01Cg gi 50294025 02Cg gi 50286919 SaEcm33_EC33_YEAS SaPst1_PST1_YEAST 01K1 gi 50305773 EgEcm33 Q75DT6 CaEcm33.3_ECm33p_ 01Dh gi 50427223 CaEcm33.3_ECm33p_ 01Dh gi 50428239 CaSps22 CA0513 IP 01Gz gi 42547562 01Mg gi 38106796 NCQ871K5 SPAC23H4 gi 32421769 ref X Ano1 gi 40741117 SpMeul0 SpYin3 YIN3_SCHPO 02Dh gi 50427973 CaPst1 Ecm33.1	1	NHLLLSALISVASAĀN. KNALTATAILSASALAAA. HSLIASTALLITSALAAT. KNRLTLAAVLAAS.VSAA. KTGLTSVLVLAAGVS. KKLFAISALSGLALGANNS. KNILAITAIAGLASAANNS. SNSEDIEDSYDNH. QQQQQQQQQPPSM. HSVKVLSAIAALGI. KSFVTLLAAASLAS. PAIVAIGAASAQSA. PAIVAIGAASAQSA KYALPALAAANAVF. SRFYLFTSFTAWSV. KSFALTLLFAAARV. KTVLFTLATCL. KSFLLPIVAAL.LT. SHALLAALVALASAQSA. LFLTIAVAFVNGINIEVSEYDRE LHWYFVLSFILSAIVAYENFVIM KSANDAARNAPIPSSSHSTKAAA THALGAAIDPPRRPHNVKP. FLQLIKSSAAVEPNGGPNILDHN
01Cg gi 50294025 02Cg gi 50286919 SaEcm33_EC33_YEAS SAPSt1_PST1_YEAST O1K1 gi 50305773 EgEcm33 Q75DT6	20 30 40	SDLDKYS.GCETIVGNLTIT SDLDKLA.GCENIVGDVVIS ADLDKIS.GCSTIVGNLTIT SDLDKYS.RCDTLVGNLTIG ADLDSYS.RCDTLVGNLTIG ADLDSYS.GCSTIVGDLVLT ADLDKYS.SCKKLSGDLVIS EDIASIA.ACSTAVGDLTIK NQVQQVA.ACATAVGDITIK NQVQQVA.ACATAVGDITIQ ADMNNIR.DCKIITGDLVIN FDLQNIS.NCEVIIGNIIIS EPTPSI.DCTVVKGDLVID GDASALR.SCKTLKGNVVIG ADATGLA.KCKTIKGSVVVT ADATGLA.KCKTIKGSVVVT SDLDGYN.TCSLDGDVELS NDLDVLS.NCQVVNGSIIMN GTLDELN.SCTVLNGDLYISDAG SAVSELN.SCTVLNGDLYISDAG SAVSELN.SCTVLNGDLYILGSTD TGISQLN.ACSTLDGEITV TGISQLN.ACSTLDGEITVS SDLDKIA.GCKKLDGSIEIT TGISQLN.ACSTLDGEITVS SDLLDKIA.GCKKLDGSIEIT TGLYQLQSECNIVDGNIYILG
01Cg gi 50294025 02Cg gi 50286919 SaEcm33_EC33_YEAS SaPstl_PSTI_YEAST 01Kl gi 50305773 EgEcm33 Q75DT6 01Dh gi 50427223 CaEcm33.3_Ecm33p_ 01Dh gi 50427223 CaEcm33.3_Ecm33p_ 01Dh gi 50428239 CaSps22 CA0513 IP 01Gz gi 42547562 01Mg gi 38106796 NcQ871K5 SPAC23H4 gi 32421769 ref X An01 gi 40741117 SpMeu10 SpYin3 YIN3_SCHPO 02Dh gi 50427973 CaPst1 Ecm33.1 01Y1 gi 50550121 02K1 gi 50304567 03Cg gi 50288883 EgSps22 AFR723Cp SaSps22 SPS2_YEAST 04Cg gi 50285137	