *Electrophoresis*, **18**, 2714-2723.
- Guzman, A., & Istúriz, R.E. (2010). Update on the global spread of dengue. *International Journal of Antimicrobial Agents*, **36S**, S40–S42.
- Huang, C.Y.H., Butrapet, S., Moss, K.J., Childers, T., Erb, S.M., Calvert, A.E., Silengo, S.J., Kinney, R.M., Blair, C.D., Roehrig, J.T. (2010). The dengue virus type 2 envelope protein fusion peptide is essential for membrane fusion. *Virology*, **396**, 305–315.
- Huang, H.J., Hsin, W.Y., Chen, C.Y., Hsu, C.H., Chen, H.Y., Lee, K.J., Tsai, F.J., Chen, Y.C.C. (2010). Current developments of computer-aided drug design. *Journal of the Taiwan Institute of Chemical Engineers*, **41**, 623–635.

- Kalyaanamoorthy, S., & Chen, Y.P.P. (2011). Structure-based drug design to augment hit discovery, *Drug Discovery Today*, **Volume 16, Numbers 17/18**, 831-839.
- Kampmann, T., Yennamalli, R., Campbell, P., Stoermer, M.J., Fairlie, D.P., Kobe, B., Young, P.R. (2009). In silico screening of small molecule libraries using the dengue virus envelope E protein has identified compounds with antiviral activity against multiple flaviviruses. *Antiviral Research*, **84**, 234–241.
- Kapetanovik, I.M. (2008). Computer-aided drug discovery and development (CADD): *in silico*-chemico-biological approach. *Chem Biol Interact.*, **171(2)**, 165–176.
- Keffer, D. (2002). The working person's guide to molecular dynamics Simulations. Department of Chemical Engineering, University of Tennessee, Knoxville.
- Kiefer, F., Arnold, K., Künzli, M., Bordoli, L., Schwede, T. (2009). The SWISS-MODEL repository and associated resources. *Nucleic Acids Research*, **37**, D387-D392.
- Kortagere, S., Chekmarev, D., Welsh, W.J., Ekins, S. (2008). New predictive models for blood–brain barrier permeability of drug-like molecules. *Pharmaceutical Research*, **Vol. 25, No. 8**, 1836-1845.
- Labute, P. (2006). Protonate3D: Assignment of ionization states and hydrogen coordinates to macromolecular structures. *Proteins*, 187-205.
- Larkin, M.A, Blackshields, G., Brown, N.P., Chenna, R., McGettigan, P.A., McWilliam, H., Valentin, F., Wallace, I.M., Wilm, A., Lopez, R., Thompson, J.D., Gibson, T.J., Higgins, D.G. (2007). Clustal W and Clustal X version 2.0 Clustal W and Clustal X version 2.0. *Bioinformatics*, **Vol. 23 no. 21**, 2947–2948.
- Li, Z., Khaliq, M., Zhou, Z., Post, C.B., Kuhn, R.J., Cushman, M. (2008) Design, synthesis, and biological evaluation of antiviral agents targeting flavivirus envelope proteins. *J Med Chem.*, **51(15)**, 4660–4671.
- Manavalan, B., **Murugapiran, S.K., Lee, G., Choi, S. (2010)**. Molecular modeling of the reductase domain to elucidate the reaction mechanism of reduction of peptidyl thioester into its corresponding alcohol in non-ribosomal peptide synthetases. *BMC Structural Biology*, **10**, 1472-6807.
- Masand, V.H., Patil, K.N., Jawarkar, R.D., Hadda, T.B., Youssoufi, M.H., Alafeefy, A.A. (2011). Exploring interactions of 2-Amino-6-arylsulfonylbenzotrile derivatives as nonnucleoside reverse transcriptase inhibitors of HIV-1 using docking studies. *J. Comput. Method. Mol. Design*, **1 (3)**, 39-48.
- Melo, M.N., Sousa, F.J.R., Carneiro, F.A., Castanho, M.A.R.B., Valente, A.P., Almeida, F.C.L., Poian, A.T.D., Borges, R.M. (2009). Interaction of the Dengue Virus Fusion Peptide with Membranes Assessed by NMR: The Essential Role of the Envelope Protein Trp101 for Membrane Fusion, *J. Mol. Biol.* **392**, 736–746.

- Modis, Y., Ogata, S., Clements, D., Harrison, S.C. (2003). Ligand-binding Pocket in the Dengue Virus Envelope Glycoprotein. *Proc Natl Acad Sci USA*, **100(12)**, 6986-91.
- Moroy, G., Martiny, V.Y., Vayer, P., Villoutreix, B.O., Miteva, M.A. (2011). Toward in silico structure-based ADMET prediction in drug discovery. *Drug Discovery Today*.
- Murrell, S., Wu, S.C., & Butler, M. (2011). Review of dengue virus and the development of a vaccine. *Biotechnology Advances*, **29**, 239–247.
- Noble, C.G., Chen, Y.L., Dong, H., Gu, F., Lim, S.P., Schul, W., Wang, Q.Y., Shi, P.Y. (2010). Strategies for development of dengue virus inhibitors. *Antiviral Research*, **85**, 450–462.
- Nurbaiti, S., Stabilitas termal dan pergerakan dinamis klenow-like DNA polymerase I ITB-1 berdasarkan simulasi dinamika molekul. Disertasi Program Studi Kimia-Institut Teknologi Bandung.
- Oprea, T.I. (2002). Virtual Screening in Lead Discovery: A Viewpoint. *Molecules*, **7**, 51–62.
- Oprea, T.I., Mannhold, R., Kubinyi, H., Folkers, G. (2006). Chemoinformatics in Drug Discovery. John Wiley & Sons, 179-185.
- Panigrahi, S.K., & Desiraju, G.R. (2007). Strong and weak hydrogen bonds in the protein-ligand interface, *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics*, **67**, 128-141.
- Perera, R., Khaliq, M., Kuhn, R.J. (2008) Closing the door on flaviviruses: Entry as a target for antiviral drug design, *Antiviral Research*, **80**, 11–22.
- Perera, R., & Kuhn, R.J. (2008). Structural proteomics of dengue virus. *Current Opinion in Microbiology*, **11**, 369–377.
- Perveen, F., Qureshi, R., Ansari, F.L., Kalsoom, S., Ahmed S. (2011). Investigations of drug–DNA interactions using molecular docking, cyclic voltammetry and UV–Vis spectroscopy. *Journal of Molecular Structure*, **1004**, 67–73.
- Plempner, R.K. (2011). Cell entry of enveloped viruses. *Current Opinion in Virology*, **1**, 1–9.
- Poh, M.K., Yip, A., Zhang, S., Priestle, J.P., Ma, N.L., Smit, J.M., Wilschut J., Shi, P.Y., Wenk, M.R., Schul, W. (2009). A small molecule fusion inhibitor of dengue virus. *Antiviral Research*, **84**, 260–266.
- Qi, R.F., Zhang, L., & Chi, C.W. (2008). Biological characteristics of dengue virus and potential targets for drug design. *Acta Biochim Biophys Sin*, **Volume 40, Issue 2**, 91-101.
- Rodenhuis-Zybert, I.A., Wilschut, J., Smit, M.J. (2010). Dengue virus life cycle: viral and host factors modulating infectivity, *Cell. Mol. Life Sci.*, **67**, 2773–2786.

- Schwede, T., Kopp, J., Guex, N., Peitsch, M.C. (2003). SWISS-MODEL: an automated protein homology-modeling server. *Nucleic Acids Research*, **31**, 3381-3385.
- Sharma, R.D., Lynn, A.M., Sharma, P.K., Rajnee, Jawaid, S. (2009). High temperature unfolding of Bacillus anthracis amidase-03 by molecular dynamics simulations, *Bioinformation*, **3(10)**, 430-434.
- Shattuck, T.W. (2009). Colby College molecular mechanics exercises MOE (Molecular Operating Environment) tutorial. Department of Chemistry, Colby College, Waterville, Maine.
- Sotriffer, C., Mannhold, R., Kubinyi, H., Folkers, G. (2011). Virtual Screening: Principles, Challenges, and Practical Guidelines. John Wiley & Sons.
- Sturgeon, J.B., & Laird, B.B. (2008). Symplectic algorithm for constant-pressure molecular dynamics using a Nosé-Poincaré thermostat. Department of Chemistry and Kansas Institute for Theoretical and Computational Science, University of Kansas, 1-7.
- Tambunan, U.S.F., & Alamudi, S. (2010). Designing cyclic peptide inhibitor of dengue virus NS3-NS2B protease by using molecular docking approach. *Bioinformation*, **5(6)**, 250-254.
- Tambunan, U.S.F., Apriyanti, N., Parikesit, A.A., Chua, W., Wuryani, K. (2011). Computational design of disulfide cyclic peptide as potential inhibitor of complex NS2B-NS3 dengue virus protease. *African Journal of Biotechnology*, **Vol. 10(57)**, 12281-12290.
- Thompson, J.D., Gibson, T.J., & Higgins, G.G. (2002). Multiple sequence alignment using ClustalW and ClustalX. *Current Protocols in Bioinformatics*.
- Ursu, O., Rayan, A., Goldblum, A., Oprea, T.I. (2011). Understanding drug-likeness. *WIREs Computational Molecular Science*, **Volume 1**, 760-781.
- Wagner, S., Steinmetz, M., & Bode, A. (2009). High performance computing in science and engineering, Garching-Munich 2007. Springer.
- Wang, J., Tan, C., Tan, Y.H., Lu, Q., Luo, R. (2008). Poisson-Boltzmann solvents in molecular dynamics simulations. *Communications In Computational Physics*, **Vol. 3, No. 5**, 1010-1031.
- Wang, Q.Y., Patel, S.J., Vangrevelinghe, E., Xu, H.Y., Rao, R., Jaber, D., Schul, W., Gu, F., Heudi, O., Ma, N.L., Poh, M.K., Phong, W.Y., Keller, T.H., Jacoby, E., Vasudevan, S.G. (2009). A small-molecule dengue virus entry inhibitor, *Antimicrobial agents and Chemotherapy*, **Vol. 53, No. 5**, 1823–1831.
- Whitehorn, J., & Farrar, J. (2010). Dengue, *British Medical Bulletin*, **95**, 161–173.
- Whittaker, P.A. (2003). What is the relevance of bioinformatics to pharmacology?. *TRENDS in Pharmacological Sciences*, **Vol.24 No.8**, 434-439.

Yennamali, R., Subbarao, N., Kampmann, T., McGeary, R.P., Young, P.R., Kobe, B. (2009). Identification of novel target sites and an inhibitor of the dengue virus E protein, *J. Comput Aided Mol*, **23**, 333–341.

Zhang, S., Computer-aided drug discovery and development, drug design and discovery: methods and protocols, *Methods in Molecular Biology*, **Vol. 716**, 23-38.

Zhu, R., Hu, L., Li, H., Su, J., Cao, Z., Zhang W. (2011). Novel Natural Inhibitors of CYP1A2 Identified by *in Silico* and *in Vitro* Screening. *International Journal of Molecular Sciences*. **12**, 3250-3262.

<http://www.acdlabs.com/resources/ilab/index.php>

(diakses pada tanggal 19 Oktober 2011, pukul 11.00)

<http://boscoh.com/protein/rmsd-root-mean-square-deviation>

(diakses pada tanggal 20 November 2011, pukul 15.00)

<http://www.biosyn.com/tew.aspx?qid=158>

(diakses pada tanggal 24 Maret 2011, pukul 19.00)

http://www.ch.embnet.org/MD_tutorial/pages/MD.Part1.html

(diakses pada tanggal 20 November 2011, pukul 15.00)

<http://www.denguevirusnet.com/>

(diakses pada tanggal 24 Maret 2011, pukul 19.00)

http://www.medicinenet.com/dengue_fever/page2.htm#treated

(diakses pada tanggal 24 Maret 2011, pukul 19.00)

http://www.nature.com/horizon/chemicalspace/background/figs/odyssey_f1.html

(diakses pada tanggal 24 Maret 2011, pukul 19.00)

<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/blastcgihelp.shtml>

(diakses pada tanggal 21 November 2011, pukul 15.00)

<http://www.peptideguide.com/peptides-drug-discovery.html>

(diakses pada tanggal 24 Maret 2011, pukul 19.00)

<http://www.rcsb.org/pdb/explore.do?structureId=1oan>

(diakses pada tanggal 21 November 2011, pukul 15.00)

http://www.sdnbd.org/dengue_fever.htm

(diakses pada tanggal 24 Maret 2011, pukul 19.00)

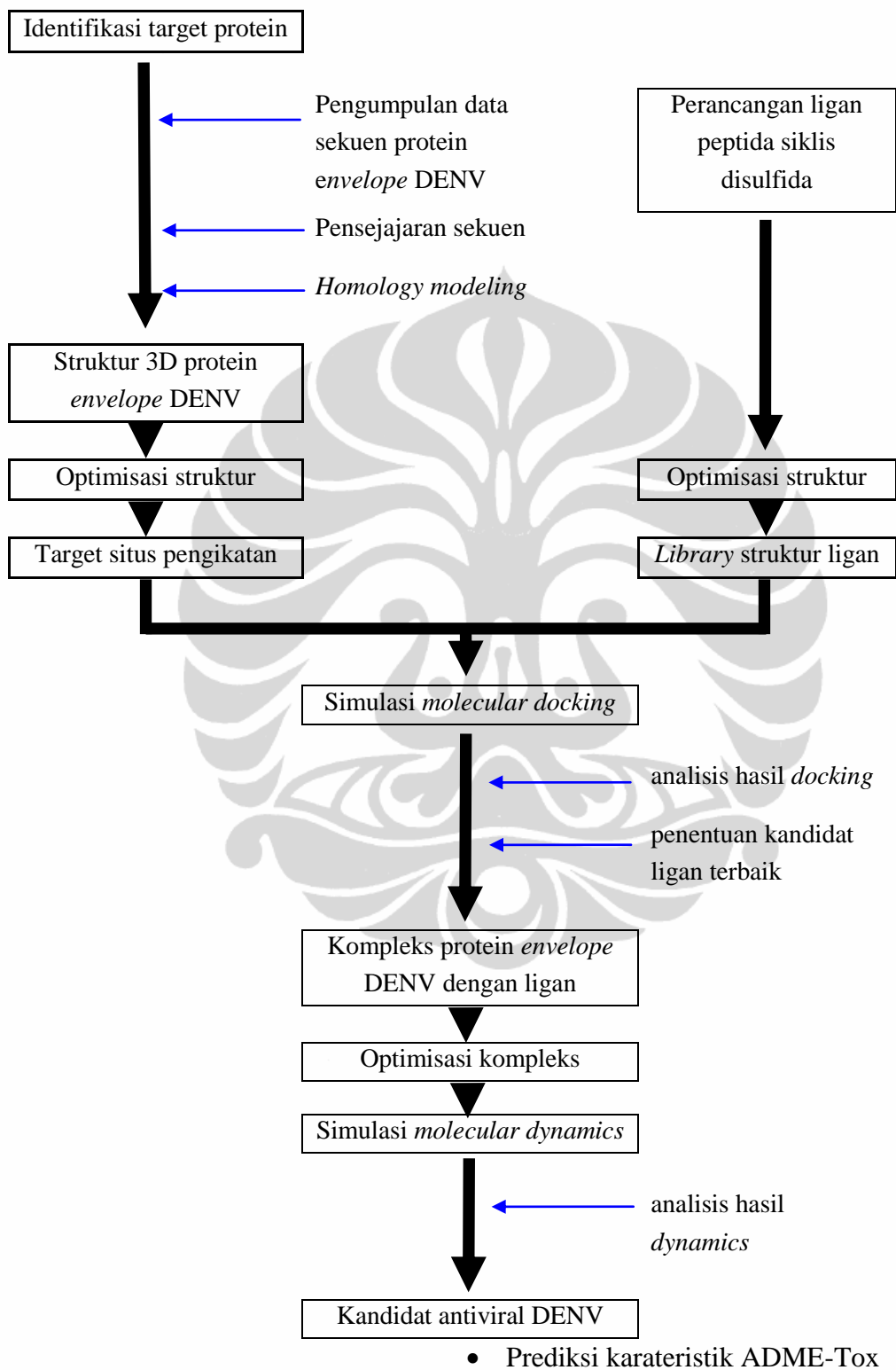
<http://www-ucc-old.ch.cam.ac.uk/research/cg369-research.html>

(diakses pada tanggal 20 November 2011, pukul 15.00)

<http://www.who.int/mediacentre/factsheets/fs117/en/>

(diakses pada tanggal 24 Maret 2011, pukul 19.00)

Lampiran 1. Bagan kerja penelitian



Lampiran 2. Pencarian data sekuen protein *envelope* pada database NCBI

The screenshot shows the NCBI Protein database search interface. The search query is "envelope glycoprotein AND 'Dengue virus'[porgn:txid12637]". The search results are displayed in a list format, showing 4 results for the query. The number of results is highlighted as 309. The search details are shown at the bottom right of the page.

NCBI Resources How To My NCBI Sign In

Protein
Translations of Life

Search: Protein Save search Limits Advanced search Help

envelope glycoprotein AND "Dengue virus"[porgn:txid12637] Search Clear

Display Settings: Summary, 20 per page, Sorted by Default order Send to:

Limits Activated: Gene Location: Genomic DNA/RNA, Field: Protein Name Change Remove

This search in Gene shows 4 results, including:

- DENV_gp1 (Dengue virus 2): Polyprotein
- DV1_gp1 (Dengue virus 1): polyprotein
- pol (Dengue virus 3): polyprotein

Gene Information

309

Results: 1 to 20 of 309

- envelope glycoprotein [Dengue virus]
1. 495 aa protein
Accession: AAY34774.1 GI: 63175415
GenPept FASTA Graphics Related Sequences Identical Proteins
- envelope glycoprotein [Dengue virus]
2. 495 aa protein
Accession: AAY34773.1 GI: 63175413
GenPept FASTA Graphics Related Sequences Identical Proteins
- envelope glycoprotein [Dengue virus]
3. 495 aa protein
Accession: AAY34772.1 GI: 63175411
GenPept FASTA Graphics Related Sequences
- envelope glycoprotein [Dengue virus]
4. 495 aa protein

Filter your results:

- All (309)
- Bacteria (0)
- Related Structures (289)
- RefSeq (0)

Manage Filters

Top Organisms [Tree]

- Dengue virus (309)
- Dengue virus 2 (171)
- Dengue virus 1 (52)
- Dengue virus 4 (44)
- Dengue virus 3 (26)

Find related data

Database: Select

Find items

Search details

```
envelope glycoprotein[Protein Name] AND "Dengue virus"[porgn] AND gene_in_genomic[PROP]
```

Lampiran 3. Hasil pensejajaran sekuen dengan *ClustalW2*

EMBL-EBI [Help](#) [Feedback](#)

Databases Tools Research Training Industry About Us Help [Site Index](#)

EBI > Tools > Multiple Sequence Alignment > ClustalW2

ClustalW2 - Multiple Sequence Alignment

ClustalW2 is a general purpose multiple sequence alignment program for DNA or proteins.

New version! Clustal Omega is now available for protein sequences - give it a try!

Use this tool

STEP 1 - Enter your input sequences

Enter or paste a set of sequences in any supported format:

Or, upload a file: No file chosen

STEP 2 - Set your Pairwise Alignment Options

Alignment Type: Slow Fast

CLUSTAL 2.1 multiple sequence alignment

```

gi|63175415|gb|AA34774.1| -----MRCVGIGNRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175413|gb|AA34773.1| -----MRCVGIGNRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175401|gb|AA34767.1| -----MRCVGIGNRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175411|gb|AA34772.1| -----MRCVGIGNRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175409|gb|AA34771.1| -----MRCVGIGNRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175407|gb|AA34770.1| -----MRCVGIGNRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175405|gb|AA34769.1| -----MRCVGIGNRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175403|gb|AA34768.1| -----MRCVGIGNRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|158343476|gb|ABW35417.1| -----MRCVGIGHRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|158343448|gb|ABW35403.1| -----MRCVGIGNRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175399|gb|AA34766.1| -----MRCVGIGNRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175397|gb|AA34765.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|330339301|gb|AEC11166.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|330339285|gb|AEC11158.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|330339283|gb|AEC11157.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|330339279|gb|AEC11155.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|330339277|gb|AEC11154.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|330339263|gb|AEC11147.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|158343458|gb|ABW35408.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|158343446|gb|ABW35402.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175393|gb|AA34763.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|158343494|gb|ABW35426.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175391|gb|AA34762.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175387|gb|AA34760.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|63175385|gb|AA34759.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31
gi|330339273|gb|AEC11152.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVVLEHGSCV 31

```

gi|158343502|gb|ABW35430.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343500|gb|ABW35429.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343498|gb|ABW35428.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343496|gb|ABW35427.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343492|gb|ABW35425.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343490|gb|ABW35424.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343488|gb|ABW35423.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343486|gb|ABW35422.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343484|gb|ABW35421.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343482|gb|ABW35420.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343480|gb|ABW35419.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343474|gb|ABW35416.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343470|gb|ABW35414.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343468|gb|ABW35413.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343466|gb|ABW35412.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343462|gb|ABW35410.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343460|gb|ABW35409.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343456|gb|ABW35407.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343450|gb|ABW35404.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343444|gb|ABW35401.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343440|gb|ABW35399.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343454|gb|ABW35406.1| -----MRCVGMGRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343472|gb|ABW35415.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343442|gb|ABW35400.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|63175389|gb|AAY34761.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339293|gb|AEC11162.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339291|gb|AEC11161.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343452|gb|ABW35405.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343478|gb|ABW35418.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|63175395|gb|AAY34764.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339299|gb|AEC11165.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|158343464|gb|ABW35411.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339297|gb|AEC11164.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339295|gb|AEC11163.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339287|gb|AEC11159.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339275|gb|AEC11153.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339269|gb|AEC11150.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339265|gb|AEC11148.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339267|gb|AEC11149.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339281|gb|AEC11156.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339271|gb|AEC11151.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|330339289|gb|AEC11160.1| -----MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|99079172|gb|ABF65959.1| -----MRCVGVNRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|99079170|gb|ABF65958.1| -----MRCVGVNRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|99079168|gb|ABF65957.1| -----MRCVGVNRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|99079158|gb|ABF65952.1| -----MRCVGVNRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|99079152|gb|ABF65949.1| -----MRCVGVNRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31
 gi|99079166|gb|ABF65956.1| -----MRCVGVNRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCV 31

gi 99079150 gb ABF65948.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079154 gb ABF65950.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079164 gb ABF65955.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079162 gb ABF65954.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079160 gb ABF65953.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079156 gb ABF65951.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079148 gb ABF65947.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079146 gb ABF65946.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079144 gb ABF65945.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079138 gb ABF65942.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079142 gb ABF65944.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079140 gb ABF65943.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079134 gb ABF65940.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079132 gb ABF65939.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079130 gb ABF65938.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079126 gb ABF65936.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079124 gb ABF65935.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079128 gb ABF65937.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079136 gb ABF65941.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 99079174 gb ABF65960.1	-----MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVWLEHGCV 31
gi 56089521 gb AAS49689.2	-----GSCV 4
gi 56089513 gb AAS49685.2	-----GSCV 4
gi 56089535 gb AAS49696.2	-----GSCV 4
gi 56089539 gb AAS49698.2	-----GSCV 4
gi 56089503 gb AAS49680.2	-----GSCV 4
gi 56089531 gb AAS49694.2	-----GSCV 4
gi 56089553 gb AAS49705.2	-----GSCV 4
gi 56089509 gb AAS49683.2	-----GSCV 4
gi 56089505 gb AAS49681.2	-----GSCV 4
gi 56089517 gb AAS49687.2	-----GSCV 4
gi 56089515 gb AAS49686.2	-----GSCV 4
gi 56089527 gb AAS49692.2	-----GSCV 4
gi 56089525 gb AAS49691.2	-----GSCV 4
gi 56384999 gb AAS49651.3	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56384997 gb AAS49650.3	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56384993 gb AAS49648.3	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56089485 gb AAS49671.2	-----GSCV 4
gi 56384987 gb AAS49645.3	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56089545 gb AAS49701.2	-----GSCV 4
gi 56089457 gb AAS49657.2	-----GSCV 4
gi 56089537 gb AAS49697.2	-----GSCV 4
gi 56089533 gb AAS49695.2	-----GSCV 4
gi 56089541 gb AAS49699.2	-----GSCV 4
gi 56089491 gb AAS49674.2	-----GSCV 4
gi 56089489 gb AAS49673.2	-----GSCV 4
gi 56089483 gb AAS49670.2	-----GSCV 4
gi 56089493 gb AAS49675.2	-----GSCV 4
gi 56089495 gb AAS49676.2	-----GSCV 4

gi 56089481 gb AAS49669.2	-----GSCV 4
gi 56089471 gb AAS49664.2	-----GSCV 4
gi 56089465 gb AAS49661.2	-----GSCV 4
gi 56089519 gb AAS49688.2	-----GSCV 4
gi 56089507 gb AAS49682.2	-----GSCV 4
gi 56089501 gb AAS49679.2	-----GSCV 4
gi 56089499 gb AAS49678.2	-----GSCV 4
gi 56089475 gb AAS49666.2	-----GSCV 4
gi 56089477 gb AAS49667.2	-----GSCV 4
gi 56089497 gb AAS49677.2	-----GSCV 4
gi 56089469 gb AAS49663.2	-----GSCV 4
gi 56089467 gb AAS49662.2	-----GSCV 4
gi 56089529 gb AAS49693.2	-----GSCV 4
gi 56385005 gb AAS49654.3	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56384995 gb AAS49649.3	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56385001 gb AAS49652.3	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56089523 gb AAS49690.2	-----GSCV 4
gi 56385003 gb AAS49653.3	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56384989 gb AAS49646.3	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56384985 gb AAS49644.3	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56384991 gb AAS49647.3	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56089487 gb AAS49672.2	-----GSCV 4
gi 56089555 gb AAS49706.2	-----GSCV 4
gi 56089511 gb AAS49684.2	-----GSCV 4
gi 56089463 gb AAS49660.2	-----GSCV 4
gi 56089459 gb AAS49658.2	-----GSCV 4
gi 56089473 gb AAS49665.2	-----GSCV 4
gi 56089455 gb AAS49656.2	-----GSCV 4
gi 56089453 gb AAS49655.2	-----GSCV 4
gi 56089551 gb AAS49704.2	-----GSCV 4
gi 56089461 gb AAS49659.2	-----GSCV 4
gi 56089549 gb AAS49703.2	-----GSCV 4
gi 56089543 gb AAS49700.2	-----GSCV 4
gi 56089547 gb AAS49702.2	-----GSCV 4
gi 56089479 gb AAS49668.2	-----GSCV 4
gi 99079100 gb ABF65923.1	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 99079098 gb ABF65922.1	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 289431834 gb ADC93779.1	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 289431828 gb ADC93776.1	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 289431826 gb ADC93775.1	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 289431824 gb ADC93774.1	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 99079096 gb ABF65921.1	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 289431830 gb ADC93777.1	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 99079094 gb ABF65920.1	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 99079092 gb ABF65919.1	-----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
gi 56089569 gb AAS49713.2	-----GSCV 4
gi 56089563 gb AAS49710.2	-----GSCV 4
gi 56089561 gb AAS49709.2	-----GSCV 4

gi|56089559|gb|AAS49708.2| -----GSCV 4
 gi|56089565|gb|AAS49711.2| -----GSCV 4
 gi|56089567|gb|AAS49712.2| -----GSCV 4
 gi|56089557|gb|AAS49707.2| -----GSCV 4
 gi|99079104|gb|ABF65925.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|146285318|gb|ABQ18242.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079102|gb|ABF65924.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335631|gb|ADE62366.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|289431816|gb|ADC93770.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335647|gb|ADE62374.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|289431808|gb|ADC93766.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335663|gb|ADE62382.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335655|gb|ADE62378.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335641|gb|ADE62371.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335639|gb|ADE62370.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335637|gb|ADE62369.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335635|gb|ADE62368.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335633|gb|ADE62367.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335629|gb|ADE62365.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335627|gb|ADE62364.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335625|gb|ADE62363.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335661|gb|ADE62381.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335659|gb|ADE62380.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335653|gb|ADE62377.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335651|gb|ADE62376.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335649|gb|ADE62375.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335657|gb|ADE62379.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335619|gb|ADE62360.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335613|gb|ADE62357.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335617|gb|ADE62359.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335645|gb|ADE62373.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335611|gb|ADE62356.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335643|gb|ADE62372.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335623|gb|ADE62362.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079112|gb|ABF65929.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079110|gb|ABF65928.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079108|gb|ABF65927.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|289431832|gb|ADC93778.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|289431822|gb|ADC93773.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|289431818|gb|ADC93771.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|289431814|gb|ADC93769.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|289431812|gb|ADC93768.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|289431810|gb|ADC93767.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335621|gb|ADE62361.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|289431820|gb|ADC93772.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079116|gb|ABF65931.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079114|gb|ABF65930.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079106|gb|ABF65926.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31

gi|99079122|gb|ABF65934.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079120|gb|ABF65933.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079118|gb|ABF65932.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343420|gb|ABW35389.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343418|gb|ABW35388.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|160338359|gb|ABX26121.1| YFQRVLIFILLTAVAPSMTMRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 50
 gi|160338357|gb|ABX26120.1| YFQRVLIFILLTAVAPSMTMRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 50
 gi|158343416|gb|ABW35387.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343408|gb|ABW35383.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343404|gb|ABW35381.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343410|gb|ABW35384.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079086|gb|ABF65916.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343428|gb|ABW35393.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|294335615|gb|ADE62358.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343438|gb|ABW35398.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343436|gb|ABW35397.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343434|gb|ABW35396.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343432|gb|ABW35395.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343430|gb|ABW35394.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343426|gb|ABW35392.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343424|gb|ABW35391.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343422|gb|ABW35390.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343414|gb|ABW35386.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343412|gb|ABW35385.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343402|gb|ABW35380.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343400|gb|ABW35379.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343398|gb|ABW35378.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079090|gb|ABF65918.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079088|gb|ABF65917.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|158343406|gb|ABW35382.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079084|gb|ABF65915.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|121807471|gb|ABM65526.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|121807468|gb|ABM65525.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|107770355|gb|ABF83697.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079082|gb|ABF65914.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079080|gb|ABF65913.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079076|gb|ABF65911.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|99079078|gb|ABF65912.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|259157606|gb|ACV96872.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|259157614|gb|ACV96876.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|259157612|gb|ACV96875.1| -----MRCIGISNRDFAEGASGGSWVDIFLQHGSCV 31
 gi|259157610|gb|ACV96874.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|259157600|gb|ACV96869.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|259157608|gb|ACV96873.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|259157602|gb|ACV96870.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|259157604|gb|ACV96871.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|259157598|gb|ACV96868.1| -----MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCV 31
 gi|261864684|gb|ACY01676.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSGGAWDLVLEHGSCV 31

gi|261864638|gb|ACY01653.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864682|gb|ACY01675.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864678|gb|ACY01673.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864676|gb|ACY01672.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864674|gb|ACY01671.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864670|gb|ACY01669.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864668|gb|ACY01668.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864644|gb|ACY01656.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864642|gb|ACY01655.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864640|gb|ACY01654.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864636|gb|ACY01652.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864634|gb|ACY01651.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864632|gb|ACY01650.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864628|gb|ACY01648.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864626|gb|ACY01647.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864624|gb|ACY01646.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864622|gb|ACY01645.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864620|gb|ACY01644.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864616|gb|ACY01642.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864614|gb|ACY01641.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864612|gb|ACY01640.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864610|gb|ACY01639.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864608|gb|ACY01638.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864606|gb|ACY01637.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864604|gb|ACY01636.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864602|gb|ACY01635.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864600|gb|ACY01634.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864598|gb|ACY01633.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864596|gb|ACY01632.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864618|gb|ACY01643.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864680|gb|ACY01674.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864666|gb|ACY01667.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864658|gb|ACY01663.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864664|gb|ACY01666.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864662|gb|ACY01665.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864660|gb|ACY01664.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864672|gb|ACY01670.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864656|gb|ACY01662.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864630|gb|ACY01649.1| -----MRCVGVGNRDFVEGDSGGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864648|gb|ACY01658.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864654|gb|ACY01661.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864652|gb|ACY01660.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31
 gi|261864650|gb|ACY01659.1| -----MRCVGVGNRDFVEGVSSGAWVDLVLEHGCV 31

* **

gi|63175415|gb|AAY34774.1| TTMAKNKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175413|gb|AAY34773.1| TTMAKNKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175401|gb|AAY34767.1| TTMAKNKPTLDIELLKTEVMNPAVLRKLCIEAKISNTTTDSRCPTQGEAT 81

gi|63175411|gb|AAY34772.1| TTMAKNKPTLDIELLKTEVTNPAILRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175409|gb|AAY34771.1| TTMAKNKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175407|gb|AAY34770.1| TTMAKNKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175405|gb|AAY34769.1| TTMAKNKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175403|gb|AAY34768.1| TTMAKNKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343476|gb|ABW35417.1| TTMAKNKPTLDIELLKTEVTNPAILRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343448|gb|ABW35403.1| TTMAKNKPTLDIELLKTEVTNPAILRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175399|gb|AAY34766.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175397|gb|AAY34765.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339301|gb|AEC11166.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339285|gb|AEC11158.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339283|gb|AEC11157.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339279|gb|AEC11155.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339277|gb|AEC11154.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339263|gb|AEC11147.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343458|gb|ABW35408.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343446|gb|ABW35402.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175393|gb|AAY34763.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343494|gb|ABW35426.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175391|gb|AAY34762.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175387|gb|AAY34760.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175385|gb|AAY34759.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339273|gb|AEC11152.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343502|gb|ABW35430.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343500|gb|ABW35429.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343498|gb|ABW35428.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343496|gb|ABW35427.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343492|gb|ABW35425.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343490|gb|ABW35424.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343488|gb|ABW35423.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343486|gb|ABW35422.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343484|gb|ABW35421.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343482|gb|ABW35420.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343480|gb|ABW35419.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343474|gb|ABW35416.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343470|gb|ABW35414.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343468|gb|ABW35413.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343466|gb|ABW35412.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343462|gb|ABW35410.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343460|gb|ABW35409.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343456|gb|ABW35407.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343450|gb|ABW35404.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343444|gb|ABW35401.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343440|gb|ABW35399.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343454|gb|ABW35406.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343472|gb|ABW35415.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343442|gb|ABW35400.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175389|gb|AAY34761.1| TTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81

gi|330339293|gb|AEC11162.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339291|gb|AEC11161.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343452|gb|ABW35405.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343478|gb|ABW35418.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|63175395|gb|AAY34764.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAILRKLKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339299|gb|AEC11165.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAILRKLKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|158343464|gb|ABW35411.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339297|gb|AEC11164.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339295|gb|AEC11163.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339287|gb|AEC11159.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339275|gb|AEC11153.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339269|gb|AEC11150.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339265|gb|AEC11148.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339267|gb|AEC11149.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339281|gb|AEC11156.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339271|gb|AEC11151.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|330339289|gb|AEC11160.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079172|gb|ABF65959.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079170|gb|ABF65958.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079168|gb|ABF65957.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079158|gb|ABF65952.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079152|gb|ABF65949.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079166|gb|ABF65956.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079150|gb|ABF65948.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079154|gb|ABF65950.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079164|gb|ABF65955.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079162|gb|ABF65954.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079160|gb|ABF65953.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079156|gb|ABF65951.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079148|gb|ABF65947.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079146|gb|ABF65946.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079144|gb|ABF65945.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079138|gb|ABF65942.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079142|gb|ABF65944.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079140|gb|ABF65943.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079134|gb|ABF65940.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079132|gb|ABF65939.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079130|gb|ABF65938.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079126|gb|ABF65936.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079124|gb|ABF65935.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079128|gb|ABF65937.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079136|gb|ABF65941.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|99079174|gb|ABF65960.1| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|56089521|gb|AAS49689.2| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|56089513|gb|AAS49685.2| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|56089535|gb|AAS49696.2| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|56089539|gb|AAS49698.2| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81
 gi|56089503|gb|AAS49680.2| TTMADKPTLDIELLKTEVTNPAVLRKLCIEAKISNTTDSRCPTQGEAT 81

gi|56089531|gb|AAS49694.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089553|gb|AAS49705.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089509|gb|AAS49683.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089505|gb|AAS49681.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089517|gb|AAS49687.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089515|gb|AAS49686.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089527|gb|AAS49692.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089525|gb|AAS49691.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56384999|gb|AAS49651.3| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
gi|56384997|gb|AAS49650.3| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
gi|56384993|gb|AAS49648.3| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
gi|56089485|gb|AAS49671.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56384987|gb|AAS49645.3| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
gi|56089545|gb|AAS49701.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089457|gb|AAS49657.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089537|gb|AAS49697.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089533|gb|AAS49695.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089541|gb|AAS49699.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089491|gb|AAS49674.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089489|gb|AAS49673.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089483|gb|AAS49670.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089493|gb|AAS49675.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089495|gb|AAS49676.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089481|gb|AAS49669.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089471|gb|AAS49664.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089465|gb|AAS49661.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089519|gb|AAS49688.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089507|gb|AAS49682.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089501|gb|AAS49679.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089499|gb|AAS49678.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089475|gb|AAS49666.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089477|gb|AAS49667.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089497|gb|AAS49677.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089469|gb|AAS49663.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089467|gb|AAS49662.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089529|gb|AAS49693.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56385005|gb|AAS49654.3| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
gi|56384995|gb|AAS49649.3| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
gi|56385001|gb|AAS49652.3| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
gi|56089523|gb|AAS49690.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56385003|gb|AAS49653.3| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
gi|56384989|gb|AAS49646.3| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
gi|56384985|gb|AAS49644.3| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
gi|56384991|gb|AAS49647.3| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
gi|56089487|gb|AAS49672.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089555|gb|AAS49706.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089511|gb|AAS49684.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
gi|56089463|gb|AAS49660.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54

gi|56089459|gb|AAS49658.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
 gi|56089473|gb|AAS49665.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
 gi|56089455|gb|AAS49656.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
 gi|56089453|gb|AAS49655.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
 gi|56089551|gb|AAS49704.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
 gi|56089461|gb|AAS49659.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 54
 gi|56089549|gb|AAS49703.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTDSRCPTQGEPS 54
 gi|56089543|gb|AAS49700.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 54
 gi|56089547|gb|AAS49702.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 54
 gi|56089479|gb|AAS49668.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 54
 gi|99079100|gb|ABF65923.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|99079098|gb|ABF65922.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|289431834|gb|ADC93779.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|289431828|gb|ADC93776.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|289431826|gb|ADC93775.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|289431824|gb|ADC93774.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|99079096|gb|ABF65921.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|289431830|gb|ADC93777.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|99079094|gb|ABF65920.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|99079092|gb|ABF65919.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|56089569|gb|AAS49713.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTDSRCPTQGEPT 54
 gi|56089563|gb|AAS49710.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTDSRCPTQGEPT 54
 gi|56089561|gb|AAS49709.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTDSRCPTQGEPT 54
 gi|56089559|gb|AAS49708.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTDSRCPTQGEPT 54
 gi|56089565|gb|AAS49711.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTDSRCPTQGEPT 54
 gi|56089567|gb|AAS49712.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTDSRCPTQGEPT 54
 gi|56089557|gb|AAS49707.2| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 54
 gi|99079104|gb|ABF65925.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|146285318|gb|ABQ18242.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|99079102|gb|ABF65924.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335631|gb|ADE62366.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|289431816|gb|ADC93770.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335647|gb|ADE62374.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|289431808|gb|ADC93766.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335663|gb|ADE62382.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335655|gb|ADE62378.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335641|gb|ADE62371.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335639|gb|ADE62370.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335637|gb|ADE62369.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335635|gb|ADE62368.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335633|gb|ADE62367.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335629|gb|ADE62365.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335627|gb|ADE62364.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335625|gb|ADE62363.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335661|gb|ADE62381.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335659|gb|ADE62380.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335653|gb|ADE62377.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81
 gi|294335651|gb|ADE62376.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEPS 81

gi|294335649|gb|ADE62375.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|294335657|gb|ADE62379.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|294335619|gb|ADE62360.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|294335613|gb|ADE62357.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|294335617|gb|ADE62359.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|294335645|gb|ADE62373.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|294335611|gb|ADE62356.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|294335643|gb|ADE62372.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|294335623|gb|ADE62362.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|99079112|gb|ABF65929.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|99079110|gb|ABF65928.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|99079108|gb|ABF65927.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|289431832|gb|ADC93778.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|289431822|gb|ADC93773.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|289431818|gb|ADC93771.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|289431814|gb|ADC93769.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|289431812|gb|ADC93768.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|289431810|gb|ADC93767.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|294335621|gb|ADE62361.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|289431820|gb|ADC93772.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|99079116|gb|ABF65931.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|99079114|gb|ABF65930.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|99079106|gb|ABF65926.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|99079122|gb|ABF65934.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|99079120|gb|ABF65933.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|99079118|gb|ABF65932.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKQPATLRKYCIEAKLTNTTTESRCPTQGEP 81
 gi|158343420|gb|ABW35389.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343418|gb|ABW35388.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|160338359|gb|ABX26121.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 100
 gi|160338357|gb|ABX26120.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 100
 gi|158343416|gb|ABW35387.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343408|gb|ABW35383.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343404|gb|ABW35381.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343410|gb|ABW35384.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|99079086|gb|ABF65916.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343428|gb|ABW35393.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|294335615|gb|ADE62358.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343438|gb|ABW35398.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343436|gb|ABW35397.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343434|gb|ABW35396.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343432|gb|ABW35395.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343430|gb|ABW35394.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343426|gb|ABW35392.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343424|gb|ABW35391.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343422|gb|ABW35390.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343414|gb|ABW35386.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343412|gb|ABW35385.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81
 gi|158343402|gb|ABW35380.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP 81

gi|158343400|gb|ABW35379.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|158343398|gb|ABW35378.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|99079090|gb|ABF65918.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|99079088|gb|ABF65917.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|158343406|gb|ABW35382.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|99079084|gb|ABF65915.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|121807471|gb|ABM65526.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|121807468|gb|ABM65525.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|107770355|gb|ABF83697.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|99079082|gb|ABF65914.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|99079080|gb|ABF65913.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|99079076|gb|ABF65911.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|99079078|gb|ABF65912.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|259157606|gb|ACV96872.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|259157614|gb|ACV96876.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|259157612|gb|ACV96875.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|259157610|gb|ACV96874.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|259157600|gb|ACV96869.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|259157608|gb|ACV96873.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|259157602|gb|ACV96870.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|259157604|gb|ACV96871.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|259157598|gb|ACV96868.1| TTMAKNKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864684|gb|ACY01676.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864638|gb|ACY01653.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864682|gb|ACY01675.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864678|gb|ACY01673.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864676|gb|ACY01672.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864674|gb|ACY01671.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864670|gb|ACY01669.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864668|gb|ACY01668.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864644|gb|ACY01656.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864642|gb|ACY01655.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864640|gb|ACY01654.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864636|gb|ACY01652.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864634|gb|ACY01651.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864632|gb|ACY01650.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864628|gb|ACY01648.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864626|gb|ACY01647.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864624|gb|ACY01646.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864622|gb|ACY01645.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864620|gb|ACY01644.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864616|gb|ACY01642.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864614|gb|ACY01641.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864612|gb|ACY01640.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864610|gb|ACY01639.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864608|gb|ACY01638.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864606|gb|ACY01637.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81
 gi|261864604|gb|ACY01636.1| TTMAQKPTLDFELIKTEAKHPATLRKYCIEAKLTNTTTASRCPTQGEP81

gi|261864602|gb|ACY01635.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEALISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864600|gb|ACY01634.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEALISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864598|gb|ACY01633.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEALISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864596|gb|ACY01632.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEALISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864618|gb|ACY01643.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEALISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864680|gb|ACY01674.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEALISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864666|gb|ACY01667.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEALISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864658|gb|ACY01663.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEALISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864664|gb|ACY01666.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEALISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864662|gb|ACY01665.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEALISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864660|gb|ACY01664.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEALISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864672|gb|ACY01670.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEASISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864656|gb|ACY01662.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEASISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864630|gb|ACY01649.1| TTMSQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEASISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864648|gb|ACY01658.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEASISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864654|gb|ACY01661.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEASISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864652|gb|ACY01660.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEASISNITTATRCPTQGEPY 81
 gi|261864650|gb|ACY01659.1| TTMAQGKPTLDFELTKTTAKEVALLRTYCIEASISNITTATRCPTQGEPY 81

