

# SMAD1

IPB003619, IPB001132, IPB001346, IPB003314, IPB002004, and IPB003965

Genomic Sequence



Coding Sequence



For help interpreting these results, view the [PARSENP Introduction](#) page.

#	View On Sequence	Nucleotide Change	Effect	Restriction Enzyme Differences from REBASE		PSSM Difference	SIFT Score	Description	Zygotity
				Gained in Variant	Lost from Reference				
1	<a href="#">G C</a>	T153G	L18R	<a href="#">AciI</a> , <a href="#">FauI</a>	<a href="#">BseYI</a>			8452	Homo
2	<a href="#">G C</a>	T172C	D24=	<a href="#">FinI</a>	<a href="#">FokI</a> , <a href="#">TspDTI</a>			15	Homo
3	<a href="#">G C</a>	G176A	E26K		<a href="#">Ksp632I</a> , <a href="#">MboII</a>	14.3	0.35	76	Homo
4	<a href="#">G C</a>	T185C	W29R	<a href="#">AciI</a> , <a href="#">Cac8I</a> , <a href="#">FauI</a>		24.8	0.04	6535	Homo
5	<a href="#">G C</a>	T252C	L51P	<a href="#">NlaIV</a>	<a href="#">MaeI</a>	25.2	0.00	5211	Homo
6	<a href="#">G C</a>	C297T	T66I		<a href="#">MaeIII</a> , <a href="#">Tsp45I</a>			1708	Homo
7	<a href="#">G C</a>	C311T	L71=	<a href="#">CspCI</a>	<a href="#">BsrI</a> , <a href="#">TspRI</a>			7982	Homo
8	<a href="#">G C</a>	C355T	H85=	<a href="#">NlaIII</a>	<a href="#">BtrI</a> , <a href="#">MaeII</a>			6326	Homo
9	<a href="#">G C</a>	C388T	D96=	<a href="#">DpnI</a> , <a href="#">MboI</a>	<a href="#">BspMI</a>			8621	Homo
10	<a href="#">G C</a>	G458C	V120L	<a href="#">BinI</a> , <a href="#">DpnI</a> , <a href="#">MboI</a> , <a href="#">XhoII</a>	<a href="#">FokI</a>	18.5	0.17	6593	Homo
11	<a href="#">G</a>	G7258A	Intron					5488	Homo
12	<a href="#">G C</a>	C7278A	P137T	<a href="#">Tsp4CI</a>				2676	Homo
13	<a href="#">G C</a>	C7362G	P165A	<a href="#">AsuI</a> , <a href="#">DraII</a> , <a href="#">HaeIII</a> , <a href="#">MnlI</a>	<a href="#">HgiIII</a> , <a href="#">MwoI</a> , <a href="#">SduI</a>			7227	Homo
14	<a href="#">G C</a>	C7401T	P178S	<a href="#">BsaXI</a> , <a href="#">Hin4I</a>				6143	Homo
15	<a href="#">G C</a>	C7404A	Q179K		<a href="#">BseYI</a> , <a href="#">NspBII</a>			6369	Homo
16	<a href="#">G C</a>	G7483A	G205D		<a href="#">BbvI</a> , <a href="#">Fnu4HI</a> , <a href="#">TseI</a>			4128	Homo
17	<a href="#">G</a>	C7697T	Intron					6744	Homo
18	<a href="#">G</a>	C7753T	Intron		<a href="#">Tsp4CI</a>			2125	Homo
19	<a href="#">G</a>	T7834C	Intron	<a href="#">TaqII</a>				2778	Homo
20	<a href="#">G</a>	C7868T	Intron		<a href="#">MnlI</a>			2923	Homo

21	<a href="#">G</a>	A7973T	<a href="#">Splice Junction</a>	<a href="#">TspDTI</a>				6873	Homo
22	<a href="#">G C</a>	A8023G	D243G	<a href="#">CviJI</a>	<a href="#">Tsp4CI</a>			7377	Homo
23	<a href="#">G C</a>	C8031A	Q246K	<a href="#">BstXI</a>	<a href="#">BseYI</a> , <a href="#">BsiYI</a> , <a href="#">PfiMI</a>			1912	Homo
24	<a href="#">G C</a>	C8031A	Q246K	<a href="#">BstXI</a>	<a href="#">BseYI</a> , <a href="#">BsiYI</a> , <a href="#">PfiMI</a>			5724	Homo

[Download Tab-Separated table](#)

[View Variants on 3D Structure](#)

No [protein homology model](#) was submitted. You may add one using any or all of the fields below.