GA.LGSAALAGVKKIDGSLRIYNATSLGSFAADSVKEITGALNMQDLGS.LGNAALAGVKKIDGSLRIYNATSLGSFAADSVKEITGALNMQDLGS.LGNAALAGVKEIDGSLTIFNSSSLSFSADSLKKITGDLNMQDLGD.LGSAALASIQEIDGSLTIFNSSSLSSFSADSIKKITGDLNMQELGG.LKTGALANVKEINGSLTIFNASTSLSSFADSIKKITGDLNMQELGG.LKTGALANVKEINGSLTIFNATNLTSFAADSLESITDSLNLQSLGKQLSNGALANVEEIDGSLTIKNATQMTSFSADSLKKITGDLNMQELGKQLSNGALANVEEIDGSLTIKNATQMTSFSADSLKKITGDLNMQELGKQLSNGALANVEEIDGSLSIIDSSTIVNFSADKLKKIKDSLKLMDLGDSFGSIELNGVEELYGNLHVNNATEATSLNAATLQLVSGKLNLDGNDYKEPIIEFGDIMNIFGNLDIQRASSLVRIEADNVHRIGNRFILKDLEFDYPIITFSNLEKLLGNLTILKSPDTVRIDAPIMELISGTFKMIELKKVAGAVVINGPEKIEGNFVAKNGGDIVSIASTSIESIDGNFQLENLKKVAGAVVINGPEKIEGNFVAKNGGDIVSIASTSIESIDGNFQLENLKKVAGAVVINGPEKIEGNFVAKNGGDIVSIASTSIESIDGNFQLENLKKVAGAVVINGPEKIEGNFVAKNGGDIVSIASTSIESIDGNFQLENLKKVAGAVVINGPEKIEGNFVAKNGGDIVSIASTSIESIDGNFQLENLKKVAGAVVINGPEKIEGNFVAKNGGDIVSIASTSIESIDGNFQLENLKKVAGAVVINGPEKIEGNFVAKNGGDIVSIASTSIESIDGNFQLENLKKVAGAVVINGPEKIEGNFVAKNGGDIVSIASTSIESIDGNFQLENLKKVAGAVVINGPEKIEGOLKKIENNPNINSVGSDTLEQIGGEFRLVETKEVAGDFQLSGPQIITGDLKKIENNPNINSVGSDTLEQIGGEFRLVETKEVAGDFQLSGPQIITGDLKKIENNPNINSVGSDTLEQIGGEFRLVETKEVAGDFQLSGPQIITGDLKKIENNPNINSVGSDTLEQIGGEFRLVETKEVAGDFQLSGFGNVNNMGDEITSLSAPSLETIDDTFKLEGATSSATSLNFNRIETITGDLIIRNNNYLASVALTSISSVGGELRFEKLNSGTSATSLNFNRIETITGDLIIRNNNYLASVALTSISSVGGELRFEKLNSGGNITSLSAPSLETIDDTFKLEGATSVGKDLDLQVLSEISGSLTVQAYGGSGIGSIDLSSVKVLKARLSILNSPSIVSLNFNQLQNITGALVINNAGE.AGGSIGSIDLSSVKVLKARLSILNSPSIVSLNFNQLQNITGALVINNAGE.AGGGIGSIDLSSVKVLKARLSILNSPSIVSLNFNQLQNITGALVINNAGE.AGGDIKTSLGSLTVQAYGDDLILEQUSEITGAGANLNKIEGFFFLLQUL.VQLRUPVUQDALEKIEGFFFKLYDL.VQERIDLGFFKLYDL.VQERIDLGFFKLYDL.VQERIDLGFFKLYDL.VQERIDLGFIKERGDLIIKNNKHIFRIQGYNLESL.GKLELDSL.CPTSLQLENLAQVDGDLIILENCSQLAEINLQNLDVVQGDLKLQKL	TILTSASFGS PEEVDTINLITLP IILTSASFGS POEVDS INMVTLP TILTSASFGS POEVDS INMVTLP TILTSASFGS POEVDS INMVTLP PSLEAASFGADE EVSMVOFQALP TILATVNLAQLTTVGTLNYNALP TILSDLNLAQLTTVGSFNLNALP TILSDLNLAQLTTVGSFNLNALP TSLNSISFASIRYVKIVDWKVLP TSLALISFPALKWVNTLHWKILP EALSNLEFSSKSLSGLSFIKLP ELLSDLRFPQLSEVNSISWVTLS TQLNAVNMLKLNSVSKLTWQSIG