****.***** ** .. * * * *

gi|63175415|gb|AAY34774.1| LVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175413|gb|AAY34773.1| LVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175401|gb|AAY34767.1| LVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175411|gb|AAY34772.1| LVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175409|gb|AAY34771.1| LVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175407|gb|AAY34770.1| LVEEQDANFVCRRTLVDARGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKVVQ
 131
 gi|63175405|gb|AAY34769.1| LVEEQDANFVCRRTLVDARGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKVVQ
 131
 gi|63175403|gb|AAY34768.1| LVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKVVQ
 131
 gi|158343476|gb|ABW35417.1| LVEEQDTNFVCRRTLVDARGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343448|gb|ABW35403.1| LVEEQDTNFVCRRTLVDARGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175399|gb|AAY34766.1| LVEEQDTNFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175397|gb|AAY34765.1| LVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339301|gb|AEC11166.1| LVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339285|gb|AEC11158.1| LVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSLLTCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131

gi|330339283|gb|AEC11157.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339279|gb|AEC11155.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339277|gb|AEC11154.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339263|gb|AEC11147.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343458|gb|ABW35408.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343446|gb|ABW35402.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175393|gb|AAY34763.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343494|gb|ABW35426.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175391|gb|AAY34762.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175387|gb|AAY34760.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175385|gb|AAY34759.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339273|gb|AEC11152.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343502|gb|ABW35430.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343500|gb|ABW35429.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343498|gb|ABW35428.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343496|gb|ABW35427.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343492|gb|ABW35425.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343490|gb|ABW35424.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343488|gb|ABW35423.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343486|gb|ABW35422.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343484|gb|ABW35421.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343482|gb|ABW35420.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343480|gb|ABW35419.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343474|gb|ABW35416.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWNGCGLFGKGSGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131

gi|158343470|gb|ABW35414.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343468|gb|ABW35413.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343466|gb|ABW35412.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343462|gb|ABW35410.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343460|gb|ABW35409.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343456|gb|ABW35407.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343450|gb|ABW35404.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343444|gb|ABW35401.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343440|gb|ABW35399.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343454|gb|ABW35406.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343472|gb|ABW35415.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343442|gb|ABW35400.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175389|gb|AAY34761.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339293|gb|AEC11162.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339291|gb|AEC11161.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343452|gb|ABW35405.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343478|gb|ABW35418.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|63175395|gb|AAY34764.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339299|gb|AEC11165.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|158343464|gb|ABW35411.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339297|gb|AEC11164.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339295|gb|AEC11163.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339287|gb|AEC11159.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131
 gi|330339275|gb|AEC11153.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
 131

gi|330339269|gb|AEC11150.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGSLLITCAKFKCVTKLEGKTVQ
131

gi|330339265|gb|AEC11148.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGSLLITCAKFKCVTKLEGKTVQ
131

gi|330339267|gb|AEC11149.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGSLLITCAKFKCVTKLEGKTVQ
131

gi|330339281|gb|AEC11156.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGSLLITCAKFKCVTKLEGKTVQ
131

gi|330339271|gb|AEC11151.1| LVVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGSLLITCAKFKCVTKLEGKTVQ
131

gi|330339289|gb|AEC11160.1| LMEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGSLLITCAKFKCVTKLEGKIVQ
131

gi|99079172|gb|ABF65959.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLELIEGKVVQ
131

gi|99079170|gb|ABF65958.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLELIEGKVVQ
131

gi|99079168|gb|ABF65957.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLELIEGKVVQ
131

gi|99079158|gb|ABF65952.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLESIEGKVVQ
131

gi|99079152|gb|ABF65949.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLESIEGKVVQ
131

gi|99079166|gb|ABF65956.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLESIEGKVVQ
131

gi|99079150|gb|ABF65948.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLESIEGKVVQ
131

gi|99079154|gb|ABF65950.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLESIEGKVVQ
131

gi|99079164|gb|ABF65955.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLESIEGKVVQ
131

gi|99079162|gb|ABF65954.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLESIEGKVVQ
131

gi|99079160|gb|ABF65953.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLESIEGKVVQ
131

gi|99079156|gb|ABF65951.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLESIEGKVVQ
131

gi|99079148|gb|ABF65947.1| LPEEQDQNXVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLESIEGKVVQ
131

gi|99079146|gb|ABF65946.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079144|gb|ABF65945.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079138|gb|ABF65942.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079142|gb|ABF65944.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079140|gb|ABF65943.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWGNGCGLFGKGSLLVTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079134|gb|ABF65940.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWNGCGLFGKGS�VTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079132|gb|ABF65939.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWNGCGLFGKGS�VTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079130|gb|ABF65938.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWNGCGLFGKGS�VTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079126|gb|ABF65936.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWNGCGLFGKGS�VTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079124|gb|ABF65935.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWNGCGLFGKGS�VTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079128|gb|ABF65937.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWNGCGLFGKGS�VTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079136|gb|ABF65941.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWNGCGLFGKGS�VTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|99079174|gb|ABF65960.1| LPEEQDQNYVCKHTYVDRGWNGCGLFGKGS�VTCAKFQCLEPIEGKVVQ
131

gi|56089521|gb|AAS49689.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089513|gb|AAS49685.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089535|gb|AAS49696.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089539|gb|AAS49698.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089503|gb|AAS49680.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089531|gb|AAS49694.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089553|gb|AAS49705.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089509|gb|AAS49683.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089505|gb|AAS49681.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089517|gb|AAS49687.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089515|gb|AAS49686.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089527|gb|AAS49692.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56089525|gb|AAS49691.2|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104

gi|56384999|gb|AAS49651.3|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 131

gi|56384997|gb|AAS49650.3|
LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 131

gi|56384993|gb|AAS49648.3| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
131

gi|56089485|gb|AAS49671.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56384987|gb|AAS49645.3| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
131

gi|56089545|gb|AAS49701.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089457|gb|AAS49657.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089537|gb|AAS49697.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAKFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089533|gb|AAS49695.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAKFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089541|gb|AAS49699.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089491|gb|AAS49674.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089489|gb|AAS49673.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089483|gb|AAS49670.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089493|gb|AAS49675.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089495|gb|AAS49676.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089481|gb|AAS49669.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVL
104

gi|56089471|gb|AAS49664.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVL
104

gi|56089465|gb|AAS49661.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVL
104

gi|56089519|gb|AAS49688.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089507|gb|AAS49682.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089501|gb|AAS49679.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089499|gb|AAS49678.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089475|gb|AAS49666.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089477|gb|AAS49667.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089497|gb|AAS49677.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089469|gb|AAS49663.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089467|gb|AAS49662.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL
104

gi|56089529|gb|AAS49693.2|
 LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104
 gi|56385005|gb|AAS49654.3|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 131
 gi|56384995|gb|AAS49649.3|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 131
 gi|56385001|gb|AAS49652.3|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 131
 gi|56089523|gb|AAS49690.2|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 104
 gi|56385003|gb|AAS49653.3|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 131
 gi|56384989|gb|AAS49646.3|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 131
 gi|56384985|gb|AAS49644.3|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVL 131
 gi|56384991|gb|AAS49647.3|
 LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ 131
 gi|56089487|gb|AAS49672.2|
 LNEEQDKRFLCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ 104
 gi|56089555|gb|AAS49706.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089511|gb|AAS49684.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089463|gb|AAS49660.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089459|gb|AAS49658.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089473|gb|AAS49665.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089455|gb|AAS49656.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089453|gb|AAS49655.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089551|gb|AAS49704.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089461|gb|AAS49659.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089549|gb|AAS49703.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089543|gb|AAS49700.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089547|gb|AAS49702.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVQ
 104
 gi|56089479|gb|AAS49668.2| LNEEQDKRFICKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKSMEGKVQ
 104
 gi|99079100|gb|ABF65923.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131

gi|99079098|gb|ABF65922.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
131

gi|289431834|gb|ADC93779.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131

gi|289431828|gb|ADC93776.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131

gi|289431826|gb|ADC93775.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131

gi|289431824|gb|ADC93774.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131

gi|99079096|gb|ABF65921.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
131

gi|289431830|gb|ADC93777.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131

gi|99079094|gb|ABF65920.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
131

gi|99079092|gb|ABF65919.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
131

gi|56089569|gb|AAS49713.2| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
104

gi|56089563|gb|AAS49710.2| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
104

gi|56089561|gb|AAS49709.2| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
104

gi|56089559|gb|AAS49708.2| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
104

gi|56089565|gb|AAS49711.2| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
104

gi|56089567|gb|AAS49712.2| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
104

gi|56089557|gb|AAS49707.2|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMKGKVVQ 104

gi|99079104|gb|ABF65925.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
131

gi|146285318|gb|ABQ18242.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131

gi|99079102|gb|ABF65924.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
131

gi|294335631|gb|ADE62366.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131

gi|289431816|gb|ADC93770.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131

gi|294335647|gb|ADE62374.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131

gi|289431808|gb|ADC93766.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131

gi|294335663|gb|ADE62382.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131

gi|294335655|gb|ADE62378.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335641|gb|ADE62371.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335639|gb|ADE62370.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335637|gb|ADE62369.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335635|gb|ADE62368.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335633|gb|ADE62367.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335629|gb|ADE62365.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335627|gb|ADE62364.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335625|gb|ADE62363.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335661|gb|ADE62381.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335659|gb|ADE62380.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335653|gb|ADE62377.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335651|gb|ADE62376.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335649|gb|ADE62375.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335657|gb|ADE62379.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335619|gb|ADE62360.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335613|gb|ADE62357.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335617|gb|ADE62359.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335645|gb|ADE62373.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335611|gb|ADE62356.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335643|gb|ADE62372.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|294335623|gb|ADE62362.1|
LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|99079112|gb|ABF65929.1| LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
131
gi|99079110|gb|ABF65928.1| LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
131

gi|99079108|gb|ABF65927.1| LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131
 gi|289431832|gb|ADC93778.1|
 LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|289431822|gb|ADC93773.1|
 LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|289431818|gb|ADC93771.1|
 LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|289431814|gb|ADC93769.1|
 LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|289431812|gb|ADC93768.1|
 LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|289431810|gb|ADC93767.1|
 LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|294335621|gb|ADE62361.1|
 LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|289431820|gb|ADC93772.1|
 LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|99079116|gb|ABF65931.1| LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131
 gi|99079114|gb|ABF65930.1| LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131
 gi|99079106|gb|ABF65926.1| LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131
 gi|99079122|gb|ABF65934.1| LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131
 gi|99079120|gb|ABF65933.1| LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131
 gi|99079118|gb|ABF65932.1| LKEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131
 gi|158343420|gb|ABW35389.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343418|gb|ABW35388.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|160338359|gb|ABX26121.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 150
 gi|160338357|gb|ABX26120.1|
 PNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 150
 gi|158343416|gb|ABW35387.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343408|gb|ABW35383.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343404|gb|ABW35381.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343410|gb|ABW35384.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|99079086|gb|ABF65916.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131

gi|158343428|gb|ABW35393.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLIGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|294335615|gb|ADE62358.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343438|gb|ABW35398.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343436|gb|ABW35397.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343434|gb|ABW35396.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343432|gb|ABW35395.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343430|gb|ABW35394.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343426|gb|ABW35392.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343424|gb|ABW35391.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343422|gb|ABW35390.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343414|gb|ABW35386.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343412|gb|ABW35385.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343402|gb|ABW35380.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343400|gb|ABW35379.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|158343398|gb|ABW35378.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
 gi|99079090|gb|ABF65918.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131
 gi|99079088|gb|ABF65917.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131
 gi|158343406|gb|ABW35382.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVQ 131
 gi|99079084|gb|ABF65915.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVAQ 131
 gi|121807471|gb|ABM65526.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVQ 131
 gi|121807468|gb|ABM65525.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVQ 131
 gi|107770355|gb|ABF83697.1|
 LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVQ 131
 gi|99079082|gb|ABF65914.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131
 gi|99079080|gb|ABF65913.1| LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ
 131

gi|99079076|gb|ABF65911.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVQ 131
gi|99079078|gb|ABF65912.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKVVQ 131
gi|259157606|gb|ACV96872.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|259157614|gb|ACV96876.1|
LNEEQHKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMKGKIVQ 131
gi|259157612|gb|ACV96875.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMKGKIVQ 131
gi|259157610|gb|ACV96874.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|259157600|gb|ACV96869.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|259157608|gb|ACV96873.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMKGKIVQ 131
gi|259157602|gb|ACV96870.1|
LNEEQDKRFVCKHSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMKGKIVQ 131
gi|259157604|gb|ACV96871.1|
LNEEQDKRFVRKSMVDRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKKNMEGKIVQ 131
gi|259157598|gb|ACV96868.1|
QKTNQHERSVCKHSMVYRGWNGCGLFGKGGIVTCAMFTCKRNMEGKIVQ 131
gi|261864684|gb|ACY01676.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864638|gb|ACY01653.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864682|gb|ACY01675.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864678|gb|ACY01673.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864676|gb|ACY01672.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864674|gb|ACY01671.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864670|gb|ACY01669.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864668|gb|ACY01668.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864644|gb|ACY01656.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864642|gb|ACY01655.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864640|gb|ACY01654.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864636|gb|ACY01652.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864634|gb|ACY01651.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131

gi|261864632|gb|ACY01650.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864628|gb|ACY01648.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864626|gb|ACY01647.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864624|gb|ACY01646.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864622|gb|ACY01645.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864620|gb|ACY01644.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864616|gb|ACY01642.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864614|gb|ACY01641.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864612|gb|ACY01640.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864610|gb|ACY01639.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864608|gb|ACY01638.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864606|gb|ACY01637.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864604|gb|ACY01636.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864602|gb|ACY01635.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864600|gb|ACY01634.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864598|gb|ACY01633.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864596|gb|ACY01632.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864618|gb|ACY01643.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864680|gb|ACY01674.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864666|gb|ACY01667.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864658|gb|ACY01663.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864664|gb|ACY01666.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864662|gb|ACY01665.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
gi|261864660|gb|ACY01664.1|
LKEEQDQQYICRRDVDRGWNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131

gi|261864672|gb|ACY01670.1|
 LKEEQDQQYICRRDVDRGWGNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
 gi|261864656|gb|ACY01662.1|
 LKEEQDQQYICRRDVDRGWGNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
 gi|261864630|gb|ACY01649.1|
 LKEEQDQQYICRRDVDRGWGNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
 gi|261864648|gb|ACY01658.1|
 LKEEQDQQYICRRDVDRGWGNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
 gi|261864654|gb|ACY01661.1|
 LKEEQDQQYICRRDVDRGWGNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
 gi|261864652|gb|ACY01660.1|
 LKEEQDQQYICRRDVDRGWGNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131
 gi|261864650|gb|ACY01659.1|
 LKEEQDQQYICRRDVDRGWGNGCGLFGKGGVVTCAKFSCSGKITGNLVQ 131

.*...: * ****.****.*...*** * * :*..

gi|63175415|gb|AAY34774.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNETTEHGTIATITPQAPMSEIQLTDYGAL 181
 gi|63175413|gb|AAY34773.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNETTEHGTIATITPQAPMSEIQLTDYGAL 181
 gi|63175401|gb|AAY34767.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNETTEHGTIATITPQAPTSEIQLTDYGAL 181
 gi|63175411|gb|AAY34772.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNETTEHGTIATITPQAPTSEIQLTDYGAL 181
 gi|63175409|gb|AAY34771.1| HENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNETTEHGTIATITPQAPTSEIQLTDYGAL 181
 gi|63175407|gb|AAY34770.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNETTEHGTIATITPQAPTSEIQLTDYGAL 181
 gi|63175405|gb|AAY34769.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNETTEHGTIATITPQAPTSEIQLTDYGAL 181
 gi|63175403|gb|AAY34768.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNETTEHGTIATITPQAPTSEIQLTDYGAL 181
 gi|158343476|gb|ABW35417.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNETTEHGTIATITPQAPTAEIQLTDYGAL
 181
 gi|158343448|gb|ABW35403.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNETTEHGTIATITPQAPTAEIQLTDYGAL
 181
 gi|63175399|gb|AAY34766.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNETTEHGTIATITPQAPTSEIQLTDYGAL 181
 gi|63175397|gb|AAY34765.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDYGVL 181
 gi|330339301|gb|AEC11166.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDYGVL
 181
 gi|330339285|gb|AEC11158.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDYGVL
 181
 gi|330339283|gb|AEC11157.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDYGVL
 181
 gi|330339279|gb|AEC11155.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDYGVL
 181
 gi|330339277|gb|AEC11154.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDYGVL
 181
 gi|330339263|gb|AEC11147.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDYGVL
 181
 gi|158343458|gb|ABW35408.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDYGVL
 181
 gi|158343446|gb|ABW35402.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDYGVL
 181
 gi|63175393|gb|AAY34763.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDYGAL 181

gi|158343494|gb|ABW35426.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|63175391|gb|AA Y34762.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL 181
 gi|63175387|gb|AA Y34760.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL 181
 gi|63175385|gb|AA Y34759.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL 181
 gi|330339273|gb|AEC11152.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343502|gb|ABW35430.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343500|gb|ABW35429.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343498|gb|ABW35428.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343496|gb|ABW35427.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343492|gb|ABW35425.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343490|gb|ABW35424.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343488|gb|ABW35423.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343486|gb|ABW35422.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343484|gb|ABW35421.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343482|gb|ABW35420.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343480|gb|ABW35419.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343474|gb|ABW35416.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343470|gb|ABW35414.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343468|gb|ABW35413.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343466|gb|ABW35412.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343462|gb|ABW35410.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343460|gb|ABW35409.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343456|gb|ABW35407.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343450|gb|ABW35404.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181
 gi|158343444|gb|ABW35401.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESTEHEGTTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
 181

gi|158343440|gb|ABW35399.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
181

gi|158343454|gb|ABW35406.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
181

gi|158343472|gb|ABW35415.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
181

gi|158343442|gb|ABW35400.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
181

gi|63175389|gb|AAY34761.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTTEIQLTDY GAL 181

gi|330339293|gb|AEC11162.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTEIQLTDY GAL
181

gi|330339291|gb|AEC11161.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTEIQLTDY GAL
181

gi|158343452|gb|ABW35405.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTEIQLTDY GAL
181

gi|158343478|gb|ABW35418.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
181

gi|63175395|gb|AAY34764.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTTEIQLTDY GAL 181

gi|330339299|gb|AEC11165.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
181

gi|158343464|gb|ABW35411.1| YENLKYSVIVTVHPPGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTTEIQLTDY GAL
181

gi|330339297|gb|AEC11164.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTEIQLTDY GAL
181

gi|330339295|gb|AEC11163.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTEIQLTDY GAL
181

gi|330339287|gb|AEC11159.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTEIQLTDY GAL
181

gi|330339275|gb|AEC11153.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTEIQLTDY GAL
181

gi|330339269|gb|AEC11150.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTEIQLTDY GAL
181

gi|330339265|gb|AEC11148.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTEIQLTDY GAL
181

gi|330339267|gb|AEC11149.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTEIQLTDY GAL
181

gi|330339281|gb|AEC11156.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTDIQLTDY GAL
181

gi|330339271|gb|AEC11151.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPSTEIQLTDY GAL
181

gi|330339289|gb|AEC11160.1| YENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESIEHGTATITPQAPTSEIQLTDY GAL 181

gi|99079172|gb|ABF65959.1| HENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTVEAILPEYGT L 179

gi|99079170|gb|ABF65958.1| HENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTVEAILPEYGT L 179

gi|99079168|gb|ABF65957.1| HENLKYSVIVTVHTGDRHQVGNESHEHGTATITPQAPTVEAILPEYGT L 179

gi|99079158|gb|ABF65952.1| HENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTVEAILPEYGT L 179

gi|99079152|gb|ABF65949.1| HENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTVEAILPEYGT L 179

gi|99079166|gb|ABF65956.1| HENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTVEAILPEYGT L 179

gi|99079150|gb|ABF65948.1| HENLKYSVIVTVHTGDQHQVGNESHEHGTATITPQAPTVEAILPEYGT L 179

gi|99079154|gb|ABF65950.1| HENLK YTVIITVHTGDQH QVGN ET--QGV TAEITPQASTAEAILPEYGT L 179
 gi|99079164|gb|ABF65955.1| HENLK YTVIITVHTGDQH QVGN ET--QGV TAEITPQASTVEAILPEYGT L 179
 gi|99079162|gb|ABF65954.1| HENLK YTVIITVHTGDQH QVGN ET--QGV TAEITPQASTVEAILPEYGT L 179
 gi|99079160|gb|ABF65953.1| HENLK YTVIITVHTGDQH QVGN ET--QGV TAEITPQASTVEAILPEYGT L 179
 gi|99079156|gb|ABF65951.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN ET--QGV TAEITPQASIVEAILPEYGT L 179
 gi|99079148|gb|ABF65947.1| HENLK YTVTITVHTGDQH QVGN DT--QGV TAEITPQASTVEAILPEYGT L 179
 gi|99079146|gb|ABF65946.1| HENLK YTVTITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079144|gb|ABF65945.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079138|gb|ABF65942.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079142|gb|ABF65944.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079140|gb|ABF65943.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079134|gb|ABF65940.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079132|gb|ABF65939.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079130|gb|ABF65938.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079126|gb|ABF65936.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079124|gb|ABF65935.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079128|gb|ABF65937.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079136|gb|ABF65941.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN DT--QGV TVEITPQASTVEAVLPEYGT L 179
 gi|99079174|gb|ABF65960.1| YENLK YTVIITVHTGDQH QVGN ET--QGV TAEITPQASTTEAILPEYGT L 179
 gi|56089521|gb|AAS49689.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089513|gb|AAS49685.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089535|gb|AAS49696.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089539|gb|AAS49698.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089503|gb|AAS49680.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089531|gb|AAS49694.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089553|gb|AAS49705.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089509|gb|AAS49683.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089505|gb|AAS49681.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089517|gb|AAS49687.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089515|gb|AAS49686.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089527|gb|AAS49692.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089525|gb|AAS49691.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56384999|gb|AAS49651.3| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 181
 gi|56384997|gb|AAS49650.3| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 181
 gi|56384993|gb|AAS49648.3| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 181
 gi|56089485|gb|AAS49671.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56384987|gb|AAS49645.3| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 181
 gi|56089545|gb|AAS49701.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089457|gb|AAS49657.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089537|gb|AAS49697.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089533|gb|AAS49695.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089541|gb|AAS49699.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089491|gb|AAS49674.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089489|gb|AAS49673.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089483|gb|AAS49670.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089493|gb|AAS49675.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089495|gb|AAS49676.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGREIKITPQSSITEAELTGYGT V 154
 gi|56089481|gb|AAS49669.2| PENLE YTVITPHSGEEHAVGN DTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGT V 154

gi|56089471|gb|AAS49664.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089465|gb|AAS49661.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089519|gb|AAS49688.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089507|gb|AAS49682.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089501|gb|AAS49679.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089499|gb|AAS49678.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089475|gb|AAS49666.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089477|gb|AAS49667.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089497|gb|AAS49677.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089469|gb|AAS49663.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089467|gb|AAS49662.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089529|gb|AAS49693.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56385005|gb|AAS49654.3| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 181
 gi|56384995|gb|AAS49649.3| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 181
 gi|56385001|gb|AAS49652.3| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 181
 gi|56089523|gb|AAS49690.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56385003|gb|AAS49653.3| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 181
 gi|56384989|gb|AAS49646.3| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 181
 gi|56384985|gb|AAS49644.3| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 181
 gi|56384991|gb|AAS49647.3| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 181
 gi|56089487|gb|AAS49672.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089555|gb|AAS49706.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089511|gb|AAS49684.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089463|gb|AAS49660.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089459|gb|AAS49658.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089473|gb|AAS49665.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEADLTGYGTV 154
 gi|56089455|gb|AAS49656.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089453|gb|AAS49655.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089551|gb|AAS49704.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089461|gb|AAS49659.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089549|gb|AAS49703.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089543|gb|AAS49700.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089547|gb|AAS49702.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089479|gb|AAS49668.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|99079100|gb|ABF65923.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSPIEAELTYGTV 181
 gi|99079098|gb|ABF65922.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSPITEAELTYGTV 181
 gi|289431834|gb|ADC93779.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSPITEAELTYGTV 181
 gi|289431828|gb|ADC93776.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSPITEAELTYGTV 181
 gi|289431826|gb|ADC93775.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSPITEAELTYGTV 181
 gi|289431824|gb|ADC93774.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSPITEAELTYGTV 181
 gi|99079096|gb|ABF65921.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGDDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 181
 gi|289431830|gb|ADC93777.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 181
 gi|99079094|gb|ABF65920.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 181
 gi|99079092|gb|ABF65919.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTYGTV 181
 gi|56089569|gb|AAS49713.2| PENLEYTVVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEVKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089563|gb|AAS49710.2| PENLEYTVVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEVKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089561|gb|AAS49709.2| PENLEYTVVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEVKITPQSSITEAELTYGTV 154
 gi|56089559|gb|AAS49708.2| PENLEYTVVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEVKITPQSSITEAELTYGTV 154

gi|56089565|gb|AAS49711.2| PENLEYTVVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEVKITPQSSITEAELTGYGTV 154
 gi|56089567|gb|AAS49712.2| PENLEYTVVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEVKITPQSSITEVELTGYGTV 154
 gi|56089557|gb|AAS49707.2| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGTV 154
 gi|99079104|gb|ABF65925.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGTV 181
 gi|146285318|gb|ABQ18242.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGTV 181
 gi|99079102|gb|ABF65924.1| PENLEYTIVITPHSGEEHAVGNNDTGKHGKEIKITPQSSITEAELTGYGTV 181
 gi|294335631|gb|ADE62366.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|289431816|gb|ADC93770.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335647|gb|ADE62374.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|289431808|gb|ADC93766.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335663|gb|ADE62382.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335655|gb|ADE62378.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335641|gb|ADE62371.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335639|gb|ADE62370.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335637|gb|ADE62369.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335635|gb|ADE62368.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335633|gb|ADE62367.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335629|gb|ADE62365.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335627|gb|ADE62364.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335625|gb|ADE62363.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335661|gb|ADE62381.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSPITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335659|gb|ADE62380.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSPITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335653|gb|ADE62377.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSPITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335651|gb|ADE62376.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSPITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335649|gb|ADE62375.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSPITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335657|gb|ADE62379.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGQEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181
 gi|294335619|gb|ADE62360.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNDTGKHGMEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
 181

gi|294335613|gb|ADE62357.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGMEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|294335617|gb|ADE62359.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGMEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|294335645|gb|ADE62373.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|294335611|gb|ADE62356.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|294335643|gb|ADE62372.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|294335623|gb|ADE62362.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|99079112|gb|ABF65929.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|99079110|gb|ABF65928.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|99079108|gb|ABF65927.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|289431832|gb|ADC93778.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|289431822|gb|ADC93773.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|289431818|gb|ADC93771.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|289431814|gb|ADC93769.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|289431812|gb|ADC93768.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|289431810|gb|ADC93767.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|294335621|gb|ADE62361.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGQEIIVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|289431820|gb|ADC93772.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGQEIIVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|99079116|gb|ABF65931.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|99079114|gb|ABF65930.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|99079106|gb|ABF65926.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|99079122|gb|ABF65934.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|99079120|gb|ABF65933.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|99079118|gb|ABF65932.1| PENLEYTIVVTPHSGEEHAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|158343420|gb|ABW35389.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343418|gb|ABW35388.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGXDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|160338359|gb|ABX26121.1| PENLEYTIMITPHSGEENAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
200

gi|160338357|gb|ABX26120.1| PENLEYTIMITPHSGEENAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
200

gi|158343416|gb|ABW35387.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNNTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343408|gb|ABW35383.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343404|gb|ABW35381.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343410|gb|ABW35384.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|99079086|gb|ABF65916.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|158343428|gb|ABW35393.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|294335615|gb|ADE62358.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343438|gb|ABW35398.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343436|gb|ABW35397.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343434|gb|ABW35396.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343432|gb|ABW35395.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343430|gb|ABW35394.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343426|gb|ABW35392.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343424|gb|ABW35391.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343422|gb|ABW35390.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343414|gb|ABW35386.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343412|gb|ABW35385.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343402|gb|ABW35380.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343400|gb|ABW35379.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|158343398|gb|ABW35378.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|99079090|gb|ABF65918.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|99079088|gb|ABF65917.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|158343406|gb|ABW35382.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|99079084|gb|ABF65915.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|121807471|gb|ABM65526.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|121807468|gb|ABM65525.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181

gi|107770355|gb|ABF83697.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|99079082|gb|ABF65914.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNDTGKHGREIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181

gi|99079080|gb|ABF65913.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181
gi|99079076|gb|ABF65911.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181
gi|99079078|gb|ABF65912.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV 181
gi|259157606|gb|ACV96872.1| PENLEYTIVITPHSGEETGVGNNDTGKHGKEIKVTPQSSITEPELTGYGTV 181
gi|259157614|gb|ACV96876.1| PENLEYTIVVTPHSGEENAVGNNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181
gi|259157612|gb|ACV96875.1| PENLEYTIVVTPHSGEENAVGNNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181
gi|259157610|gb|ACV96874.1| PENLEYTIVVTPHSGEENAVGNNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181
gi|259157600|gb|ACV96869.1| PENLEYTIVVTPHSGREENAFGNDRKHGKEIKVTPRSSITEAELTGYGTV
181
gi|259157608|gb|ACV96873.1| PENLEYTIVVTPHSGEENAVGNNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181
gi|259157602|gb|ACV96870.1| PENLEYTIVVTPHSGEENAVGNNDTGKHGKEIKVTPQSSITEAELTGYGTV
181
gi|259157604|gb|ACV96871.1| PENLEYTLVITPHSGEENAVGNNDTGNHGKEIKVTPQSSITEAALTYGTV
181
gi|259157598|gb|ACV96868.1| PENLEYTIVITPHSGEENAVGNNDTGKHGREIKVTPQSSITDPQLTYGTV
181
gi|261864684|gb|ACY01676.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864638|gb|ACY01653.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864682|gb|ACY01675.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864678|gb|ACY01673.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864676|gb|ACY01672.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864674|gb|ACY01671.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864670|gb|ACY01669.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864668|gb|ACY01668.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864644|gb|ACY01656.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864642|gb|ACY01655.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864640|gb|ACY01654.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864636|gb|ACY01652.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864634|gb|ACY01651.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
gi|261864632|gb|ACY01650.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNNTSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864628|gb|ACY01648.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864626|gb|ACY01647.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864624|gb|ACY01646.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864622|gb|ACY01645.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864620|gb|ACY01644.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864616|gb|ACY01642.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864614|gb|ACY01641.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864612|gb|ACY01640.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864610|gb|ACY01639.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864608|gb|ACY01638.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864606|gb|ACY01637.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864604|gb|ACY01636.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864602|gb|ACY01635.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864600|gb|ACY01634.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864598|gb|ACY01633.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864596|gb|ACY01632.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864618|gb|ACY01643.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864680|gb|ACY01674.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864666|gb|ACY01667.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864658|gb|ACY01663.1| IDNLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864664|gb|ACY01666.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864662|gb|ACY01665.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864660|gb|ACY01664.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864672|gb|ACY01670.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTATITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

gi|261864656|gb|ACY01662.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTAMITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
 gi|261864630|gb|ACY01649.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTAMITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
 gi|261864648|gb|ACY01658.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTAMITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
 gi|261864654|gb|ACY01661.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTAMITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
 gi|261864652|gb|ACY01660.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTAMITPRSPSVEVKLPDYGEL
181
 gi|261864650|gb|ACY01659.1| IENLEYTVVVTVHNGDTHAVGNDSNHGVTAMITPRSPSVEVKLPDYGEL
181

