

sp Q28558 MTR1L_SHEEP	-----MGRTLAVPTPGYCIGCKLPQDPYPPA-LIVF---MFCAMVIT	38
sp P11229 ACM1_HUMAN	-----MNTSAP---PAVSPNITVLAPGKGW-QVAF-IGIT--TGLL	35
sp P33533 OPRD_RAT	MEPVPSARAEQLQFSLLANVSDTFPSAFPSASANAS-GSPGARSASSLALAITALYSAV	59
	: : * . . . *	: : :
sp Q28558 MTR1L_SHEEP	IVVDLIGNSMVILAVSKNKKLRNSGNVFWVSLSVADMLVAIYPPYPLMLHAMAIGGWDSK	98
sp P11229 ACM1_HUMAN	SLATVTGNLLVLISFKVNTLKTVMNYYFLLSLACADLIIGTFSMNLYTTVLLMGHWALGT	95
sp P33533 OPRD_RAT	CAVGLLGNVLVMFGIVRYTKLKTATNIYIFNLALADALA-TSTLPFQSAKYLMETWPFGE	118
	: : ** : : * : . . . * : : : : : : * : .	
sp Q28558 MTR1L_SHEEP	LQCQVMVGFITGLSVVGSIFNIMAIINRYCYCHSLQYERIFSVRNTCIYLAVTWIMTVL	158
sp P11229 ACM1_HUMAN	LACDLWLALDYVASNASVMNLLLSIFDRYFSVTRPLSYRAKRTPRRAALMIGLAWLSVF	155
sp P33533 OPRD_RAT	LLCKAVLSIDYYNMFTSIFTLTMSVDRIYAVCHPVKALDFRTPAKAKLINICIIVLWASG	178
	* * : : * : : : : : * : : : : : : : : : * : : :	
sp Q28558 MTR1L_SHEEP	AVLPNMVIGTIEYDP---RTYTICIFNYYVNNPAF-----AVTIVCIHFVLPPLLIVGFCYVK	210
sp P11229 ACM1_HUMAN	LWAPAILFWQYLVGERTVLAGQCYIQFLSQPII-----TFGTAMAAFYLPVTVMCTLYWR	210
sp P33533 OPRD_RAT	VGVPIMVMHAV---TQPRDGAUVCTLQFPSPSWYWDVTVKICVFLFAFVVPILIIITVCYG-	234
	* : : : * : : . . . * : : : : *	
sp Q28558 MTR1L_SHEEP	IWTKVLAARD-----PA-----	222
sp P11229 ACM1_HUMAN	IYRETENRARELAALQGETPGKGGGSSSSSERSQPGAEGSPETPPGRCRCCRAPRLQ	270
sp P33533 OPRD_RAT	---LMLRLRSVRLLSGSKEK-----	252
sp Q28558 MTR1L_SHEEP	-----GQNPD---NQLA-----EVRNFLTMTFVIFLLFAVCWCIPINALTVLVAV	262
sp P11229 ACM1_HUMAN	KKGRDRAGKGQKPRGKEQLAKRKTFSLVKEKKAARTLSAILLAFILTWTPYNIWLVSTF	390
sp P33533 OPRD_RAT	-----DRS-----LRRITRMVLVVVGAFVVCWAPIHIFVIVWTL	280
	: : : . . . * : * : : : : : .	
sp Q28558 MTR1L_SHEEP	NPKEMAGKIPNWVYLAAYFIAYFNSCLNAVIYGVLENENFRREYWTIFHAMRHPVLFLSGL	322
sp P11229 ACM1_HUMAN	CKDCVPET---LWELGYWLVCYVNSTINPMCYALCNKAFRDTFRLLLLCRNDKRRW----	442
sp P33533 OPRD_RAT	VDINRRDPLVVAALHLCLIALGYANSSLNPNVLYAFLDENFKRCFRQLCRAPCGG-----	339
	: * * * * * . . . : : : .	
sp Q28558 MTR1L_SHEEP	LTDVREMQEAQAHTHARARARTQAHEQDHAHACPAVEEIPMSVRNVPLPGHGAAGQPECV	382
sp P11229 ACM1_HUMAN	----RKIPKRPGSVH---RTP-----SRQC-----	460
sp P33533 OPRD_RAT	-----QEPGSLR---RPRQATARERVTACTPS-----DGPGGGAAA-----	372
	: . : : *	
sp Q28558 MTR1L_SHEEP	SGHPKPSAGHSRSVSARRKSASAHPKSASGQSKSATVYPKPTSVHFKPSSVYFKADSVYF	442
sp P11229 ACM1_HUMAN	-----	460
sp P33533 OPRD_RAT	-----	372

Alineamiento 1

Alineamiento 2