TOLNAVNMLKLNSVSKLTWQSIG TSLTSLDFPQLTSVGEIDFQAVP TRLASVYAPQLANVGOLTMRILP IRMNNLATPLTSVGEIDFQAVP TRLASVYAPQLANVGOLTMRILP TQLNSIDLTGITNVETLQLVSLP NGLSTLSFPALQAVGNLKWITLP TSLNAVNFPHHDLDLNVVHWRVVP MSLVALIFPVLRRINIIDWQVVP TSLTSVLPIKFCQSLEWKVVP TSLVSVLPIPTKFCQSLEWKVVP TSLVSVLPIPTKFCQSLEWKVVP TSLVSVLDFPALKEVCTVDWRVLP

01Cg gi 50294025 02Cg gi 50286919 SaEcm33 EC33 YEAS SaPst1 PST1 YEAST 01K1 gi 50305773 EgEcm33 Q75DT6 01Dh gi 50427223 CaEcm33 . 3 ECM3 ECM3 01Dh gi 50428239 CaSps22 CA0513 IP 01Gz gi 42547562 01Mg gi 38106796 NcQ871K5 SPAC23H4 gi 32421769 ref X An01 gi 40741117 SpMeul0 SpYin3 YIN3 SCHPO 02Dh gi 50427973 CaPst1 Ecm33.1 01Y1 gi 5050121 02K1 gi 50288883 EgSps22 AFR723CP SaSps22 SFS22 YCE SaSps22 SPS2 YCE SaSps22 SPS2 YCE SASPS2 SPS2 YEAST 04Cg gi 502885137	AISTFNTNLQ AISTFSSNLK AISTFSSNLK AISTFSTDLQ AISSFTSNIK AVSNIITKLT VVNNIVTSKLK ALEQTGLT.SGIT ALEKTGLT.AGIT ILNVAHFG.NAIK ILSNVHFN.NEIK RLGELNFGTEGVT ALSSLGTAIK NVPDMGMTQLN VLQSLGFT.KGVT NLQGIRFD.KGIK NLQELQFN.AGLS SFAILNVN.KGIS	SANNILISDTSLESIDG NANNILISDTSLESVEG SANNIYISDTSLQSVDG SAKQITIADTALESIAG TANDIVISNTNLRSIKE SADEVIISDTGLTSLDG SAESVVISDTGLTSLDG SAESVVISDTGLTSLDG SAESVVISDTGLTSLDG KASTVVISDTSLVEFPG GIDNIIISDTSLTGFSG KASTVVIADTRIENLNG KVDEITISDSHLRNIDA KVDEITISDSHLRNIDA KAGSVSIVNTGLTSLDG KAHKLTIEDTQLSTLAG DSDSVVIDDTQLSTLAG DSDSVVIDDTQLSTLAG GSUGSLKISDTALTSLDG KAGTIVLSDTALTNLNG NATSVVISDTSLESLEG GLQQLIISDSSLTSLRG GLQQLIISDSSLTSLRG GLQQLIISDTSLITIEG GILQULIISDTSLITIEG GILKDIVISDTSLITIEG	S F S D L E E V A V F N I N N N R Y F F S T L K K V N V F N I N N N R Y F F S T L K K V N V F N I N N N K K F F E D L D E I E V F N V N N N K I I N V F K L K V F N V N N N D N F L S N K L E I L D I N N N R Y L L D L V T V D N I D I N N N Q R L I N V T S I K S M N L D N Q Q R I N V T S I K S M N L D N Q Q R I N V T S I K S M N L D N Q Q R I N V T S I K S M N L D N Q Q R I N V T S I K S M N L D N Q Q R I N V T S I K S M N L D N Q Q R I I S L N T T D T M V I V N N N Y L L S L D S V T T F Q V