**Blocks Families:**

**Blocks File:**  no file selected

**Sequence Alignment:**  no file selected

**-OR-**

## Genomic Sequence

```

ttttatTTTTTgaggaggcacagcagaaattacctgttctagttagctgaatctgacggagtaactgagact      0
                                                                                               72

                M  N  V  T  S  L  F  S  F  T  S      11
gtgTTgactgggCGCACGTGGCGCCACA atg aat gtc acc tca ctc ttt tcc ttc acc agc      133

P  A  V  K  R  L  L  G  W  K  Q  G  D  E  E  E  K  W      29
ccg gcg gtc aaa cga ctg ctg ggc tgg aag caa ggg gat gaa gaa gag aag tgg      187
                gL18R[1]                cD24=[2]                cW29R[4]
                                   aE26K[3]

                IPB003619B (1.2e-13) IC 2.15
A  E  K  A  V  D  A  L  V  K K  L  K  K  K  K  G  A      47
gca gag aag gcg gtg gat gca ctg gtc aag aag ttg aag aag aag aag ggc gct      241

M  E  E  L  E  R  A L  S  C  P  G  Q  P  S  N  C  V      65
atg gag gaa cta gag agg gca ctc agc tgc ccc ggt cag cca agc aat tgt gtc      295
                cL51P[5]

                IPB003619C (2.2e-47) IC 2.23
T  I  P  R  S  L  D  G  R  L  O  V  S  H  R  K  G  L      83
act atc cca cgc tca ctg gat ggg agg ctt caa gta tca cac cga aag ggg ctt      349
tT66I[6]                tL71=[7]

```

P H V I Y C R V W R W P D L O S H H 101  
cct cac gtc atc tac tgc cgt gtg tgg cga tgg ccc gac ctg caa tcg cac cat 403  
tH85=[8] tD96=[9]

IPB003619D (1.2e-16) IC 2.54  
E L K A L E C C E F P F G S K Q K D 119  
gag ctc aag gcc cta gag tgc tgt gag ttt cct ttt gga tcc aag cag aag gat 457

V C I N P Y H Y K R V D S P V 134  
gtg tgc atc aac cct tac cac tac aaa agg gtg gac agt cca g gtgagcgtggctaa 514  
cV120L[10]

134  
attgttaaataaaaagatcaatgtgcactaatgatgtggatnttgactagtctcagtatcacaaaatgtag 586

134  
aatctattttaaaaaatataatcattcaaatttgttcattgacactggttacatcaagtcaattcaattattt 658

134  
taaacaattatttaaaaaataatccatacattaactcacacatttaccatttacttaaacaaaagacttgaag 730

134  
gcatcatagattgaaaaaaatcttattaattctacttattaccaatnttcttattctattttctagtcaaag 802

134  
tatctaaatgttctaataatcaagaagcattnttctagagaaaaaaatgtcttgttttcagaaagaataagtc 874

134  
aaaaataaatgagttgnttcttttatatatatatatatataatataaagctaataataagggcacc 946

134  
cccccccccaaaaaaaactgatttatttaatcnttgccctgatgattnttcaagacacttctgtacagctta 1018

134  
atgtgacatttaaggcttaataggttaattaggttacctgggcaggttacctgtataataatggnttgttc 1090

134  
tgtagactatcaaaaaatataatagcttaaaaggggctaatacattnttgaactaaaatgntttttaaaaaattca 1162

134  
aaactcntttttaatctagctgaaataaaacaaataagactnttctccagaagaaaaatattataagacata 1234

134  
ctatgaaaactatatatacaaatnttnttgcttgtaaaaatgattgnttgagnttaacttatgnttcaattgaa 1306

134  
tattnttagtattgnttagatattctaaagagtcatgagaccatagnttcaaaagaaacttcaaacacaaat 1378