:**:: ** : . * :: * : *.. : *.**:

gi|63175415|gb|AAY34774.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|63175413|gb|AAY34773.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|63175401|gb|AAY34767.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|63175411|gb|AAY34772.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|63175409|gb|AAY34771.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKERSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETX
231
 gi|63175407|gb|AAY34770.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|63175405|gb|AAY34769.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|63175403|gb|AAY34768.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|158343476|gb|ABW35417.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|158343448|gb|ABW35403.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|63175399|gb|AAY34766.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|63175397|gb|AAY34765.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|330339301|gb|AEC11166.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|330339285|gb|AEC11158.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|330339283|gb|AEC11157.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|330339279|gb|AEC11155.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
 gi|330339277|gb|AEC11154.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231

gi|330339263|gb|AEC11147.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
gi|158343458|gb|ABW35408.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343446|gb|ABW35402.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|63175393|gb|AAY34763.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
gi|158343494|gb|ABW35426.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|63175391|gb|AAY34762.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
gi|63175387|gb|AAY34760.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
gi|63175385|gb|AAY34759.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
gi|330339273|gb|AEC11152.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
231
gi|158343502|gb|ABW35430.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343500|gb|ABW35429.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343498|gb|ABW35428.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343496|gb|ABW35427.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343492|gb|ABW35425.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343490|gb|ABW35424.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343488|gb|ABW35423.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343486|gb|ABW35422.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343484|gb|ABW35421.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343482|gb|ABW35420.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343480|gb|ABW35419.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343474|gb|ABW35416.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343470|gb|ABW35414.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343468|gb|ABW35413.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
gi|158343466|gb|ABW35412.1|
TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231

gi|158343462|gb|ABW35410.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|158343460|gb|ABW35409.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|158343456|gb|ABW35407.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|158343450|gb|ABW35404.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|158343444|gb|ABW35401.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|158343440|gb|ABW35399.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|158343454|gb|ABW35406.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|158343472|gb|ABW35415.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|158343442|gb|ABW35400.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|63175389|gb|AAY34761.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231
 gi|330339293|gb|AEC11162.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231
 gi|330339291|gb|AEC11161.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231
 gi|158343452|gb|ABW35405.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|158343478|gb|ABW35418.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|63175395|gb|AAY34764.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231
 gi|330339299|gb|AEC11165.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231
 gi|158343464|gb|ABW35411.1|
 TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW 231
 gi|330339297|gb|AEC11164.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231
 gi|330339295|gb|AEC11163.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231
 gi|330339287|gb|AEC11159.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231
 gi|330339275|gb|AEC11153.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231
 gi|330339269|gb|AEC11150.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231
 gi|330339265|gb|AEC11148.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231
 gi|330339267|gb|AEC11149.1| TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
 231

gi 330339281 gb AEC11156.1 231	TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
gi 330339271 gb AEC11151.1 231	TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
gi 330339289 gb AEC11160.1 231	TLDCSPRTGLDFNEMVLLTMKEKSWLVHKQWFLDLPLPWTSGASTSQETW
gi 99079172 gb ABF65959.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079170 gb ABF65958.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079168 gb ABF65957.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079158 gb ABF65952.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079152 gb ABF65949.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079166 gb ABF65956.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079150 gb ABF65948.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079154 gb ABF65950.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079164 gb ABF65955.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079162 gb ABF65954.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079160 gb ABF65953.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079156 gb ABF65951.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079148 gb ABF65947.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079146 gb ABF65946.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079144 gb ABF65945.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079138 gb ABF65942.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079142 gb ABF65944.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079140 gb ABF65943.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079134 gb ABF65940.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079132 gb ABF65939.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
gi 99079130 gb ABF65938.1 229	GLECSPRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW

gi|99079126|gb|ABF65936.1| GLECSVRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
229

gi|99079124|gb|ABF65935.1| GLECSVRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
229

gi|99079128|gb|ABF65937.1| GLECSVRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
229

gi|99079136|gb|ABF65941.1| GLECSVRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWTSGATTETPTW
229

gi|99079174|gb|ABF65960.1| GLECSVRTGLDFNEMILLTMKNKAWMVHRQWFFDLPLPWASGATTETPTW
229

gi|56089521|gb|AAS49689.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089513|gb|AAS49685.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089535|gb|AAS49696.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089539|gb|AAS49698.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089503|gb|AAS49680.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089531|gb|AAS49694.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089553|gb|AAS49705.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089509|gb|AAS49683.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLRMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089505|gb|AAS49681.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLRMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089517|gb|AAS49687.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089515|gb|AAS49686.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089527|gb|AAS49692.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089525|gb|AAS49691.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56384999|gb|AAS49651.3|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231

gi|56384997|gb|AAS49650.3|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231

gi|56384993|gb|AAS49648.3|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231

gi|56089485|gb|AAS49671.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56384987|gb|AAS49645.3|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231

gi|56089545|gb|AAS49701.2|
TMECSVRTGLDFNEMVLLQMEEKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204

gi|56089457|gb|AAS49657.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEEKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089537|gb|AAS49697.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEEKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089533|gb|AAS49695.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEEKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089541|gb|AAS49699.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089491|gb|AAS49674.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089489|gb|AAS49673.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089483|gb|AAS49670.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089493|gb|AAS49675.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089495|gb|AAS49676.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089481|gb|AAS49669.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089471|gb|AAS49664.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089465|gb|AAS49661.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089519|gb|AAS49688.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089507|gb|AAS49682.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089501|gb|AAS49679.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089499|gb|AAS49678.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089475|gb|AAS49666.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089477|gb|AAS49667.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHKQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089497|gb|AAS49677.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089469|gb|AAS49663.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089467|gb|AAS49662.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089529|gb|AAS49693.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56385005|gb|AAS49654.3|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|56384995|gb|AAS49649.3|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADIQGSNW 231

gi|56385001|gb|AAS49652.3|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|56089523|gb|AAS49690.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56385003|gb|AAS49653.3|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|56384989|gb|AAS49646.3|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|56384985|gb|AAS49644.3|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|56384991|gb|AAS49647.3|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|56089487|gb|AAS49672.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089555|gb|AAS49706.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089511|gb|AAS49684.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089463|gb|AAS49660.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089459|gb|AAS49658.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089473|gb|AAS49665.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089455|gb|AAS49656.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089453|gb|AAS49655.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089551|gb|AAS49704.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089461|gb|AAS49659.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089549|gb|AAS49703.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089543|gb|AAS49700.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089547|gb|AAS49702.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089479|gb|AAS49668.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|99079100|gb|ABF65923.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079098|gb|ABF65922.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|289431834|gb|ADC93779.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|289431828|gb|ADC93776.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231

gi|289431826|gb|ADC93775.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|289431824|gb|ADC93774.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079096|gb|ABF65921.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|289431830|gb|ADC93777.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079094|gb|ABF65920.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079092|gb|ABF65919.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|56089569|gb|AAS49713.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089563|gb|AAS49710.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089561|gb|AAS49709.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089559|gb|AAS49708.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089565|gb|AAS49711.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089567|gb|AAS49712.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|56089557|gb|AAS49707.2|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 204
gi|99079104|gb|ABF65925.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|146285318|gb|ABQ18242.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079102|gb|ABF65924.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|294335631|gb|ADE62366.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|289431816|gb|ADC93770.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335647|gb|ADE62374.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|289431808|gb|ADC93766.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335663|gb|ADE62382.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335655|gb|ADE62378.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335641|gb|ADE62371.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335639|gb|ADE62370.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231

gi|294335637|gb|ADE62369.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335635|gb|ADE62368.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335633|gb|ADE62367.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335629|gb|ADE62365.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335627|gb|ADE62364.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335625|gb|ADE62363.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335661|gb|ADE62381.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335659|gb|ADE62380.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335653|gb|ADE62377.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335651|gb|ADE62376.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335649|gb|ADE62375.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335657|gb|ADE62379.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMESKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335619|gb|ADE62360.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335613|gb|ADE62357.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335617|gb|ADE62359.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335645|gb|ADE62373.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335611|gb|ADE62356.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335643|gb|ADE62372.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335623|gb|ADE62362.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|99079112|gb|ABF65929.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|99079110|gb|ABF65928.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|99079108|gb|ABF65927.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|289431832|gb|ADC93778.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|289431822|gb|ADC93773.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231

gi|289431818|gb|ADC93771.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|289431814|gb|ADC93769.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|289431812|gb|ADC93768.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|289431810|gb|ADC93767.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|294335621|gb|ADE62361.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|289431820|gb|ADC93772.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQESNW 231
gi|99079116|gb|ABF65931.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQGSNW 231
gi|99079114|gb|ABF65930.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQGSNW 231
gi|99079106|gb|ABF65926.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADKQGSNW 231
gi|99079122|gb|ABF65934.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079120|gb|ABF65933.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079118|gb|ABF65932.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343420|gb|ABW35389.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADPQGSNW 231
gi|158343418|gb|ABW35388.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|160338359|gb|ABX26121.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 250
gi|160338357|gb|ABX26120.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 250
gi|158343416|gb|ABW35387.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343408|gb|ABW35383.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343404|gb|ABW35381.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343410|gb|ABW35384.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079086|gb|ABF65916.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343428|gb|ABW35393.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|294335615|gb|ADE62358.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343438|gb|ABW35398.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231

gi|158343436|gb|ABW35397.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343434|gb|ABW35396.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343432|gb|ABW35395.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343430|gb|ABW35394.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343426|gb|ABW35392.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343424|gb|ABW35391.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343422|gb|ABW35390.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343414|gb|ABW35386.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343412|gb|ABW35385.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343402|gb|ABW35380.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343400|gb|ABW35379.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343398|gb|ABW35378.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079090|gb|ABF65918.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079088|gb|ABF65917.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|158343406|gb|ABW35382.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079084|gb|ABF65915.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|121807471|gb|ABM65526.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|121807468|gb|ABM65525.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|107770355|gb|ABF83697.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079082|gb|ABF65914.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079080|gb|ABF65913.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079076|gb|ABF65911.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|99079078|gb|ABF65912.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMEDKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
gi|259157606|gb|ACV96872.1|
TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231

gi|259157614|gb|ACV96876.1|
 TMECSPRTGFAFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
 gi|259157612|gb|ACV96875.1|
 TMECSPRTGSDFNEMALLPMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGLNW 231
 gi|259157610|gb|ACV96874.1|
 TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
 gi|259157600|gb|ACV96869.1|
 TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGTNW 231
 gi|259157608|gb|ACV96873.1|
 TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
 gi|259157602|gb|ACV96870.1|
 TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
 gi|259157604|gb|ACV96871.1|
 TMECSPRTGLNFHEMVSLPMENKAWMVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
 gi|259157598|gb|ACV96868.1|
 TMECSPRTGLDFNEMVLLQMENKAWLVHRQWFLDLPLPWLPGADTQGSNW 231
 gi|261864684|gb|ACY01676.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864638|gb|ACY01653.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864682|gb|ACY01675.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864678|gb|ACY01673.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864676|gb|ACY01672.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864674|gb|ACY01671.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864670|gb|ACY01669.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864668|gb|ACY01668.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864644|gb|ACY01656.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864642|gb|ACY01655.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864640|gb|ACY01654.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864636|gb|ACY01652.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864634|gb|ACY01651.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864632|gb|ACY01650.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864628|gb|ACY01648.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231
 gi|261864626|gb|ACY01647.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
 231

gi|261864624|gb|ACY01646.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864622|gb|ACY01645.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864620|gb|ACY01644.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864616|gb|ACY01642.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864614|gb|ACY01641.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864612|gb|ACY01640.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864610|gb|ACY01639.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864608|gb|ACY01638.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864606|gb|ACY01637.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864604|gb|ACY01636.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864602|gb|ACY01635.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864600|gb|ACY01634.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864598|gb|ACY01633.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864596|gb|ACY01632.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864618|gb|ACY01643.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864680|gb|ACY01674.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864666|gb|ACY01667.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864658|gb|ACY01663.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864664|gb|ACY01666.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864662|gb|ACY01665.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864660|gb|ACY01664.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864672|gb|ACY01670.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864656|gb|ACY01662.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864630|gb|ACY01649.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDLPLPWTTGADTSEVHW
231

gi|261864648|gb|ACY01658.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDPLPWTAGADTSEVHW
231
gi|261864654|gb|ACY01661.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDPLPWTAGADTSEVHW
231
gi|261864652|gb|ACY01660.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDPLPWTAGADTSEVHW
231
gi|261864650|gb|ACY01659.1| TLDCEPRSGIDFNEMILMKMKKKTWLVHKQWFLDPLPWTAGADTSEVHW
231

..* ** * ** : * ..* ** * ** * ** * ** *

gi|63175415|gb|AAY34774.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|63175413|gb|AAY34773.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|63175401|gb|AAY34767.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|63175411|gb|AAY34772.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|63175409|gb|AAY34771.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|63175407|gb|AAY34770.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|63175405|gb|AAY34769.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|63175403|gb|AAY34768.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|158343476|gb|ABW35417.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|158343448|gb|ABW35403.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|63175399|gb|AAY34766.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|63175397|gb|AAY34765.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|330339301|gb|AEC11166.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|330339285|gb|AEC11158.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|330339283|gb|AEC11157.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|330339279|gb|AEC11155.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|330339277|gb|AEC11154.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|330339263|gb|AEC11147.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281
gi|158343458|gb|ABW35408.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343446|gb|ABW35402.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|63175393|gb|AAY34763.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343494|gb|ABW35426.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|63175391|gb|AAY34762.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|63175387|gb|AAY34760.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|63175385|gb|AAY34759.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|330339273|gb|AEC11152.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343502|gb|ABW35430.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343500|gb|ABW35429.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343498|gb|ABW35428.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343496|gb|ABW35427.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343492|gb|ABW35425.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343490|gb|ABW35424.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343488|gb|ABW35423.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343486|gb|ABW35422.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343484|gb|ABW35421.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343482|gb|ABW35420.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343480|gb|ABW35419.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343474|gb|ABW35416.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343470|gb|ABW35414.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343468|gb|ABW35413.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343466|gb|ABW35412.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343462|gb|ABW35410.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343460|gb|ABW35409.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTIFAG
281

gi|158343456|gb|ABW35407.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|158343450|gb|ABW35404.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|158343444|gb|ABW35401.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|158343440|gb|ABW35399.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|158343454|gb|ABW35406.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|158343472|gb|ABW35415.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|158343442|gb|ABW35400.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|63175389|gb|AAY34761.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339293|gb|AEC11162.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339291|gb|AEC11161.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|158343452|gb|ABW35405.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|158343478|gb|ABW35418.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|63175395|gb|AAY34764.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339299|gb|AEC11165.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|158343464|gb|ABW35411.1| NRPDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339297|gb|AEC11164.1| NRKDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339295|gb|AEC11163.1| NRKDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339287|gb|AEC11159.1| NRKDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339275|gb|AEC11153.1| NRKDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339269|gb|AEC11150.1| NRKDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339265|gb|AEC11148.1| NRKDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339267|gb|AEC11149.1| NRKDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339281|gb|AEC11156.1| NRKDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339271|gb|AEC11151.1| NRKDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|330339289|gb|AEC11160.1| NRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGTTTIFAG
281

gi|99079172|gb|ABF65959.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079170|gb|ABF65958.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079168|gb|ABF65957.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079158|gb|ABF65952.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079152|gb|ABF65949.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079166|gb|ABF65956.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079150|gb|ABF65948.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079154|gb|ABF65950.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079164|gb|ABF65955.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079162|gb|ABF65954.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079160|gb|ABF65953.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079156|gb|ABF65951.1| NKKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQTSGGTSIFAG
279

gi|99079148|gb|ABF65947.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQNSGGTSIFAG
279

gi|99079146|gb|ABF65946.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQNSGGTSIFAG
279

gi|99079144|gb|ABF65945.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQNSGGTSIFAG
279

gi|99079138|gb|ABF65942.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQNSGGTSIFAG
279

gi|99079142|gb|ABF65944.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQNSGGTSIFAG
279

gi|99079140|gb|ABF65943.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQNSGGTSIFAG
279

gi|99079134|gb|ABF65940.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQNSGGTSIFAG
279

gi|99079132|gb|ABF65939.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQNSGGTSIFAG
279

gi|99079130|gb|ABF65938.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQNSGGTSIFAG
279

gi|99079126|gb|ABF65936.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQNSGGTSIFAG
279

gi|99079124|gb|ABF65935.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQNSGGTSIFAG
279

gi|99079128|gb|ABF65937.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGGTSIFAG
279

gi|99079136|gb|ABF65941.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGGTSIFAG
279

gi|99079174|gb|ABF65960.1| NRKELLVTFKNAHAKKQEVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGGTSIFAG
279

gi|56089521|gb|AAS49689.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089513|gb|AAS49685.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089535|gb|AAS49696.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089539|gb|AAS49698.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089503|gb|AAS49680.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089531|gb|AAS49694.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089553|gb|AAS49705.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089509|gb|AAS49683.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089505|gb|AAS49681.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089517|gb|AAS49687.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089515|gb|AAS49686.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089527|gb|AAS49692.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089525|gb|AAS49691.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56384999|gb|AAS49651.3| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|56384997|gb|AAS49650.3| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|56384993|gb|AAS49648.3| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|56089485|gb|AAS49671.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56384987|gb|AAS49645.3| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|56089545|gb|AAS49701.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089457|gb|AAS49657.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089537|gb|AAS49697.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089533|gb|AAS49695.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089541|gb|AAS49699.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089491|gb|AAS49674.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089489|gb|AAS49673.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089483|gb|AAS49670.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089493|gb|AAS49675.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089495|gb|AAS49676.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089481|gb|AAS49669.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089471|gb|AAS49664.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089465|gb|AAS49661.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089519|gb|AAS49688.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089507|gb|AAS49682.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089501|gb|AAS49679.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089499|gb|AAS49678.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089475|gb|AAS49666.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089477|gb|AAS49667.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089497|gb|AAS49677.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFAG
254

gi|56089469|gb|AAS49663.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFAG
254

gi|56089467|gb|AAS49662.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFAG
254

gi|56089529|gb|AAS49693.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56385005|gb|AAS49654.3| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|56384995|gb|AAS49649.3| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|56385001|gb|AAS49652.3| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|56089523|gb|AAS49690.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56385003|gb|AAS49653.3| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|56384989|gb|AAS49646.3| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|56384985|gb|AAS49644.3| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|56384991|gb|AAS49647.3| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|56089487|gb|AAS49672.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089555|gb|AAS49706.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089511|gb|AAS49684.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089463|gb|AAS49660.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089459|gb|AAS49658.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089473|gb|AAS49665.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089455|gb|AAS49656.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089453|gb|AAS49655.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089551|gb|AAS49704.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089461|gb|AAS49659.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089549|gb|AAS49703.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089543|gb|AAS49700.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089547|gb|AAS49702.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|56089479|gb|AAS49668.2| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
254

gi|99079100|gb|ABF65923.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|99079098|gb|ABF65922.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|289431834|gb|ADC93779.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|289431828|gb|ADC93776.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|289431826|gb|ADC93775.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|289431824|gb|ADC93774.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|99079096|gb|ABF65921.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|289431830|gb|ADC93777.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079094|gb|ABF65920.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079092|gb|ABF65919.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|56089569|gb|AAS49713.2| 254 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|56089563|gb|AAS49710.2| 254 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|56089561|gb|AAS49709.2| 254 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|56089559|gb|AAS49708.2| 254 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|56089565|gb|AAS49711.2| 254 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|56089567|gb|AAS49712.2| 254 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|56089557|gb|AAS49707.2| 254 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079104|gb|ABF65925.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|146285318|gb|ABQ18242.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079102|gb|ABF65924.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335631|gb|ADE62366.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|289431816|gb|ADC93770.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335647|gb|ADE62374.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|289431808|gb|ADC93766.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335663|gb|ADE62382.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335655|gb|ADE62378.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335641|gb|ADE62371.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335639|gb|ADE62370.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335637|gb|ADE62369.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335635|gb|ADE62368.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335633|gb|ADE62367.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335629|gb|ADE62365.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335627|gb|ADE62364.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335625|gb|ADE62363.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335661|gb|ADE62381.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335659|gb|ADE62380.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335653|gb|ADE62377.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335651|gb|ADE62376.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335649|gb|ADE62375.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335657|gb|ADE62379.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335619|gb|ADE62360.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335613|gb|ADE62357.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335617|gb|ADE62359.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335645|gb|ADE62373.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335611|gb|ADE62356.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335643|gb|ADE62372.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335623|gb|ADE62362.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079112|gb|ABF65929.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079110|gb|ABF65928.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079108|gb|ABF65927.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|289431832|gb|ADC93778.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|289431822|gb|ADC93773.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|289431818|gb|ADC93771.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|289431814|gb|ADC93769.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|289431812|gb|ADC93768.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|289431810|gb|ADC93767.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335621|gb|ADE62361.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|289431820|gb|ADC93772.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079116|gb|ABF65931.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLFFTG

gi|99079114|gb|ABF65930.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079106|gb|ABF65926.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079122|gb|ABF65934.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079120|gb|ABF65933.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079118|gb|ABF65932.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|158343420|gb|ABW35389.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|158343418|gb|ABW35388.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|160338359|gb|ABX26121.1| 300 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|160338357|gb|ABX26120.1| 300 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|158343416|gb|ABW35387.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|158343408|gb|ABW35383.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|158343404|gb|ABW35381.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|158343410|gb|ABW35384.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|99079086|gb|ABF65916.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|158343428|gb|ABW35393.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|294335615|gb|ADE62358.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|158343438|gb|ABW35398.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|158343436|gb|ABW35397.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|158343434|gb|ABW35396.1| 281 IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG

gi|158343432|gb|ABW35395.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|158343430|gb|ABW35394.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|158343426|gb|ABW35392.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|158343424|gb|ABW35391.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|158343422|gb|ABW35390.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|158343414|gb|ABW35386.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|158343412|gb|ABW35385.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|158343402|gb|ABW35380.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|158343400|gb|ABW35379.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|158343398|gb|ABW35378.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|99079090|gb|ABF65918.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|99079088|gb|ABF65917.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|158343406|gb|ABW35382.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|99079084|gb|ABF65915.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|121807471|gb|ABM65526.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|121807468|gb|ABM65525.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|107770355|gb|ABF83697.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|99079082|gb|ABF65914.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|99079080|gb|ABF65913.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|99079076|gb|ABF65911.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|99079078|gb|ABF65912.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|259157606|gb|ACV96872.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|259157614|gb|ACV96876.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
281

gi|259157612|gb|ACV96875.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEILRSSGNLLFTG
281

gi|259157610|gb|ACV96874.1| IQKETLATFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
 281
 gi|259157600|gb|ACV96869.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
 281
 gi|259157608|gb|ACV96873.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQVSSGNLLFTG
 281
 gi|259157602|gb|ACV96870.1| IQKETLVTFKNTHDKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
 281
 gi|259157604|gb|ACV96871.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
 281
 gi|259157598|gb|ACV96868.1| IQKETLVTFKNPHAKKQDVVVLGSQEGAMHTALTGATEIQMSSGNLLFTG
 281
 gi|261864684|gb|ACY01676.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864638|gb|ACY01653.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAVHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864682|gb|ACY01675.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864678|gb|ACY01673.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864676|gb|ACY01672.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864674|gb|ACY01671.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864670|gb|ACY01669.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864668|gb|ACY01668.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864644|gb|ACY01656.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864642|gb|ACY01655.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864640|gb|ACY01654.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864636|gb|ACY01652.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864634|gb|ACY01651.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864632|gb|ACY01650.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864628|gb|ACY01648.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864626|gb|ACY01647.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864624|gb|ACY01646.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
 gi|261864622|gb|ACY01645.1|
 NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281

gi|261864620|gb|ACY01644.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864616|gb|ACY01642.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864614|gb|ACY01641.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864612|gb|ACY01640.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864610|gb|ACY01639.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864608|gb|ACY01638.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864606|gb|ACY01637.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864604|gb|ACY01636.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864602|gb|ACY01635.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864600|gb|ACY01634.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864598|gb|ACY01633.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864596|gb|ACY01632.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864618|gb|ACY01643.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864680|gb|ACY01674.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864666|gb|ACY01667.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864658|gb|ACY01663.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864664|gb|ACY01666.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864662|gb|ACY01665.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864660|gb|ACY01664.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864672|gb|ACY01670.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864656|gb|ACY01662.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864630|gb|ACY01649.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864648|gb|ACY01658.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864654|gb|ACY01661.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281

gi|261864652|gb|ACY01660.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281
gi|261864650|gb|ACY01659.1|
NYKERMVTFKVPFAKRQDVTVLGSQEGAMHSALAGATEVDSGDGNHMFAG 281

..*** * **.* *****.**.***.* ..**.*

gi|63175415|gb|AAY34774.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|63175413|gb|AAY34773.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|63175401|gb|AAY34767.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|63175411|gb|AAY34772.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|63175409|gb|AAY34771.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|63175407|gb|AAY34770.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|63175405|gb|AAY34769.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|63175403|gb|AAY34768.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|158343476|gb|ABW35417.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|158343448|gb|ABW35403.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|63175399|gb|AAY34766.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|63175397|gb|AAY34765.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|330339301|gb|AEC11166.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|330339285|gb|AEC11158.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|330339283|gb|AEC11157.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|330339279|gb|AEC11155.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|330339277|gb|AEC11154.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|330339263|gb|AEC11147.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|158343458|gb|ABW35408.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|158343446|gb|ABW35402.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331
gi|63175393|gb|AAY34763.1| HLKCRKMDKLTLLKGVSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQVKYEGTDA
331

gi|158343494|gb|ABW35426.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|63175391|gb|AAY34762.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|63175387|gb|AAY34760.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|63175385|gb|AAY34759.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|330339273|gb|AEC11152.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343502|gb|ABW35430.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343500|gb|ABW35429.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343498|gb|ABW35428.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343496|gb|ABW35427.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343492|gb|ABW35425.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343490|gb|ABW35424.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343488|gb|ABW35423.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343486|gb|ABW35422.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343484|gb|ABW35421.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343482|gb|ABW35420.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343480|gb|ABW35419.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343474|gb|ABW35416.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343470|gb|ABW35414.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343468|gb|ABW35413.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343466|gb|ABW35412.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343462|gb|ABW35410.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343460|gb|ABW35409.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343456|gb|ABW35407.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343450|gb|ABW35404.1| HLKCRKMDKLTLLKGMSSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
331

gi|158343444|gb|ABW35401.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|158343440|gb|ABW35399.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|158343454|gb|ABW35406.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|158343472|gb|ABW35415.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|158343442|gb|ABW35400.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|63175389|gb|AAY34761.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|330339293|gb|AEC11162.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|330339291|gb|AEC11161.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|158343452|gb|ABW35405.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|158343478|gb|ABW35418.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|63175395|gb|AAY34764.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFRLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|330339299|gb|AEC11165.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|158343464|gb|ABW35411.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|330339297|gb|AEC11164.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|330339295|gb|AEC11163.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|330339287|gb|AEC11159.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|330339275|gb|AEC11153.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|330339269|gb|AEC11150.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|330339265|gb|AEC11148.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|330339267|gb|AEC11149.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|330339281|gb|AEC11156.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGIDA
 331
 gi|330339271|gb|AEC11151.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGIDA
 331
 gi|330339289|gb|AEC11160.1| HLKCRKMDKLTGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDA
 331
 gi|99079172|gb|ABF65959.1| HLKCRKMDKLELKGMSYAMCSNAFVLLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
 329

gi|99079170|gb|ABF65958.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCSNAFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079168|gb|ABF65957.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCSNAFVLKKEVSETQHGTIVLIKVEYKGEDA
329

gi|99079158|gb|ABF65952.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNAFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079152|gb|ABF65949.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNAFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079166|gb|ABF65956.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNAFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079150|gb|ABF65948.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNAFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079154|gb|ABF65950.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNAFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079164|gb|ABF65955.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNAFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079162|gb|ABF65954.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNAFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079160|gb|ABF65953.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNAFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079156|gb|ABF65951.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNAFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079148|gb|ABF65947.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079146|gb|ABF65946.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079144|gb|ABF65945.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079138|gb|ABF65942.1| HLCRLKMDRLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079142|gb|ABF65944.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079140|gb|ABF65943.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079134|gb|ABF65940.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079132|gb|ABF65939.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079130|gb|ABF65938.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079126|gb|ABF65936.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079124|gb|ABF65935.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079128|gb|ABF65937.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi|99079136|gb|ABF65941.1| HLCRLKMDKLELKGMSYAMCLNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
329

gi 99079174 gb ABF65960.1 329	HLKCRLKMDKLELKGMSYAMCTNTFVLKKEVSETQHGTILIKVEYKGEDA
gi 56089521 gb AAS49689.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089513 gb AAS49685.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089535 gb AAS49696.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089539 gb AAS49698.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089503 gb AAS49680.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089531 gb AAS49694.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089553 gb AAS49705.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089509 gb AAS49683.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089505 gb AAS49681.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089517 gb AAS49687.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089515 gb AAS49686.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089527 gb AAS49692.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089525 gb AAS49691.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKILKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56384999 gb AAS49651.3 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56384997 gb AAS49650.3 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56384993 gb AAS49648.3 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089485 gb AAS49671.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56384987 gb AAS49645.3 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089545 gb AAS49701.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089457 gb AAS49657.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089537 gb AAS49697.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089533 gb AAS49695.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089541 gb AAS49699.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS

gi 56089491 gb AAS49674.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089489 gb AAS49673.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089483 gb AAS49670.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089493 gb AAS49675.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089495 gb AAS49676.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089481 gb AAS49669.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089471 gb AAS49664.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089465 gb AAS49661.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089519 gb AAS49688.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089507 gb AAS49682.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089501 gb AAS49679.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089499 gb AAS49678.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089475 gb AAS49666.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089477 gb AAS49667.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089497 gb AAS49677.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089469 gb AAS49663.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089467 gb AAS49662.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089529 gb AAS49693.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56385005 gb AAS49654.3 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56384995 gb AAS49649.3 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56385001 gb AAS49652.3 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089523 gb AAS49690.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56385003 gb AAS49653.3 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56384989 gb AAS49646.3 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS

gi 56384985 gb AAS49644.3 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56384991 gb AAS49647.3 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089487 gb AAS49672.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089555 gb AAS49706.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089511 gb AAS49684.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089463 gb AAS49660.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089459 gb AAS49658.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089473 gb AAS49665.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089455 gb AAS49656.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089453 gb AAS49655.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089551 gb AAS49704.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089461 gb AAS49659.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089549 gb AAS49703.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089543 gb AAS49700.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089547 gb AAS49702.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089479 gb AAS49668.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 99079100 gb ABF65923.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 99079098 gb ABF65922.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 289431834 gb ADC93779.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 289431828 gb ADC93776.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 289431826 gb ADC93775.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 289431824 gb ADC93774.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 99079096 gb ABF65921.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 289431830 gb ADC93777.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS

gi 99079094 gb ABF65920.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 99079092 gb ABF65919.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKLVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089569 gb AAS49713.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089563 gb AAS49710.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089561 gb AAS49709.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089559 gb AAS49708.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089565 gb AAS49711.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089567 gb AAS49712.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKIVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 56089557 gb AAS49707.2 304	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 99079104 gb ABF65925.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 146285318 gb ABQ18242.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 99079102 gb ABF65924.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 294335631 gb ADE62366.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 289431816 gb ADC93770.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 294335647 gb ADE62374.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVMKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 289431808 gb ADC93766.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 294335663 gb ADE62382.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 294335655 gb ADE62378.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 294335641 gb ADE62371.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 294335639 gb ADE62370.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 294335637 gb ADE62369.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 294335635 gb ADE62368.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 294335633 gb ADE62367.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
gi 294335629 gb ADE62365.1 331	HLKCRLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS

gi|294335627|gb|ADE62364.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335625|gb|ADE62363.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335661|gb|ADE62381.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335659|gb|ADE62380.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335653|gb|ADE62377.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335651|gb|ADE62376.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335649|gb|ADE62375.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335657|gb|ADE62379.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335619|gb|ADE62360.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335613|gb|ADE62357.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335617|gb|ADE62359.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335645|gb|ADE62373.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335611|gb|ADE62356.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335643|gb|ADE62372.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335623|gb|ADE62362.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079112|gb|ABF65929.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079110|gb|ABF65928.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079108|gb|ABF65927.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|289431832|gb|ADC93778.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|289431822|gb|ADC93773.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|289431818|gb|ADC93771.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|289431814|gb|ADC93769.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|289431812|gb|ADC93768.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|289431810|gb|ADC93767.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335621|gb|ADE62361.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|289431820|gb|ADC93772.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079116|gb|ABF65931.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079114|gb|ABF65930.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079106|gb|ABF65926.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079122|gb|ABF65934.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079120|gb|ABF65933.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079118|gb|ABF65932.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343420|gb|ABW35389.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343418|gb|ABW35388.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|160338359|gb|ABX26121.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
350

gi|160338357|gb|ABX26120.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
350

gi|158343416|gb|ABW35387.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343408|gb|ABW35383.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343404|gb|ABW35381.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343410|gb|ABW35384.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCPGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079086|gb|ABF65916.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGEGS
331

gi|158343428|gb|ABW35393.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|294335615|gb|ADE62358.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343438|gb|ABW35398.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343436|gb|ABW35397.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343434|gb|ABW35396.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343432|gb|ABW35395.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343430|gb|ABW35394.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343426|gb|ABW35392.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343424|gb|ABW35391.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343422|gb|ABW35390.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343414|gb|ABW35386.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343412|gb|ABW35385.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343402|gb|ABW35380.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343400|gb|ABW35379.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343398|gb|ABW35378.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079090|gb|ABF65918.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079088|gb|ABF65917.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|158343406|gb|ABW35382.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079084|gb|ABF65915.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|121807471|gb|ABM65526.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIVETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|121807468|gb|ABM65525.1| HLKCLRMDKLQLRGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|107770355|gb|ABF83697.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079082|gb|ABF65914.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079080|gb|ABF65913.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079076|gb|ABF65911.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|99079078|gb|ABF65912.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|259157606|gb|ACV96872.1| HLKCLRMDKLQLKPMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|259157614|gb|ACV96876.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|259157612|gb|ACV96875.1| HSKCLRMEKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|259157610|gb|ACV96874.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|259157600|gb|ACV96869.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVIRVQYEGDGS
331

gi|259157608|gb|ACV96873.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYCLCTGKFKVGEIAETQHGTIVRVQYEGDGS
331

gi|259157602|gb|ACV96870.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSICTGKLVGREIAATQHGTIVRVQYEGDGS
331

gi|259157604|gb|ACV96871.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVWGIARTQHGTIVHRVQYEGDGS
331

gi|259157598|gb|ACV96868.1| HLKCLRMDKLQLKGMSYSMCTGKFKVVKEIAETQHGTIVRVQYEGDGS
331

gi|261864684|gb|ACY01676.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864638|gb|ACY01653.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864682|gb|ACY01675.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864678|gb|ACY01673.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864676|gb|ACY01672.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864674|gb|ACY01671.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864670|gb|ACY01669.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864668|gb|ACY01668.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864644|gb|ACY01656.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864642|gb|ACY01655.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864640|gb|ACY01654.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864636|gb|ACY01652.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864634|gb|ACY01651.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864632|gb|ACY01650.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864628|gb|ACY01648.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864626|gb|ACY01647.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864624|gb|ACY01646.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864622|gb|ACY01645.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864620|gb|ACY01644.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864616|gb|ACY01642.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTIVVVKYEGAGA
331

gi|261864614|gb|ACY01641.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864612|gb|ACY01640.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864610|gb|ACY01639.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864608|gb|ACY01638.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864606|gb|ACY01637.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864604|gb|ACY01636.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864602|gb|ACY01635.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864600|gb|ACY01634.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864598|gb|ACY01633.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864596|gb|ACY01632.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864618|gb|ACY01643.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864680|gb|ACY01674.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864666|gb|ACY01667.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864658|gb|ACY01663.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864664|gb|ACY01666.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864662|gb|ACY01665.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864660|gb|ACY01664.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864672|gb|ACY01670.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864656|gb|ACY01662.1| HLKCKVRMERLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864630|gb|ACY01649.1| HLKCKVRMERLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864648|gb|ACY01658.1| HLKCKVRMERLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864654|gb|ACY01661.1| HLKCKVRMERLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864652|gb|ACY01660.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

gi|261864650|gb|ACY01659.1| HLKCKVRMEKLRKIGMSYTMCSGKFSIDKEMAETQHGTTVVKVKYEGAGA
331

* **...* : * * : * * : : * * * : * * : *

gi|63175415|gb|AA34774.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIETEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175413|gb|AA34773.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIETEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175401|gb|AA34767.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIETEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175411|gb|AA34772.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIETEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175409|gb|AA34771.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIETEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175407|gb|AA34770.1| PCKIPFSIQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIETEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175405|gb|AA34769.1| PCKIPFSIQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIETEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175403|gb|AA34768.1| PCKIPFSIQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIETEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343476|gb|ABW35417.1| PCKIPFSSQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343448|gb|ABW35403.1| PCKIPFSSQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175399|gb|AA34766.1| PCKIPFSSQDEKGVTVQNGRLVITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175397|gb|AA34765.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339301|gb|AEC11166.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339285|gb|AEC11158.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339283|gb|AEC11157.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339279|gb|AEC11155.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339277|gb|AEC11154.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339263|gb|AEC11147.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343458|gb|ABW35408.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343446|gb|ABW35402.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175393|gb|AA34763.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343494|gb|ABW35426.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175391|gb|AA34762.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175387|gb|AA34760.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175385|gb|AA34759.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339273|gb|AEC11152.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343502|gb|ABW35430.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343500|gb|ABW35429.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343498|gb|ABW35428.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343496|gb|ABW35427.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343492|gb|ABW35425.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343490|gb|ABW35424.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343488|gb|ABW35423.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343486|gb|ABW35422.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343484|gb|ABW35421.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343482|gb|ABW35420.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343480|gb|ABW35419.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343474|gb|ABW35416.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343470|gb|ABW35414.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343468|gb|ABW35413.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343466|gb|ABW35412.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343462|gb|ABW35410.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343460|gb|ABW35409.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343456|gb|ABW35407.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343450|gb|ABW35404.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343444|gb|ABW35401.1| PCKIPFSTQDEKGVTVQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381

gi|158343440|gb|ABW35399.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343454|gb|ABW35406.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343472|gb|ABW35415.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKGGKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343442|gb|ABW35400.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKGGKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175389|gb|AAY34761.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339293|gb|AEC11162.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339291|gb|AEC11161.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343452|gb|ABW35405.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343478|gb|ABW35418.1| PCKIPFSAQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|63175395|gb|AAY34764.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339299|gb|AEC11165.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|158343464|gb|ABW35411.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339297|gb|AEC11164.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339295|gb|AEC11163.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339287|gb|AEC11159.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339275|gb|AEC11153.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339269|gb|AEC11150.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339265|gb|AEC11148.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339267|gb|AEC11149.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339281|gb|AEC11156.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339271|gb|AEC11151.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVTDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|330339289|gb|AEC11160.1| PCKIPFSTQDEKGVQTQNGRLITANPIVIDKEKPVNIEAEPFFGESYIVIG 381
 gi|99079172|gb|ABF65959.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIIIG 379
 gi|99079170|gb|ABF65958.1| PCKIPLSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIIIG 379
 gi|99079168|gb|ABF65957.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIIIG 379
 gi|99079158|gb|ABF65952.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079152|gb|ABF65949.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079166|gb|ABF65956.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079150|gb|ABF65948.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPMVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079154|gb|ABF65950.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079164|gb|ABF65955.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079162|gb|ABF65954.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079160|gb|ABF65953.1| PCKIPFSTEDGHGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079156|gb|ABF65951.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079148|gb|ABF65947.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079146|gb|ABF65946.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079144|gb|ABF65945.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079138|gb|ABF65942.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079142|gb|ABF65944.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079140|gb|ABF65943.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079134|gb|ABF65940.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079132|gb|ABF65939.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079130|gb|ABF65938.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079126|gb|ABF65936.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079124|gb|ABF65935.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079128|gb|ABF65937.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVAKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079136|gb|ABF65941.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379
 gi|99079174|gb|ABF65960.1| PCKIPFSTEDGQGGKAHNGRLITANPVVTKKEEPVNIEAEPFFGESNIVIG 379

gi|56089521|gb|AAS49689.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089513|gb|AAS49685.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089535|gb|AAS49696.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089539|gb|AAS49698.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089503|gb|AAS49680.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089531|gb|AAS49694.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089553|gb|AAS49705.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089509|gb|AAS49683.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089505|gb|AAS49681.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089517|gb|AAS49687.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089515|gb|AAS49686.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089527|gb|AAS49692.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089525|gb|AAS49691.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56384999|gb|AAS49651.3| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi|56384997|gb|AAS49650.3| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi|56384993|gb|AAS49648.3| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi|56089485|gb|AAS49671.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIATEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56384987|gb|AAS49645.3| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi|56089545|gb|AAS49701.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089457|gb|AAS49657.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089537|gb|AAS49697.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089533|gb|AAS49695.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089541|gb|AAS49699.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089491|gb|AAS49674.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089489|gb|AAS49673.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089483|gb|AAS49670.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089493|gb|AAS49675.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPINIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089495|gb|AAS49676.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089481|gb|AAS49669.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089471|gb|AAS49664.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089465|gb|AAS49661.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089519|gb|AAS49688.2| PCKIPFEIMDLEKRHALGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089507|gb|AAS49682.2| PCKIPFEIMDLEKRHALGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089501|gb|AAS49679.2| PCKIPFEIMDLEKRHALGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089499|gb|AAS49678.2| PCKIPFEIMDLEKRHALGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089475|gb|AAS49666.2| PCKIPFEIMDLEKRHALGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089477|gb|AAS49667.2| PCKIPFEIMDLEKRHALGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089497|gb|AAS49677.2| PCKIPFEIMDLEKRHALGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089469|gb|AAS49663.2| PCKIPFEIMDLEKRHALGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089467|gb|AAS49662.2| PCKIPFEIMDLEKRHALGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56089529|gb|AAS49693.2| PCKIPFEIMDLEKRHALGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56385005|gb|AAS49654.3| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi|56384995|gb|AAS49649.3| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi|56385001|gb|AAS49652.3| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVAEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi|56089523|gb|AAS49690.2| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVAEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi|56385003|gb|AAS49653.3| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi|56384989|gb|AAS49646.3| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi|56384985|gb|AAS49644.3| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381

gi 56384991 gb AAS49647.3	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 56089487 gb AAS49672.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089555 gb AAS49706.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089511 gb AAS49684.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089463 gb AAS49660.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089459 gb AAS49658.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089473 gb AAS49665.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089455 gb AAS49656.2	PCKIPFEITDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089453 gb AAS49655.2	PCKIPFEITDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089551 gb AAS49704.2	PCKIPFEITDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089461 gb AAS49659.2	PCKIPFEITDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089549 gb AAS49703.2	PCKIPFEIDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089543 gb AAS49700.2	PCKIPFEIDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089547 gb AAS49702.2	PCKIPFEIDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089479 gb AAS49668.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 99079100 gb ABF65923.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 99079098 gb ABF65922.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 289431834 gb ADC93779.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 289431828 gb ADC93776.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 289431826 gb ADC93775.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 289431824 gb ADC93774.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 99079096 gb ABF65921.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 289431830 gb ADC93777.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 99079094 gb ABF65920.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 99079092 gb ABF65919.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 56089569 gb AAS49713.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089563 gb AAS49710.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089561 gb AAS49709.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089559 gb AAS49708.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089565 gb AAS49711.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089567 gb AAS49712.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 56089557 gb AAS49707.2	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 354
gi 99079104 gb ABF65925.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 146285318 gb ABQ18242.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 99079102 gb ABF65924.1	PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 294335631 gb ADE62366.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 289431816 gb ADC93770.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 294335647 gb ADE62374.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 289431808 gb ADC93766.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 294335663 gb ADE62382.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 294335655 gb ADE62378.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 294335641 gb ADE62371.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 294335639 gb ADE62370.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 294335637 gb ADE62369.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 294335635 gb ADE62368.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 294335633 gb ADE62367.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 294335629 gb ADE62365.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
gi 294335627 gb ADE62364.1	PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381

gi|294335625|gb|ADE62363.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335661|gb|ADE62381.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335659|gb|ADE62380.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335653|gb|ADE62377.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335651|gb|ADE62376.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335649|gb|ADE62375.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335657|gb|ADE62379.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335619|gb|ADE62360.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335613|gb|ADE62357.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335617|gb|ADE62359.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335645|gb|ADE62373.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335611|gb|ADE62356.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335643|gb|ADE62372.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335623|gb|ADE62362.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|99079112|gb|ABF65929.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|99079110|gb|ABF65928.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|99079108|gb|ABF65927.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|289431832|gb|ADC93778.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|289431822|gb|ADC93773.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|289431818|gb|ADC93771.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|289431814|gb|ADC93769.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|289431812|gb|ADC93768.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|289431810|gb|ADC93767.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335621|gb|ADE62361.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|289431820|gb|ADC93772.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|99079116|gb|ABF65931.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|99079114|gb|ABF65930.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|99079106|gb|ABF65926.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|99079122|gb|ABF65934.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|99079120|gb|ABF65933.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|99079118|gb|ABF65932.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343420|gb|ABW35389.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343418|gb|ABW35388.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|160338359|gb|ABX26121.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 400
 gi|160338357|gb|ABX26120.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 400
 gi|158343416|gb|ABW35387.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343408|gb|ABW35383.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343404|gb|ABW35381.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343410|gb|ABW35384.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|99079086|gb|ABF65916.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343428|gb|ABW35393.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|294335615|gb|ADE62358.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343438|gb|ABW35398.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343436|gb|ABW35397.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343434|gb|ABW35396.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343432|gb|ABW35395.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343430|gb|ABW35394.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381
 gi|158343426|gb|ABW35392.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVIVTEKDSPVNIEAEPPFGDSYIIIG 381

gi|158343424|gb|ABW35391.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|158343422|gb|ABW35390.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|158343414|gb|ABW35386.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|158343412|gb|ABW35385.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|158343402|gb|ABW35380.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|158343400|gb|ABW35379.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|158343398|gb|ABW35378.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|99079090|gb|ABF65918.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|99079088|gb|ABF65917.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|158343406|gb|ABW35382.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|99079084|gb|ABF65915.1| PCKIPFEIMDLEKRYVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|121807471|gb|ABM65526.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|121807468|gb|ABM65525.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|107770355|gb|ABF83697.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|99079082|gb|ABF65914.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|99079080|gb|ABF65913.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|99079076|gb|ABF65911.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|99079078|gb|ABF65912.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|259157606|gb|ACV96872.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|259157614|gb|ACV96876.1| PCKIPFEIMDLEKRLVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|259157612|gb|ACV96875.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|259157610|gb|ACV96874.1| PCKIPFEIMDPEKRHVLGRLITVNPVTEKDGSPVNIEEPPFGDSSIIIG 381
 gi|259157600|gb|ACV96869.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDGSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|259157608|gb|ACV96873.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|259157602|gb|ACV96870.1| PCKIPFEIMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPDNIEAEPFGDCYIIIG 381
 gi|259157604|gb|ACV96871.1| PCKIPLNIMGLEKRHVLGRPITVNPVTEKDGSPVNIEAEPPLGDSYIIIG 381
 gi|259157598|gb|ACV96868.1| PCKIPFWRMDLEKRHVLGRLITVNPVTEKDSPVNIEAEPFGDSYIIIG 381
 gi|261864684|gb|ACY01676.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864638|gb|ACY01653.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864682|gb|ACY01675.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864678|gb|ACY01673.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864676|gb|ACY01672.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864674|gb|ACY01671.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864670|gb|ACY01669.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864668|gb|ACY01668.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864644|gb|ACY01656.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864642|gb|ACY01655.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864640|gb|ACY01654.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864636|gb|ACY01652.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864634|gb|ACY01651.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864632|gb|ACY01650.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864628|gb|ACY01648.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864626|gb|ACY01647.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864624|gb|ACY01646.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864622|gb|ACY01645.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864620|gb|ACY01644.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864616|gb|ACY01642.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864614|gb|ACY01641.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381

gi|261864612|gb|ACY01640.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864610|gb|ACY01639.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864608|gb|ACY01638.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864606|gb|ACY01637.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864604|gb|ACY01636.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864602|gb|ACY01635.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864600|gb|ACY01634.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864598|gb|ACY01633.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864596|gb|ACY01632.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864618|gb|ACY01643.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864680|gb|ACY01674.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISATPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864666|gb|ACY01667.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864658|gb|ACY01663.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864664|gb|ACY01666.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864662|gb|ACY01665.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864660|gb|ACY01664.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864672|gb|ACY01670.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864656|gb|ACY01662.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864630|gb|ACY01649.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864648|gb|ACY01658.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSATNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864654|gb|ACY01661.1| PCKIPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864652|gb|ACY01660.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381
 gi|261864650|gb|ACY01659.1| PCKVPIEIRDVNKEKVVGRVISSTPLAENTNSVTNIELEPPFGDSYIVIG 381