T N N Y L L T N Y K S V G S F V V T D N T Q L I N V T S I K S M I L N N N Y L L S L D S V T T F Q V T N N Y L L S L D S V T T F Q V T N N Y L L S F N T I D S I N I N N N K N L A S F N T I D S I N I N N N R Y F F D K I A K L D T F N I N N N R Y F F G V Q E L D I F N I N N N R Y F S F Y G A E E L E I L N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y F N K V Q E I D I F N I N N N R Y	LNSFK.SSLESVSGALQFSSN LTSLK.SSVKTVSDSLQFSFN LNSFQ.SSLESVSDSLQFSFN LNSFQ.SSLESVSDSLQFSSN LTSIK.SPVETVSDSLQFSFN LASID.SKLKHVKTALEITFN LRSID.ASIKTVGNSLALSSN ISSID.SGLQKVTDELSISYN IDTID.SGLQEVTDTIDISYN LESIY.SNVEKITGRLHIAAN LDTIE.SNVETISGELHIIGAN MNAFR.SDLVNITSELKIFDN LQKFT.SKLESVSTSFKASVN ITKYE.PAIKEITGDLTIQAN ITKYE.PAIKEITGDLTIQAN LETVDVNNLKNATNLINFAGN LEETVDWPYLESVESKFYVSYN IQEITMEGLESA.QNIQISAN ISYIDLSTLETVKDSLVLSFN ISKIEFSDLQTVTDSLILLSFN LKQIA.LGLQHVTESLQILSON LKQIA.LGLQHVTESLQILSON LESIA.TNVKYISKQLSVSAN LEIIN.SDLKRVSKQLRIHAN MDHIK.TDVKRITTQLSISAN LETTH.SNVKTIRGQFSVHAN LETTH.SNVKTIRGQFSVHAN LETH.SNVKTIRGQFSVHAN LETKRSKERSKIKKIAQQLAIHAN
01Cg gi 50294025 02Cg gi 50286919 SaEcm33_EC33_YEAS SaPst1_PST1_YEAST 01Kl gi 50305773 EgEcm33 Q75DT6 01Dh gi 50427223 CaEcm33.3_Ecm33p_ 01Dh gi 50427223 CaSps22 CA0513 IP 01Gz gi 42547562 01Mg gi 38106796 NcQ871K5 SPAC23H4 gi 32421769 ref X An01 gi 40741117 SpMeu10 SpYin3 YIN3_SCHPO 02Dh gi 50427973 CaPst1 Ecm33.1 01Y1 gi 50550121 02K1 gi 50304567 03Cg gi 5028883 EgSps22 AFR723Cp SaSps22 SPS22 YCE SaSps22 SPS22 YEAST 04Cg gi 50285137	G.DQSSLTFDDLL G.DNTTLAFDDLV G.NQTKITFDDLV G.NQTKITFDDLV G.QSAEISFDELE D.KIENITFNNLV A.EKVDVSLDQLE A.EKVDVILKQLS S.RDVRVSLPKLQ S.NDVKVSFPKLK GNDAMEIIMDKLE G.LGTNFEFPALK G.LDMEVGFPNLI G.LDMEVGFPNLI G.LDMEVGFPNLI Y.DELEISLPNLA A.REISVTLPRLK S.KGVSVNFSKLS S.DECEVKLDELI N.DDAEVKLDELI N.DDAEVKLDSLK A.PGLEAQFDSL A.PGLEAQFDSL A.DELNLDMSELI A.DELVINMSQLE S.ENLAVEMPELL A.KELELDLSNLH	WANNITLR DVDEVSFKK WANNITLR DVNSISFGS WANNITLR DVNSISFGS WANNISLTDVNSISFGS WANNISLTDVNSISFGS WANNITLR DVSSASFAK