134  
gatcactgnttactctgatgaaggcaagtnttggccgaaatgcgtaggcagntnttaaggaataaccaggcc 1450

aataaaggcttttaaatatTTTTTCCacatttttcgattgccgtggactgattttatTTTTTattctgat	134 1522
gaaaataagattatTTTtgcttacctattggctgattatTTTTctgtTTTtaaggaaaaaatcaaaaaatt	134 1594
tggacttattactgaaaacaagacaatatgTTTTattgtgcagaaaatgcttggtgatttattcatttt	134 1666
cagatTTTTgactggaaacaagaaaatatgggaagccattgtacttagggctgtgcaatatgaaaaatat	134 1738
ataaaacaaaaatctTTTatTTTgtgctgtcacaaaattgTTTacaataaaatacattgTTTtacagtaatac	134 1810
TTTTcttaatttatatgagcgcaatattacgtgctattacatggatggagacaaaaacatgaataacagca	134 1882
tcttgtgaaagttgcagtcctagttaaatTTTTTtacctTTTtaagttggacttgtaaccattactTTTTaaat	134 1954
ctgtcttTTTTattaatatatatatTTTTtatTTTTtattaacattttgcccttaagttcttaaaaa	134 2026
agtgagagatatcacaatgaatgagtaagttgatactTTTaaatgtcaaaagaaatagtcacaaatacatg	134 2098
tagtcaacataaaattaatataatgtgagttgattgaattgacagaaacgttacaataccatatgtatcctc	134 2170
gtcaggatatgagatgacttaaatggtgatataagctTTTTcggttatatcaccagccctaactccactat	134 2242
aaacaacatgcttaagaaatctTTaattcaaaaaactgctTTTgttaatcaaaggaactgaaacatctcatt	134 2314
ttgaatTTTgtctcaatatcattTTgacttgagtggtgatgaaagactgcatccgcagaaaagatcaatc	134 2386
cTTTTctacattgcttctTTtagataatgtagcaggtaaagtaataaaggcagacaaaaacacttagatta	134 2458
cattaagattacttaataaaatgatagtgataggaattacaggctattgtgcagtgacatgaataaatagta	134 2530
TTTTacgattaatgtagtcaagcaaatttagtcactagctTTTctctgcacatcagcattTTTcaagcttgt	134 2602

gtgacaactgtacattggttattgtacatacaattctataaaaatgtatgtgctggttaataaaaagaaatacatc 134  
2674

ttataatTTTTtattcattTTTTccccattTTTTatttacaatatattgtgatataatccttgaacggTTTTcttg 134  
2746

tgatatattaatatattgcagacgcgctgatgatcaatatgggagcataaatattgtgagttaacctgtga 134  
2818

ttccacccttaaaaaatgcagtccttgacttgctttccatgtgattcttacaccatgtctacatgtctga 134  
2890

ctcttggttggttgcatcacacattcattttcccctacaactcaaaagtagcacgagtgcttagagtaggtc 134  
2962

agaaatagatcagggcatgagtttacagtctgcgcttgcgatgtctcaccacactgcacccagcgtaggcag 134  
3034

aattactgagtataatggcttctgTTTTcttaacttgcatcacacattttactgcttactcTTTTTTTaaa 134  
3106

cacaacagttcaactgtaaaataaaaagaaatgctgtgctgactgcattgcattgacagtaaatattgcaac 134  
3178

attgaattaattatggtggcacagtggtagcactgtcgccataactaaaaatccactgggttgagtcca 134  
3250

ggctgggccagttgtcatttcgggtgtggagtttgcatgttctccctgtgttcgggtgggTTTTcttccccagt 134  
3322

ccaaagacatgtggtatgggtgaattgaataaactaaattggccatagtgatgtgtgaatgagtggtgatt 134  
3394

ggtgaagggcatccgctgtgtgaaacatatgctggaatagttgccggttcatttcgctgtggcgatctccaa 134  
3466

tagagacaaagaaaataaatgaatgaatgaatgaataaacaaccaccaagcaatggtgtgtaaatagtca 134  
3538

tctagcaatgatgtccttgaataaaacaaggctaaatttggtctgtcagagaaaaatatttgagacgtctaac 134  
3610

aataggccaaaaataaactatagtcattaaatagacagattagaacacttcacatttctgtctatttgatg 134  
3682

gctagtctatatttgacattattagattttcactgacagcccaaatctagccaagacatcttggtttagat 134  
3754