***.: . . . :. *. . . *** ***:.. :..*

gi|63175415|gb|AAY34774.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGAFTS
 431
 gi|63175413|gb|AAY34773.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGAFTS
 431
 gi|63175401|gb|AAY34767.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
 431
 gi|63175411|gb|AAY34772.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
 431
 gi|63175409|gb|AAY34771.1| AGEKALKLSCFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGMFTS
 431
 gi|63175407|gb|AAY34770.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTPWDIGSIGGVFTS
 431
 gi|63175405|gb|AAY34769.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEAAARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
 431
 gi|63175403|gb|AAY34768.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEAXARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
 431
 gi|158343476|gb|ABW35417.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
 431
 gi|158343448|gb|ABW35403.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
 431
 gi|63175399|gb|AAY34766.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
 431

gi|63175397|gb|AAY34765.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|330339301|gb|AEC11166.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|330339285|gb|AEC11158.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|330339283|gb|AEC11157.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|330339279|gb|AEC11155.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|330339277|gb|AEC11154.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|330339263|gb|AEC11147.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343458|gb|ABW35408.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343446|gb|ABW35402.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|63175393|gb|AAY34763.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343494|gb|ABW35426.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|63175391|gb|AAY34762.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|63175387|gb|AAY34760.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|63175385|gb|AAY34759.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|330339273|gb|AEC11152.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343502|gb|ABW35430.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343500|gb|ABW35429.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343498|gb|ABW35428.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343496|gb|ABW35427.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343492|gb|ABW35425.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343490|gb|ABW35424.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343488|gb|ABW35423.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343486|gb|ABW35422.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431
gi|158343484|gb|ABW35421.1| AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS
431

gi|158343482|gb|ABW35420.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343480|gb|ABW35419.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343474|gb|ABW35416.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343470|gb|ABW35414.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343468|gb|ABW35413.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343466|gb|ABW35412.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343462|gb|ABW35410.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343460|gb|ABW35409.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343456|gb|ABW35407.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343450|gb|ABW35404.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343444|gb|ABW35401.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343440|gb|ABW35399.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343454|gb|ABW35406.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343472|gb|ABW35415.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343442|gb|ABW35400.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|63175389|gb|AAY34761.1| 431 AGGKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339293|gb|AEC11162.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339291|gb|AEC11161.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343452|gb|ABW35405.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343478|gb|ABW35418.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|63175395|gb|AAY34764.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339299|gb|AEC11165.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|158343464|gb|ABW35411.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339297|gb|AEC11164.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARXMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339295|gb|AEC11163.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339287|gb|AEC11159.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339275|gb|AEC11153.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339269|gb|AEC11150.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339265|gb|AEC11148.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339267|gb|AEC11149.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339281|gb|AEC11156.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339271|gb|AEC11151.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|330339289|gb|AEC11160.1| 431 AGEKALKLSWFKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSIGGVFTS

gi|99079172|gb|ABF65959.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079170|gb|ABF65958.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079168|gb|ABF65957.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079158|gb|ABF65952.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079152|gb|ABF65949.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079166|gb|ABF65956.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079150|gb|ABF65948.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079154|gb|ABF65950.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079164|gb|ABF65955.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079162|gb|ABF65954.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKIFEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079160|gb|ABF65953.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079156|gb|ABF65951.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079148|gb|ABF65947.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079146|gb|ABF65946.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi|99079144|gb|ABF65945.1| 429 IGDKALKINWYKKGSSIGKMFPEATARGARRMAILGDTAWDFGSVGGVLNS

gi 99079138 gb ABF65942.1 429	IGDKALKINWYKKGSSIGKMFATARGARRMAILGDTAWDFGSGVGGVLNS
gi 99079142 gb ABF65944.1 429	IGDKALKINWYKKGSSIGKMFATARGARRMAILGDTAWDFGSGVGGVLNS
gi 99079140 gb ABF65943.1 429	IGDKALKINWYKKGSSIGKMFATARGARRMAILGDTAWDFGSGVGGVLNS
gi 99079134 gb ABF65940.1 429	IGDKALKINWYKKGSSIGKMFATARGARRMAILGDTAWDFGSGVGGVLNS
gi 99079132 gb ABF65939.1 429	IGDKALKINWYKKGSSIGKMFATARGARRMAILGDTAWDFGSGVGGVLNS
gi 99079130 gb ABF65938.1 429	IGDKALKINWYKKGSSIGKMFVARGARRMAILGDTAWDFGSGVGGVLNS
gi 99079126 gb ABF65936.1 429	IGDKALKINWYKKGSSIGKMFATARGARRMAILGDTAWDFGSGVGGVLNS
gi 99079124 gb ABF65935.1 429	IGDKALKINWYKKGSSIGKMFATARGARRMAILGDTAWDFGSGVGGVLNS
gi 99079128 gb ABF65937.1 429	IGDKALKINWYKKGSSIGKMFATARGARRMAILGDTAWDFGSGVGGVLNS
gi 99079136 gb ABF65941.1 429	IGDKALKINWYKKGSSIGKMFATARGARRMAILGDTAWDFGSGVGGVLNS
gi 99079174 gb ABF65960.1 429	IGDNALKINWYKKGSSIGKMFATARGARRMAILGDTAWDFGSGVGGVLNS
gi 56089521 gb AAS49689.2 404	VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089513 gb AAS49685.2 404	VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089535 gb AAS49696.2 404	VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089539 gb AAS49698.2 404	VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089503 gb AAS49680.2 404	VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089531 gb AAS49694.2 404	VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089553 gb AAS49705.2 404	VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089509 gb AAS49683.2 404	VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089505 gb AAS49681.2 404	VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089517 gb AAS49687.2 404	VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089515 gb AAS49686.2 404	VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089527 gb AAS49692.2 404	VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
gi 56089525 gb AAS49691.2 404	VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS

gi|56384999|gb|AAS49651.3| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56384997|gb|AAS49650.3| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56384993|gb|AAS49648.3| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56089485|gb|AAS49671.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56384987|gb|AAS49645.3| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56089545|gb|AAS49701.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089457|gb|AAS49657.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089537|gb|AAS49697.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089533|gb|AAS49695.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089541|gb|AAS49699.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089491|gb|AAS49674.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089489|gb|AAS49673.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089483|gb|AAS49670.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089493|gb|AAS49675.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSMGGVFTS
404

gi|56089495|gb|AAS49676.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089481|gb|AAS49669.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089471|gb|AAS49664.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089465|gb|AAS49661.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGHTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089519|gb|AAS49688.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089507|gb|AAS49682.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089501|gb|AAS49679.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089499|gb|AAS49678.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089475|gb|AAS49666.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089477|gb|AAS49667.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089497|gb|AAS49677.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089469|gb|AAS49663.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089467|gb|AAS49662.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089529|gb|AAS49693.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56385005|gb|AAS49654.3| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56384995|gb|AAS49649.3| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56385001|gb|AAS49652.3| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56089523|gb|AAS49690.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56385003|gb|AAS49653.3| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56384989|gb|AAS49646.3| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56384985|gb|AAS49644.3| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56384991|gb|AAS49647.3| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56089487|gb|AAS49672.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089555|gb|AAS49706.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089511|gb|AAS49684.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089463|gb|AAS49660.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089459|gb|AAS49658.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089473|gb|AAS49665.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089455|gb|AAS49656.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089453|gb|AAS49655.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089551|gb|AAS49704.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089461|gb|AAS49659.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089549|gb|AAS49703.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089543|gb|AAS49700.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089547|gb|AAS49702.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089479|gb|AAS49668.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|99079100|gb|ABF65923.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079098|gb|ABF65922.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431834|gb|ADC93779.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431828|gb|ADC93776.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431826|gb|ADC93775.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431824|gb|ADC93774.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079096|gb|ABF65921.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431830|gb|ADC93777.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079094|gb|ABF65920.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079092|gb|ABF65919.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|56089569|gb|AAS49713.2| VEPGQLKLDWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089563|gb|AAS49710.2| VEPGQLKLDWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089561|gb|AAS49709.2| VEPGQLKLDWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089559|gb|AAS49708.2| VEPGQLKLDWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089565|gb|AAS49711.2| VEPGQLKLDWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089567|gb|AAS49712.2| VEPGQLKLDWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|56089557|gb|AAS49707.2| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
404

gi|99079104|gb|ABF65925.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|146285318|gb|ABQ18242.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079102|gb|ABF65924.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|294335631|gb|ADE62366.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431816|gb|ADC93770.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTXRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|294335647|gb|ADE62374.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|289431808|gb|ADC93766.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335663|gb|ADE62382.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335655|gb|ADE62378.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335641|gb|ADE62371.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335639|gb|ADE62370.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335637|gb|ADE62369.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335635|gb|ADE62368.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335633|gb|ADE62367.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335629|gb|ADE62365.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335627|gb|ADE62364.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335625|gb|ADE62363.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335661|gb|ADE62381.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335659|gb|ADE62380.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335653|gb|ADE62377.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335651|gb|ADE62376.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335649|gb|ADE62375.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335657|gb|ADE62379.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335619|gb|ADE62360.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335613|gb|ADE62357.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335617|gb|ADE62359.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335645|gb|ADE62373.1| IEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335611|gb|ADE62356.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431
gi|294335643|gb|ADE62372.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|294335623|gb|ADE62362.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079112|gb|ABF65929.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079110|gb|ABF65928.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079108|gb|ABF65927.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431832|gb|ADC93778.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431822|gb|ADC93773.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431818|gb|ADC93771.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431814|gb|ADC93769.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431812|gb|ADC93768.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431810|gb|ADC93767.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|294335621|gb|ADE62361.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|289431820|gb|ADC93772.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079116|gb|ABF65931.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079114|gb|ABF65930.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079106|gb|ABF65926.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079122|gb|ABF65934.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079120|gb|ABF65933.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079118|gb|ABF65932.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343420|gb|ABW35389.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343418|gb|ABW35388.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|160338359|gb|ABX26121.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
450

gi|160338357|gb|ABX26120.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
450

gi|158343416|gb|ABW35387.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343408|gb|ABW35383.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343404|gb|ABW35381.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343410|gb|ABW35384.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079086|gb|ABF65916.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343428|gb|ABW35393.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|294335615|gb|ADE62358.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343438|gb|ABW35398.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343436|gb|ABW35397.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343434|gb|ABW35396.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343432|gb|ABW35395.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343430|gb|ABW35394.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343426|gb|ABW35392.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343424|gb|ABW35391.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343422|gb|ABW35390.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343414|gb|ABW35386.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343412|gb|ABW35385.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343402|gb|ABW35380.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343400|gb|ABW35379.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343398|gb|ABW35378.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079090|gb|ABF65918.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079088|gb|ABF65917.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|158343406|gb|ABW35382.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079084|gb|ABF65915.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|121807471|gb|ABM65526.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|121807468|gb|ABM65525.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|107770355|gb|ABF83697.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079082|gb|ABF65914.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079080|gb|ABF65913.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079076|gb|ABF65911.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|99079078|gb|ABF65912.1| VEPGQLKLNWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGLFTS
431

gi|259157606|gb|ACV96872.1| LEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|259157614|gb|ACV96876.1| VEPGQLKPSWFKKGSSIRQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|259157612|gb|ACV96875.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|259157610|gb|ACV96874.1| VEPVQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|259157600|gb|ACV96869.1| VEPGTLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|259157608|gb|ACV96873.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|259157602|gb|ACV96870.1| VEPGQLKLSWFKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGCTAWYFRSLGGVFTS
431

gi|259157604|gb|ACV96871.1| VEPGQVKLTCSQKKGSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|259157598|gb|ACV96868.1| VEPGQLKLSWFKKRSSIGQMFETTMRGAKRMAILGDTAWDFGSLGGVFTS
431

gi|261864684|gb|ACY01676.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSLGGVFTS
431

gi|261864638|gb|ACY01653.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSLGGVFTS
431

gi|261864682|gb|ACY01675.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSLGGVFTS
431

gi|261864678|gb|ACY01673.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSLGGVFTS
431

gi|261864676|gb|ACY01672.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSLGGVFTS
431

gi|261864674|gb|ACY01671.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSLGGVFTS
431

gi|261864670|gb|ACY01669.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSLGGVFTS
431

gi|261864668|gb|ACY01668.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSLGGVFTS
431

gi|261864644|gb|ACY01656.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSLGGVFTS
431

gi|261864642|gb|ACY01655.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSLGGVFTS
431

gi|261864640|gb|ACY01654.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864636|gb|ACY01652.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864634|gb|ACY01651.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864632|gb|ACY01650.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864628|gb|ACY01648.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864626|gb|ACY01647.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864624|gb|ACY01646.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864622|gb|ACY01645.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864620|gb|ACY01644.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864616|gb|ACY01642.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864614|gb|ACY01641.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864612|gb|ACY01640.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864610|gb|ACY01639.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864608|gb|ACY01638.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864606|gb|ACY01637.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864604|gb|ACY01636.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864602|gb|ACY01635.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864600|gb|ACY01634.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864598|gb|ACY01633.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864596|gb|ACY01632.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864618|gb|ACY01643.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864680|gb|ACY01674.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864666|gb|ACY01667.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864658|gb|ACY01663.1| 431 VGNSALTLHWFRKSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSVGGLFTS

gi|261864664|gb|ACY01666.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSGVGLFTS
431
gi|261864662|gb|ACY01665.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSGVGLFTS
431
gi|261864660|gb|ACY01664.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSGVGLFTS
431
gi|261864672|gb|ACY01670.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSGVGLFTS
431
gi|261864656|gb|ACY01662.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSGVGLFTS
431
gi|261864630|gb|ACY01649.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSGVGLFTS
431
gi|261864648|gb|ACY01658.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSGVGLFTS
431
gi|261864654|gb|ACY01661.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSGVGLFTS
431
gi|261864652|gb|ACY01660.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSGVGLFTS
431
gi|261864650|gb|ACY01659.1| VGNSALTLHWFRKGSSIGKMFESTYRGAKRMAILGETAWDFGSGVGLFTS
431

.. :* *** ..** ***. ***** * : .*** .*

gi|63175415|gb|AAAY34774.1| VGKLVHQVFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGILLTWLGLNSRSTSLSMTCIA 481
gi|63175413|gb|AAAY34773.1| VGKLVHQVFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGILLTWLGLNSRSTSLSMTCIA 481
gi|63175401|gb|AAAY34767.1| VGKLVHQVFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGILLTWLGLNSRSTSLSMTCIA 481
gi|63175411|gb|AAAY34772.1| VGKLVHQVFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGILLTWLGLNSRSTSLSMTCIA 481
gi|63175409|gb|AAAY34771.1| VGKLVHQVFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGILLTWLGLNSRSTSLSMTCIA 481
gi|63175407|gb|AAAY34770.1| VGKLIHQVFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGILLTWLGLNSRSTSLSMTCIT 481
gi|63175405|gb|AAAY34769.1| VGKLIHQVFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGILLTWLGLNSRSTSLSMTCIT 481
gi|63175403|gb|AAAY34768.1| VGKLIHQVFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGILLTWLGLNSRSTSLSMTCIT 481
gi|158343476|gb|ABW35417.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGILLTWLGLNSRSTSLSMTCIA
481
gi|158343448|gb|ABW35403.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGILLTWLGLNSRSTSLSMTCIA
481
gi|63175399|gb|AAAY34766.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGILLTWLGLNSRSTSLSMTCIA 481
gi|63175397|gb|AAAY34765.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTSLSMTCIA 481
gi|330339301|gb|AEC11166.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTSLSMTCIA
481
gi|330339285|gb|AEC11158.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTSLSMTCIA
481
gi|330339283|gb|AEC11157.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTSLSMTCIA
481
gi|330339279|gb|AEC11155.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTSLSMTCIA
481
gi|330339277|gb|AEC11154.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTSLSMTCIA
481
gi|330339263|gb|AEC11147.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTSLSMTCIA
481

gi|158343458|gb|ABW35408.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343446|gb|ABW35402.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|63175393|gb|AAY34763.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA 481

gi|158343494|gb|ABW35426.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|63175391|gb|AAY34762.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA 481

gi|63175387|gb|AAY34760.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA 481

gi|63175385|gb|AAY34759.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA 481

gi|330339273|gb|AEC11152.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343502|gb|ABW35430.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343500|gb|ABW35429.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343498|gb|ABW35428.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343496|gb|ABW35427.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343492|gb|ABW35425.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343490|gb|ABW35424.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343488|gb|ABW35423.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343486|gb|ABW35422.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343484|gb|ABW35421.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343482|gb|ABW35420.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343480|gb|ABW35419.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343474|gb|ABW35416.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343470|gb|ABW35414.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343468|gb|ABW35413.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343466|gb|ABW35412.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343462|gb|ABW35410.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343460|gb|ABW35409.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343456|gb|ABW35407.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343450|gb|ABW35404.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343444|gb|ABW35401.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343440|gb|ABW35399.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343454|gb|ABW35406.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343472|gb|ABW35415.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343442|gb|ABW35400.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|63175389|gb|AAY34761.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA 481

gi|330339293|gb|AEC11162.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|330339291|gb|AEC11161.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343452|gb|ABW35405.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343478|gb|ABW35418.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|63175395|gb|AAY34764.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA 481

gi|330339299|gb|AEC11165.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|158343464|gb|ABW35411.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|330339297|gb|AEC11164.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|330339295|gb|AEC11163.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|330339287|gb|AEC11159.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|330339275|gb|AEC11153.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|330339269|gb|AEC11150.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|330339265|gb|AEC11148.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|330339267|gb|AEC11149.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|330339281|gb|AEC11156.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|330339271|gb|AEC11151.1| VGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA
481

gi|330339289|gb|AEC11160.1| IGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTLSMTCIA 481

gi|99079172|gb|ABF65959.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479

gi|99079170|gb|ABF65958.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479

gi|99079168|gb|ABF65957.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479

gi|99079158|gb|ABF65952.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079152|gb|ABF65949.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079166|gb|ABF65956.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079150|gb|ABF65948.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079154|gb|ABF65950.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079164|gb|ABF65955.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWVMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079162|gb|ABF65954.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079160|gb|ABF65953.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079156|gb|ABF65951.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079148|gb|ABF65947.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079146|gb|ABF65946.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079144|gb|ABF65945.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079138|gb|ABF65942.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079142|gb|ABF65944.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079140|gb|ABF65943.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079134|gb|ABF65940.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079132|gb|ABF65939.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079130|gb|ABF65938.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079126|gb|ABF65936.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079124|gb|ABF65935.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079128|gb|ABF65937.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079136|gb|ABF65941.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWIMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIV 479
gi|99079174|gb|ABF65960.1| LGKMHQIFGSAYTALFSGVSWVMKIGIGVLLTWIGLNSKNTSMSFSCIA 479
gi|56089521|gb|AAS49689.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089513|gb|AAS49685.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089535|gb|AAS49696.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089539|gb|AAS49698.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089503|gb|AAS49680.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089531|gb|AAS49694.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089553|gb|AAS49705.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089509|gb|AAS49683.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089505|gb|AAS49681.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089517|gb|AAS49687.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089515|gb|AAS49686.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089527|gb|AAS49692.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089525|gb|AAS49691.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56384999|gb|AAS49651.3| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
gi|56384997|gb|AAS49650.3| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
gi|56384993|gb|AAS49648.3| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
gi|56089485|gb|AAS49671.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56384987|gb|AAS49645.3| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
gi|56089545|gb|AAS49701.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089457|gb|AAS49657.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089537|gb|AAS49697.2| LGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089533|gb|AAS49695.2| LGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089541|gb|AAS49699.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089491|gb|AAS49674.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
gi|56089489|gb|AAS49673.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454

gi|56089483|gb|AAS49670.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089493|gb|AAS49675.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089495|gb|AAS49676.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089481|gb|AAS49669.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089471|gb|AAS49664.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089465|gb|AAS49661.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089519|gb|AAS49688.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089507|gb|AAS49682.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089501|gb|AAS49679.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089499|gb|AAS49678.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089475|gb|AAS49666.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089477|gb|AAS49667.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089497|gb|AAS49677.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089469|gb|AAS49663.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089467|gb|AAS49662.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089529|gb|AAS49693.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56385005|gb|AAS49654.3| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|56384995|gb|AAS49649.3| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|56385001|gb|AAS49652.3| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|56089523|gb|AAS49690.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56385003|gb|AAS49653.3| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|56384989|gb|AAS49646.3| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|56384985|gb|AAS49644.3| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|56384991|gb|AAS49647.3| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|56089487|gb|AAS49672.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089555|gb|AAS49706.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089511|gb|AAS49684.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089463|gb|AAS49660.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089459|gb|AAS49658.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089473|gb|AAS49665.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089455|gb|AAS49656.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089453|gb|AAS49655.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089551|gb|AAS49704.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089461|gb|AAS49659.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089549|gb|AAS49703.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089543|gb|AAS49700.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089547|gb|AAS49702.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089479|gb|AAS49668.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|99079100|gb|ABF65923.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079098|gb|ABF65922.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431834|gb|ADC93779.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431828|gb|ADC93776.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431826|gb|ADC93775.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431824|gb|ADC93774.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079096|gb|ABF65921.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431830|gb|ADC93777.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079094|gb|ABF65920.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079092|gb|ABF65919.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481

gi|56089569|gb|AAS49713.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089563|gb|AAS49710.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089561|gb|AAS49709.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089559|gb|AAS49708.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089565|gb|AAS49711.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089567|gb|AAS49712.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|56089557|gb|AAS49707.2| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 454
 gi|99079104|gb|ABF65925.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|146285318|gb|ABQ18242.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079102|gb|ABF65924.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335631|gb|ADE62366.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431816|gb|ADC93770.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335647|gb|ADE62374.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431808|gb|ADC93766.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335663|gb|ADE62382.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335655|gb|ADE62378.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335641|gb|ADE62371.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335639|gb|ADE62370.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335637|gb|ADE62369.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335635|gb|ADE62368.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335633|gb|ADE62367.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335629|gb|ADE62365.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335627|gb|ADE62364.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335625|gb|ADE62363.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335661|gb|ADE62381.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335659|gb|ADE62380.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335653|gb|ADE62377.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335651|gb|ADE62376.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335649|gb|ADE62375.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335657|gb|ADE62379.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335619|gb|ADE62360.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335613|gb|ADE62357.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335617|gb|ADE62359.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335645|gb|ADE62373.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335611|gb|ADE62356.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335643|gb|ADE62372.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335623|gb|ADE62362.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079112|gb|ABF65929.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079110|gb|ABF65928.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079108|gb|ABF65927.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431832|gb|ADC93778.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431822|gb|ADC93773.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431818|gb|ADC93771.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431814|gb|ADC93769.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431812|gb|ADC93768.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431810|gb|ADC93767.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335621|gb|ADE62361.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|289431820|gb|ADC93772.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481

gi|99079116|gb|ABF65931.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079114|gb|ABF65930.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079106|gb|ABF65926.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079122|gb|ABF65934.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079120|gb|ABF65933.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079118|gb|ABF65932.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVIITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343420|gb|ABW35389.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343418|gb|ABW35388.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|160338359|gb|ABX26121.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 500
 gi|160338357|gb|ABX26120.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 500
 gi|158343416|gb|ABW35387.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343408|gb|ABW35383.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343404|gb|ABW35381.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343410|gb|ABW35384.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079086|gb|ABF65916.1| IGKALHQIFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343428|gb|ABW35393.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|294335615|gb|ADE62358.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343438|gb|ABW35398.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343436|gb|ABW35397.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343434|gb|ABW35396.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343432|gb|ABW35395.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343430|gb|ABW35394.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343426|gb|ABW35392.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343424|gb|ABW35391.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343422|gb|ABW35390.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343414|gb|ABW35386.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343412|gb|ABW35385.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343402|gb|ABW35380.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343400|gb|ABW35379.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343398|gb|ABW35378.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079090|gb|ABF65918.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079088|gb|ABF65917.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|158343406|gb|ABW35382.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079084|gb|ABF65915.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|121807471|gb|ABM65526.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|121807468|gb|ABM65525.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|107770355|gb|ABF83697.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079082|gb|ABF65914.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079080|gb|ABF65913.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079076|gb|ABF65911.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|99079078|gb|ABF65912.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|259157606|gb|ACV96872.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|259157614|gb|ACV96876.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|259157612|gb|ACV96875.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|259157610|gb|ACV96874.1| IGKALHQVFGAISGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|259157600|gb|ACV96869.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
 gi|259157608|gb|ACV96873.1| IGKALHQVFGAISGAAFSGVSWCMQILMGVITWIAMNSRSTSLPVSLVL
 481

gi|259157602|gb|ACV96870.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
gi|259157604|gb|ACV96871.1| IGKALHQVFGAIYGAAFSGVSWTMKILIGVVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
gi|259157598|gb|ACV96868.1| IGKALHQVFGAIYGTAFSGVSWTMKILIGVVITWIGMNSRSTLSVSLVL 481
gi|261864684|gb|ACY01676.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864638|gb|ACY01653.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864682|gb|ACY01675.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864678|gb|ACY01673.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864676|gb|ACY01672.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864674|gb|ACY01671.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864670|gb|ACY01669.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864668|gb|ACY01668.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864644|gb|ACY01656.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864642|gb|ACY01655.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864640|gb|ACY01654.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864636|gb|ACY01652.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864634|gb|ACY01651.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864632|gb|ACY01650.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864628|gb|ACY01648.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864626|gb|ACY01647.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864624|gb|ACY01646.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864622|gb|ACY01645.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864620|gb|ACY01644.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864616|gb|ACY01642.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864614|gb|ACY01641.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481
gi|261864612|gb|ACY01640.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864610|gb|ACY01639.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864608|gb|ACY01638.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864606|gb|ACY01637.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864604|gb|ACY01636.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864602|gb|ACY01635.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864600|gb|ACY01634.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864598|gb|ACY01633.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864596|gb|ACY01632.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864618|gb|ACY01643.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864680|gb|ACY01674.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864666|gb|ACY01667.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864658|gb|ACY01663.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864664|gb|ACY01666.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864662|gb|ACY01665.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864660|gb|ACY01664.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864672|gb|ACY01670.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGLLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864656|gb|ACY01662.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864630|gb|ACY01649.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864648|gb|ACY01658.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864654|gb|ACY01661.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864652|gb|ACY01660.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

gi|261864650|gb|ACY01659.1| LGKAVHQVFGSVYTTMFGGVSWMIRILIGFLVLWIGTNSRNTSMAMTCIA
481

:**:**:**: . * **** :*: * :*. **: *... :

gi|63175415|gb|AAAY34774.1| VGMVTLYLGVVVQA----- 495
gi|63175413|gb|AAAY34773.1| VGMVTLYLGVVVQA----- 495

gi 63175401 gb AAV34767.1	VGMVTLYLGVMVQA-----	495
gi 63175411 gb AAV34772.1	VGMVTLYLGVMVQA-----	495
gi 63175409 gb AAV34771.1	VGMVTLYLGVMVQA-----	495
gi 63175407 gb AAV34770.1	VGMVTLYLGVMVQA-----	495
gi 63175405 gb AAV34769.1	VGMVTLYLGVMVQA-----	495
gi 63175403 gb AAV34768.1	VGMVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343476 gb ABW35417.1	VGMVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343448 gb ABW35403.1	VGMVTLYLGVMVQA-----	495
gi 63175399 gb AAV34766.1	VGMVTLYLGVMVQA-----	495
gi 63175397 gb AAV34765.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339301 gb AEC11166.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339285 gb AEC11158.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339283 gb AEC11157.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339279 gb AEC11155.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339277 gb AEC11154.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339263 gb AEC11147.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343458 gb ABW35408.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343446 gb ABW35402.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 63175393 gb AAV34763.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343494 gb ABW35426.1	VGLVTLYLGVMVRA-----	495
gi 63175391 gb AAV34762.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 63175387 gb AAV34760.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 63175385 gb AAV34759.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339273 gb AEC11152.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343502 gb ABW35430.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343500 gb ABW35429.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343498 gb ABW35428.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343496 gb ABW35427.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343492 gb ABW35425.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343490 gb ABW35424.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343488 gb ABW35423.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343486 gb ABW35422.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343484 gb ABW35421.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343482 gb ABW35420.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343480 gb ABW35419.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343474 gb ABW35416.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343470 gb ABW35414.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343468 gb ABW35413.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343466 gb ABW35412.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343462 gb ABW35410.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343460 gb ABW35409.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343456 gb ABW35407.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343450 gb ABW35404.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343444 gb ABW35401.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343440 gb ABW35399.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343454 gb ABW35406.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343472 gb ABW35415.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343442 gb ABW35400.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495

gi 63175389 gb AAY34761.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339293 gb AEC11162.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339291 gb AEC11161.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343452 gb ABW35405.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343478 gb ABW35418.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 63175395 gb AAY34764.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339299 gb AEC11165.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343464 gb ABW35411.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339297 gb AEC11164.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339295 gb AEC11163.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339287 gb AEC11159.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339275 gb AEC11153.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339269 gb AEC11150.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339265 gb AEC11148.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339267 gb AEC11149.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339281 gb AEC11156.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339271 gb AEC11151.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 330339289 gb AEC11160.1	VGLVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079172 gb ABF65959.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079170 gb ABF65958.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079168 gb ABF65957.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079158 gb ABF65952.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079152 gb ABF65949.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079166 gb ABF65956.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079150 gb ABF65948.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079154 gb ABF65950.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079164 gb ABF65955.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079162 gb ABF65954.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079160 gb ABF65953.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079156 gb ABF65951.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079148 gb ABF65947.1	IGIITLYLGTVVQA-----	493
gi 99079146 gb ABF65946.1	IGIITLYLGTVVQA-----	493
gi 99079144 gb ABF65945.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079138 gb ABF65942.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079142 gb ABF65944.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079140 gb ABF65943.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079134 gb ABF65940.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079132 gb ABF65939.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079130 gb ABF65938.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079126 gb ABF65936.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079124 gb ABF65935.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079128 gb ABF65937.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079136 gb ABF65941.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 99079174 gb ABF65960.1	IGIITLYLGAVVQA-----	493
gi 56089521 gb AAS49689.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089513 gb AAS49685.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089535 gb AAS49696.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089539 gb AAS49698.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468

gi 56089503 gb AAS49680.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089531 gb AAS49694.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089553 gb AAS49705.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089509 gb AAS49683.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089505 gb AAS49681.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089517 gb AAS49687.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089515 gb AAS49686.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089527 gb AAS49692.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089525 gb AAS49691.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56384999 gb AAS49651.3	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 56384997 gb AAS49650.3	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 56384993 gb AAS49648.3	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 56089485 gb AAS49671.2	VGVTLYLGVMVQA-----	468
gi 56384987 gb AAS49645.3	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 56089545 gb AAS49701.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089457 gb AAS49657.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089537 gb AAS49697.2	VGVTLYLGVMVQA-----	468
gi 56089533 gb AAS49695.2	VGVTLYLGVMVQA-----	468
gi 56089541 gb AAS49699.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089491 gb AAS49674.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089489 gb AAS49673.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089483 gb AAS49670.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089493 gb AAS49675.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089495 gb AAS49676.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089481 gb AAS49669.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089471 gb AAS49664.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089465 gb AAS49661.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089519 gb AAS49688.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089507 gb AAS49682.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089501 gb AAS49679.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089499 gb AAS49678.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089475 gb AAS49666.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089477 gb AAS49667.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089497 gb AAS49677.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089469 gb AAS49663.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089467 gb AAS49662.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089529 gb AAS49693.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56385005 gb AAS49654.3	VGVTLYLGAMVQA-----	495
gi 56384995 gb AAS49649.3	VGVTLYLGAMVQA-----	495
gi 56385001 gb AAS49652.3	VGVTLYLGAMVQA-----	495
gi 56089523 gb AAS49690.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56385003 gb AAS49653.3	VGVTLYLGAMVQA-----	495
gi 56384989 gb AAS49646.3	VGVTLYLGAMVQA-----	495
gi 56384985 gb AAS49644.3	VGVTLYLGAMVQA-----	495
gi 56384991 gb AAS49647.3	VGVTLYLGAMVQA-----	495
gi 56089487 gb AAS49672.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089555 gb AAS49706.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089511 gb AAS49684.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468

gi 56089463 gb AAS49660.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089459 gb AAS49658.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089473 gb AAS49665.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089455 gb AAS49656.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089453 gb AAS49655.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089551 gb AAS49704.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089461 gb AAS49659.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089549 gb AAS49703.2	VGIVTLYLGAMVQA-----	468
gi 56089543 gb AAS49700.2	VGVTLYLGAVVQA-----	468
gi 56089547 gb AAS49702.2	VGVTLYLGVMVQA-----	468
gi 56089479 gb AAS49668.2	VGVTLYLGAMVQA-----	468
gi 99079100 gb ABF65923.1	VGIVTLYLGAMVQA-----	495
gi 99079098 gb ABF65922.1	VGIVTLYLGAMVQA-----	495
gi 289431834 gb ADC93779.1	VGIVTLYLGAMVQA-----	495
gi 289431828 gb ADC93776.1	VGIVTLYLGAMVQA-----	495
gi 289431826 gb ADC93775.1	VGIVTLYLGAMVQA-----	495
gi 289431824 gb ADC93774.1	VGIVTLYLGAMVQA-----	495
gi 99079096 gb ABF65921.1	VGIVTLYLGAMVQA-----	495
gi 289431830 gb ADC93777.1	VGIVTLYLGAMVQA-----	495
gi 99079094 gb ABF65920.1	VGIVTLYLGAMVQA-----	495
gi 99079092 gb ABF65919.1	VGIVTLYLGAMVQA-----	495
gi 56089569 gb AAS49713.2	VGIVTLYLGVMVQA-----	468
gi 56089563 gb AAS49710.2	VGIVTLYLGVMVQA-----	468
gi 56089561 gb AAS49709.2	VGIVTLYLGVMVQA-----	468
gi 56089559 gb AAS49708.2	VGIVTLYLGVMVQA-----	468
gi 56089565 gb AAS49711.2	VGIVTSLGVMVQA-----	468
gi 56089567 gb AAS49712.2	VGIVTLYLGVMVQA-----	468
gi 56089557 gb AAS49707.2	VGVTLYLGVMVQA-----	468
gi 99079104 gb ABF65925.1	VGVTLYLGVVVQA-----	495
gi 146285318 gb ABQ18242.1	VGVTLYLGVVVQA-----	495
gi 99079102 gb ABF65924.1	VGVTLYLGVVVQA-----	495
gi 294335631 gb ADE62366.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 289431816 gb ADC93770.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335647 gb ADE62374.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 289431808 gb ADC93766.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335663 gb ADE62382.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335655 gb ADE62378.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335641 gb ADE62371.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335639 gb ADE62370.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335637 gb ADE62369.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335635 gb ADE62368.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335633 gb ADE62367.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335629 gb ADE62365.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335627 gb ADE62364.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335625 gb ADE62363.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335661 gb ADE62381.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335659 gb ADE62380.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335653 gb ADE62377.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495

gi 294335651 gb ADE62376.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335649 gb ADE62375.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335657 gb ADE62379.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335619 gb ADE62360.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335613 gb ADE62357.1	GGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335617 gb ADE62359.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335645 gb ADE62373.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335611 gb ADE62356.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335643 gb ADE62372.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335623 gb ADE62362.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079112 gb ABF65929.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079110 gb ABF65928.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079108 gb ABF65927.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 289431832 gb ADC93778.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 289431822 gb ADC93773.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 289431818 gb ADC93771.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 289431814 gb ADC93769.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 289431812 gb ADC93768.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 289431810 gb ADC93767.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335621 gb ADE62361.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 289431820 gb ADC93772.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079116 gb ABF65931.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079114 gb ABF65930.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079106 gb ABF65926.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079122 gb ABF65934.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079120 gb ABF65933.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079118 gb ABF65932.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343420 gb ABW35389.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343418 gb ABW35388.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 160338359 gb ABX26121.1	VGIVTLYLGVMVQADSGCVVSWKNKELKCGSGIFITDNVHTWTEQYKFP	
550		
gi 160338357 gb ABX26120.1	VGIVTLYLGVMVQADSGCVVSWKNKELKCGSGIFITDNVHTWTEQYKFP	
550		
gi 158343416 gb ABW35387.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343408 gb ABW35383.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343404 gb ABW35381.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343410 gb ABW35384.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079086 gb ABF65916.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343428 gb ABW35393.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 294335615 gb ADE62358.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343438 gb ABW35398.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343436 gb ABW35397.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343434 gb ABW35396.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343432 gb ABW35395.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343430 gb ABW35394.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343426 gb ABW35392.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343424 gb ABW35391.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343422 gb ABW35390.1	VGIVTLYLGVMVQA-----	495

gi 158343414 gb ABW35386.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343412 gb ABW35385.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343402 gb ABW35380.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343400 gb ABW35379.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343398 gb ABW35378.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079090 gb ABF65918.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079088 gb ABF65917.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 158343406 gb ABW35382.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079084 gb ABF65915.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 121807471 gb ABM65526.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 121807468 gb ABM65525.1	VGVTLYLGMMQA-----	495
gi 107770355 gb ABF83697.1	VGVTLYLGVMVQADSGCVVSWKNKELKCGSGIFITDNVHTWTEQYKFQP	
531		
gi 99079082 gb ABF65914.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079080 gb ABF65913.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079076 gb ABF65911.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 99079078 gb ABF65912.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 259157606 gb ACV96872.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 259157614 gb ACV96876.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 259157612 gb ACV96875.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 259157610 gb ACV96874.1	VGVTFLGAMVQA-----	495
gi 259157600 gb ACV96869.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 259157608 gb ACV96873.1	VGVTLYLGAMGLD-----	495
gi 259157602 gb ACV96870.1	VGVTLYMGAMVQA-----	495
gi 259157604 gb ACV96871.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 259157598 gb ACV96868.1	VGVTLYLGVMVQA-----	495
gi 261864684 gb ACY01676.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864638 gb ACY01653.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864682 gb ACY01675.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864678 gb ACY01673.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864676 gb ACY01672.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864674 gb ACY01671.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864670 gb ACY01669.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864668 gb ACY01668.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864644 gb ACY01656.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864642 gb ACY01655.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864640 gb ACY01654.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864636 gb ACY01652.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864634 gb ACY01651.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864632 gb ACY01650.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864628 gb ACY01648.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864626 gb ACY01647.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864624 gb ACY01646.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864622 gb ACY01645.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864620 gb ACY01644.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864616 gb ACY01642.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864614 gb ACY01641.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864612 gb ACY01640.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495

gi 261864610 gb ACY01639.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864608 gb ACY01638.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864606 gb ACY01637.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864604 gb ACY01636.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864602 gb ACY01635.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864600 gb ACY01634.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864598 gb ACY01633.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864596 gb ACY01632.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864618 gb ACY01643.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864680 gb ACY01674.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864666 gb ACY01667.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864658 gb ACY01663.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864664 gb ACY01666.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864662 gb ACY01665.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864660 gb ACY01664.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864672 gb ACY01670.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864656 gb ACY01662.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864630 gb ACY01649.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864648 gb ACY01658.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864654 gb ACY01661.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864652 gb ACY01660.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495
gi 261864650 gb ACY01659.1	VGGITLFLGFTVQA-----	495