WANNITLR DVSSASFAK WANNITLYSVRDISMKÆ E ANDVYLQSINSLSVAN SAKNIVLQQVNSFSAPN SAKNIVLQQVNSFSAPN SAKNIVLIQQVNSFSAPN SAKNIVLINDVEKLNLPE LAAEIQISSAKNFSVPI WVAEMAIANASSFTAPQ WAMMMAISDVSKISFPS WAMNMAISDVSKISFPS TGTNLTIRNVSSVSLPS TGTNLTIRNVSSVSLPS TGTNLTIRNVSSVSLPS TGTNLTIRNVSSVSLPS TGTNLTIRNVSSVSLPS TGTNLTIRNVSSVSLPS TGTNLTIRNVSSVSLPS TGTNLTIRNVSSVSLPS TGTNLTIRNVSSVSLPS TVGDMTIQDVADFSAGN WASNLTIQDVADFSAGN WASNLTIQDVSSIQASN WAANISFRGVSKADMPN WANNVTIRDTKEINLEE SVDNITIR DAAGINLPE VADNVTIRDAASVDFPK EVENITIRDTSLVYLPQ	ESVNSSLGFINN.SISSL OTVNASLGFINN.TLPSL OKINSSLGFINN.SISSL UNASLGFINN.SISSL UNASLGFINN.SLPSL UNAVNHSLAVESC.PMKSL UTKLSNSLSLDSN.ALDTI UTLANGSFAVSSC.SVEKV LEELESSINFVNN.LFINL LEFIDDSLILINNN.NFQQL KEVTKSLKLNANPSLEFF SKVNNSIYFDFN.FIKDA OVVNGSARFDNN.KFDSF UVVNGSARFDNN.KFDSF UVVNGSARFDNN.KFDSF UVVNGSARFDNN.TLDNI UVVNGSLLISYN.TFDEL UVVNGSLLISYN.TFDEL UVVNSSLLISYN.TFESI USVNGSLLISYN.TFESI UVVNSSMEIIEN.FCSDL EYVNQSLEFIEN.KVNL UVVNSSMEIIEN.FCSDL EYVNQSLELIEN.NFESL UVKSSLELIEN.FYSSL USVNSSLEFIEN.YFYSL	.0 250 INLTHLSKVG. QSLSVVSNDDL SVDNLKSVG. QSFSIVSNDDL NLTQLSKVG. QSFSIVSNDEL NLTQLSKVG. QSLSIVSNDEL NFTKLNTIG. QTFSIVSNDEL LSTLEKIG. GSLSIVSNEEL EFKQLKSIG. DSLSITKNSEL EFKQLKSIG. DSLSITKNSEL ELABLTSIG. NSLTINKNDDL SLPVLKSIG. GTLSLLKNENL KFSKLNYIG. GTLSLFENLGV SAPNLTIIE. ETLSLIDMKKL SFPNLTAVG. KDFSFVGNSAL SFPNLTETKTGDISFVGNENM SFPNLTETKTGDISFVGNENM SAPNLTEIG. QSLFFIGNOEL SVPYLTEIG. QSLFFIGNOEL SVPYLTEIG. QSLFFINNOM EFFPNLKSVG. NSMQIFANDDM EFFPNLKSVG. NSMQIFAHDEL SLPQLTKVG. GGIFFVSNSEL ELSELKSVG. GTLGIIGNHL ILPKLKRVD. GTLGIIGNKNL NLNNLQKIG. GTLGIIDNKNL NLNNLQKIG. GTLGIINNVNL ELPLLAKVQ. GTLGIINNVNL ELPLLAKVQ. GTLGIINNVNL ELPLLAKVQ. GTLGIINNVNL
	260 270	280 2	290 300	310 320