134

taccagtgttgggtaaatttacttataaaaagtcatatattaatcctaatttttaaagtaaataaatgaaaaat	3826
	134
gaaaaaataaaaatagcaaataatttcgtattccttttattaaaaagtaagctttaatagtaagcaactata	3898
	134
gtttttaagtgattcaagattttaacatatggattttaagagtaactatccaccactgtttatcactatta	3970
	134
aatTTTTatTTatgTTTatgTTTTaaccAAAAataaccatattttacttcgcaacagcatccatctatta	4042
	134
ttttaatatgcaaatctcctaccagtttacttcaaaatcttcagaacacccatcaaaatggatggcca	4114
	134
atgtgagggtcaaaaacagaaagtagacatttaattctaaattgtgattttatttgttcttgagttatgta	4186
	134
tattataagagaaccccagagaatatcagaagataaaaaaggcatttcatgaccctttaatacactattatt	4258
	134
aaaggcacataataaatattcattcattcattcatcttcttttaggcttagtgcctttattaatctggggtc	4330
	134
accacagcagaatgatccgccaacttatccagcatatggtttatgcaacggatgccgttctagctgcaacco	4402
	134
atcactggcaaacaccatacacactcattcacactcatacaataaagacaatttagcttacccaattcacc	4474
	134
tgtaccacgtctttggactgtgggggaaaccggagtaccaggaggaaaccacatgaacgcaggaagaacat	4546
	134
gcaaaacttcacacagaaacgacatttgaccagctgaggttcgaagtcataatcaatataattctatgcaa	4618
	134
tgggaagtttacggcacaagtatttcttaagtagtagtaccatatatttcccaaacattggcagcctattc	4690
	134
agttcagcatgctcatataacagaatgttattgtccattgggtgaatacacagactttaacagttgcacag	4762
	134
tattatctgaatggctgataaatcaggccaataatgccttcaaatgtaaacadccatgtgatgctgacgt	4834
	134
ggcttgctaataagatgcatggtgtcgttactaagcataattatattcattcaaaaaccttcaattttaaa	4906
	134
tttcaattttatctaactttttaaaatgtctttagaataataagtgatcaaaatcattttgtcagtgaaaag	4978



cacacatcgataatgttggtggcaatacctttacactggtatgtaactcggcatgtaaacagacgaagaaga	134 6202
catcgcacattaaatgatgagaaaacatacaagataacctagaaagaccttaaaaaatttgtgaatgaaatt	134 6274
acttaaagatttgattcgggcacaccacataacacaagcatggtctcacagctctttcacaccaggagaaac	134 6346
attgaatttaaattggttacatattaaatattaaattaaatggtatttttatgttacagaaacctgggtata	134 6418
cccagggcttacagaaccctgggcctaggagtaatgaaaatatataataaatatTTTTgtctctgggtata	134 6490
TTTTaacagaaagtcaacacagaataatgctgaaaatattgccgcaaatttaagaaaagataaagcaaaat	134 6562
cagtcacacaaaatcctggtggttactgatattatacaaaaatactgaaaatcgtggacaacaaacttaggt	134 6634
attctgatatttgtcaccctcctggcatatttgggaaaacactgtagatatttagaaactatTTTtatgaact	134 6706
gatcactaaaatggTTTTgggtatttctaaggcatcagtagctatgTTTccatcttgatgagaagcaaatc	134 6778
TTTTcaaagttcgcaaaaaaagacaaaatcccaaatgggaattaggtgcatttccatcaagttggtggagag	134 6850
gtcgactgtaccaataactaccaatactacagtcgacctctccaacaacttgatgaaaacacacctaattccc	134 6922
atttgggatttaaccaagggaagcataaaggaggcgactgcagtcacattggtgtaatttattctcatttoc	134 6994
gtctcccattattaacattcagcattTTTTgcacaaactcaaaccatctcaaccaagcataaaaacctttt	134 7066
tgccaactTTTTattcagaatatcttgtttctcatgcaaaaatgtgcattaacgcagtgatggaaactcag	134 7138
ctactgtgaaaacctctttcattaataagagtggtgatgattatattaaatcttcaatggattctcttcaa	134 7210
tggatcacctattcagttctgattctcatggttgacatatttctcccgttttcctgcag tg ctg cca	136 7277

a[11]

P V L V P R N S E F N A K L S M L P 154  
ccc gtg ctg gtt cca cga aac agc gag ttc aac gct aaa ctc tcc atg ctg cca 7331  
aP137T[12]

R F R N P L H Q T E P P M P Q N A T 172  
cgc ttc cgt aac cca ctc cac cag acg gag ccc ccc atg cct cag aac gcc acc 7385  
gP165A[13]

F P D S F P Q Q P A N A L P F T P N 190  
ttc ccc gac tcc ttc ccc cag cag cca gca aat gcc ctt ccc ttt acc ccg aac 7439  
tP178S[14]  
aQ179K[15]

S P T N S Y P S S P N S G T G S T A 208  
tcc cca acc aac agt tat ccc agc tcg ccc aac agc ggc aca ggc agc act gcc 7493  
aG205D[16]