* : * : *

Lampiran 4. Data *envelope* DENV

envelope glycoprotein [Dengue virus]

GenBank: AAY34763

[FASTA](#) [Graphics](#)

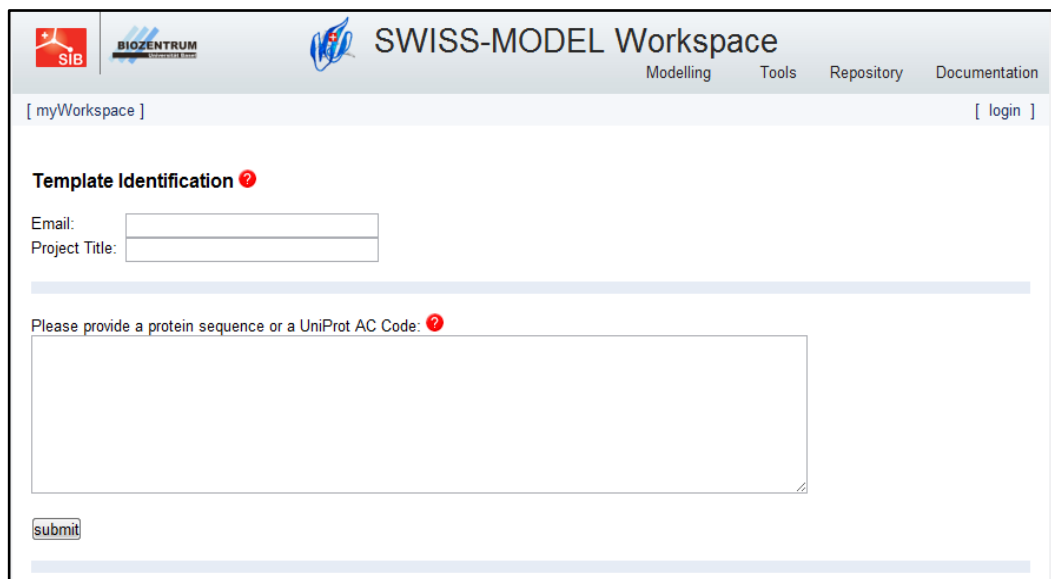
[Go to:](#)




LOCUS AAY34763 495 aa linear VRL 28-APR-2006
 DEFINITION envelope glycoprotein [Dengue virus].
 ACCESSION AAY34763
 VERSION AAY34763.1 GI:63175393
 DBSOURCE accession [DQ016648.1](#)
 KEYWORDS .
 SOURCE Dengue virus
 ORGANISM [Dengue virus](#)
 Viruses; ssRNA positive-strand viruses, no DNA stage;
 Flaviviridae;
 Flavivirus; Dengue virus group.
 REFERENCE 1 (residues 1 to 495)
 AUTHORS Domingo,C., Palacios,G., Jabado,O., Reyes,N., Niedrig,M., Gascon,J., Cabrerizo,M., Lipkin,W.I. and Tenorio,A.
 TITLE Use of a short fragment of the C-terminal E gene for detection and characterization of two new lineages of dengue virus 1 in India
 JOURNAL J. Clin. Microbiol. 44 (4), 1519-1529 (2006)
 PUBMED [16597885](#)
 REFERENCE 2 (residues 1 to 495)
 AUTHORS Domingo,C., Palacios,G. and Tenorio,A.
 TITLE Direct Submission
 JOURNAL Submitted (25-APR-2005) Servicio de Microbiologia Diagnostica, Centro Nacional de Microbiologia, Instituto de Salud Carlos III, Carretera de Majadahonda a Pozuelo km 2, Majadahonda, Madrid 28220, Spain
 COMMENT Method: conceptual translation.

Sekuen FASTA :

```
>gi|63175393|gb|AAY34763.1| envelope glycoprotein [Dengue virus]
MRCVGIGSRDFVEGLSGATWVDVLEHGSCVTTMAKDKPTLDIELLKTEVTNPA
VLRKLCIEAKISNTTT
DSRCPTQGEATLVEEQDANFVCRRTFVDRGWGNGCGLFGKGLITCAKFKCV
TKLEGKIVQYENLKYSVI
VTVHTGDQHQVGNESTEHTTATITPQAPTTEIQLTDYGALTLDCSPRTGLDFN
EMVLLTMKEKSWLVHK
QWFLDLPLPWTSGASTSQETWNRQDLLVTFKTAHAKKQEVVVLGSQEGAMHT
ALTGATEIQTSGTTTIFA
GHLKCRCLKMDKLTCLKGMSYVMCTGSFKLEKEVAETQHGTVLVQIKYEGTDAPC
KIPFSTQDEKGVQTQNGR
LITANPIVTDKEKPVNIEAEPFGEYSYVIGAGEKALKLSWFKKGSSIGKMFETA
RGARRMAILGDTAW
DFGSIGGVFTSVGKLVHQIFGTAYGVLFSGVSWTMKIGIGVLLTWLGLNSRSTSL
SMTCIAVGLVTLYLG VMVQA
```


Lampiran 5. Hasil pemodelan dengan *SWISS Model*






SWISS-MODEL Workspace
 Modelling Tools Repository Documentation

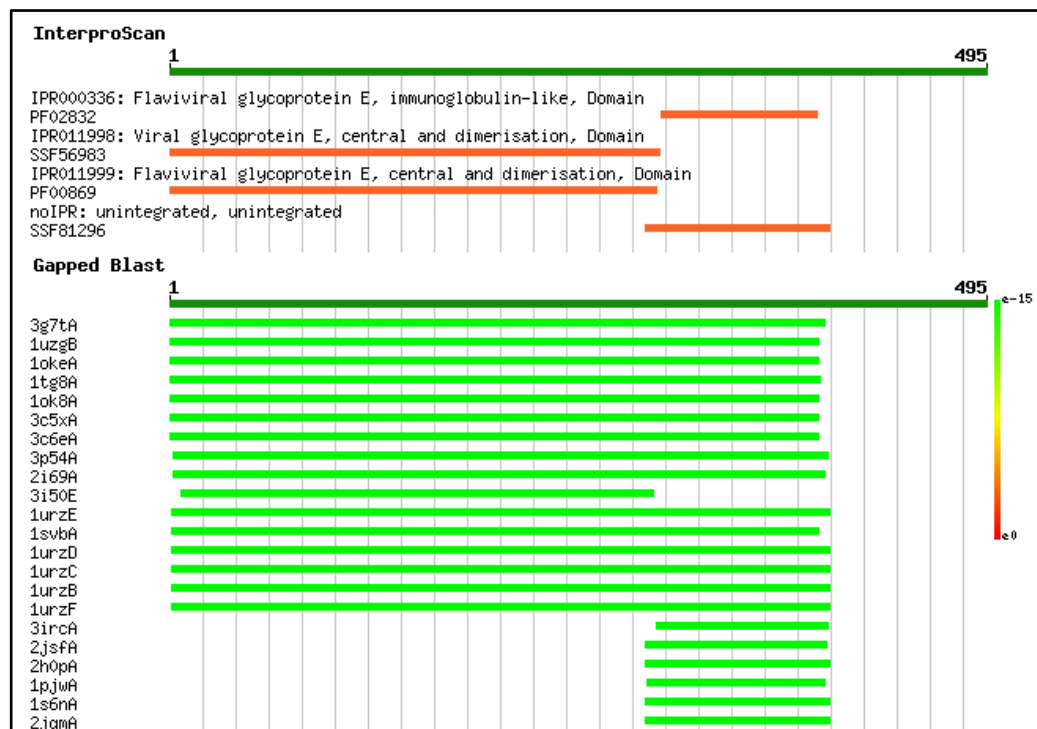
[myWorkspace] [login]

Template Identification ?

Email:

Project Title:

Please provide a protein sequence or a UniProt AC Code: ?



Sequences producing significant alignments:	Score (bits)	E Value
ExpDB 3g7tA 3.5 Crystal structure of dengue virus type 1 envelo...	723	0.0
ExpDB 1uzgB 3.5 CRYSTAL STRUCTURE OF THE DENGUE TYPE 3 VIRUS EN...	637	0.0
ExpDB 1okeA 2.4 CRYSTAL STRUCTURE OF THE DENGUE 2 VIRUS ENVELOP...	580	e-166
ExpDB 1tg8A 2.61 The structure of Dengue virus E glycoprotein	572	e-163
ExpDB 1ok8A 2 CRYSTAL STRUCTURE OF THE DENGUE 2 VIRUS ENVELOPE ...	554	e-158
ExpDB 3c5xA 2.2 Crystal structure of the precursor membrane pro...	551	e-157
ExpDB 3c6eA 2.6 Crystal structure of the precursor membrane pro...	545	e-155
ExpDB 3p54A 2.097 Crystal Structure of the Japanese Encephaliti...	410	e-115
ExpDB 2i69A 3.11 Crystal structure of the West Nile virus envel...	396	e-110
ExpDB 3i50E 3 Crystal structure of the West Nile Virus envelope...	293	2e-79
ExpDB 1urzE 2.7 LOW PH INDUCED MEMBRANE FUSION CONFORMATION OF...	245	3e-65
ExpDB 1svbA 1.9 ENVELOPE GLYCOPROTEIN FROM TICK BORNE ENCEPHALI...	242	4e-64
ExpDB 1urzd 2.7 LOW PH INDUCED MEMBRANE FUSION CONFORMATION OF...	241	7e-64
ExpDB 1urzc 2.7 LOW PH INDUCED MEMBRANE FUSION CONFORMATION OF...	240	2e-63
ExpDB 1urzb 2.7 LOW PH INDUCED MEMBRANE FUSION CONFORMATION OF...	239	3e-63
ExpDB 1urzf 2.7 LOW PH INDUCED MEMBRANE FUSION CONFORMATION OF...	239	3e-63
ExpDB 3ircA 2.25 Crystal structure analysis of dengue 1 envelop...	209	3e-54
ExpDB 2jsfA 99.9 Solution structures of the envelope protein do...	160	2e-39
ExpDB 2h0pA 99.9 NMR Structure of the Dengue 4 virus Envelope P...	140	2e-33
ExpDB 1pjwA 99.9 Solution Structure of the Domain III of the Ja...	106	3e-23
ExpDB 1s6nA 99.9 NMR Structure of Domain III of the West Nile V...	104	1e-22
ExpDB 2jqmA 99.9 Yellow Fever Envelope Protein Domain III NMR S...	101	1e-21

[3g7tA|3.5| Crystal structure of dengue virus type 1 envelope protein in the postfusion conformation Length = 379

Score = 723 bits (1867), Expect = 0.0, Method: Composition-based stats. Identities = 368/397 (92%), Positives = 377/397 (94%), Gaps = 18/397 (4%)

[1uzgB|3.5| CRYSTAL STRUCTURE OF THE DENGUE TYPE 3 VIRUS ENVELOPE PROTEIN Length = 392

Score = 637 bits (1643), Expect = 0.0, Method: Composition-based stats. Identities = 304/394 (77%), Positives = 348/394 (88%), Gaps = 2/394 (0%)

[1okeA|2.4| CRYSTAL STRUCTURE OF THE DENGUE 2 VIRUS ENVELOPE PROTEIN IN COMPLEX WITH N OCTYL BETA D GLUCOSIDE Length = 394

Score = 580 bits (1494), Expect = e-166, Method: Composition-based stats. Identities = 267/394 (67%), Positives = 321/394 (81%)

Lampiran 6. Hasil pensejajaran struktur protein *envelope* DENV

SeqA	Name	Length	SeqB	Name	Length	Score
1	gi 62738084 pdb 1UZG A	392	2	gi 62738085 pdb 1UZG B	392	100.0
1	gi 62738084 pdb 1UZG A	392	3	gi 34811077 pdb 1OKE A	394	68.0
1	gi 62738084 pdb 1UZG A	392	4	gi 34811078 pdb 1OKE B	394	68.0
1	gi 62738084 pdb 1UZG A	392	5	gi 31615787 pdb 1OAN A	394	68.0
1	gi 62738084 pdb 1UZG A	392	6	gi 31615788 pdb 1OAN B	394	68.0
2	gi 62738085 pdb 1UZG B	392	3	gi 34811077 pdb 1OKE A	394	68.0
2	gi 62738085 pdb 1UZG B	392	4	gi 34811078 pdb 1OKE B	394	68.0
2	gi 62738085 pdb 1UZG B	392	5	gi 31615787 pdb 1OAN A	394	68.0
2	gi 62738085 pdb 1UZG B	392	6	gi 31615788 pdb 1OAN B	394	68.0
3	gi 34811077 pdb 1OKE A	394	4	gi 34811078 pdb 1OKE B	394	100.0
3	gi 34811077 pdb 1OKE A	394	5	gi 31615787 pdb 1OAN A	394	100.0
3	gi 34811077 pdb 1OKE A	394	6	gi 31615788 pdb 1OAN B	394	100.0
4	gi 34811078 pdb 1OKE B	394	5	gi 31615787 pdb 1OAN A	394	100.0
4	gi 34811078 pdb 1OKE B	394	6	gi 31615788 pdb 1OAN B	394	100.0
5	gi 31615787 pdb 1OAN A	394	6	gi 31615788 pdb 1OAN B	394	100.0

CLUSTAL 2.1 multiple sequence alignment

```

gi|31615787|pdb|1OAN|A  MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCVTTMAKNKPTLDFELIKTEA 50
gi|31615788|pdb|1OAN|B  MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCVTTMAKNKPTLDFELIKTEA 50
gi|34811078|pdb|1OKE|B  MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCVTTMAKNKPTLDFELIKTEA 50
gi|34811077|pdb|1OKE|A  MRCIGISNRDFVEGVSGGSWVDIVLEHGSCVTTMAKNKPTLDFELIKTEA 50
gi|62738084|pdb|1UZG|A  MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVLEHGGCVTTMAKNKPTLDIELQKTEA 50
gi|62738085|pdb|1UZG|B  MRCVGVGNRDFVEGLSGATWVDVLEHGGCVTTMAKNKPTLDIELQKTEA 50
***:*:.*****:*:.***:*****.*****:*** **
      ↑ ↑

gi|31615787|pdb|1OAN|A  VGNDTGKHGKEVKITPQSSITEAELTGYGVTMECSVRTGLDFNEMVLLQ 200
gi|31615788|pdb|1OAN|B  VGNDTGKHGKEVKITPQSSITEAELTGYGVTMECSVRTGLDFNEMVLLQ 200
gi|34811078|pdb|1OKE|B  VGNDTGKHGKEVKITPQSSITEAELTGYGVTMECSVRTGLDFNEMVLLQ 200
gi|34811077|pdb|1OKE|A  VGNDTGKHGKEVKITPQSSITEAELTGYGVTMECSVRTGLDFNEMVLLQ 200
gi|62738084|pdb|1UZG|A  VGNET--QGVTAEITSQASTAEAILPEYGTGLGLECSVRTGLDFNEMILLT 198
gi|62738085|pdb|1UZG|B  VGNET--QGVTAEITSQASTAEAILPEYGTGLGLECSVRTGLDFNEMILLT 198
***:*  :*  .***:*  :***.  ***:  :*****:***
      ↑

```

Ket : Tanda panah menunjukkan perbedaan residu penyusun *cavity* target.

Lampiran 7. Daftar ligan peptida siklis disulfida

PENTAPEPTIDE

hydrophob - charged - hydrophob

	R	H	K	D	E	
A	ARA	AHA	AKA	ADA	AEA	A
	ARI	AHI	AKI	ADI	AEI	I
	ARL	AHL	AKL	ADL	AEL	L
	ARM	AHM	AKM	ADM	AEM	M
	ARF	AHF	AKF	ADF	AEF	F
	ARW	AHW	AKW	ADW	AEW	W
	ARY	AHY	AKY	ADY	AEY	Y
	ARV	AHV	AKV	ADV	AEV	V
	ARG	AHG	AKG	ADG	AEG	G
	ARP	AHP	AKP	ADP	AEP	P
I	IRI	IHI	IKI	IDI	IEI	I
	IRL	IHL	IKL	IDL	IEL	L
	IRM	IHM	IKM	IDM	IEM	M
	IRF	IHF	IKF	IDF	IEF	F
	IRW	IHW	IKW	IDW	IEW	W
	IRY	IHY	IKY	IDY	IEY	Y
	IRV	IHV	IKV	IDV	IEV	V
	IRG	IHG	IKG	IDG	IEG	G
IRP	IHP	IKP	IDP	IEP	P	
L	LRL	LHL	LKL	LDL	LEL	L
	LRM	LHM	LKM	LDM	LEM	M

	LRF	LHF	LKF	LDF	LEF	F
	LRW	LHW	LKW	LDW	LEW	W
	LRY	LHY	LKY	LDY	LEY	Y
	LRV	LHV	LKV	LDV	LEV	V
	LRG	LHG	LKG	LDG	LEG	G
	LRP	LHP	LKP	LDP	LEP	P
M	MRM	MHM	MKM	MDM	MEM	M
	MRF	MHF	MKF	MDF	MEF	F
	MRW	MHW	MKW	MDW	MEW	W
	MRY	MHY	MKY	MDY	MEY	Y
	MRV	MHV	MKV	MDV	MEV	V
	MRG	MHG	MKG	MDG	MEG	G
	MRP	MHP	MKP	MDP	MEP	P
F	FRF	FHF	FKF	FDG	FEF	F
	FRW	FHW	FKW	FDW	FEW	W
	FRY	FHY	FKY	FDY	FEY	Y
	FRV	FHV	FKV	FDV	FEV	V
	FRG	FHG	FKG	FDG	FEG	G
	FRP	FHP	FKP	FDP	FEP	P
W	WRW	WHW	WKW	WDW	WEW	W
	WRY	WHY	WKY	WDY	WEY	Y
	WRV	WHV	WKV	WDV	WEV	V
	WRG	WHG	WKG	WDG	WEG	G
	WRP	WHP	WKP	WDP	WEP	P
Y	YRY	YHY	YKY	YDY	YEY	Y
	YRV	YHV	YKV	YDV	YEV	V
	YRG	YHG	YKG	YDG	YEG	G
	YRP	YHP	YKP	YDP	YEP	P
V	VRV	VHV	VKV	VDV	VEV	V
	VRG	VHG	VKG	VDG	VEG	G
	VRP	VHP	VKP	VDP	VEP	P
G	GRG	GHG	GKG	GDG	GEG	G
	GRP	GHP	GKP	GDP	GEP	P
P	PRP	PHP	PKP	PDP	PEP	P

charged - hydrophob - charged

	A	I	L	M	F	W	Y	V	G	P	
R	RAR	RIR	RLR	RMR	RFR	RWR	RYR	RVR	RGR	RPR	R
	RAH	RIH	RLH	RMH	RFH	RWH	RYH	RVH	RGH	RPH	H
	RAK	RIK	RLK	RMK	RFK	RWK	RYK	RVK	RGK	RPK	K

	RAD	RID	RLD	RMD	RFD	RWD	RYD	RVD	RGD	RPD	D
	RAE	RIE	RLE	RME	RFE	RWE	RYE	RVE	RGE	RPE	E
H	HAH	HIH	HLH	HMH	HFH	HWH	HYH	HVH	HGH	HPH	H
	HAK	HIK	HLK	HMK	HFH	HWK	HYK	HVK	HGK	HPK	K
	HAD	HID	HLD	HMD	HFD	HWD	HYD	HVD	HGD	HPD	D
	HAE	HIE	HLE	HME	HFE	HWE	HYE	HVE	HGE	HPE	E
K	KAK	KIK	KLK	KMK	KFK	KWK	KYK	KVK	KGK	KPK	K
	KAD	KID	KLD	KMD	KFD	KWD	KYD	KVD	KGD	KPD	D
	KAE	KIE	KLE	KME	KFE	KWE	KYE	KVE	KGE	KPE	E
D	DAD	DID	DLD	DMD	DFD	DWD	DYD	DVD	DGD	DPD	D
	DAE	DIE	DLE	DME	DFE	DWE	DYE	DVE	DGE	DPE	E
E	EAE	EIE	ELE	EME	EFE	EWE	EYE	EVE	EGE	EPE	E

charged - charged - charged

	R	H	K	D	E	
R	RRR	RHR	RKR	RDR	RER	R
	RRH	RHH	RKH	RDH	REH	H
	RRK	RHK	RKK	RDK	REK	K
	RRD	RHD	RKD	RDD	RED	D
	RRE	RHE	RKE	RDE	REE	E
H	HRH	HHH	HKH	HDH	HEH	H
	HRK	HHK	HKK	HDK	HEK	K
	HRD	HHD	HKD	HDD	HED	D
	HRE	HHE	HKE	HDE	HEE	E
K	KRK	KHK	KKK	KDK	KEK	K
	KRD	KHD	KKD	KDD	KED	D
	KRE	KHE	KKE	KDE	KEE	E
D	DRD	DHD	DKD	DDD	DED	D
	DRE	DHE	DKE	DDE	DEE	E
E	ERE	EHE	EKE	EDE	EEE	E

hydrophob - hydrophob - charged

	A	I	L	M	F	W	Y	V	G	P	
A	AAR	AIR	ALR	AMR	AFR	AWR	AYR	AVR	AGR	APR	R
	AAH	AIH	ALH	AMH	AFH	AWH	AYH	AVH	AGH	APH	H

I	AAK	AIK	ALK	AMK	AFK	AWK	AYK	AVK	AGK	APK	K
	AAD	AID	ALD	AMD	AFD	AWD	AYD	AVD	AGD	APD	D
	AAE	AIE	ALE	AME	AFE	AWE	AYE	AVE	AGE	APE	E
	IAR	IIR	ILR	IMR	IFR	IWR	IYR	IVR	IGR	IPR	R
	IAH	IIH	ILH	IMH	IFH	IWH	IYH	IVH	IGH	IPH	H
	IAK	IIK	ILK	IMK	IFK	IWK	IYK	IVK	IGK	IPK	K
	IAD	IID	ILD	IMD	IFD	IWD	IYD	IVD	IGD	IPD	D
IAE	IIE	ILE	IME	IFE	IWE	IYE	IVE	IGE	IPE	E	
L	LAR	LIR	LLR	LMR	LFR	LWR	LYR	LVR	LGR	LPR	R
	LAH	LIH	LLH	LMH	LFH	LWH	LYH	LVH	LGH	LPH	H
	LAK	LIK	LLK	LMK	LFK	LWK	LYK	LVK	L GK	LPK	K
	LAD	LID	LLD	LMD	LFD	LWD	LYD	LVD	LGD	LPD	D
	LAE	LIE	LLE	LME	LFE	LWE	LYE	LVE	LGE	LPE	E
M	MAR	MIR	MLR	MMR	MFR	MWR	MYR	MVR	MGR	MPR	R
	MAH	MIH	MLH	MMH	MFH	MWH	MYH	MVH	MGH	MPH	H
	MAK	MIK	MLK	MMK	MFK	MWK	MYK	MVK	MGK	MPK	K
	MAD	MID	MLD	MMD	MFD	MWD	MYD	MVD	MGD	MPD	D
	MAE	MIE	MLE	MME	MFE	MWE	MYE	MVE	MGE	MPE	E
F	FAR	FIR	FLR	FMR	FFR	FWR	FYR	FVR	FGR	FPR	R
	FAH	FIH	FLH	FMH	FFH	FWH	FYH	FVH	FGH	FPH	H
	FAK	FIK	FLK	FMK	FFK	FWK	FYK	FVK	FGK	FPK	K
	FAD	FID	FLD	FMD	FFD	FWD	FYD	FVD	FGD	FPD	D
	FAE	FIE	FLE	FME	FFE	FWE	FYE	FVE	FGE	FPE	E
W	WAR	WIR	WLR	WMR	WFR	WWR	WYR	WVR	WGR	WPR	R
	WAH	WIH	WLH	WMH	WFH	WWH	WYH	WVH	WGH	WPH	H
	WAK	WIK	WLK	WMK	WFK	WWK	WYK	WVK	W GK	WPK	K
	WAD	WID	WLD	WMD	WFD	WWD	WYD	WVD	WGD	WPD	D
	WAE	WIE	WLE	WME	WFE	WWE	WYE	WVE	WGE	WPE	E
Y	YAR	YIR	YLR	YMR	YFR	YWR	YYR	YVR	YGR	YPR	R
	YAH	YIH	YLH	YMH	YFH	YWH	YYH	YVH	YGH	YPH	H
	YAK	YIK	YLK	YMK	YFK	YWK	YYK	YVK	Y GK	YPK	K
	YAD	YID	YLD	YMD	YFD	YWD	YYD	YVD	YGD	YPD	D
	YAE	YIE	YLE	YME	YFE	YWE	YYE	YVE	YGE	YPE	E
V	VAR	VIR	VLR	VMR	VFR	VWR	VYR	VVR	VGR	VPR	R
	VAH	VIH	VLH	VMH	VFH	VWH	VYH	VVH	VGH	VPH	H
	VAK	VIK	VLK	VMK	VFK	VWK	VYK	VVK	V GK	VPK	K
	VAD	VID	VLD	VMD	VFD	VWD	VYD	VVD	VGD	VPD	D
	VAE	VIE	VLE	VME	VFE	VWE	VYE	VVE	VGE	VPE	E
G	GAR	GIR	GLR	GMR	GFR	GWR	GYR	GVR	GGR	GPR	R
	GAH	GIH	GLH	GMH	GFH	GWH	GYH	GVH	GGH	GPH	H
	GAK	GIK	GLK	GMK	GFK	GWK	GYK	GVK	GGK	GPK	K
	GAD	GID	GLD	GMD	GFD	GWD	GYD	GVD	GGD	GPD	D
	GAE	GIE	GLE	GME	GFE	GWE	GYE	GVE	GGE	GPE	E

P	PAR	PIR	PLR	PMR	PFR	PWR	PYR	PVR	PGR	PPR	R
	PAH	PIH	PLH	PMH	PFH	PWH	PYH	PVH	PGH	PPH	H
	PAK	PIK	PLK	PMK	PFK	PWK	PYK	PVK	PGK	PPK	K
	PAD	PID	PLD	PMD	PFD	PWD	PYD	PVD	PGD	PPD	D
	PAE	PIE	PLE	PME	PFE	PWE	PYE	PVE	PGE	PPE	E

hydrophob - charged - charged

	R	H	K	D	E	
A	ARR	AHR	AKR	ADR	AER	R
	ARH	AHH	AKH	ADH	AEH	H
	ARK	AHK	AKK	ADK	AEK	K
	ARD	AHD	AKD	ADD	AED	D
	ARE	AHE	AKE	ADE	AEE	E
I	IRR	IHR	IKR	IDR	IER	R
	IRH	IHH	IKH	IDH	IEH	H
	IRK	IHK	IKK	IDK	IEK	K
	IRD	IHD	IKD	IDD	IED	D
	IRE	IHE	IKE	IDE	IEE	E
L	LRR	LHR	LKR	LDR	LER	R
	LRH	LHH	LKH	LDH	LEH	H
	LRK	LHK	LKK	LDK	LEK	K
	LRD	LHD	LKD	LDD	LED	D
	LRE	LHE	LKE	LDE	LEE	E
M	MRR	MHR	MKR	MDR	MER	R
	MRH	MHH	MKH	MDH	MEH	H
	MRK	MHK	MKK	MDK	MEK	K
	MRD	MHD	MKD	MDD	MED	D
	MRE	MHE	MKE	MDE	MEE	E
F	FRR	FHR	FKR	FDR	FER	R
	FRH	FHH	FKH	FDH	FEH	H
	FRK	FHK	FKK	FDK	FEK	K
	FRD	FHD	FKD	FDD	FED	D
	FRE	FHE	FKE	FDE	FEE	E
W	WRR	WHR	WKR	WDR	WER	R
	WRH	WHH	WKH	WDH	WEH	H
	WRK	WHK	WKK	WDK	WEK	K
	WRD	WHD	WKD	WDD	WED	D
	WRE	WHE	WKE	WDE	WEE	E
Y	YRR	YHR	YKR	YDR	YER	R
	YRH	YHH	YKH	YDH	YEH	H

	YRK	YHK	YKK	YDK	YEK	K	
	YRD	YHD	YKD	YDD	YED	D	
	YRE	YHE	YKE	YDE	YEE	E	
V	VRR	VHR	VKR	VDR	VER	R	
	VRH	VHH	VKH	VDH	VEH	H	
	VRK	VHK	VKK	VDK	VEK	K	
	VRD	VHD	VKD	VDD	VED	D	
	VRE	VHE	VKE	VDE	VEE	E	
	G	GRR	GHR	GKR	GDR	GER	R
		GRH	GHH	GKH	GDH	GEH	H
GRK		GHK	GKK	GDK	GEK	K	
GRD		GHD	GKD	GDD	GED	D	
GRE		GHE	GKE	GDE	GEE	E	
P	PRR	PHR	PKR	PDR	PER	R	
	PRH	PHH	PKH	PDH	PEH	H	
	PRK	PHK	PKK	PDK	PEK	K	
	PRD	PHD	PKD	PDD	PED	D	
	PRE	PHE	PKE	PDE	PEE	E	

TETRAPEPTIDE

hydrophob - charged

	R	H	K	D	E
A	AR	AH	AK	AD	AE
I	IR	IH	IK	ID	IE
L	LR	LH	LK	LD	LE
M	MR	MH	MK	MD	ME
F	FR	FH	FK	FD	FE
W	WR	WH	WK	WD	WE
Y	YR	YH	YK	YD	YE
V	VR	VH	VK	VD	VE
G	GR	GH	GK	GD	GE
P	PR	PH	PK	PD	PE

charged - charged

		R		
R	RR	H		
H	HR	HH	K	

K	KR	KH	KK	D	
D	DR	DH	DK	DD	E
E	ER	EH	EK	ED	EE

TRIPEPTIDE

charged



Lampiran 8. Hasil *virtual screening* dengan *molecular docking*

***Screening* 1320 ligan**

	mol	S	E_conf	E_place	E_score1	E_refine
1	V 27 AHW.mol	-28.9809	3.0056	-26.1875	-11.4507	-28.9809
2	V 907 GYR.mol	-25.7779	2.7101	-10.4938	-11.8120	-25.7779
3	V 937 GYD.mol	-25.6495	1.9377	-82.0331	-11.2941	-25.6495
4	V 1175 YEE.mo	-25.4593	3.8000	-36.8416	-10.4351	-25.4593
5	V 760 WPR.mol	-24.5216	4.1815	-69.6878	-11.8230	-24.5216
6	V 757 WYR.mol	-24.3626	2.6409	-60.0369	-10.8839	-24.3626
7	V 178 FKW.mol	-24.3438	2.9364	-49.0618	-10.0389	-24.3438
8	V 106 LRF.mol	-24.1591	3.8224	-34.8963	-10.2249	-24.1591
9	V 312 RYD.mol	-23.9934	3.6017	-55.1901	-11.9513	-23.9934
10	V 291 RWH.mol	-23.6858	2.5808	-35.7490	-10.2877	-23.6858
11	V 1173 YKE.mo	-23.4656	4.0033	-17.5332	-10.8605	-23.4656
12	V 205 WEW.mol	-23.3017	2.0501	-8.6823	-8.9401	-23.3017
13	V 1127 WHR.mo	-23.0531	4.0613	-76.1131	-8.9354	-23.0531
14	V 751 WAR.mol	-22.9995	3.6159	-0.3180	-10.1229	-22.9995
15	V 1153 YKR.mo	-22.9016	3.8000	-6.8132	-10.2411	-22.9016
16	V 25 AEF.mol	-22.8081	1.4000	-41.2526	-9.6784	-22.8081
17	V 187 FHV.mol	-22.6518	2.4000	-37.8573	-8.0450	-22.6518
18	V 28 AKW.mol	-22.4665	3.5099	-40.6656	-12.3134	-22.4665
19	V 1174 YDE.mo	-22.4640	2.7998	-58.8702	-10.3216	-22.4640
20	V 173 FKF.mol	-22.4318	2.2053	-31.8270	-11.6733	-22.4318
21	V 1027 IHR.mo	-22.4010	2.6398	-82.0596	-9.4554	-22.4010
22	V 1131 WRH.mo	-22.1777	2.6056	-50.6252	-8.5776	-22.1777
23	V 1055 LER.mo	-22.1021	3.4587	-58.8464	-12.5182	-22.1021
24	V 721 FAK.mol	-22.0890	4.0223	-24.1799	-10.7523	-22.0890
25	V 759 WGR.mol	-22.0035	2.5727	-25.6997	-8.8081	-22.0035
26	V 704 FMR.mol	-21.9576	2.6134	3.9021	-9.0018	-21.9576
27	V 709 FGR.mol	-21.6051	2.4000	-40.8911	-10.1965	-21.6051
28	V 148 MKW.mol	-21.4883	3.9676	-61.0772	-10.0334	-21.4883
29	V 729 FGK.mol	-21.1740	3.6028	-39.2587	-10.1338	-21.1740
30	V 1145 WED.mo	-21.0332	2.5587	-47.7048	-12.0712	-21.0332
31	V 755 WFR.mol	-21.0234	3.4870	-61.1132	-11.2787	-21.0234
32	V 1106 FRH.mo	-20.9463	3.2027	-81.4603	-9.0464	-20.9463
33	V 176 FRW.mol	-20.9226	1.3104	-38.6510	-9.9406	-20.9226
34	V 232 YHV.mol	-20.9174	3.8001	-58.4611	-9.5328	-20.9174
35	V 330 HFH.mol	-20.8050	2.9840	-56.3325	-10.6483	-20.8050
36	V 231 YRV.mol	-20.7668	2.0000	-53.9938	-9.9230	-20.7668
37	V 141 MRF.mol	-20.7143	4.2410	11.7581	-10.1497	-20.7143
38	V 1157 YHH.mo	-20.6310	1.2013	-48.0423	-10.0458	-20.6310
39	V 456 HRK.mol	-20.5378	2.0028	16.8017	-11.3518	-20.5378
40	V 556 IWR.mol	-20.4660	1.1802	-54.6206	-10.0086	-20.4660
41	V 431 RRH.mol	-20.4496	4.3192	-80.4177	-10.7389	-20.4496
42	V 197 FHP.mol	-20.2677	3.7985	-60.0115	-9.6529	-20.2677
43	V 290 RFH.mol	-20.2083	2.6000	-23.7655	-10.1414	-20.2083
44	V 1032 IHH.mo	-20.2045	1.7703	-69.6024	-7.9948	-20.2045
45	V 211 WRV.mol	-20.1857	1.2000	-52.1466	-9.1921	-20.1857
46	V 753 WLR.mol	-20.1743	1.3916	-21.3842	-8.9427	-20.1743
47	V 697 MYE.mol	-20.1094	2.6000	-15.1786	-9.5067	-20.1094
48	V 883 VLD.mol	-20.0433	1.3442	-17.0101	-9.5069	-20.0433
49	V 1128 WKR.mo	-20.0285	0.2051	14.1479	-8.9575	-20.0285
50	V 486 DRD.mol	-19.9693	3.6079	-28.2987	-9.4214	-19.9693
51	V 1033 IKH.mo	-19.8847	1.8000	-53.3929	-8.8765	-19.8847
52	V 798 WVE.mol	-19.8382	2.1801	-20.0478	-8.8294	-19.8382