01Cg gi 50294025 02Cg gi 50286919 SaEcm33_EC33_YEAS SAPSt1_PST1_YEAST 01Kl gi 50305773 EgEcm33 Q75DT6 01Dh gi 50427223 CaEcm33.3_ECm33p_ 01Dh gi 50427223 CaEcm33.3_ECm33p_ 01Dh gi 50428239 CaSps22 CA0513 IP 01Gz gi 42547562 01Mg gi 38106796 NcQ871K5 SPAC23H4 gi 32421769 ref X An01 gi 40741117 SpMeu10 SpYin3 YIN3_SCHPO 02Dh gi 50427973 CaPst1 Ecm33.1 01Y1 gi 50550121 02K1 gi 50304567 03Cg gi 50288883 EgSps22 AFR723Cp SaSps22 SPS2_YEAST 04Cg gi 50285137	TQLSFLNLTSVGG TSVSFANLSTIGG SKAAFSNLSTIGG KNLSFSNLTSVGG TELDFSNLTSVGG TELDFSNLTSVGG TELDFPKLEKIGG TELDFPKLEKIGG GKVEFPNVTEIGG MDLEFPNLNELGG TNVSFPLLEEIGG TNVSFPLLEEIGG QNLTFPKLTQVGG QNLTFPKLTQVGG SNLSLPVLETVGG TSLNFKQLESIGG TKISFPKLSELDG TKISFPKLSELDG TKISFPKLSELDG TKISFPKLSELDG TKISFPKLSELDG TKISFPKLSELDG TKINFNLTVUGG KKLNFSNATDIQG KKLNFSNATDIQG	GLVVANNTNLKTID.GI ALVVANNTNLKDLS.TF GFIIANNTQLKVLIG.GI ALVVANNTGLQKIG.GI GFVIANNSKLATID.TF ALVVIANNTGLQKIG.GI GFVIANNSKLATID.TF ALVIANNSKLATID.TF ALVIANNSKLATID.TF ALVIANNSKLATID.TF GLVIANNSLISTIN.FF GLWINNTKIDKIN.FY GLVMINNSLISTIN.FF GLVANNTELESIN.GF GLUVANNTELESIN.GF GLLVANNTELESIN.GF GFTIQNNTKLESIN.GF GFTIGNNTKLESIN.GF GFTIGNNTKLESIN.GF GFLVANNTELESIN.GF GGLVANNTKLKKVD.GF GLMIANNSELTNLD.FF GLMIANNSELTNLD.FF GLMIANNSELTNLD.FF GLMIANNSELTNLD.FF GLMIANNTELEXIT.FF	KNVQTVGGAIDITGNFTTL KNVQTIGGALIVTGNFTTL NKVQTVGGALIVTGNFTTL NKVQTVGGALIVTGNFSTL DNLTTIGGTLEVVGNFTSL SELSTIGGALVVTGKFGDL KSVKSIGGSLTVNGSFSEL PKLESVSGTVNMSGTFDNG PKLESVGGAIELVGNIKET PKLETIIGGALELVGNIKET PKLKIIGGALELIGNIKET PKLKIIGGALELIGNIKET PKLKIIGGALELIGNIKET PKLKIIGGALELIGNIKET PKLKTYTGAALRGSFEKV PALQTVVGAIKLRGNFTEV PALQTVVGAIKLRGNFTEV PKLKTVAGSIDFTGNFSSV PVISEIGGGLVLLGNFSSI AKLKTVEGAVDISGNIANF GNLTTIKGAVTISGPFDNI PKVKSVAGAIEMLGNFSEA KSLKLIGGAIQFKGNIKEDT PNLKQIGGAIHFDGNFITA	DLSSLKSVRGGATFNTVSGNF DMSSLKSVRGGADIETKAGNF DMSSLKSVRGGADIETKAGNF DLSSLKSVRGGADVESKSSNF NLDSLKSVKGGADVESKSSNF NLDSLKSVKGGADIESTASNF DLSELGSVRGGVSVNSKAKNF TTFESLKRVSGGFILKTDG.KL NLKNLKLVKGSAKIKSSDSSF SLKNLKLVKGSAKIKSSDSSF SLKNLKLVKGSAFILKSTSSIF KKLPKLQVSGSVVVSSTTDIE SLPSINDVKGVFDTQSTTDIS KFPKLQSVRGAFDLSSTNDVT TTLPSLKNVRGGFNMQSTGNFS ELPKLRVVKGGSAFIKSTSDF DMPDLSDVKGALTVETKATNF TTLPSLKNVRGGFNMQSTGNFS TLPKLRVKGSAFIKSTSDF TLPKLKVKGSAFIKSTSDF TLPKLKVKGSAFIKSTSDF TLPKLKVKGSAFIKSTSDF TLPKLVKGSAFIKSTSDF NMPKLKLVKGSAFIKSTSDF NMPKLKLVKGSAFIKSTSDL NMPKLKLVKGSAFIKSSSNVL SFQNLKLVKGSAFIKSSSNVL DLPEKLVKGSAFIKSSSNVL DLPEKLVKGSAFIKSSSNVL DLPEKLVKGSAFIKSSSNVL SFQNLKLVKGSAFIKSSSSEL SFQNLKLVKGSAFIKSTSALL