IPB001346D (8.7e-05) IC 1.04  
T F P H S P S S S D P G S P F Q M P 226  
acc ttt cca cat tcg cca tcc agc tca gat cca ggc agc cct ttt cag atg cca 7547

E 227  
g gtgagatcgctcttaacctgcacgttaatggtgcactagaaacatttatgaatattattaatgcattatt 7618

227  
actgtgaggagttcacctacagtatgtttatagttgaaatgtatgtagttaaatctcataccgagcttatt 7690

227  
cacacactcttgtactggatttagcaaattaagtttagcaaattcatattagtttgattttactgttctggc 7762  
t[17] t[18]

227  
attaagctatgcaaaacttctacagcttttaagggaaagactgtacatttgacatgtatctttttctgact 7834  
c[19]

227  
gactcttttttccacttaagttaatgtttaaccctcaatatttctaagtggaaatacaaaaatgtagtc 7906  
t[20]

227  
atgtgtcagtacatgctcgtcattcacctttcactgtgttgcttggttttgggtggtgcttctaaag aa 7976  
t[21]

T P P P A Y M P P E E P M T Q D C P 245  
acc cct cca cct gcg tat atg cct cca gag gag cca atg aca cag gac tgt ccc 8030  
gD243G[22]

Q P M D T N L L A P N L P L E I S N 263  
cag cca atg gac act aac cta tta gct cca aac ttg cca ttg gag atc agc aac 8084  
aQ246K[23]  
aQ246K[24]

R T D  
cga aca g gtacccttcattttaaagctaaaagacaccataaaaataagacactactctaagctccagtca 266  
8153  
  
ctccagcaaagatattgctccttccttacagtctgacatgggcgcttttatagctatcagcagctgccgacct 266  
8225  
  
aactgcaggtgcaggaagtccacacacaaacataactcgtgcacagcgtcacagacagtctgagttttgtc 266  
8297  
  
ctttaaagtgtatgggggttcttgcagtacagcatgtggcatgcaaatgagcaaaacagttagaaattggt 266  
8369  
  
aaataatgggggttctttaaactgtgttttagttggaaaaggagtcacatatacagttgaagtcagaatt 266  
8441  
  
attagcccccttgtatTTTTTTTTTTTTTTTTTaaattaattcccaaatgatgtttaaagagcaaggaaat 266  
8513  
  
tttcacagtatgtctgacaatatTTTTTTTggagaaagtcttatttgTTTTTatttccgctagaataaa 266  
8585  
  
agcagttatcaattTTTTTaaacagcattttaaggacaaaattattagccacttcaagctaattctttatttga 266  
8657  
  
tagtctacagaacaaccattgttatttaataacttgcctaattaccctaacctgcctagttaacctcatta 266  
8729  
  
atctagttaagcctttaaagtgcactttaagctgcatagaagtgtcttgaaaaatatctagtcaaatacat 266  
8801  
  
ttactgtcatcatggcaaaaataaaataaatcagttattagaaatgagttattgaaactcctatgtttagaa 266  
8873  
  
atTTTgTTgagaaaaatcttctctctgttaaacagaaattggaggaaaaataaacagagggtctaataactca 266  
8945  
  
ggggggctaataattctgacttcaactgtatgtatgcttgctgatcattgttattctcaacaaaatcttca 266  
9017  
  
tggtccaaaaccattgaagtatatatacactcagggtactgtatttggtagaaaaataagtcacagatgacc 266  
9089  
  
agaagttgcagcctgtgTTTgcaaaattgcattgtcataagaaaaactaaataagtggttgttttaccactg 266  
9161  
  
caacaaatcattcacagtgaccagtataacagttgggctgaaaaataaaaataaaattcagcataaggaaac 266  
9233