	mol	S	E_conf	E_place	E_score1	E_refine
53	V 187 FHV.mol	-22.3950	1.5914	-33.2141	-8.4226	-22.3950
54	V 932 GID.mol	-22.3250	3.3132	-56.5542	-8.8666	-22.3250
55	V 321 RWE.mol	-22.3003	1.5948	-34.9770	-9.4351	-22.3003
56	V 413 DVE.mol	-22.2974	2.4757	-30.5773	-8.1079	-22.2974
57	V 486 DRD.mol	-22.2578	3.6853	-32.6886	-9.3300	-22.2578
58	V 363 HVE.mol	-22.2327	4.1984	-53.2450	-9.7875	-22.2327
59	V 839 YGD.mol	-22.2123	2.9524	-56.7381	-10.6210	-22.2123
60	V 1129 WDR.mo	-22.1772	3.0326	-11.7056	-9.4217	-22.1772
61	V 583 ILD.mol	-22.1452	2.9444	-45.5752	-8.5319	-22.1452
62	V 388 KLE.mol	-22.0925	2.7767	-20.1381	-9.7880	-22.0925
63	V 190 FEV.mol	-22.0669	1.2594	-36.9515	-11.1596	-22.0669
64	V 339 HMK.mol	-22.0549	3.8000	-16.9112	-9.4713	-22.0549
65	V 236 YRG.mol	-22.0177	1.7952	-43.5675	-9.4025	-22.0177
66	V 895 VFE.mol	-21.9791	0.6000	-24.6970	-8.7680	-21.9791
67	V 108 LKF.mol	-21.9678	4.0033	-35.2506	-8.6286	-21.9678
68	V 97 LHL.mol	-21.9562	0.6046	-1.7522	-8.1013	-21.9562
69	V 498 EKE.mol	-21.8546	4.5977	-73.3136	-11.5223	-21.8546
70	V 410 DFE.mol	-21.8219	2.0720	-56.9937	-10.4456	-21.8219
71	V 1178 VKR.mo	-21.8077	4.1662	-43.3502	-8.6079	-21.8077
72	V 953 PLR.mol	-21.7286	3.0000	-53.1358	-9.1723	-21.7286
73	V 99 LDL.mol	-21.7233	2.4838	-41.4357	-9.1340	-21.7233
74	V 431 RRH.mol	-21.6761	4.0014	-32.8262	-9.4101	-21.6761
75	V 151 MRY.mol	-21.6723	4.0478	-53.0566	-12.0756	-21.6723
76	V 982 PID.mol	-21.6478	0.8001	-3.2409	-12.1338	-21.6478
77	V 1159 YDH.mo	-21.6042	3.0214	-22.4739	-8.7680	-21.6042
78	V 338 HLK.mol	-21.5776	1.4212	4.8023	-9.7220	-21.5776
79	V 1126 WRR.mo	-21.5062	3.8033	-22.6288	-8.7924	-21.5062
80	V 1056 LRH.mo	-21.5041	3.4803	-13.0854	-8.7456	-21.5041
81	V 1235 PEH.mo	-21.4916	1.2615	-19.6956	-10.4010	-21.4916
82	V 811 YAH.mol	-21.4560	3.9752	-55.7505	-8.7213	-21.4560
83	V 130 LEG.mol	-21.4500	2.8000	-19.3299	-9.5340	-21.4500
84	V 605 LFR.mol	-21.4148	4.3641	-75.9463	-9.6997	-21.4148
85	V 50 AEP.mol	-21.3646	3.3001	-57.8600	-8.7609	-21.3646
86	V 1105 FER.mo	-21.3479	3.0096	-58.3170	-10.4181	-21.3479
87	V 824 YMK.mol	-21.3444	3.2043	-44.7406	-9.5220	-21.3444
88	V 594 IME.mol	-21.3336	2.9908	-48.0442	-11.4345	-21.3336
89	V 476 KRD.mol	-21.3301	2.6503	-47.4055	-11.7802	-21.3301
90	V 325 RPE.mol	-21.2778	1.8002	-31.6042	-10.8140	-21.2778
91	V 171 FRF.mol	-21.2525	3.7445	-45.7285	-10.7356	-21.2525
92	V 616 LWH.mol	-21.1707	2.6120	-24.2954	-9.2546	-21.1707
93	V 519 AGH.mol	-21.1688	0.5817	-67.7409	-8.9233	-21.1688
94	V 739 FGD.mol	-21.1683	3.7469	-22.7999	-9.6695	-21.1683
95	V 1068 LKD.mo	-21.1598	2.1597	-42.8502	-9.4012	-21.1598
96	V 1058 LKH.mo	-21.1224	2.9388	-53.3844	-9.2006	-21.1224
97	V 751 WAR.mol	-21.0741	2.6003	-42.6212	-8.7775	-21.0741
98	V 867 VYH.mol	-21.0311	2.3888	-13.5820	-8.9378	-21.0311
99	V 634 LMD.mol	-20.9975	1.7812	-35.2125	-8.9320	-20.9975
100	V 292 RYH.mol	-20.9818	3.2463	-56.1713	-9.8142	-20.9818
101	V 598 IVE.mol	-20.9690	1.0568	3.4696	-8.7098	-20.9690
102	V 228 YKY.mol	-20.9341	2.7439	-49.6023	-13.0180	-20.9341
103	V 670 MPH.mol	-20.9131	2.8217	-48.9550	-9.7527	-20.9131
104	V 1041 IRD.mo	-20.8773	1.5667	-33.3330	-10.2151	-20.8773

	mol	S	E conf	E place	E score1	E refine
105	V 838 YVD.mol	-20.8724	4.5319	-60.3660	-10.3283	-20.8724
106	V 204 WDW.mol	-20.8152	2.6000	-18.7614	-8.5203	-20.8152
107	V 978 PVK.mol	-20.8084	3.8000	-70.5546	-9.3085	-20.8084
108	V 1257 IH.mol	-20.8033	1.3325	-71.9237	-9.4754	-20.8033
109	V 557 IYR.mol	-20.7825	3.4167	-45.0319	-8.4411	-20.7825
110	V 542 AIE.mol	-20.7667	3.4039	-70.2636	-8.5567	-20.7667
111	V 881 VAD.mol	-20.7287	1.9466	-32.4227	-9.0216	-20.7287
112	V 723 FLK.mol	-20.7158	1.3780	-66.0812	-9.1240	-20.7158
113	V 1136 WRK.mo	-20.6860	1.8000	-54.0747	-9.5759	-20.6860
114	V 66 IRF.mol	-20.6474	4.0148	-32.7684	-7.9363	-20.6474
115	V 724 FMK.mol	-20.6455	3.1993	-65.4141	-8.8372	-20.6455
116	V 514 AMH.mol	-20.6344	2.9541	-27.6213	-10.1272	-20.6344
117	V 943 GLE.mol	-20.6334	3.8738	-73.8343	-11.2258	-20.6334
118	V 305 RPK.mol	-20.6253	3.0000	-62.3742	-10.9208	-20.6253
119	V 708 FVR.mol	-20.6060	3.7956	-69.3709	-8.6107	-20.6060
120	V 274 PDF.mol	-20.5996	1.0000	-53.1279	-8.2495	-20.5996
121	V 694 MME.mol	-20.5501	3.8051	-13.2093	-9.0819	-20.5501
122	V 1121 FRE.mo	-20.5403	3.9826	-48.5180	-9.2262	-20.5403
123	V 428 RKR.mol	-20.4955	4.3418	-37.6925	-9.5254	-20.4955
124	V 756 WWR.mol	-20.3683	2.7435	-39.4820	-7.8401	-20.3683
125	V 67 IHF.mol	-20.3654	0.6993	-48.0652	-11.3531	-20.3654
126	V 524 AMK.mol	-20.3462	1.6000	-24.0192	-8.7138	-20.3462
127	V 446 RRE.mol	-20.3430	3.7955	-11.8765	-9.1892	-20.3430
128	V 614 LMH.mol	-20.3016	3.4368	-67.7256	-9.2498	-20.3016
129	V 24 ADF.mol	-20.2828	3.6000	-37.1143	-9.6384	-20.2828
130	V 816 YWH.mol	-20.2603	1.9598	-49.3205	-8.0111	-20.2603
131	V 467 HHE.mol	-20.2582	2.4332	-73.8981	-10.0798	-20.2582
132	V 143 MKF.mol	-20.2081	3.9561	-45.5042	-9.2765	-20.2081
133	V 178 FKW.mol	-20.1830	3.0173	-63.1496	-8.5353	-20.1830
134	V 1139 WDK.mo	-20.1812	3.1999	-74.1809	-9.7176	-20.1812
135	V 1023 AKE.mo	-20.1322	2.8114	-48.3587	-11.1495	-20.1322
136	V 360 HFE.mol	-20.1082	2.9559	-93.2923	-13.0275	-20.1082
137	V 719 FGH.mol	-20.1050	1.8000	-55.2219	-8.8331	-20.1050
138	V 1158 YKH.mo	-20.0935	3.8063	-53.3255	-9.0211	-20.0935
139	V 301 RWK.mol	-20.0929	2.9416	-34.5071	-8.4428	-20.0929
140	V 278 RLR.mol	-20.0856	1.8319	-25.3120	-8.4598	-20.0856
141	V 709 FGR.mol	-20.0482	2.4015	-67.4639	-10.4169	-20.0482
142	V 889 VGD.mol	-20.0364	2.7656	-45.5972	-9.6822	-20.0364
143	V 1066 LRD.mo	-20.0266	1.7948	-67.9769	-12.1272	-20.0266
144	V 1238 PKK.mo	-19.9925	2.6000	-44.8177	-11.8618	-19.9925
145	V 232 YHV.mol	-19.9652	2.4000	-47.4898	-12.4473	-19.9652
146	V 736 FWD.mol	-19.9331	3.1254	-37.0714	-8.7691	-19.9331
147	V 1137 WHK.mo	-19.8985	2.5513	-52.9209	-8.2149	-19.8985
148	V 10 AEI.mol	-19.8911	1.2000	-16.6530	-15.2705	-19.8911
149	V 617 LYH.mol	-19.8828	3.4527	-3.3062	-9.1419	-19.8828
150	V 103 LKM.mol	-19.8778	3.6417	-45.9885	-10.8684	-19.8778
151	V 1001 ARR.mo	-19.8687	3.3981	-48.8481	-9.4985	-19.8687
152	V 912 GIH.mol	-19.8169	1.7845	-40.8043	-9.5581	-19.8169
153	V 764 WMH.mol	-19.7917	3.8352	-54.7029	-8.8128	-19.7917
154	V 1147 WHE.mo	-19.7736	4.0999	-46.9235	-8.9026	-19.7736
155	V 1273 FK.mol	-19.7590	3.3534	-12.5596	-12.7822	-19.7590
156	V 329 HMH.mol	-19.7347	4.5974	-84.5070	-10.7205	-19.7347

	mol	S	E conf	E place	E score1	E refine
157	V 819 YGH.mol	-19.7308	1.8019	-50.7096	-9.1853	-19.7308
158	V 1086 MRK.mo	-19.7259	3.6134	-7.4233	-9.1023	-19.7259
159	V 602 LIR.mol	-19.7244	3.4000	-28.7080	-8.7566	-19.7244
160	V 290 RFH.mol	-19.7067	2.6015	-36.8488	-11.0628	-19.7067
161	V 639 LGD.mol	-19.7020	1.9669	-32.3729	-10.7712	-19.7020
162	V 1288 VK.mol	-19.6640	2.3985	-50.0913	-9.6991	-19.6640
163	V 1062 LHK.mo	-19.6435	3.0296	-40.0031	-9.1762	-19.6435
164	V 115 LEW.mol	-19.6081	3.8266	-41.0870	-9.2079	-19.6081
165	V 655 MFR.mol	-19.6039	2.4000	7.1080	-8.6928	-19.6039
166	V 1088 MKK.mo	-19.5996	2.2382	7.8582	-8.8283	-19.5996
167	V 916 GWH.mol	-19.5965	0.5995	-92.5720	-8.7748	-19.5965
168	V 126 LRG.mol	-19.5527	2.7699	-38.3131	-10.2061	-19.5527
169	V 362 HYE.mol	-19.5165	3.3756	-76.4853	-11.1601	-19.5165
170	V 1271 FR.mol	-19.5060	3.6368	-32.2012	-9.3910	-19.5060
171	V 281 RWR.mol	-19.4891	2.7874	-9.3526	-8.1237	-19.4891
172	V 331 HWH.mol	-19.4790	2.3960	-62.1789	-10.4146	-19.4790
173	V 931 GAD.mol	-19.4743	2.3167	-37.9013	-9.1149	-19.4743
174	V 777 WYK.mol	-19.4739	2.8083	-15.1219	-9.7957	-19.4739
175	V 648 LVE.mol	-19.4724	2.2094	-28.2459	-12.3250	-19.4724
176	V 491 DRE.mol	-19.4673	3.4000	-47.5077	-9.4634	-19.4673
177	V 1103 FKR.mo	-19.4649	2.8000	-23.0286	-9.7457	-19.4649
178	V 1131 WRH.mo	-19.4490	1.9541	-4.6924	-8.8103	-19.4490
179	V 527 AYK.mol	-19.4476	1.4000	-29.6734	-9.3272	-19.4476
180	V 356 HAE.mol	-19.4449	3.2000	-58.3624	-14.2247	-19.4449
181	V 1021 ARE.mo	-19.4166	1.4000	-42.9739	-9.8566	-19.4166
182	V 610 LPR.mol	-19.4071	3.0372	-14.7501	-9.5792	-19.4071
183	V 68 IKF.mol	-19.3894	2.3997	-42.5956	-8.6507	-19.3894
184	V 1241 PRD.mo	-19.3869	0.8000	-59.1710	-14.1467	-19.3869
185	V 765 WFH.mol	-19.3851	4.0001	-63.3149	-8.4706	-19.3851
186	V 1118 FKD.mo	-19.3732	4.6744	-48.0134	-10.5313	-19.3732
187	V 1148 WKE.mo	-19.3548	3.9984	-0.9789	-10.0841	-19.3548
188	V 241 YRP.mol	-19.3224	1.8000	-56.0257	-11.4410	-19.3224
189	V 1236 PRK.mo	-19.3021	3.0130	-52.6940	-12.7921	-19.3021
190	V 221 WRP.mol	-19.2936	3.6031	-43.9286	-8.3977	-19.2936
191	V 226 YRY.mol	-19.2785	4.0077	-66.2505	-9.7308	-19.2785
192	V 821 YAK.mol	-19.2772	3.8016	6.6544	-10.1666	-19.2772
193	V 1107 FHH.mo	-19.2765	2.3596	-65.8225	-9.0042	-19.2765
194	V 689 MGD.mol	-19.2530	2.5498	-47.1475	-9.8130	-19.2530
195	V 209 WDY.mol	-19.2511	2.6101	-53.3414	-9.2562	-19.2511
196	V 809 YGR.mol	-19.2380	2.0019	-51.0823	-10.5348	-19.2380
197	V 1116 FRD.mo	-19.2276	4.0578	-71.6651	-9.4937	-19.2276
198	V 27 AHW.mol	-19.2076	4.0000	-87.8715	-9.6520	-19.2076
199	V 558 IVR.mol	-19.1964	3.3458	-66.5091	-9.6969	-19.1964
200	V 883 VLD.mol	-19.1876	2.7405	-55.7066	-8.7969	-19.1876
201	V 256 VRP.mol	-19.1844	2.0001	5.6779	-11.5311	-19.1844
202	V 458 HKK.mol	-19.1619	3.4000	-41.5151	-9.1802	-19.1619
203	V 1110 FEH.mo	-19.1335	2.7988	-8.2909	-9.0079	-19.1335
204	V 801 YAR.mol	-19.1065	3.2096	-42.9672	-10.1334	-19.1065
205	V 145 MEF.mol	-19.1041	2.8068	8.9760	-12.1726	-19.1041
206	V 1040 IEK.mo	-19.0868	2.8000	-30.7656	-10.7884	-19.0868
207	V 922 GIK.mol	-19.0435	2.8364	-27.6711	-8.5861	-19.0435
208	V 284 RGR.mol	-19.0280	3.2007	-77.3055	-10.2770	-19.0280

	mol	S	E_conf	E_place	E_score1	E_refine
1301	V 1314 ED.mol	-7.0225	2.4213	-33.4142	-11.2926	-7.0225
1302	V 124 LDV.mol	-6.9884	2.5998	-33.1821	-9.8815	-6.9884
1303	V 37 AHV.mol	-6.8630	2.6061	-56.1014	-8.4546	-6.8630
1304	V 1252 AH.mol	-6.7258	1.6000	-76.0824	-9.2399	-6.7258
1305	V 981 PAD.mol	-6.4578	1.2000	-32.6800	-10.1987	-6.4578
1306	V 132 LHP.mol	-6.4203	2.7464	-46.3722	-8.8794	-6.4203
1307	V 164 MDG.mol	-6.3741	2.0000	-34.7234	-10.2717	-6.3741
1308	V 264 GDG.mol	-6.2327	0.8981	-18.1481	-10.8982	-6.2327
1309	V 693 MLE.mol	-6.0445	3.1962	-36.1744	-9.8028	-6.0445
1310	V 523 ALK.mol	-5.9701	3.2082	-26.2297	-9.4144	-5.9701
1311	V 25 AEF.mol	-5.9201	2.2161	-29.0773	-10.2266	-5.9201
1312	V 538 AVD.mol	-5.9118	2.0364	-64.8304	-10.4493	-5.9118
1313	V 545 AFE.mol	-5.8848	2.2064	-50.9241	-9.4228	-5.8848
1314	V 194 FDG.mol	-5.6166	3.4307	-27.0864	-10.2304	-5.6166
1315	V 1069 LDD.mo	-5.4524	3.3454	-22.4574	-10.2320	-5.4524
1316	V 1317 H.mol	-5.0166	3.0000	-50.7318	-10.4465	-5.0166
1317	V 421 EWE.mol	-4.9404	3.0885	-31.4452	-9.5979	-4.9404
1318	V 1024 ADE.mo	-4.7319	2.5396	-37.5585	-10.4190	-4.7319
1319	V 45 AEG.mol	-4.6295	0.4000	-68.1079	-15.0294	-4.6295
1320	V 1319 D.mol	-3.9193	0.4000	-52.4561	-12.2561	-3.9193
1321	V 43 AKG.mol	-3.5560	3.4000	-49.9809	-10.4760	-3.5560

Screening 100 ligan

	mol	S	E_conf	E_place	E_score1	E_refine
1	V 151 MRY.mol	-36.4460	2.7959	-16.8245	-9.6640	-36.4460
2	V 1171 YRE.mo	-32.8756	2.1849	-53.9141	-14.7433	-32.8756
3	V 937 GYD.mol	-27.8265	1.5342	-35.3232	-10.5240	-27.8265
4	V 113 LKW.mol	-27.4939	3.6392	-55.2599	-12.8165	-27.4939
5	V 112 LHW.mol	-27.0565	1.6515	-26.5374	-9.4882	-27.0565
6	V 148 MKW.mol	-26.8988	2.4615	-64.0115	-12.6476	-26.8988
7	V 673 MLK.mol	-25.9169	2.9560	-52.4693	-9.5615	-25.9169
8	V 17 AHM.mol	-25.8896	3.4000	-55.1448	-12.7267	-25.8896
9	V 759 WGR.mol	-25.4850	2.6079	-36.3713	-8.8494	-25.4850
10	V 1121 FRE.mo	-25.0970	3.6273	-34.5430	-10.5043	-25.0970
11	V 1211 GRK.mo	-24.3620	2.0096	-31.1834	-11.2434	-24.3620
12	V 171 FRF.mol	-24.1351	3.8000	-31.9231	-9.8435	-24.1351
13	V 1031 IRH.mo	-23.9602	2.9222	-45.2474	-10.7759	-23.9602
14	V 778 WVK.mol	-23.7714	3.0303	-49.0774	-14.3356	-23.7714
15	V 557 IYR.mol	-23.7020	2.4073	-49.8215	-9.1019	-23.7020
16	V 27 AHW.mol	-23.5229	3.6543	-57.6584	-10.1674	-23.5229
17	V 823 YLK.mol	-23.5021	3.9673	-35.9665	-11.0204	-23.5021
18	V 757 WYR.mol	-23.0493	3.0807	-84.7102	-10.3629	-23.0493
19	V 312 RYD.mol	-22.9619	2.4000	-35.3971	-11.2668	-22.9619
20	V 1111 FRK.mo	-22.9336	3.4050	-26.3216	-9.8184	-22.9336
21	V 1108 FKH.mo	-22.8246	2.4052	12.9798	-10.2842	-22.8246
22	V 704 FMR.mol	-22.6971	2.9571	-11.6496	-9.6273	-22.6971
23	V 1181 VRH.mo	-22.5858	0.6000	-54.8119	-12.0141	-22.5858
24	V 774 WMK.mol	-22.5336	3.2828	-19.0430	-11.1080	-22.5336
25	V 1241 PRD.mo	-22.5007	3.4000	-57.8606	-12.6499	-22.5007
26	V 242 YHP.mol	-22.4340	2.4089	-45.1994	-10.2196	-22.4340
27	V 228 YKY.mol	-22.2812	2.8150	-10.7534	-13.6303	-22.2812
28	V 854 VMR.mol	-22.0755	3.8091	-10.5741	-10.2653	-22.0755
29	V 839 YGD.mol	-22.0619	2.8044	-49.0876	-11.1116	-22.0619
30	V 187 FHV.mol	-21.9008	2.9817	-47.6948	-9.1967	-21.9008
31	V 1091 MRD.mo	-21.7933	0.5271	-64.0267	-10.4784	-21.7933
32	V 701 FAR.mol	-21.5860	3.2000	1.4670	-10.4613	-21.5860
33	V 816 YWH.mol	-21.5088	1.9613	-65.5461	-9.5260	-21.5088
34	V 183 FKY.mol	-21.2809	3.4477	-62.1609	-10.3878	-21.2809
35	A5 standard K	-21.1948	1.8000	-7.3576	-8.3450	-21.1948
36	V 431 RRH.mol	-21.1812	2.6614	-38.7734	-10.2229	-21.1812
37	V 1131 WRH.mo	-21.1746	2.8564	-60.3450	-8.7891	-21.1746
38	V 1226 PRR.mo	-21.1396	3.3118	-38.2761	-11.7138	-21.1396
39	V 1071 LRE.mo	-20.9018	1.8042	-26.5631	-11.1369	-20.9018
40	V 789 WGD.mol	-20.8374	3.6567	-32.7916	-10.7559	-20.8374
41	V 232 YHV.mol	-20.7301	3.6508	-30.2292	-13.1073	-20.7301
42	V 907 GYR.mol	-20.6494	2.6035	-100.2160	-12.6530	-20.6494
43	V 722 FIK.mol	-20.5626	2.9084	-43.2155	-9.1312	-20.5626
44	V 1044 IDD.mo	-20.4909	2.9533	-69.2736	-10.4747	-20.4909
45	V 825 YFK.mol	-20.4159	2.4000	-4.8827	-9.9413	-20.4159
46	V 451 HRH.mol	-20.2258	1.9948	-19.0649	-14.8687	-20.2258
47	V 1116 FRD.mo	-20.1957	2.2468	-44.7876	-10.3639	-20.1957
48	V 116 LRY.mol	-19.7817	2.5934	-68.0209	-10.8081	-19.7817
49	V 173 FKF.mol	-19.6851	3.0562	-39.5638	-10.5261	-19.6851
50	V 1056 LRH.mo	-19.5561	3.2371	-18.6126	-9.6533	-19.5561
51	V 811 YAH.mol	-19.4340	3.3897	-26.4372	-10.7168	-19.4340
52	V 1048 IKE.mo	-19.4326	2.3927	9.6319	-15.7535	-19.4326
53	V 1303 HH.mol	-19.3735	1.8554	-40.8459	-10.4356	-19.3735

	mol	S	E_conf	E_place	E_score1	E_refine
54	V 50 AEP.mol	-19.3435	3.0053	-31.2235	-11.0679	-19.3435
55	V 586 IWD.mol	-19.2931	1.0224	-44.5587	-11.3313	-19.2931
56	V 755 WFR.mol	-19.2537	3.2869	-17.0710	-8.3651	-19.2537
57	V 801 YAR.mol	-19.1990	3.2053	-6.6688	-9.0409	-19.1990
58	V 486 DRD.mol	-19.1085	2.2136	2.5965	-10.9958	-19.1085
59	V 1198 VKE.mo	-19.0967	4.4019	-19.8815	-10.1859	-19.0967
60	V 325 RPE.mol	-19.0161	3.0000	-47.0118	-11.1072	-19.0161
61	V 363 HVE.mol	-18.8550	2.6709	-33.5345	-11.3600	-18.8550
62	V 821 YAK.mol	-18.5869	3.0040	-41.0303	-15.4284	-18.5869
63	V 1126 WRR.mo	-18.5744	4.0000	-27.2693	-10.3915	-18.5744
64	V 726 FWK.mol	-18.4902	3.5357	19.3039	-10.3364	-18.4902
65	V 1106 FRH.mo	-18.4390	2.0000	-42.3232	-9.1652	-18.4390
66	V 1123 FKE.mo	-18.0985	4.4000	-40.9105	-9.8841	-18.0985
67	V 197 FHP.mol	-18.0808	2.9985	-62.5011	-11.0399	-18.0808
68	V 178 FKW.mol	-17.8778	3.5040	-55.5570	-9.4680	-17.8778
69	V 762 WIH.mol	-17.8740	3.4097	19.6130	-9.2687	-17.8740
70	V 798 WVE.mol	-17.7818	2.6000	-17.8250	-8.4999	-17.7818
71	C6 standard W	-17.7006	1.4000	-41.3422	-9.2609	-17.7006
72	V 67 IHF.mol	-17.5133	2.0554	-79.8758	-9.4612	-17.5133
73	V 1132 WHH.mo	-17.4960	2.6106	-74.5158	-8.5700	-17.4960
74	V 751 WAR.mol	-17.1999	3.6163	-22.8030	-9.3199	-17.1999
75	V 668 MVH.mol	-17.1604	2.2000	2.2229	-8.0720	-17.1604
76	V 809 YGR.mol	-16.8200	2.5991	-12.4880	-10.0034	-16.8200
77	V 802 YIR.mol	-16.6599	2.8619	-14.7109	-9.4729	-16.6599
78	V 792 WIE.mol	-16.5702	1.0566	-43.5463	-9.3300	-16.5702
79	V 1104 FDR.mo	-16.5607	1.2000	10.9761	-9.5294	-16.5607
80	V 709 FGR.mol	-16.2925	2.0011	-25.8015	-9.4950	-16.2925
81	V 605 LFR.mol	-16.0643	3.3648	-69.2715	-9.8432	-16.0643
82	V 342 HYK.mol	-16.0177	3.1787	-20.3796	-10.3304	-16.0177
83	V 176 FRW.mol	-15.5605	3.8535	-32.2524	-9.0036	-15.5605
84	V 794 WME.mol	-15.4561	2.4086	-54.7567	-12.0251	-15.4561
85	V 1184 VDH.mo	-15.3643	2.2612	-78.0271	-8.8828	-15.3643
86	A4 standard K	-15.1448	2.4000	-35.9714	-8.9764	-15.1448
87	V 868 VVH.mol	-14.8180	1.2000	15.2445	-11.8993	-14.8180
88	V 651 MAR.mol	-14.8166	2.4111	-23.6469	-9.7225	-14.8166
89	V 1271 FR.mol	-14.7939	3.3786	-54.3351	-11.3025	-14.7939
90	V 1007 AHH.mo	-14.7807	1.2181	-53.8264	-10.9726	-14.7807
91	V 776 WWK.mol	-14.7444	2.4000	-11.5635	-9.9704	-14.7444
92	NITD448 stand	-14.4286	0.9247	-40.8932	-8.8591	-14.4286
93	V 665 MFH.mol	-14.3963	2.4197	-27.2766	-8.6430	-14.3963
94	V 1204 GDR.mo	-14.3826	2.2939	-56.6599	-12.8791	-14.3826
95	R1 standard Y	-14.1505	0.0000	-34.9251	-8.1788	-14.1505
96	V 1059 LDH.mo	-13.7946	2.2000	-22.9212	-10.2674	-13.7946
97	V 507 AYR.mol	-13.6792	3.4005	-38.3087	-10.9963	-13.6792
98	V 808 YVR.mol	-13.0484	2.5546	-5.3008	-10.1307	-13.0484
99	V 106 LRF.mol	-13.0141	3.8130	20.7254	-13.1169	-13.0141
100	V 428 RKR.mol	-12.6247	2.2064	-10.5931	-10.3990	-12.6247
101	V 1168 YKD.mo	-12.2143	3.4226	-43.7269	-10.5894	-12.2143
102	V 338 HLK.mol	-11.0545	3.4147	-62.8633	-10.4227	-11.0545
103	V 22 AHF.mol	-9.9577	2.8757	-64.6749	-10.9691	-9.9577
104	V 237 YHG.mol	-9.8298	2.3611	-61.2031	-8.4546	-9.8298
105	V 216 WRG.mol	-7.3158	2.0001	-35.4926	-10.3977	-7.3158

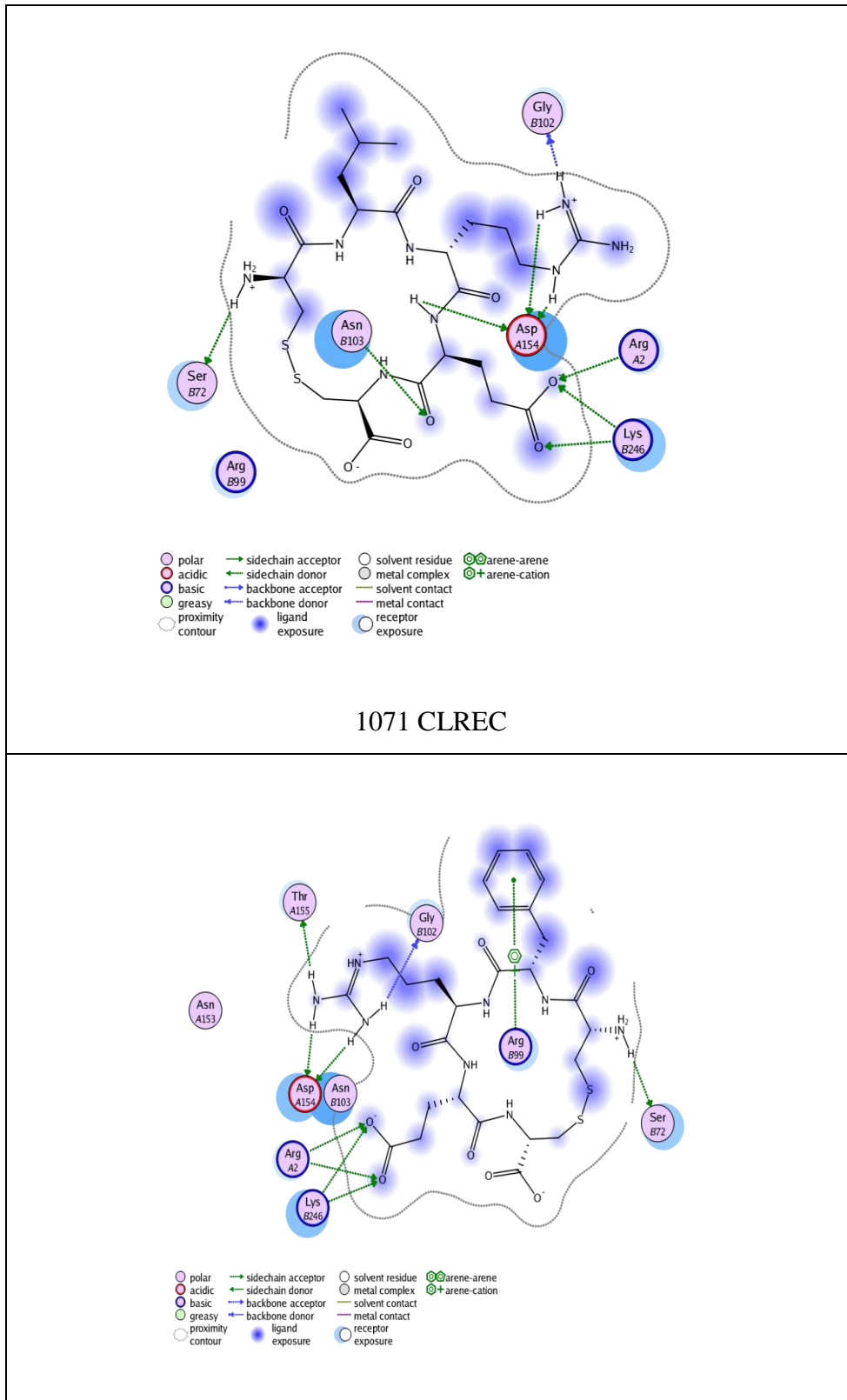
Screening 20 ligan

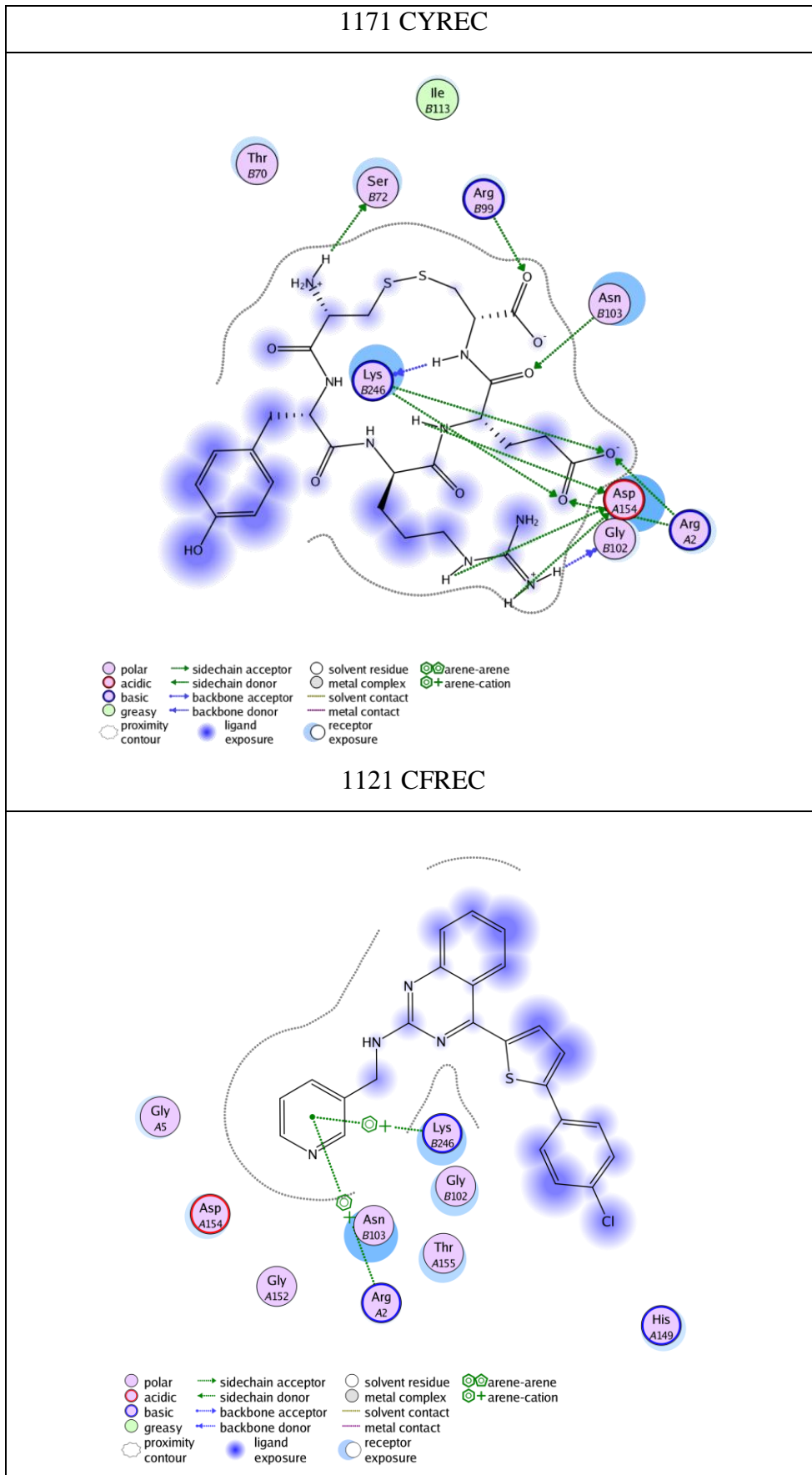
	mol	S	E_conf	E_place	E_score1	E_refine
1	V 17 AHM.mol	-30.1673	3.6000	-42.2953	-11.2430	-30.1673
2	V 197 FHP.mol	-28.2863	3.6139	-59.1507	-10.1002	-28.2863
3	V 113 LKW.mol	-28.0373	2.2423	-26.4907	-11.0512	-28.0373
4	V 937 GYD.mol	-26.8053	2.9401	-38.4871	-10.2463	-26.8053
5	V 1171 YRE.mo	-26.3028	3.9929	-45.1558	-8.3899	-26.3028
6	V 1241 PRD.mo	-25.4647	1.6000	-19.3476	-10.9627	-25.4647
7	V 1198 VKE.mo	-25.3761	0.7985	-37.8284	-11.9605	-25.3761
8	V 1071 LRE.mo	-24.6525	4.2088	-67.7971	-8.3075	-24.6525
9	V 1211 GRK.mo	-24.3726	2.0099	-32.8218	-9.4192	-24.3726
10	V 1031 IRH.mo	-23.3197	2.1968	-46.5258	-10.6874	-23.3197
11	V 151 MRY.mol	-22.5462	3.4405	-35.9656	-10.0982	-22.5462
12	V 1121 FRE.mo	-22.0487	3.6303	6.8646	-8.2126	-22.0487
13	V 176 FRW.mol	-21.9389	3.2139	30.4301	-7.4107	-21.9389
14	V 821 YAK.mol	-21.7854	3.4016	-20.7793	-8.4075	-21.7854
15	V 242 YHP.mol	-21.6489	3.6188	-31.2887	-10.7147	-21.6489
16	V 171 FRF.mol	-21.3950	1.8010	-41.3964	-10.3836	-21.3950
17	V 1181 VRH.mo	-21.3025	4.0563	-41.9909	-7.6447	-21.3025
18	NITD448 stand	-20.6235	2.6000	-21.4745	-9.3322	-20.6235
19	C6 standard W	-18.8847	1.4000	-76.9040	-8.5691	-18.8847
20	V 907 GYR.mol	-18.6808	3.6000	-42.3582	-9.5144	-18.6808
21	V 216 WRG.mol	-16.7277	2.6001	-22.1226	-8.1146	-16.7277
22	A4 standard K	-16.0379	1.4257	-47.4235	-8.2922	-16.0379
23	A5 standard K	-15.9152	2.6000	-40.1508	-7.6904	-15.9152
24	R1 standard Y	-15.1406	0.0000	-69.3481	-8.0594	-15.1406
25	V 1044 IDD.mo	-15.0466	2.5466	-52.5153	-10.5606	-15.0466

Screening 10 ligan

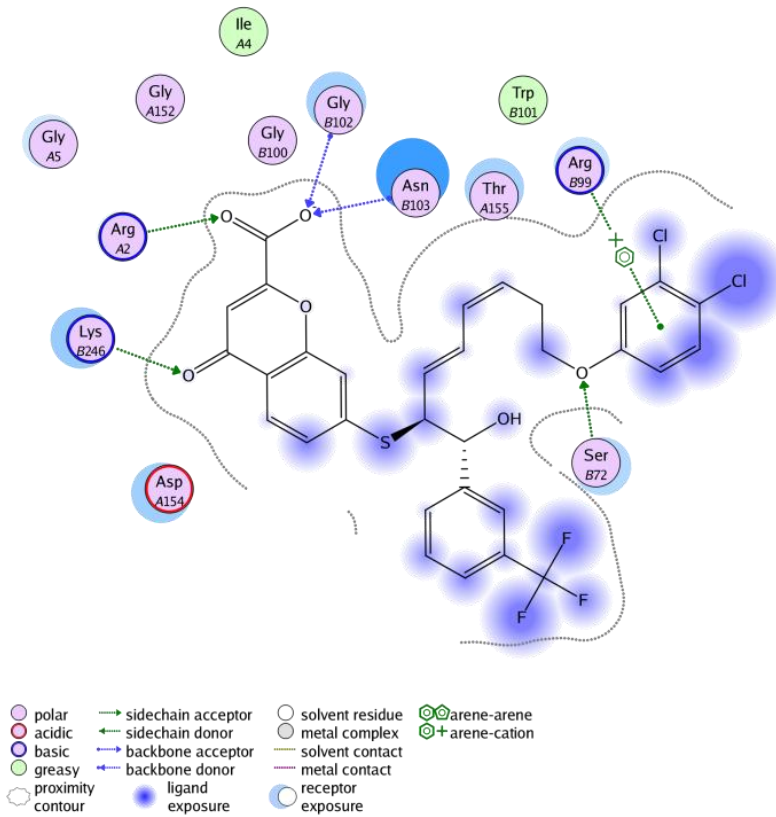
	mol	S	E_conf	E_place	E_score1	E_refine
1	V 1071 LRE.mo	-30.7284	2.4000	-49.8621	-10.8911	-30.7284
2	V 1171 YRE.mo	-30.3522	3.8564	16.0187	-7.8732	-30.3522
3	V 1121 FRE.mo	-28.8963	3.5999	-5.6225	-10.6418	-28.8963
4	V 1241 PRD.mo	-28.7541	2.6000	-56.6464	-13.4977	-28.7541
5	V 1181 VRH.mo	-25.4242	1.4001	-63.8575	-7.9634	-25.4242
6	V 242 YHP.mol	-24.8951	2.7910	-31.4355	-8.8881	-24.8951
7	V 197 FHP.mol	-24.0925	2.7984	-28.5651	-8.0530	-24.0925
8	V 1031 IRH.mo	-23.9211	2.5813	-54.1822	-11.8995	-23.9211
9	V 151 MRY.mol	-23.3069	1.9023	-20.2680	-7.9059	-23.3069
10	V 1211 GRK.mo	-20.4563	3.3829	-20.2025	-9.3160	-20.4563
11	C6 standard W	-19.4870	1.4000	-24.6062	-7.8391	-19.4870
12	NITD448 stand	-19.3088	2.4000	-14.6572	-8.6117	-19.3088
13	A5 standard K	-18.4387	1.2076	-49.4817	-7.6458	-18.4387
14	R1 standard Y	-15.0584	2.0000	-50.6939	-6.9063	-15.0584
15	A4 standard K	-13.6520	1.8000	-61.3233	-8.9489	-13.6520