01Cg gi 50294025	330 340 350 360 370 36 S. S. PLKSL. QSKGA I QGDS FVCKNGATST SISMSSRSRSSSSAS ATVT	BO ARS
02Cg gi 50286919	S. COPFKKL. ÖSKGGI ÖGD N F V CKNGATST SISLTSRSSSAS QSSSS QRASATAS	GNS
SaEcm33_EC33_YEAS SaPst1 PST1 YEAST	S. CNALKKL. QSNGAIQGDSFVCKNGATSTSVKLSSTSTESSKSSATSSASSSGDASN	
01K1 gi 50305773	S. CDALNKL. QQKGGIQGDSFVCKDGQTSTSVKLTATGTSDDDDSTATS	
EgEcm33 Q75DT6 01Dh gi 50427223	S. CNPLDDL. HKGQEHSGQSTKCSTGKSDDSSSSSGSSGSSSS	
CaEcm33.3_Ecm33p_	S. CSAFNKL.NTNGDIKGDKFQCEDRQTTSSSSSKKSGSATETSGS	.SE
01Dh gi 50428239 CaSps22 CA0513 IP	D. CTKWTKS.ELSSVIRGGKIECINANNERITADTPTEGGNNDTADNDEH	
01Gz gi 42547562	EF <mark>C</mark> KYFDDL.KKDK <mark>K</mark> IDG <mark>E</mark> EKCTFN <mark>N</mark> KNANKGEDGG	.E.
01Mg gi 38106796 NcQ871K5 SPAC23H4	SSCOTFKKA.GSNGQIQGKVICESNNSKANDDGKNDCKALAKM.APKTQGGNGEIEGTFDCQSNNEEANQDTSGKGK.	
gi 32421769 ref X	NDCKALAKM.APKTQGGNGEIEGTFDCQSNNEEANQDTS	.TG
An01 gi 40741117 SpMeu10	CSTFNSW.KDNTIHGTYKCEAETSDPTTADGTSTST.CPFR.QSDGIIKGKSFVCRGSVDNPRQSKESSFDDDDFDELLGNGTIKGSK	
SpYin3 YIN3_SCHPO 02Dh gi 50427973	T. CPWS.NDDSVIKGDDFTCQGSVATISATSSYDLSSTVSATSGSATSATGSAD. CTSFKKK.LKKVVKGGKSPKCSAPKKKNKSTSSKKGSSSTSSSSKS	
CaPst1 Ecm33.1	D. CSAFDKL. HEKGKIEGHNYVCTHPANPSSSSKSGSSTQTGKSDSKS	.SD
01Y1 gi 50550121 02K1 gi 50304567	N. CSSWNDA. HSNGDIQGDSYQCSAKESQTSVALSATSGSGSASSSATGSAGSSGSA	
03Cg gi 50288883	D. CKRWFTPVNGRAIVRGGKLKC LANERESTIRI. GDDGSLIDNDDSPQYD	D
EgSps22 AFR723Cp SaSps22 SPS22 YCE	D. CSKWTRPLSGNSIVRGGQLECTSAGKRNTVSV.SKDGVVIDRDTTEVV	
SaSps2 SPS2_YEAST	N. CEEFTSPKAGRSIIRGGKIECTSGMKSKMLNV. DEEGNVLGKQETDNDN	G
04Cg gi 50285137	D. QKWINPIRGKSVVRGGKIECVNGKSLHGNQA. IPVGNPILPEKVNHEN	K
	390 400 410 420	
01Cg gi 50294025	NDTASTSSTKTKKSKGAAAQEVFPAGSFFGAVAAVAVALL	
02Cg gi 50286919 SaEcm33_EC33_YEAS	SNSASTAASTSSANKQKSKGAAAGLADSFQGSSLMGALAAVALALI NVSASASSSSSSSKKSKGAAPELVPATSFMGVVAAVGVAYYKIKATICV	
