

A

Hydrophilic domain

Hydrophobic domain

PdOLEO7	MA - - - - - E	HRP - - - - - E	GL - KGFLPKK	APSKSQVL - A	VVAVLP IVGL	LLLLSGVTLT	ASVVGLAVAT	PLFLLFSPVL	VPAAI	70
PdOLEO8	MA - - - - - E	RLP - - - - - E	GL - RGFLPEK	GPSKSQVL - T	VVAVFP IGGI	LLVLSGVTLT	ASVVGLAIAT	PLFLLFSPVL	VPAAI	70
PdOLEO6	MA - - - - - ERH	HQAPPPAAME	ELTKGLLREK	GPSASQVL - A	VVTLLP IGGI	LLALSGIILA	GTVIGLAAVT	PLFVIFSPVL	VPVAL	79
PdOLEO9	MAIMTEYESQ	YRPPPPAAVE	RI - KIFLPEK	VPSASQVL - V	AVTLLA IGGI	LLALSGITLT	GTVIGLAVAA	PLFVLFSPVL	VPAA	83
PdOLEO2	ERGGW - - - - H	GTALVR SRAR	RNKVEE MAEH	QPTSH TIV - R	GVTAA TIGGI	LLLLSGLTLT	GTVIGLTVVT	PLLVI FSPVL	VPAT I	80
PdOLEO3	MAE - - - - -	- - - - -	- - - - QQQKEH	QPTSPRVV - K	GVTAA TIGGS	LLLLSGLMMA	GTVIGVTVVT	PLLVI FSPVL	VPAVI	63
PdOLEO4	MA - - - - -	- - - - -	- - KVRQAA - -	- - - - - - - R	FVTAGAMGVG	LLVLSGLTLT	GTVIGLVVAT	PLLVI FSPIL	VPAAA	54
PdOLEO5	MADRQPGAGP	RAQRPA SG - -	QVLLRRLQDR	APTSTQVV - G	FLT LVISGGI	LLLLLTGLTLT	GTVAALVFFG	PIILLTSP IW	FPVAA	82
PdOLEO1	MA - - - - -	- - - - -	- - - - - EH	GISGTTILYA	TLSGLAIGGP	LLGMMASTLL	ASLTLLLAAS	PFLLLFSP II	LPAAF	59
Consensus	MA - - - - -	- - P - - - - E	- L - KGFLPEK	GPSSSQVL - A	VVTXLXIGGX	LLLLSGLTLT	GTVIGLAVAT	PLXVLFSPVL	VPAAI	

PdOLEO7	A IGLAVTGFL	ASGAFGLTGV	SSLSCFIEHA	RRVVS KA - - -	- PEQLELTRQ	WMAE AAGQVG	QRTKEAS - - -	- - - - - - - - -	-	133
PdOLEO8	A IGLAVTGFL	ASGAFGLTGL	SSLSCFMEEA	RRLVSKA - - -	- PNQLEQVRQ	RTAE AVGHVG	QRTKEATQGM	Q - - - - - G - R	T	140
PdOLEO6	A IGLAVMGFL	ASGAFGLTAL	MSLSWVVS SV	KGR - RG - - -	- - - - - - - PKR	RPPRV P - - - -	- - - - - - - - -	- - - - - - - A - A	R	126
PdOLEO9	A IGLAVTG LV	ASGALGLTAL	VALSWVVS YM	RGR - RRR - - -	- PEGMEHAKR	RMAE AAGR VG	QRAKGVGQGI	QEKAQEVA - S	T	158
PdOLEO2	AVFLLVAGFV	TSGGF GVAA L	SVLSW MYQY V	TGRRPPG - - -	- FDQLEQARA	RLASKARDIK	ESAQHRI D - -	- - - - - - - - -	-	144
PdOLEO3	TVFLLVTGFV	TSGGLGVAAI	SVLSWLYKY L	TGKR L PG - - -	- SEQLEQARA	QLASKARDIK	DHAQRRT EQA	QSS - - - - - - -	-	132
PdOLEO4	AAALVAAGLL	LSGGFGVAAV	SALVWIYNYV	TGKHPPG - - -	- ADRLDAARA	ALARKARDYG	HYVQTKTQEA	AATGA - - - - -	-	125
PdOLEO5	VIFISIAGFL	SFCGFGVAAV	AGATWLYRYF	SGRHP VG - - -	- SDRVDSARS	RIADTASHMK	DYAREYGGYL	HSRMYKDAAPG	A	159
PdOLEO1	MVAASMAGFG	LAAALVVVG I	SALMLALRYA	RRGAPGA ISW	MMETLTESRQ	RVKEEWVDHG	GCMQHTVEVL	PSEDENNVN R	E	140
Consensus	A IGLAVXGFL	ASGAFGVXAL	SXL SWXYXYX	RGRXPPG - - -	- PEQLEQARX	RLAEXAXDVG	QRAQEXTQ - -	Q - - - - - - - -	-	