Lampiran 9. Diagram interaksi ligan dengan protein *envelope* DENV pada simulasi *molecular docking*

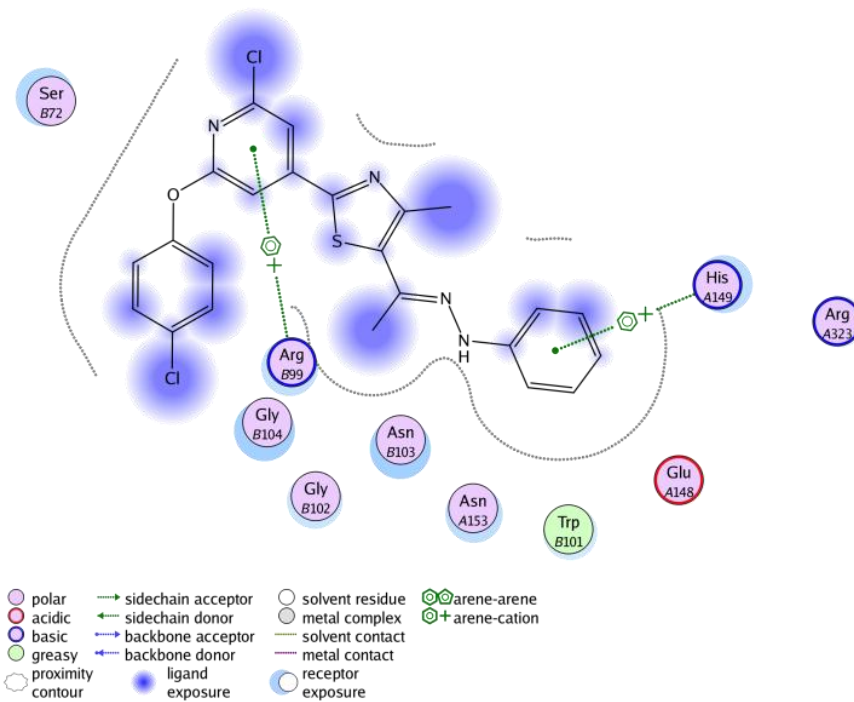


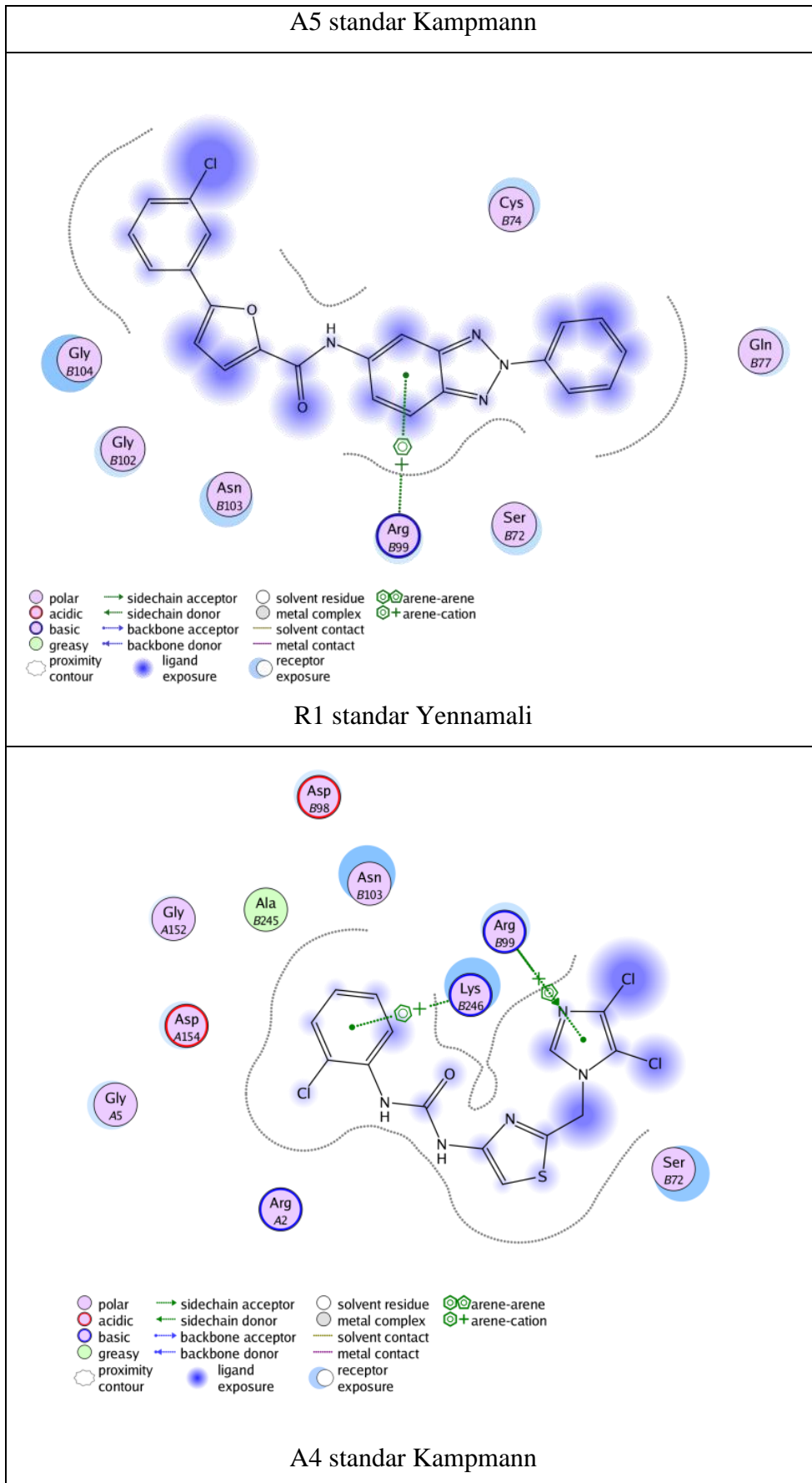


C6 standar Wang

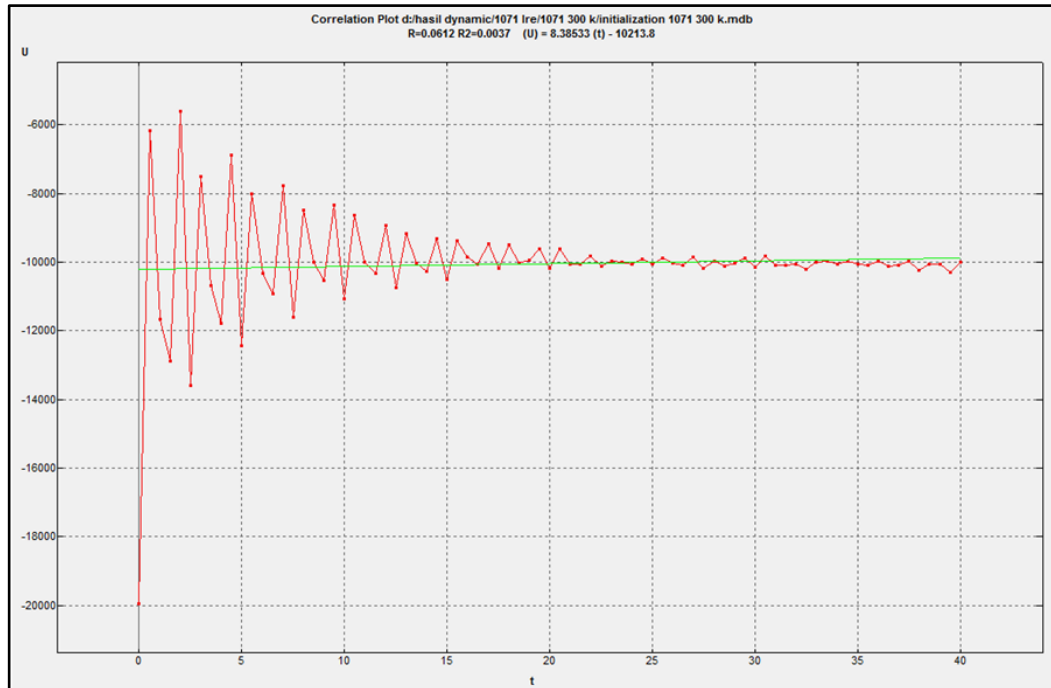


NITD448 standar Poh

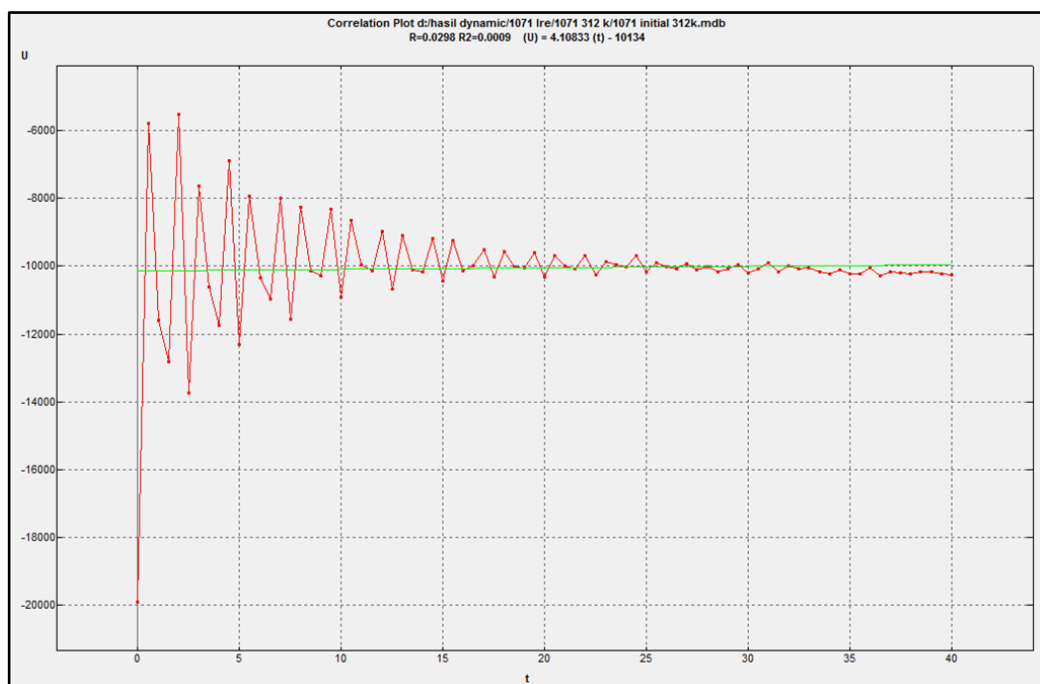




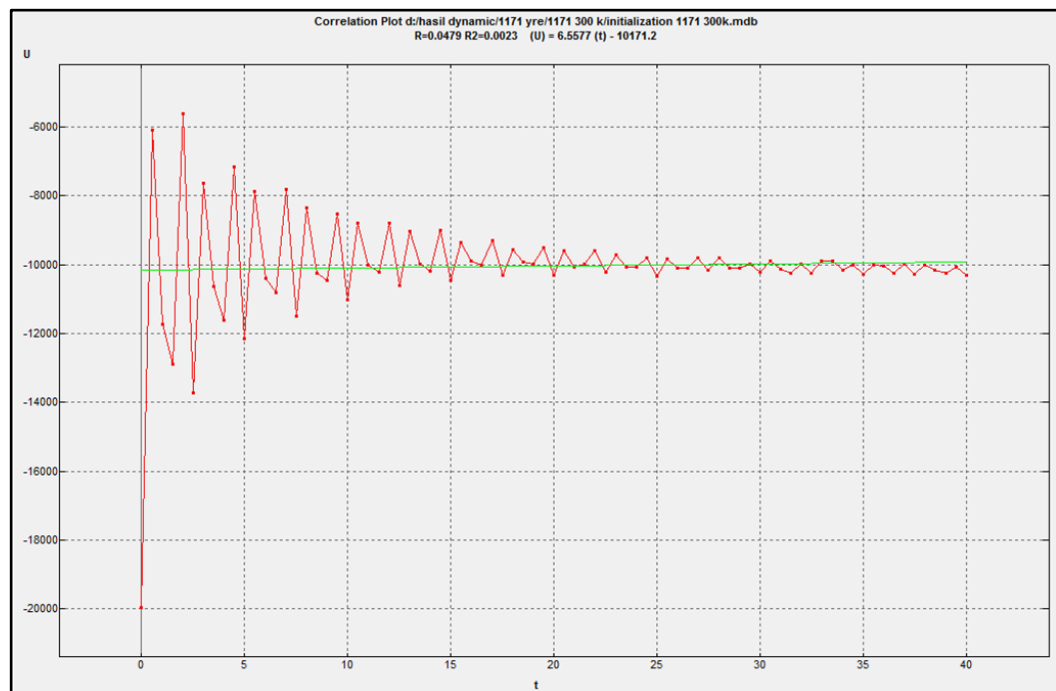
Lampiran 10. Grafik waktu inisialisasi vs energi potensial sistem total ketiga kompleks protein- ligan



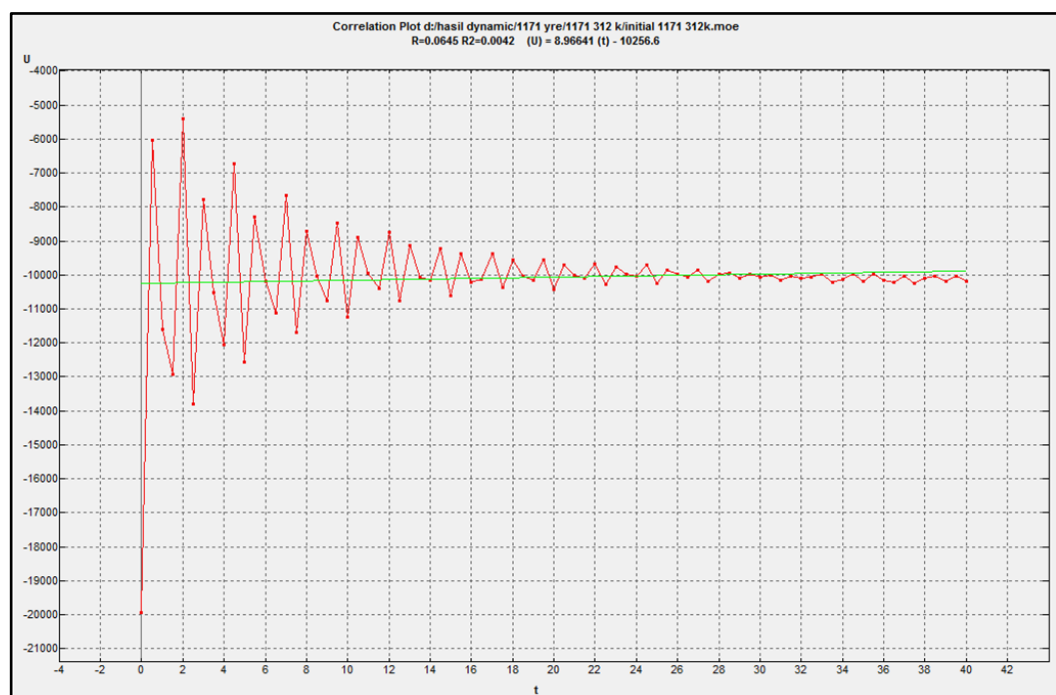
Inisialisasi 1071 CLREC pada suhu 300 K



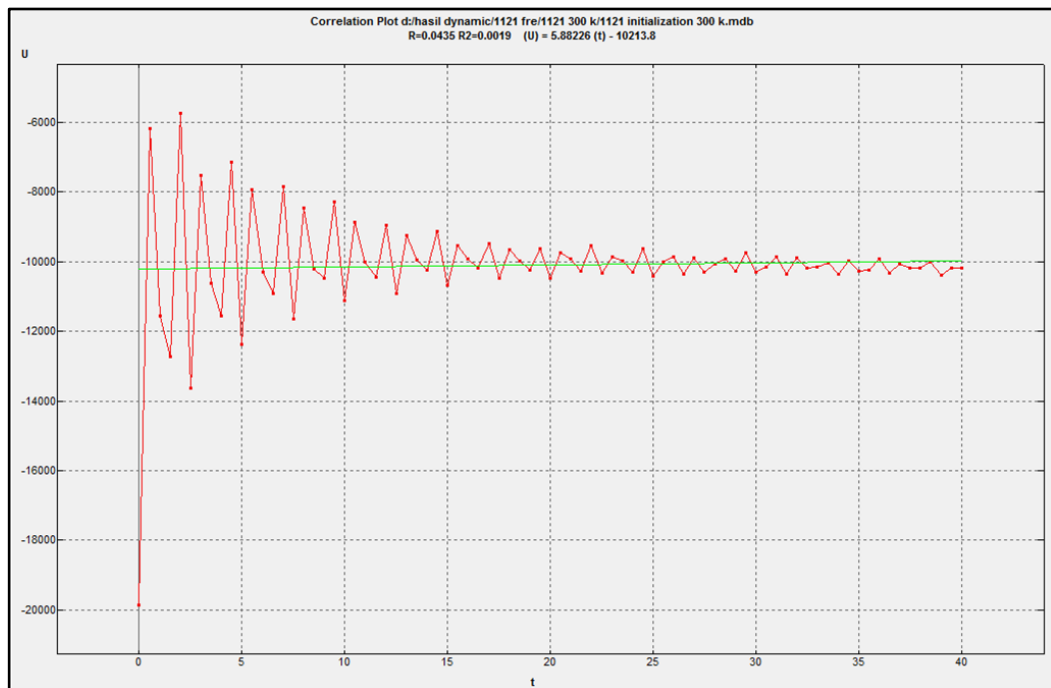
Inisialisasi 1071 CLREC pada suhu 312 K



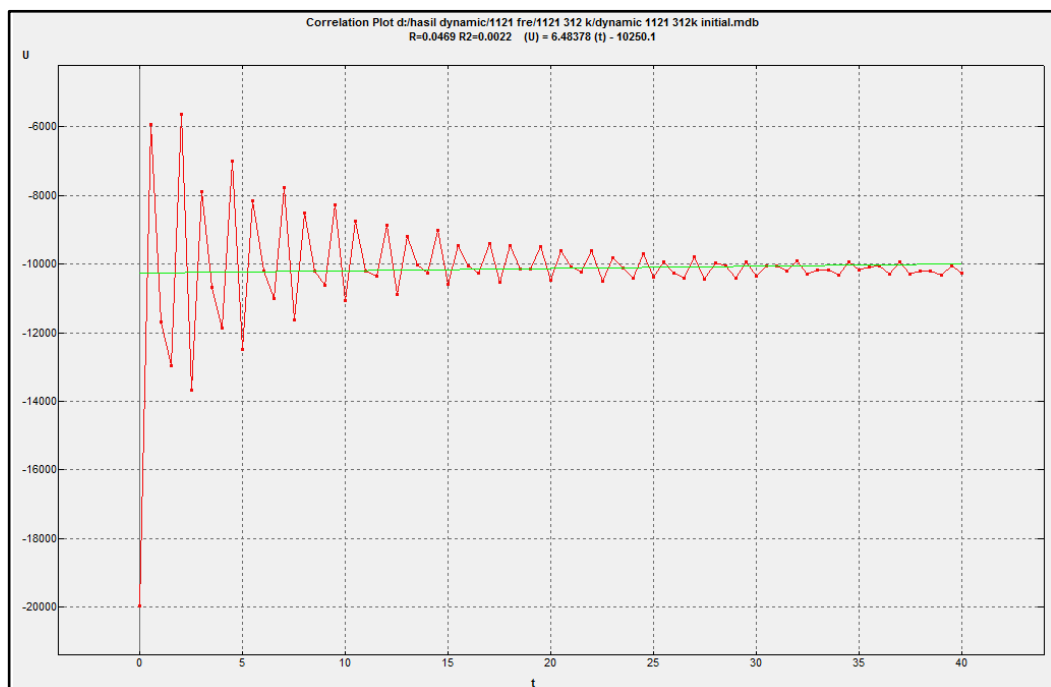
Inisialisasi 1171 CYREC pada suhu 300 K



Inisialisasi 1171 CYREC pada suhu 312 K



Inisialisasi 1121 CFREC pada suhu 300 K



Inisialisasi 1121 CFREC pada suhu 312 K

Lampiran 11. Data interaksi hidrogen ketiga kompleks protein-ligan pada simulasi *molecular dynamics*

1071 CLREC 300 K initial 40 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12344	OD 2337	ASP	154	10AN 1	H-don 18.2% 1.62
H	12356	O 2331	ASP	154	10AN 1	H-don 17.5% 1.72
O	12315	OG 7248	SER	72	10AN 2	H-acc 27.0% 2.74

1071 CLREC 300 K main 500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12318	O 7215	THR	70	10AN 2	H-don 42.0% 1.72
H	12355	OE 7237	GLU	71	10AN 2	H-don 36.8% 1.41
H	12341	OD 2337	ASP	154	10AN 1	H-don 62.3% 1.57
H	12344	OD 2337	ASP	154	10AN 1	H-don 32.3% 1.72
O	12308	NH 38	ARG	2	10AN 1	H-acc 31.4% 2.51
O	12315	OG 7248	SER	72	10AN 2	H-acc 43.6% 2.76
O	12305	NH 7680	ARG	99	10AN 2	H-acc 26.6% 2.70
O	12305	NH 7677	ARG	99	10AN 2	H-acc 20.1% 2.65
O	12315	NH 7680	ARG	99	10AN 2	H-acc 15.4% 2.48
O	12294	NZ 9936	LYS	246	10AN 2	H-acc 45.9% 2.68
O	12309	NZ 9936	LYS	246	10AN 2	H-acc 41.4% 2.45

1071 CLREC 300 K main 1000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12318	OE 7238	GLU	71	10AN 2	H-don 79.0% 1.49
H	12318	OE 7237	GLU	71	10AN 2	H-don 17.9% 2.33
H	12322	OD 7734	ASN	103	10AN 2	H-don 11.3% 2.02
H	12355	OD 7734	ASN	103	10AN 2	H-don 78.4% 1.74
H	12341	OD 2337	ASP	154	10AN 1	H-don 30.3% 1.62
H	12344	OD 2337	ASP	154	10AN 1	H-don 33.2% 1.58
O	12309	NH 38	ARG	2	10AN 1	H-acc 38.5% 2.48
O	12308	N 7647	ASP	98	10AN 2	H-acc 31.0% 2.91
O	12315	NH 7680	ARG	99	10AN 2	H-acc 54.1% 2.51

O 12315 NH 7677 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 18.0% 2.67
 O 12305 NZ 9936 **LYS 246** 1OAN 2 H-acc 40.8% 2.56

1071 CLREC 300 K main 1500 ps

ligand receptor residue chain type score distance

 H 12344 OE 746 GLU 49 1OAN 1 H-don 58.4% 1.68
 H 12355 OE 7238 GLU 71 1OAN 2 H-don 32.5% 1.45
 H 12343 OG 4198 SER 274 1OAN 1 H-don 63.4% 2.00
 H 12356 OG 4198 SER 274 1OAN 1 H-don 79.2% 1.67
 O 12308 NH 7680 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 36.1% 2.56
 O 12308 NE 7674 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 28.7% 2.70
 O 12314 NH 7677 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 40.6% 2.78
 O 12314 NH 7680 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 25.2% 2.51
 O 12309 NZ 9936 **LYS 246** 1OAN 2 H-acc 14.8% 2.60

1071 CLREC 300 K main 2000 ps

ligand receptor residue chain type score distance

 H 12317 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 69.9% 1.40
 H 12318 OD 7734 **ASN 103** 1OAN 2 H-don 68.2% 1.77
 H 12343 OG 4198 SER 274 1OAN 1 H-don 36.6% 2.09
 H 12356 OG 4198 SER 274 1OAN 1 H-don 68.7% 1.75
 O 12308 NH 7680 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 49.6% 2.65
 O 12308 NE 7674 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 26.1% 2.57
 O 12315 NH 7677 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 24.9% 2.62
 O 12315 NH 7680 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 11.8% 2.61
 O 12286 ND 2323 **ASN 153** 1OAN 1 H-acc 26.8% 2.84
 O 12309 NZ 9936 **LYS 246** 1OAN 2 H-acc 28.9% 2.57

1071 CLREC 300 K main 2500 ps

ligand receptor residue chain type score distance

 H 12355 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 55.7% 1.39
 H 12317 OD 7734 **ASN 103** 1OAN 2 H-don 46.6% 1.66
 O 12315 NZ 715 LYS 47 1OAN 1 H-acc 37.5% 2.48
 O 12308 NE 7674 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 65.8% 2.48
 O 12309 NZ 9936 **LYS 246** 1OAN 2 H-acc 13.3% 2.57

O 12314 NZ 9958 **LYS 247** 1OAN 2 H-acc 72.2% 2.47

1071 CLREC 300 K main 3000 ps

ligand receptor residue chain type score distance

 H 12355 OE 7238 GLU 71 1OAN 2 H-don 18.0% 1.41
 H 12317 O 7720 **GLY 102** 1OAN 2 H-don 46.4% 1.79
 O 12309 NH 7677 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 38.2% 2.56
 O 12286 NE 7703 **TRP 101** 1OAN 2 H-acc 17.2% 2.68
 O 12315 NZ 9958 **LYS 247** 1OAN 2 H-acc 49.0% 2.48

1071 CLREC 300 K main 3500 ps

ligand receptor residue chain type score distance

 H 12344 OD 9990 ASP 249 1OAN 2 H-don 65.8% 1.50
 H 12346 OD 9989 ASP 249 1OAN 2 H-don 28.7% 2.16
 H 12359 OD 9989 ASP 249 1OAN 2 H-don 46.3% 1.72
 H 12342 O 4183 SER 273 1OAN 1 H-don 29.0% 1.58
 H 12360 OG 4187 SER 273 1OAN 1 H-don 91.1% 1.69
 H 12342 O 4194 SER 274 1OAN 1 H-don 35.9% 2.28
 H 12345 O 4194 SER 274 1OAN 1 H-don 18.0% 1.50
 O 12294 NZ 715 LYS 47 1OAN 1 H-acc 14.0% 3.05
 O 12309 NZ 715 LYS 47 1OAN 1 H-acc 38.1% 2.52
 O 12310 NZ 776 LYS 51 1OAN 1 H-acc 44.4% 2.55
 O 12280 NH 7677 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 25.5% 2.67
 O 12310 OG 4198 SER 274 1OAN 1 H-acc 80.4% 2.69

1071 CLREC 300 K main 4000 ps

ligand receptor residue chain type score distance

 H 12343 OD 7734 **ASN 103** 1OAN 2 H-don 31.7% 2.00
 H 12341 OD 9990 ASP 249 1OAN 2 H-don 29.5% 1.79
 H 12344 OD 9990 ASP 249 1OAN 2 H-don 16.8% 1.69
 O 12305 NH 7680 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 29.9% 2.73
 O 12314 NZ 2377 LYS 157 1OAN 1 H-acc 80.7% 2.48
 O 12309 NZ 9958 **LYS 247** 1OAN 2 H-acc 45.0% 2.50
 O 12286 OG 4198 SER 274 1OAN 1 H-acc 39.6% 2.69

1071 CLREC 300 K 4500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12351	OD 7734	ASN	103	1OAN 2	H-don 54.3% 1.80
H	12341	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don 17.2% 1.56
H	12344	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don 44.9% 1.67
H	12317	OG 4198	SER	274	1OAN 1	H-don 98.9% 1.71
H	12343	O 4194	SER	274	1OAN 1	H-don 46.3% 1.87
O	12309	NH 7680	ARG	99	1OAN 2	H-acc 58.5% 2.45
O	12294	ND 7731	ASN	103	1OAN 2	H-acc 30.3% 2.68
O	12308	N 9962	GLN	248	1OAN 2	H-acc 31.2% 2.58

1071 CLREC 300 K 5000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12343	O 7664	ARG	99	1OAN 2	H-don 38.8% 1.62
H	12342	O 7695	TRP	101	1OAN 2	H-don 14.7% 1.74
H	12333	O 7720	GLY	102	1OAN 2	H-don 28.7% 1.87
H	12351	O 7720	GLY	102	1OAN 2	H-don 39.4% 2.01
H	12356	O 9923	LYS	246	1OAN 2	H-don 20.5% 1.71
O	12314	NZ 715	LYS	47	1OAN 1	H-acc 51.7% 2.49
O	12308	NH 7680	ARG	99	1OAN 2	H-acc 24.7% 2.76
O	12309	NE 7674	ARG	99	1OAN 2	H-acc 34.7% 2.53
O	12305	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc 39.5% 2.50
O	12286	OG 4198	SER	274	1OAN 1	H-acc 11.0% 2.79

1071 CLREC 300 K cool 20 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12345	O 7695	TRP	101	1OAN 2	H-don 30.7% 1.96
H	12317	O 7720	GLY	102	1OAN 2	H-don 21.7% 1.85
H	12342	O 2343	THR	155	1OAN 1	H-don 23.8% 1.91
H	12343	O 2358	GLY	156	1OAN 1	H-don 14.7% 1.95
H	12356	O 2358	GLY	156	1OAN 1	H-don 23.6% 1.88
H	12344	OE 2441	GLU	161	1OAN 1	H-don 35.0% 1.59
O	12286	NZ 715	LYS	47	1OAN 1	H-acc 35.0% 2.77
O	12309	NZ 7823	LYS	110	1OAN 2	H-acc 40.1% 2.63

1071 CLREC 312 K initial 40 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12356	O 7652	ASP	98	init 2	H-don 21.5% 1.85
H	12341	O 9923	LYS	246	init 2	H-don 17.2% 2.09
H	12344	O 9923	LYS	246	init 2	H-don 51.6% 1.83
H	12355	O 4206	GLY	275	init 1	H-don 56.0% 1.68
H	12317	OD 4217	ASN	276	init 1	H-don 36.9% 1.69
O	12314	N 4221	LEU	277	init 1	H-acc 36.2% 2.65

1071 CLREC 312 K heat 20 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12343	O 7652	ASP	98	1OAN 2	H-don 23.5% 1.62
H	12356	O 7652	ASP	98	1OAN 2	H-don 29.5% 2.02
H	12341	O 9923	LYS	246	1OAN 2	H-don 46.1% 1.70
H	12344	O 9923	LYS	246	1OAN 2	H-don 31.9% 2.12
H	12355	O 4206	GLY	275	1OAN 1	H-don 57.1% 1.70
H	12317	OD 4217	ASN	276	1OAN 1	H-don 24.7% 1.87
O	12308	ND 9902	HIS	244	1OAN 2	H-acc 24.9% 2.50
O	12286	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 23.8% 2.71
O	12309	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 36.5% 2.55
O	12314	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 41.3% 2.50
O	12314	ND 4218	ASN	276	1OAN 1	H-acc 15.0% 2.96

1071 CLREC 312 K main 500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12341	O 25	ARG	2	1OAN 1	H-don 17.7% 1.68
H	12344	O 59	ILE	4	1OAN 1	H-don 21.2% 1.70
H	12317	OG 7218	THR	70	1OAN 2	H-don 84.3% 1.71
H	12343	OD 7734	ASN	103	1OAN 2	H-don 14.0% 1.95
H	12356	OD 7734	ASN	103	1OAN 2	H-don 39.1% 1.86
O	12294	NH 38	ARG	2	1OAN 1	H-acc 40.6% 2.74
O	12309	N 426	CYS	30	1OAN 1	H-acc 27.2% 2.78
O	12308	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 82.1% 2.42

1071 CLREC 312 K main 1000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12341	O 79	GLY	5	1OAN 1 H-don	11.2% 2.09
H	12344	O 79	GLY	5	1OAN 1 H-don	14.2% 1.68
H	12317	OE 7238	GLU	71	1OAN 2 H-don	50.0% 1.46
H	12318	OG 7248	SER	72	1OAN 2 H-don	98.9% 1.64
H	12322	OG 7248	SER	72	1OAN 2 H-don	78.0% 1.73
H	12343	O 7652	ASP	98	1OAN 2 H-don	13.8% 2.15
H	12356	O 7652	ASP	98	1OAN 2 H-don	35.8% 1.70
H	12342	OE 9978	GLN	248	1OAN 2 H-don	39.5% 1.94
O	12309	N 426	CYS	30	1OAN 1 H-acc	25.0% 2.54
O	12308	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2 H-acc	40.0% 2.42
O	12314	NE 9975	GLN	248	1OAN 2 H-acc	27.8% 2.63

1071 CLREC 312 K main 1500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12341	O 25	ARG	2	1OAN 1 H-don	25.3% 2.05
H	12344	O 25	ARG	2	1OAN 1 H-don	13.2% 1.92
H	12355	O 7229	GLU	71	1OAN 2 H-don	13.0% 2.28
H	12317	OG 7248	SER	72	1OAN 2 H-don	89.7% 1.61
H	12343	OD 7658	ASP	98	1OAN 2 H-don	42.0% 1.70
H	12356	OD 7658	ASP	98	1OAN 2 H-don	19.9% 1.70
H	12345	OE 9978	GLN	248	1OAN 2 H-don	25.8% 1.88
O	12280	NH 38	ARG	2	1OAN 1 H-acc	18.4% 2.61
O	12315	NH 7680	ARG	99	1OAN 2 H-acc	54.4% 2.62
O	12315	NH 7677	ARG	99	1OAN 2 H-acc	36.5% 2.58
O	12305	NE 9975	GLN	248	1OAN 2 H-acc	19.3% 2.92
O	12308	N 4221	LEU	277	1OAN 1 H-acc	49.0% 2.63
O	12308	N 4240	LEU	278	1OAN 1 H-acc	52.6% 2.73

1071 CLREC 312 K main 2000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12343	OD 7658	ASP	98	1OAN 2 H-don	48.2% 1.64
H	12356	OD 7658	ASP	98	1OAN 2 H-don	23.5% 1.76
O	12280	NH 38	ARG	2	1OAN 1 H-acc	16.6% 2.76
O	12314	NH 7271	ARG	73	1OAN 2 H-acc	36.9% 2.53

O	12314	NE	7265	ARG	73	1OAN 2	H-acc	19.1%	2.80
O	12315	NH	7680	ARG	99	1OAN 2	H-acc	60.1%	2.68
O	12315	NH	7677	ARG	99	1OAN 2	H-acc	47.7%	2.63
O	12308	N	4200	GLY	275	1OAN 1	H-acc	34.8%	2.61
O	12309	N	4221	LEU	277	1OAN 1	H-acc	70.0%	2.77

1071 CLREC 312 K main 2500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12317	O	7201	THR	69	1OAN 2 H-don 37.3% 2.08
H	12341	OD	9990	ASP	249	1OAN 2 H-don 23.6% 1.84
H	12344	OD	9990	ASP	249	1OAN 2 H-don 22.2% 1.61
H	12343	O	9996	VAL	250	1OAN 2 H-don 31.1% 1.88
H	12356	O	9996	VAL	250	1OAN 2 H-don 27.6% 1.97
O	12305	N	7647	ASP	98	1OAN 2 H-acc 37.8% 2.76
O	12314	NH	7680	ARG	99	1OAN 2 H-acc 41.1% 2.52
O	12314	NE	7674	ARG	99	1OAN 2 H-acc 17.9% 2.74
O	12308	NZ	9958	LYS	247	1OAN 2 H-acc 41.9% 2.44

1071 CLREC 312 K main 3000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12343	OE	390	GLU	26	1OAN 1 H-don 32.0% 1.57
H	12356	OE	390	GLU	26	1OAN 1 H-don 51.0% 1.79
H	12342	O	431	CYS	30	1OAN 1 H-don 33.9% 1.75
H	12355	O	7201	THR	69	1OAN 2 H-don 26.3% 1.66
H	12341	OD	9990	ASP	249	1OAN 2 H-don 24.0% 1.43
H	12344	OD	9990	ASP	249	1OAN 2 H-don 39.7% 2.15
O	12305	N	7647	ASP	98	1OAN 2 H-acc 24.1% 2.86
O	12315	NH	7680	ARG	99	1OAN 2 H-acc 50.3% 2.56
O	12315	NE	7674	ARG	99	1OAN 2 H-acc 16.6% 2.68
O	12308	NZ	9958	LYS	247	1OAN 2 H-acc 52.0% 2.44

1071 CLREC 312 K main 3500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12343	OE	389	GLU	26	1OAN 1 H-don 18.7% 1.51
H	12342	OG	424	SER	29	1OAN 1 H-don 39.6% 1.94

H	12318	OG 7204	THR	69	1OAN 2	H-don	82.3%	1.85
H	12355	O 7201	THR	69	1OAN 2	H-don	69.7%	1.62
H	12341	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don	44.0%	1.60
H	12344	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don	18.4%	1.99
O	12305	N 7647	ASP 98		1OAN 2	H-acc	14.2%	3.03
O	12315	NH 7680	ARG 99		1OAN 2	H-acc	35.3%	2.54
O	12315	NE 7674	ARG 99		1OAN 2	H-acc	27.8%	2.67
O	12309	NZ 9958	LYS 247		1OAN 2	H-acc	62.2%	2.41

1071 CLREC 312 K main 4000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12343	OE 389	GLU	26	1OAN 1	H-don 29.7% 1.55
H	12356	OE 390	GLU	26	1OAN 1	H-don 30.0% 1.60
H	12342	O 431	CYS 30		1OAN 1	H-don 27.0% 1.96
H	12341	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don 38.5% 1.53
H	12344	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don 40.2% 1.98
O	12305	N 7647	ASP 98		1OAN 2	H-acc 16.5% 2.97
O	12315	NH 7680	ARG 99		1OAN 2	H-acc 56.6% 2.53
O	12315	NE 7674	ARG 99		1OAN 2	H-acc 24.2% 2.58
O	12309	NZ 9958	LYS 247		1OAN 2	H-acc 25.5% 2.42

1071 CLREC 312 K main 4500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12343	OE 390	GLU	26	1OAN 1	H-don 44.6% 1.47
H	12317	O 7201	THR	69	1OAN 2	H-don 44.7% 1.71
H	12318	OE 7237	GLU	71	1OAN 2	H-don 80.5% 1.42
H	12341	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 30.9% 1.48
H	12344	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 34.7% 1.92
O	12314	NZ 7581	LYS	93	1OAN 2	H-acc 18.8% 2.57
O	12315	NH 7680	ARG 99		1OAN 2	H-acc 26.2% 2.59
O	12308	NZ 9936	LYS 246		1OAN 2	H-acc 69.9% 2.43
O	12294	NZ 9958	LYS 247		1OAN 2	H-acc 33.3% 2.61
O	12309	NZ 9958	LYS 247		1OAN 2	H-acc 42.1% 2.45