SaPst1_PST1_YEAST 01K1 gi 50305773	SASSVSSSGASSSSKSSKGNAAIMAPIGQTTPLVGLLTAIIMSIM DSGSAGSSTT.SSSKSSGAAAHFNAPGSSVMGAVAAIAYALL	
EgEcm33 Q75DT6	GDSGSSTKGSPATSKDIGAHLTPGASLMGAFAAVAIALL	
01Dh gi 50427223 CaEcm33.3_Ecm33p_	SNSGSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSS	
01Dh gi 50428239	klaskgvnlnatrnlkyilllfilmlinklaskgvnlnatrnlkyilllfilm	
CaSps22 CA0513 IP 01Gz gi 42547562	GGNDDVKMNKETTSSSSGCCGGNVFANGLQHFTLFQFIAILITLVESDGSGSSQSNEDDSAAGSVSINMAVLALAGVAALAQIF	
01Mg gi 38106796	ITAGSGGSSGNNKNSAAGT.TINMALLGLSIIGGAAASFL	
NcQ871K5 SPAC23H4 gi 32421769 ref X	SGQGVTGGSSGSGSDKKDSGAAGLSVN.AGLFLAAAGVLAQLLLSGQGVTGGSSGSGSDKKDSGAAGLSVN.AGLFLAAAGVLAQLLL	
An01 gi 40741117 SpMeu10	SSTTTSGDGSSPTDDAAVLTAANVPVMGVAALFGLLVQYVL TSPVKQSGAAKVDSRPFRLVTFFLVLVSGFAHLL	
SpYin3 YIN3_SCHPO	TSYSSDSSASSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSS	
02Dh gi 50427973 CaPst1 Ecm33.1	SGSSA.DSSSDSSSSSSSKSSANVLVNSTFILTIALGAVFALFVGSSSSNSSSSSKKGASNVLVVPGMVLTTALGVLLALI	
01Y1 gi 50550121	GTSAGSSAQASGSSAKKDGDKKNSANTLRGAEIVAGFGAGAAILIHLL	
02K1 gi 50304567 03Cg gi 50288883	AKETNGSTIMGANFLLLALAVLGTVRILG SPENKDRQENSAMLRSKIRGLLPLTTLLSMYLILF	
EgSps22 AFR723Cp	PNENSAGLLIFVTLQSIMSKNQLGKLVWSLGFGWMVFLLIFVTLQ	
SaSps22 SPS22 YCE SaSps2 SPS2_YEAST	LTQEGEDSKKRVISKYANSANPSMQLDPLLFGTCLVAMLLFKKEKGKNGAKSQGSSKKMENSAPKNIFIDAFKMSVYAVFTVLFSIIF	
04Cg gi 50285137	PGNKGFKNAKTATEYNQAKPLMNSLIESENSSNKKRLSLLTNFLLMSSALF	
01Cg gi 50294025		
02Cg gi 50286919 SaEcm33_EC33_YEAS	TLISSLMISLPFLFYYETVGSSLNFICR	
SaPst1_PST1_YEAST		
01K1 gi 50305773 EgEcm33 Q75DT6		
01Dh gi 50427223		
CaEcm33.3_Ecm33p_ 01Dh gi 50428239		
CaSps22 CA0513 IP 01Gz gi 42547562	NSFVLPL	
01Mg gi 38106796	•••••	
NcQ871K5 SPAC23H4 gi 32421769 ref X		
An01 gi 40741117		
SpMeu10 SpYin3 YIN3_SCHPO		
02Dh gi 50427973		
CaPst1 Ecm33.1 01Y1 gi 50550121		
02Kl gi 50304567 03Cg gi 50288883		
EgSps22 AFR723Cp		
SaSps22 SPS22 YCE SaSps2 SPS2_YEAST		
04Cg gi 50285137		