Our sequence aligner, PAM 250 and global alignment,

MRVKEKYQHLWRWGWRWGTMLLGMLMICSATEKLWVTVYYGVPVWKEATTTLFCAS

|||||||||||||||:|||||||:||||||||||||||||||||||||||||||||

MRVKEKYQHLWRWGWKWGTMLLGILMICSATEKLWVTVYYGVPVWKEATTTLFCAS

DAKAYDTEVHNVWATHACVPTDPNPQEVVLVNVTENFNMWKNDMVEQMHEDIISLW

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

DAKAYDTEVHNVWATHACVPTDPNPQEVVLVNVTENFNMWKNDMVEQMHEDIISLW

DQSLKPCVKLTPLCVSLKCTDLKNDTNTNSSSGRMIMEKGEIKNCSFNISTSIRGK

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|

DQSLKPCVKLTPLCVSLKCTDLKNDTNTNSSSGRMIMEKGEIKNCSFNISTSIRDK

VQKEYAFFYKLDIIPIDNDTTSYKLTSCNTSVITQACPKVSFEPIPIHYCAPAGFA

|||||||||||||:|||| | ||:| ||||||||||||||||||||||||||||||

VQKEYAFFYKLDIVPIDN-T-SYRLISCNTSVITQACPKVSFEPIPIHYCAPAGFA

ILKCNNKTFNGTGPCTNVSTVQCTHGIRPVVSTQLLLNGSLAEEEVVIRSVNFTDN

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:||||| |||||

ILKCNNKTFNGTGPCTNVSTVQCTHGIRPVVSTQLLLNGSLAEEDVVIRSANFTDN

AKTIIVQLNTSVEINCTRPNNNTRKRIRIQRGPGRAFVTIGKIGNMRQAHCNISRA

||||||||||||||||||||||||| ||||||||||||||||||||||||||||||

AKTIIVQLNTSVEINCTRPNNNTRKSIRIQRGPGRAFVTIGKIGNMRQAHCNISRA

KWNNTLKQIASKLREQFGNNKTIIFKQSSGGDPEIVTHSFNCGGEFFYCNSTQLFN

||| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

KWNATLKQIASKLREQFGNNKTIIFKQSSGGDPEIVTHSFNCGGEFFYCNSTQLFN

STWFNSTWSTEGSNNTEGSDTITLPCRIKQIINMWQKVGKAMYAPPISGQIRCSSN

||||||||||||||||||||||||||||||:||||| |||||||||||||||||||

STWFNSTWSTEGSNNTEGSDTITLPCRIKQFINMWQEVGKAMYAPPISGQIRCSSN

ITGLLLTRDGGNSNNESEIFRPGGGDMRDNWRSELYKYKVVKIEPLGVAPTKAKRR

||||||||||||:|| ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

ITGLLLTRDGGNNNNGSEIFRPGGGDMRDNWRSELYKYKVVKIEPLGVAPTKAKRR

VVQREKRAVGIGALFLGFLGAAGSTMGAASMTLTVQARQLLSGIVQQQNNLLRAIE

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||

VVQREKRAVGIGALFLGFLGAAGSTMGAASMTLTVQARQLLSDIVQQQNNLLRAIE

AQQHLLQLTVWGIKQLQARILAVERYLKDQQLLGIWGCSGKLICTTAVPWNASWSN

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

AQQHLLQLTVWGIKQLQARILAVERYLKDQQLLGIWGCSGKLICTTAVPWNASWSN

KSLEQIWNHTTWMEWDREINNYTSLIHSLIEESQNQQEKNEQELLELDKWASLWNW

||||||||: ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

KSLEQIWNNMTWMEWDREINNYTSLIHSLIEESQNQQEKNEQELLELDKWASLWNW

FNITNWLWYIKLFIMIVGGLVGLRIVFAVLSIVNRVRQGYSPLSFQTHLPTPRGPD

|||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||| |||||

FNITNWLWYIKLFIMIVGGLVGLRIVFAVLSIVNRVRQGYSPLSFQTHLPIPRGPD

RPEGIEEEGGERDRDRSIRLVNGSLALIWDDLRSLCLFSYHRLRDLLLIVTRIVEL

||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

RPEGIEEEGGERDRDRSIRLVNGSLALIWDDLRSLCLFSYHRLRDLLLIVTRIVEL

LGRRGWEALKYWWNLLQYWSQELKNSAVSLLNATAIAVAEGTDRVIEVVQGACRAI

||||||||||||||||||||||||||||:|||||||||||||||||||:|:| |||

LGRRGWEALKYWWNLLQYWSQELKNSAVNLLNATAIAVAEGTDRVIEVLQAAYRAI

RHIPRRIRQGLERILL

||||||||||||||||

RHIPRRIRQGLERILL