1071 CLREC 312 K main 5000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
--------	----------	---------	-------	------	-------	----------

```

-----
H 12343 O 7108 ALA 63 1OAN 2 H-don 11.0% 2.32
H 12356 O 7108 ALA 63 1OAN 2 H-don 19.9% 1.70
H 12355 O 7201 THR 69 1OAN 2 H-don 26.9% 1.82
H 12317 OE 7238 GLU 71 1OAN 2 H-don 40.6% 1.40
H 12322 OE 7238 GLU 71 1OAN 2 H-don 27.4% 1.84
H 12342 OD 9990 ASP 249 1OAN 2 H-don 28.4% 1.48
O 12314 NZ 7581 LYS 93 1OAN 2 H-acc 68.6% 2.50
O 12308 NH 7677 ARG 99 1OAN 2 H-acc 27.3% 2.51
O 12315 NH 7680 ARG 99 1OAN 2 H-acc 31.5% 2.55
O 12315 NH 7677 ARG 99 1OAN 2 H-acc 17.8% 2.62
O 12309 NZ 9958 LYS 247 1OAN 2 H-acc 12.7% 2.41

```

1071 CLREC 312 K cool 20 ps

```

ligand receptor residue chain type score distance
-----
H 12356 O 7108 ALA 63 1OAN 2 H-don 47.1% 1.84
H 12355 O 7201 THR 69 1OAN 2 H-don 16.2% 1.71
H 12317 OE 7238 GLU 71 1OAN 2 H-don 24.0% 1.35
H 12341 OD 9990 ASP 249 1OAN 2 H-don 13.3% 1.57
H 12344 OD 9989 ASP 249 1OAN 2 H-don 16.7% 1.69
O 12280 NH 41 ARG 2 1OAN 1 H-acc 20.4% 2.69
O 12314 NZ 7581 LYS 93 1OAN 2 H-acc 75.0% 2.44
O 12315 NZ 7581 LYS 93 1OAN 2 H-acc 39.9% 2.79
O 12308 NH 7677 ARG 99 1OAN 2 H-acc 25.0% 2.53
O 12315 NH 7680 ARG 99 1OAN 2 H-acc 19.0% 2.56
O 12315 NH 7677 ARG 99 1OAN 2 H-acc 15.5% 3.02
O 12294 NZ 9958 LYS 247 1OAN 2 H-acc 37.6% 2.66
O 12309 NZ 9958 LYS 247 1OAN 2 H-acc 57.0% 2.46

```

1171 CYREC 300 K initial 40 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12321	OE 7238	GLU	71	1OAN 2	H-don 64.8% 1.61
H	12357	OE 7237	GLU	71	1OAN 2	H-don 50.1% 1.86
H	12345	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don 27.2% 1.62
H	12345	O 2331	ASP	154	1OAN 1	H-don 23.8% 2.19
H	12358	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don 37.6% 1.75
O	12319	NE 7674	ARG	99	1OAN 2	H-acc 24.0% 2.50
O	12319	N 7683	GLY	100	1OAN 2	H-acc 15.9% 3.04
O	12309	ND 7731	ASN	103	1OAN 2	H-acc 14.1% 2.84

1171 CYREC 300 K main 500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12344	O 8	MET	1	1OAN 1	H-don 41.3% 1.74
H	12345	O 59	ILE	4	1OAN 1	H-don 60.4% 1.75
H	12321	O 7215	THR	70	1OAN 2	H-don 44.1% 1.55
H	12322	OE 7237	GLU	71	1OAN 2	H-don 33.6% 1.39
H	12326	OE 7237	GLU	71	1OAN 2	H-don 34.7% 1.80
H	12334	O 4194	SER	274	1OAN 1	H-don 47.2% 1.76
O	12319	OG 7218	THR	70	1OAN 2	H-acc 45.8% 2.62
O	12312	NH 7677	ARG	99	1OAN 2	H-acc 13.6% 2.49

O 12312 ND 7731 **ASN 103** 1OAN 2 H-acc 33.5% 2.77
 O 12293 N 4221 LEU 277 1OAN 1 H-acc 20.8% 3.05

1171 CYREC 300 K main 1000 ps

ligand receptor residue chain type score distance

 H 12321 O 7187 THR 68 1OAN 2 H-don 19.9% 1.90
 H 12322 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 37.7% 1.43
 H 12326 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 49.0% 1.71
 H 12358 O 7652 **ASP 98** 1OAN 2 H-don 15.4% 1.72
 H 12334 O 2331 **ASP 154** 1OAN 1 H-don 28.9% 1.81
 O 12319 NZ 7581 LYS 93 1OAN 2 H-acc 61.6% 2.49

1171 CYREC 300 K main 1500 ps

ligand receptor residue chain type score distance

 H 12344 O 8 **MET 1** 1OAN 1 H-don 42.2% 1.74
 H 12345 O 25 **ARG 2** 1OAN 1 H-don 41.1% 1.91
 H 12321 O 7187 THR 68 1OAN 2 H-don 27.8% 1.94
 H 12322 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 28.5% 1.50
 H 12326 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 27.7% 1.77
 H 12343 O 7664 **ARG 99** 1OAN 2 H-don 17.1% 1.77
 O 12293 OG 2346 THR 155 1OAN 1 H-don 17.4% 2.95
 H 12334 OE 2440 GLU 161 1OAN 1 H-don 40.8% 1.62
 O 12313 NE 404 HIS 27 1OAN 1 H-acc 27.5% 2.78
 O 12318 NZ 7581 LYS 93 1OAN 2 H-acc 96.4% 2.48
 O 12319 OG 7884 THR 115 1OAN 2 H-acc 24.6% 2.91
 O 12293 OG 2346 THR 155 1OAN 1 H-acc 17.4% 2.95

1171 CYREC 300 K main 2000 ps

ligand receptor residue chain type score distance

 H 12345 O 25 **ARG 2** 1OAN 1 H-don 42.1% 1.90
 H 12322 OG 7190 THR 68 1OAN 2 H-don 96.4% 1.70
 H 12326 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 37.9% 1.72
 H 12357 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 32.6% 1.52
 O 12319 OG 7190 THR 68 1OAN 2 H-acc 55.7% 2.64
 O 12318 NZ 7581 LYS 93 1OAN 2 H-acc 24.5% 2.46
 O 12286 NH 7680 **ARG 99** 1OAN 2 H-acc 22.9% 2.56

O 12313 N 9979 ASP 249 1OAN 2 H-acc 49.5% 2.85

1171 CYREC 300 K main 2500 ps

ligand receptor residue chain type score distance

H	12345	O 59	ILE 4	1OAN 1	H-don	25.6%	1.70
H	12326	OE 7237	GLU 71	1OAN 2	H-don	28.9%	1.64
H	12357	OE 7237	GLU 71	1OAN 2	H-don	61.3%	1.50
H	12353	O 9984	ASP 249	1OAN 2	H-don	20.5%	1.88
O	12313	NE 404	HIS 27	1OAN 1	H-acc	35.7%	2.89
O	12319	NZ 7581	LYS 93	1OAN 2	H-acc	30.2%	2.46
O	12318	NH 7680	ARG 99	1OAN 2	H-acc	29.1%	2.59

1171 CYREC 300 K main 3000 ps

ligand receptor residue chain type score distance

H	12345	O 59	ILE 4	1OAN 1	H-don	27.8%	1.60
H	12322	OG 7190	THR 68	1OAN 2	H-don	64.6%	1.67
H	12326	OE 7237	GLU 71	1OAN 2	H-don	32.2%	1.75
H	12357	OE 7237	GLU 71	1OAN 2	H-don	29.4%	1.51
H	12343	OE 2245	GLU 147	1OAN 1	H-don	31.1%	1.54
H	12346	OE 2245	GLU 147	1OAN 1	H-don	40.3%	1.70
O	12319	NZ 7581	LYS 93	1OAN 2	H-acc	91.3%	2.49
O	12312	NZ 9958	LYS 247	1OAN 2	H-acc	61.7%	2.52
O	12313	NZ 9958	LYS 247	1OAN 2	H-acc	59.4%	2.55

1171 CYREC 300 K main 3500 ps

ligand receptor residue chain type score distance

H	12345	O 59	ILE 4	1OAN 1	H-don	21.2%	1.68
H	12358	O 59	ILE 4	1OAN 1	H-don	10.7%	2.36
H	12357	OG 7190	THR 68	1OAN 2	H-don	60.8%	1.84
H	12321	OE 7237	GLU 71	1OAN 2	H-don	33.1%	1.47
H	12326	OE 7237	GLU 71	1OAN 2	H-don	37.9%	1.66
H	12343	OE 2244	GLU 147	1OAN 1	H-don	55.7%	1.58
H	12346	OE 2244	GLU 147	1OAN 1	H-don	17.8%	1.62
O	12319	NZ 7581	LYS 93	1OAN 2	H-acc	74.0%	2.45
O	12286	NH 7680	ARG 99	1OAN 2	H-acc	20.5%	2.79

O 12293 NZ 2423 LYS 160 1OAN 1 H-acc 39.9% 2.83
 O 12313 NZ 9958 LYS 247 1OAN 2 H-acc 44.5% 2.49

1171 CYREC 300 K main 4000 ps

ligand receptor residue chain type score distance

 H 12344 O 79 GLY 5 1OAN 1 H-don 67.4% 1.64
 H 12357 OG 7190 THR 68 1OAN 2 H-don 78.1% 1.70
 H 12321 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 26.6% 1.50
 H 12326 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 25.1% 1.77
 H 12343 OE 2245 GLU 147 1OAN 1 H-don 29.0% 1.98
 H 12343 OE 2244 GLU 147 1OAN 1 H-don 11.2% 2.24
 H 12346 OE 2244 GLU 147 1OAN 1 H-don 48.4% 1.53
 H 12334 OD 2322 ASN 153 1OAN 1 H-don 20.6% 1.72
 H 12345 OD 5684 ASN 366 1OAN 1 H-don 23.1% 1.69
 O 12298 N 1 MET 1 1OAN 1 H-acc 16.8% 2.60
 O 12312 NH 41 ARG 2 1OAN 1 H-acc 12.3% 2.97
 O 12313 NE 35 ARG 2 1OAN 1 H-acc 30.9% 2.61
 O 12313 NH 41 ARG 2 1OAN 1 H-acc 24.0% 2.97
 O 12318 NZ 7581 LYS 93 1OAN 2 H-acc 64.6% 2.44
 O 12286 NH 7680 ARG 99 1OAN 2 H-acc 10.0% 2.79
 O 12312 NZ 9958 LYS 247 1OAN 2 H-acc 15.7% 2.45

1171 CYREC 300 K main 4500 ps

ligand receptor residue chain type score distance

 H 12345 O 59 ILE 4 1OAN 1 H-don 22.9% 1.92
 H 12344 O 79 GLY 5 1OAN 1 H-don 23.9% 2.23
 H 12357 OG 7190 THR 68 1OAN 2 H-don 74.1% 1.66
 H 12321 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 31.5% 1.48
 H 12326 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 27.3% 1.68
 H 12343 OE 2244 GLU 147 1OAN 1 H-don 68.5% 1.54
 H 12346 OE 2245 GLU 147 1OAN 1 H-don 78.5% 1.49
 H 12334 O 2311 GLY 152 1OAN 1 H-don 40.1% 1.78
 O 12298 N 1 MET 1 1OAN 1 H-acc 49.0% 2.52
 O 12312 N 1 MET 1 1OAN 1 H-acc 34.8% 2.50
 O 12318 NZ 7581 LYS 93 1OAN 2 H-acc 44.2% 2.70
 O 12319 NZ 7581 LYS 93 1OAN 2 H-acc 63.6% 2.44

O 12313 NZ 9958 **LYS 247** 1OAN 2 H-acc 51.4% 2.58

1171 CYREC 300 K main 5000 ps

ligand receptor residue chain type score distance

H	12345	O	79	GLY	5	1OAN	1	H-don	28.1%	1.83
H	12357	OG	7190	THR	68	1OAN	2	H-don	98.2%	1.67
H	12321	OE	7237	GLU	71	1OAN	2	H-don	20.5%	1.55
H	12326	OE	7237	GLU	71	1OAN	2	H-don	39.5%	1.73
H	12343	OE	2244	GLU	147	1OAN	1	H-don	49.6%	1.67
O	12312	NH	41	ARG	2	1OAN	1	H-acc	44.4%	2.56
O	12312	NE	35	ARG	2	1OAN	1	H-acc	44.1%	2.74
O	12318	NZ	7581	LYS	93	1OAN	2	H-acc	27.8%	2.45
O	12286	NH	7680	ARG	99	1OAN	2	H-acc	13.4%	2.86
O	12319	OG	7884	THR	115	1OAN	2	H-acc	64.8%	2.65
O	12313	NZ	9958	LYS	247	1OAN	2	H-acc	33.3%	2.50

1171 CYREC 300 K cool 20 ps

ligand receptor residue chain type score distance

H	12345	O	79	GLY	5	1OAN	1	H-don	38.9%	1.69
H	12357	OG	7190	THR	68	1OAN	2	H-don	83.1%	1.84
H	12321	OE	7237	GLU	71	1OAN	2	H-don	47.2%	1.52
H	12326	OE	7237	GLU	71	1OAN	2	H-don	28.8%	1.67
H	12343	OE	2244	GLU	147	1OAN	1	H-don	12.1%	2.22
H	12346	OE	2244	GLU	147	1OAN	1	H-don	41.5%	1.45
O	12312	NH	41	ARG	2	1OAN	1	H-acc	37.9%	2.56
O	12312	NE	35	ARG	2	1OAN	1	H-acc	29.8%	2.72
O	12319	NZ	7581	LYS	93	1OAN	2	H-acc	50.5%	2.48
O	12318	OG	7884	THR	115	1OAN	2	H-acc	60.7%	2.68
O	12313	NZ	9958	LYS	247	1OAN	2	H-acc	30.7%	2.48

1171 CYREC 312 K initial 40 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H 12335	OD 4217	ASN 276	1OAN	1 H-don	18.7%	2.00
O 12293	NZ 715	LYS 47	1OAN	1 H-acc	76.6%	2.79
O 12298	ND 4218	ASN 276	1OAN	1 H-acc	34.8%	2.71

1171 CYREC 312 K heat 20 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
--------	----------	---------	-------	------	-------	----------

```

-----
H 12357 OD 2336 ASP 154 1OAN 1 H-don 66.9% 1.45
O 12313 NE 404 HIS 27 1OAN 1 H-acc 18.7% 2.93
O 12319 NZ 2377 LYS 157 1OAN 1 H-acc 17.6% 2.46

```

1171 CYREC 312 K main 500 ps

```

ligand receptor residue chain type score distance
-----
H 12345 OG 7218 THR 70 1OAN 2 H-don 22.1% 2.40
H 12358 O 7229 GLU 71 1OAN 2 H-don 27.5% 1.87
H 12347 O 7720 GLY 102 1OAN 2 H-don 23.0% 1.88
H 12343 OD 7734 ASN 103 1OAN 2 H-don 29.1% 1.65
H 12345 OG 7884 THR 115 1OAN 2 H-don 31.5% 2.15
H 12357 OD 2337 ASP 154 1OAN 1 H-don 40.7% 1.37
O 12293 N 1 MET 1 1OAN 1 H-acc 77.6% 2.69
O 12313 N 7210 THR 70 1OAN 2 H-acc 51.5% 2.71
O 12313 OG 7218 THR 70 1OAN 2 H-acc 42.4% 2.60
O 12319 OG 2346 THR 155 1OAN 1 H-acc 51.5% 2.57
O 12318 NZ 2377 LYS 157 1OAN 1 H-acc 60.5% 2.55
O 12319 NZ 2377 LYS 157 1OAN 1 H-acc 15.6% 2.95

```

1171 CYREC 312 K main 1000 ps

```

ligand receptor residue chain type score distance
-----
H 12343 OE 7238 GLU 71 1OAN 2 H-don 68.2% 1.61
H 12346 OE 7237 GLU 71 1OAN 2 H-don 92.8% 1.48
H 12344 OE 7328 GLN 77 1OAN 2 H-don 19.4% 1.75
H 12345 OE 7350 GLU 79 1OAN 2 H-don 54.3% 1.74
H 12358 OE 7350 GLU 79 1OAN 2 H-don 19.8% 1.71
H 12322 OD 2337 ASP 154 1OAN 1 H-don 50.8% 1.38
H 12326 OD 2336 ASP 154 1OAN 1 H-don 17.6% 2.04
O 12312 NE 7325 GLN 77 1OAN 2 H-acc 36.3% 2.60
O 12318 OG 2346 THR 155 1OAN 1 H-acc 41.8% 2.57
O 12319 NZ 2377 LYS 157 1OAN 1 H-acc 50.6% 2.51

```

1171 CYREC 312 K main 1500 ps

```

ligand receptor residue chain type score distance
-----

```

H	12345	O 7215	THR	70	1OAN 2	H-don	15.0%	2.01
H	12358	O 7215	THR	70	1OAN 2	H-don	22.7%	2.03
H	12344	OG 7248	SER	72	1OAN 2	H-don	37.6%	1.96
H	12322	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don	25.4%	1.43
H	12326	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don	42.7%	1.83
H	12334	O 4183	SER	273	1OAN 1	H-don	29.6%	1.78
O	12293	NE 2277	HIS	149	1OAN 1	H-acc	67.6%	2.85
O	12319	OG 2346	THR	155	1OAN 1	H-acc	56.9%	2.60
O	12318	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc	57.1%	2.48

1171 CYREC 312 K main 2000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12357	OE 747	GLU	49	1OAN 1	H-don 62.6% 1.44
H	12358	O 7140	LEU	65	1OAN 2	H-don 19.7% 1.79
H	12322	OD 2337	ASP	154	1OAN 1	H-don 67.1% 1.56
H	12326	OD 2337	ASP	154	1OAN 1	H-don 27.2% 1.65
H	12335	O 3053	LYS	202	1OAN 1	H-don 18.5% 1.95
H	12343	OD 3080	ASP	203	1OAN 1	H-don 38.7% 1.62
H	12346	OD 3080	ASP	203	1OAN 1	H-don 38.0% 1.54
O	12286	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc 33.7% 2.62
O	12319	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc 68.4% 2.42
O	12312	NZ 3066	LYS	202	1OAN 1	H-acc 38.9% 2.75
O	12313	NZ 3066	LYS	202	1OAN 1	H-acc 61.1% 2.50

1171 CYREC 312 K main 2500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12322	OE 747	GLU	49	1OAN 1	H-don 27.2% 1.56
H	12326	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don 30.2% 1.85
H	12357	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don 64.5% 1.57
H	12321	OE 2540	GLN	167	1OAN 1	H-don 62.9% 1.79
H	12343	OD 3080	ASP	203	1OAN 1	H-don 37.5% 1.43
H	12346	OD 3081	ASP	203	1OAN 1	H-don 36.2% 1.63
O	12318	OG 2346	THR	155	1OAN 1	H-acc 43.8% 2.61
O	12318	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc 56.9% 2.59
O	12319	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc 61.9% 2.51
O	12298	NZ 3066	LYS	202	1OAN 1	H-acc 23.9% 2.79

O 12312 NZ 3066 LYS 202 1OAN 1 H-acc 43.1% 2.40

1171 CYREC 312 K main 3000 ps

ligand receptor residue chain type score distance

```

-----
H 12321 OE 747  GLU  49  1OAN 1 H-don 52.6% 1.75
H 12322 OE 746  GLU  49  1OAN 1 H-don 67.1% 1.64
H 12326 OD 2336 ASP  154 1OAN 1 H-don 32.0% 1.63
H 12357 OD 2336 ASP  154 1OAN 1 H-don 63.9% 1.60
H 12343 OD 3080  ASP  203  1OAN 1 H-don 19.2% 1.69
H 12346 OD 3080  ASP  203  1OAN 1 H-don 34.3% 1.54
O 12298 NZ 776  LYS   51  1OAN 1 H-acc 43.5% 2.56
O 12313 NZ 776  LYS   51  1OAN 1 H-acc 50.3% 2.46
O 12286 NZ 2377  LYS  157  1OAN 1 H-acc 36.0% 2.65
O 12318 NZ 2377  LYS  157  1OAN 1 H-acc 78.6% 2.44

```

1171 CYREC 312 K main 3500 ps

ligand receptor residue chain type score distance

```

-----
H 12357 OE 747  GLU  49  1OAN 1 H-don 92.1% 1.44
H 12321 OD 2336 ASP  154 1OAN 1 H-don 74.1% 1.54
H 12326 OD 2336 ASP  154 1OAN 1 H-don 34.3% 1.66
H 12346 O 3053  LYS  202  1OAN 1 H-don 24.8% 2.01
H 12345 OD 3080  ASP  203  1OAN 1 H-don 27.2% 1.59
H 12358 OD 3080  ASP  203  1OAN 1 H-don 46.4% 1.75
O 12318 NZ 2377  LYS  157  1OAN 1 H-acc 50.5% 2.61
O 12319 NZ 2377  LYS  157  1OAN 1 H-acc 56.3% 2.54
O 12312 NZ 3066  LYS  202  1OAN 1 H-acc 45.1% 2.46

```

1171 CYREC 312 K main 4000 ps

ligand receptor residue chain type score distance

```

-----
H 12322 OE 747  GLU  49  1OAN 1 H-don 40.4% 2.02
H 12357 OE 746  GLU  49  1OAN 1 H-don 66.2% 1.63
H 12321 OD 2337 ASP  154 1OAN 1 H-don 29.7% 1.55
H 12326 OD 2337 ASP  154 1OAN 1 H-don 25.5% 1.82
H 12345 OD 3080  ASP  203  1OAN 1 H-don 44.3% 1.55

```

H	12358	O	3075	ASP	203	1OAN	1	H-don	39.5%	1.70
H	12346	OE	4157	GLN	271	1OAN	1	H-don	72.9%	1.69
H	12335	OG	4187	SER	273	1OAN	1	H-don	17.3%	2.08
O	12298	NZ	776	LYS	51	1OAN	1	H-acc	37.3%	2.61
O	12312	NZ	776	LYS	51	1OAN	1	H-acc	34.3%	2.47
O	12286	NZ	2377	LYS	157	1OAN	1	H-acc	16.6%	2.83
O	12319	NZ	2377	LYS	157	1OAN	1	H-acc	54.4%	2.50
O	12313	NZ	3066	LYS	202	1OAN	1	H-acc	21.4%	2.48
O	12280	OG	4187	SER	273	1OAN	1	H-acc	72.9%	2.74

1171 CYREC 312 K main 4500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12357	OE 747	GLU	49	1OAN 1	H-don 37.8% 1.42
H	12344	OD 7178	ASN	67	1OAN 2	H-don 23.2% 1.75
H	12321	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don 47.3% 1.42
H	12326	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don 17.4% 2.07
H	12322	OE 2540	GLN	167	1OAN 1	H-don 29.0% 1.62
H	12343	OD 3081	ASP	203	1OAN 1	H-don 30.7% 1.59
H	12346	OD 3081	ASP	203	1OAN 1	H-don 32.0% 1.62
O	12280	NZ 776	LYS	51	1OAN 1	H-acc 22.4% 2.90
O	12298	NZ 776	LYS	51	1OAN 1	H-acc 26.2% 2.64
O	12313	NZ 776	LYS	51	1OAN 1	H-acc 37.4% 2.49
O	12318	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc 23.4% 2.84
O	12319	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc 44.0% 2.50
O	12312	NZ 3066	LYS	202	1OAN 1	H-acc 34.0% 2.54

1171 CYREC 312 K main 5000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12357	OE 746	GLU	49	1OAN 1	H-don 89.4% 1.48
H	12321	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don 38.7% 1.39
H	12326	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don 10.9% 2.23
H	12345	OD 3080	ASP	203	1OAN 1	H-don 25.8% 1.85
H	12358	OD 3080	ASP	203	1OAN 1	H-don 54.3% 1.60

H	12344	OE 4157	GLN	271	1OAN 1	H-don	61.2%	1.63
O	12298	NZ 776	LYS	51	1OAN 1	H-acc	25.3%	2.57
O	12313	NZ 776	LYS	51	1OAN 1	H-acc	42.5%	2.52
O	12286	OG 2346	THR	155	1OAN 1	H-acc	11.5%	2.88
O	12318	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc	46.7%	2.54
O	12319	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc	44.9%	2.59
O	12313	NE 3028	GLN	200	1OAN 1	H-acc	14.1%	3.12
O	12312	NZ 3066	LYS	202	1OAN 1	H-acc	38.0%	2.43

1171 CYREC 312 K cool 20 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12357	OE 746	GLU	49	1OAN 1	H-don 57.6% 1.41
H	12321	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don 60.8% 1.45
H	12326	OD 2336	ASP	154	1OAN 1	H-don 36.0% 1.86
H	12344	O 3075	ASP	203	1OAN 1	H-don 18.8% 2.21
H	12345	OD 3080	ASP	203	1OAN 1	H-don 32.2% 1.61
H	12358	OD 3080	ASP	203	1OAN 1	H-don 15.3% 1.68
H	12334	OE 4157	GLN	271	1OAN 1	H-don 58.2% 1.69
O	12293	OG 4187	SER	273	1OAN 1	H-don 11.3% 3.06
O	12298	NZ 776	LYS	51	1OAN 1	H-acc 24.2% 2.52
O	12313	NZ 776	LYS	51	1OAN 1	H-acc 38.7% 2.48
O	12286	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc 26.0% 2.66
O	12319	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc 60.0% 2.45
O	12312	NZ 3066	LYS	202	1OAN 1	H-acc 15.3% 2.41
O	12293	OG 4187	SER	273	1OAN 1	H-acc 11.3% 3.06

1121 CFREC 300 K initial 40 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12320	OD 9989 ASP	249	1OAN 2	H-don 39.0%	1.63
H	12321	OD 9990 ASP	249	1OAN 2	H-don 42.0%	1.64
H	12356	O 9996 VAL	250	1OAN 2	H-don 23.9%	1.58
O	12311	NZ 715 LYS	47	1OAN 1	H-acc 18.8%	2.45
O	12312	NZ 2377 LYS	157	1OAN 1	H-acc 94.0%	2.51
O	12317	NZ 9958 LYS 247		1OAN 2	H-acc 94.4%	2.52
O	12308	ND 4218 ASN	276	1OAN 1	H-acc 29.3%	2.81

1121 CFREC 300 K main 500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12320	OD 9990 ASP	249	1OAN 2	H-don 40.3%	1.36
H	12325	OD 9990 ASP	249	1OAN 2	H-don 48.6%	1.90
H	12325	OD 9989 ASP	249	1OAN 2	H-don 10.9%	2.17
H	12334	OD 9989 ASP	249	1OAN 2	H-don 49.8%	1.68
H	12321	O 9996 VAL	250	1OAN 2	H-don 35.7%	1.67
O	12317	OG 2346 THR 155		1OAN 1	H-acc 57.3%	2.53
O	12312	NZ 2377 LYS	157	1OAN 1	H-acc 76.0%	2.50
O	12318	NZ 9958 LYS 247		1OAN 2	H-acc 52.2%	2.41

1121 CFREC 300 K main 1000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12320	OD 9990 ASP	249	1OAN 2	H-don 21.9%	1.39
H	12325	OD 9990 ASP	249	1OAN 2	H-don 76.7%	1.79
H	12321	O 9996 VAL	250	1OAN 2	H-don 52.5%	1.72
O	12308	N 2312 ASN 153		1OAN 1	H-acc 22.4%	2.93
O	12317	N 2326 ASP 154		1OAN 1	H-acc 45.7%	2.70
O	12317	OG 2346 THR 155		1OAN 1	H-acc 42.5%	2.82
O	12312	NZ 2377 LYS	157	1OAN 1	H-acc 21.1%	2.43

O 12318 NZ 9958 **LYS 247** 1OAN 2 H-acc 37.4% 2.43

1121 CFREC 300 K main 1500 ps

ligand receptor residue chain type score distance

```

-----
H 12320 OD 9989 ASP 249 1OAN 2 H-don 67.6% 1.38
H 12325 OD 9990 ASP 249 1OAN 2 H-don 86.2% 1.71
H 12321 O 9996 VAL 250 1OAN 2 H-don 37.9% 1.79
O 12317 N 2312 ASN 153 1OAN 1 H-acc 20.5% 2.58
O 12317 N 2326 ASP 154 1OAN 1 H-acc 30.0% 2.71
O 12311 NZ 2377 LYS 157 1OAN 1 H-acc 49.7% 2.45
O 12312 NZ 2377 LYS 157 1OAN 1 H-acc 23.0% 2.78
O 12318 NZ 9958 LYS 247 1OAN 2 H-acc 49.5% 2.44

```

1121 CFREC 300 K main 2000 ps

ligand receptor residue chain type score distance

```

-----
H 12320 OD 9989 ASP 249 1OAN 2 H-don 30.9% 1.38
H 12325 OD 9989 ASP 249 1OAN 2 H-don 28.3% 1.93
H 12325 OD 9990 ASP 249 1OAN 2 H-don 11.0% 2.14
H 12334 OD 9990 ASP 249 1OAN 2 H-don 33.8% 1.63
H 12346 OD 9990 ASP 249 1OAN 2 H-don 32.4% 1.84
H 12321 O 9996 VAL 250 1OAN 2 H-don 41.2% 1.74
O 12311 N 2312 ASN 153 1OAN 1 H-acc 23.7% 2.74
O 12312 NZ 2377 LYS 157 1OAN 1 H-acc 69.3% 2.44
O 12317 NZ 9958 LYS 247 1OAN 2 H-acc 62.8% 2.42
O 12318 NE 4158 GLN 271 1OAN 1 H-acc 41.0% 2.68

```

1121 CFREC 300 K main 2500 ps

ligand receptor residue chain type score distance

```

-----
H 12320 OD 9989 ASP 249 1OAN 2 H-don 27.0% 1.43
H 12325 OD 9989 ASP 249 1OAN 2 H-don 39.4% 1.75
O 12318 N 2312 ASN 153 1OAN 1 H-acc 19.8% 2.55
O 12318 N 2326 ASP 154 1OAN 1 H-acc 28.3% 2.71
O 12317 NZ 9958 LYS 247 1OAN 2 H-acc 43.1% 2.46

```

1121 CFREC 300 K main 3000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12321	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 18.4% 1.44
H	12325	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 64.9% 1.72
H	12356	O 9996	VAL	250	1OAN 2	H-don 43.3% 1.82
O	12312	ND 2323	ASN	153	1OAN 1	H-acc 18.1% 2.66
O	12317	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 44.3% 2.44

1121 CFREC 300 K main 3500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12320	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 72.8% 1.40
H	12325	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don 71.2% 1.57
H	12321	O 9996	VAL	250	1OAN 2	H-don 39.6% 1.78
O	12311	NH 7677	ARG	99	1OAN 2	H-acc 51.3% 2.53
O	12308	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 44.5% 2.58
O	12318	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 42.6% 2.46

1121 CFREC 300 K main 4000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12320	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 53.9% 1.43
H	12325	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don 90.6% 1.65
H	12321	O 9996	VAL	250	1OAN 2	H-don 39.5% 1.67
O	12312	NH 7677	ARG	99	1OAN 2	H-acc 86.0% 2.62
O	12312	N 2289	VAL	151	1OAN 1	H-acc 23.4% 3.00
O	12318	N 2312	ASN	153	1OAN 1	H-acc 32.9% 2.71
O	12317	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 39.9% 2.46

1121 CFREC 300 K main 4500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12357	OD 7734	ASN	103	1OAN 2	H-don 35.5% 1.86
H	12320	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 37.4% 1.43
H	12325	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 37.0% 1.69
H	12321	O 9996	VAL	250	1OAN 2	H-don 29.5% 1.60

O	12286	OG 7248	SER	72	1OAN 2	H-acc	24.6%	2.87
O	12312	NH 7677	ARG	99	1OAN 2	H-acc	69.9%	2.55
O	12318	N 2312	ASN	153	1OAN 1	H-acc	18.6%	2.66
O	12317	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc	38.8%	2.50

1121 CFREC 300 K main 5000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12343	O 7244	SER	72	1OAN 2	H-don 19.0% 1.83
H	12320	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 33.4% 1.42
H	12325	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 41.2% 1.69
H	12321	O 9996	VAL	250	1OAN 2	H-don 39.4% 1.68
O	12312	NH 7677	ARG	99	1OAN 2	H-acc 76.4% 2.58
O	12312	N 2289	VAL	151	1OAN 1	H-acc 40.1% 2.82
O	12318	N 2312	ASN	153	1OAN 1	H-acc 13.7% 2.88
O	12317	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 39.0% 2.49

1121 CFREC 300 K cool 20 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12320	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 40.9% 1.43
H	12325	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 42.2% 1.64
H	12321	O 9996	VAL	250	1OAN 2	H-don 28.3% 1.68
O	12286	OG 7248	SER	72	1OAN 2	H-acc 45.3% 2.78
O	12312	NH 7677	ARG	99	1OAN 2	H-acc 77.3% 2.58
O	12312	N 2289	VAL	151	1OAN 1	H-acc 18.5% 3.04
O	12317	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 42.6% 2.52

1121 CFREC 312 K initial 40 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12343	O 7720	GLY	102	1OAN 2	H-don 30.7% 1.59
H	12321	OE 9978	GLN	248	1OAN 2	H-don 42.1% 1.62
O	12311	NZ 2377	LYS	157	1OAN 1	H-acc 65.5% 2.41
O	12317	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 37.1% 2.45

1121 CFREC 312 K heat 20 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12356	OE 9978	GLN	248	1OAN 2	H-don 38.7% 1.55
O	12280	OG 7218	THR	70	1OAN 2	H-acc 16.9% 2.88
O	12317	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 10.6% 3.00
O	12318	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 59.6% 2.42

1121 CFREC 312 K main 500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12356	OG 7248	SER	72	1OAN 2	H-don 85.4% 1.69
H	12321	OG 7884	THR	115	1OAN 2	H-don 69.0% 1.68
H	12342	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 32.9% 1.60
H	12345	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 14.6% 1.59
O	12318	OG 7190	THR	68	1OAN 2	H-acc 37.0% 2.61

1121 CFREC 312 K main 1000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance

H	12320	O 7229	GLU	71	1OAN 2	H-don 48.9% 2.14
H	12356	OE 7238	GLU	71	1OAN 2	H-don 35.6% 1.41
H	12321	OG 7884	THR	115	1OAN 2	H-don 44.9% 1.88
H	12325	OG 7884	THR	115	1OAN 2	H-don 69.6% 1.73

H	12342	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don	21.9%	1.60
H	12345	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don	22.3%	1.71
O	12317	OG 7190	THR	68	1OAN 2	H-acc	24.4%	2.64
O	12286	N 9962	GLN	248	1OAN 2	H-acc	33.6%	2.88
O	12318	NE 9975	GLN	248	1OAN 2	H-acc	57.0%	2.67

1121 CFREC 312 K main 1500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12321	OE 7238	GLU	71	1OAN 2	H-don 38.4% 1.35
H	12320	OG 7884	THR	115	1OAN 2	H-don 10.5% 2.01
H	12344	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 26.8% 1.63
H	12357	OD 9989	ASP	249	1OAN 2	H-don 16.0% 1.71
O	12286	N 9962	GLN	248	1OAN 2	H-acc 36.0% 2.85
O	12318	NE 9975	GLN	248	1OAN 2	H-acc 92.4% 2.67

1121 CFREC 312 K main 2000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12356	O 9913	ALA	245	1OAN 2	H-don 28.6% 1.70
H	12320	O 9923	LYS	246	1OAN 2	H-don 42.0% 1.62
H	12343	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don 15.4% 1.54
O	12308	ND 2323	ASN	153	1OAN 1	H-acc 18.3% 2.80
O	12312	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 29.3% 2.54
O	12312	OG 4187	SER	273	1OAN 1	H-acc 20.9% 3.05

1121 CFREC 312 K main 2500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12321	OG 7248	SER	72	1OAN 2	H-don 75.2% 1.69
H	12356	OD 7734	ASN	103	1OAN 2	H-don 31.0% 1.58
H	12343	OD 9990	ASP	249	1OAN 2	H-don 32.6% 1.43
H	12344	O 4183	SER	273	1OAN 1	H-don 22.0% 2.01
O	12311	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2	H-acc 13.5% 2.45

1121 CFREC 312 K main 3000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12321	OG 7218	THR	70	1OAN 2 H-don	96.0% 1.69
H	12321	O 7215	THR	70	1OAN 2 H-don	13.3% 2.62
H	12320	OE 7238	GLU	71	1OAN 2 H-don	23.9% 1.39
H	12344	OD 3081	ASP	203	1OAN 1 H-don	30.5% 1.69
H	12357	OD 3081	ASP	203	1OAN 1 H-don	59.5% 1.72
H	12343	OD 9990	ASP	249	1OAN 2 H-don	26.3% 1.96
O	12297	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2 H-acc	52.5% 2.62
O	12311	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2 H-acc	40.9% 2.44

1121 CFREC 312 K main 3500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12320	OG 7218	THR	70	1OAN 2 H-don	88.4% 1.77
H	12356	OE 7238	GLU	71	1OAN 2 H-don	36.3% 1.41
H	12343	OD 9990	ASP	249	1OAN 2 H-don	49.2% 1.70
O	12297	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2 H-acc	49.6% 2.58
O	12312	NZ 9958	LYS	247	1OAN 2 H-acc	39.3% 2.45

1121 CFREC 312 K main 4000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12344	OD 9989	ASP	249	1OAN 2 H-don	32.3% 1.50
H	12357	OD 9989	ASP	249	1OAN 2 H-don	27.0% 1.83
H	12320	O 4194	SER	274	1OAN 1 H-don	51.2% 1.69
O	12317	NZ 3066	LYS	202	1OAN 1 H-acc	50.3% 2.41
O	12312	NZ 3100	LYS	204	1OAN 1 H-acc	25.0% 2.49

1121 CFREC 312 K main 4500 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
H	12343	OD 3080	ASP	203	1OAN 1 H-don	37.5% 1.58
H	12325	O 10064	GLY	254	1OAN 2 H-don	13.1% 2.15
H	12356	O 10064	GLY	254	1OAN 2 H-don	35.2% 1.74

1121 CFREC 312 K main 5000 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
O	12312	NZ 3100	LYS	204	1OAN 1 H-acc 17.7%	2.48
O	12317	NZ 9858	LYS	241	1OAN 2 H-acc 34.4%	2.64
O	12318	NZ 9858	LYS	241	1OAN 2 H-acc 52.0%	2.46
O	12317	ND 4016	HIS	261	1OAN 1 H-acc 22.1%	2.44

1121 CFREC 312 K cool 20 ps

ligand	receptor	residue	chain	type	score	distance
O	12312	NZ 3100	LYS	204	1OAN 1 H-acc 28.4%	2.48
O	12308	NZ 9858	LYS	241	1OAN 2 H-acc 48.3%	2.59
O	12317	NZ 9858	LYS	241	1OAN 2 H-acc 27.0%	2.61
O	12318	NE 10089	GLN	256	1OAN 2 H-acc 42.5%	2.69
O	12317	ND 4016	HIS	261	1OAN 1 H-acc 52.5%	2.55

Ket: Residu bercetak tebal adalah residu yang membentuk *cavity* protein *envelope* DENV.

Residu bercetak merah adalah residu penyusun peptida fusi.

Lampiran 12. Hasil prediksi ADME-Tox

	1071 LRE	1121 FRE	1171 YRE
Oral bioavailability	Less than 30%	Less than 30%	Less than 30%
Oral Acute Toxicity Hazard	Yes (75% probability)	Yes (86% probability)	Yes (86% probability)
Passive Absorption	Poor	Poor	Poor
Active Transport :			
PepT1	Not transported	Not transported	Not transported
ASBT	Not transported	Not transported	Not transported
PGP Inhibitor	No	No	No
CNS active	No	No	No
Health Effect :			
Blood	No	No	No
Cardiovascular	No	No	No
Gastrointestinal	No	No	No
Kidney	No	Yes	Yes
Liver	No	No	No
Lung	No	No	No