266

ctttccacaaagctgaaaacaatttgacatTTTTAAGTCactttgactattaagttcagctaaatgctaaa	9305
aataaataattataattgtaataaaaagtgacatattcagttaaatgtacagtattatacactatctgacaa	266 9377
aagtcttggtgtctatctaggTTTTAGGAACAACAAATAGTAACTTGACACAGAAGTGGCTTATATGAAAGG	266 9449
caaaggcctctagattacacttatttaacccaaaataaaaatgatcatgccttgatTTTTAATAATTTATTT	266 9521
aggacagtaagatctgactttgcttagacaaaagtctgtgacttaacagaaatgatgtacagtatagaatat	266 9593
agtcatgctgcatgtattgTTTTATGACTCCAATAAGCTTGAAGACTGCATCTATACACCTCTGCAATCACT	266 9665
caaataacttattaaaaaatcgctctggaataacaaagaaagcactcttgCAGGGCTGGCCAATCCTGGAGCA	266 9737
ccatgactgtctttgctttcaggaacgttgatgtggaggctaaaataacatttgtaatgtgatagacacaaa	266 9809
tgtctaccttaagctgttgatgttgcatccaccctgcagatctcttgCAGCCCCATACTGAATGTAACC	266 9881
ccaaaccatgatttttcttcaccaaacttgactgatttctgtgagaatcttgGATCTATGCGGGTTCCAAT	266 9953
aggctcttctgcaatatctttgatgatttgGATGCAGTTAACAGATGATTCATTGGAAAAATCTACCTTCTG	266 10025
ccacttttccaaaagatcaactagaaaagaaatcaagttatttgttgcttttacaactgggattgaagacaa	266 10097
aaccttcgtcagggagtgacattatgtgcaacaataaatgttaaaagtagcttgctaacgggtttgaca	266 10169
gtttactgcaaatctgtaataaacctttctattctacacaattatattgaaaactggggtagccacagcg	266 10241
aaaagtactgccaaactgatccagcatatgTTTTACGCAGTGGATGCCAGTCTACATATAGTTGTCTACATA	266 10313
tagtgtgtcccagcatcccacaggaggcgtgggggtgtgcatagtgaagaagaactgttgaaatatttgtgg	266 10385
aagttgtggtacagttttgggatgcacactcaagctgcatcctgtgaactgctgtagtgcaaaccttctatt	266 10457

gtgaaaggctaataaggaaaagagtagacaaaacacacactgtggcccagtggtcacagatcagaggaagtccac	266 10529
ttaaacaatgctgtagattaacatctttactctctttgggattagaatagttgatgagctgtggacatcaga	266 10601
aagaggacatttgaattatctttggtgacccacaaacactatgcagattgctctaaagtgggatttgatacg	266 10673
gacagtgatctcacttgcattttgctgattttggtgtatctttggtggccttgaatagcgcagggttatagc	266 10745
caatcacaacagcctggttactgaagtgttaccattaatagcctagcaacagtgacctcatagaaatacccta	266 10817
gtaaaatcgatatgccctctgctgtaagagatgagatgagagctctaaatctgttaatcatattgctaaatca	266 10889
ctttcaaagacataatgccgcgctggaggggcatgcatatgctccaaaacaaaacaagactttttttgtggt	266 10961
tgtcaaaagtgcaaagcaagtaaaaaaggcatgtgataatctgtgaatttacaacttgctctccaaaggat	266 11033
agttcactcaaaattgggaattggtctctctgttccaaacttgctctgagtttcttctctctgtatttagtta	266 11105
tgttttaatggcgacgtggtggcgagtggttagcacgttctcctcacagcaggaaggtcactggttcgagc	266 11177
ctttgctgggtcagttggcatttctgtgtggagtttgcagttcttcccatgttcgcgggggattccttcg	266 11249
gtgctctggtttccccacagtccaaagacatgtggtacaggtgaattgggtaggctaaaactgtacatagt	266 11321
gtatgagtgtgtgtgtgtgaatgagtgtgatgtttcccagtgatgggttgacctggaaggtcatccactg	266 11393
ggtaaaaacatatgctaataagttggcagttcattccgctgtggcgacccccgattaataaagggaaga	266 11465
aaatgccgaaaagaaaaggaatgaatgattcaataaatagtatattgacttcattagatatttttccctaatat	266 11537
gggtgtcaatggctaccagtttctagcattcaccaaaaacaatctttgtgttcaacagaaaaaaagaaaaa	266 11609

actcatacaggttttcatttatgactttaataaaatTTTTGACACTTATTTTTACATTATTATTTTACAACA	266 11681
ctctaatttttggggtcagaataaaaaagaattctgcaatgatgcattaaattgataatttgaggactttct	266 11753
attcataaagggtttaaagattcaaatatttacacaaaaacagtaggccacacaattgtttaaagacttgt	266 11825
actcatatataagagttggttcaaataaaaaatgataattactgcatgatttactaatctttgagctaccctc	266 11897
agtgtatatgactttatTTTTcattataattcaatctcagttacttcaaaaaaatctccttggtcttttaag	266 11969
ctctaccatcacaacaggtggctgtttcccttcaactgttcaaaacaagtccaattaagtatgtactcat	266 12041
gacaccagggagttaatataggtctcaatgtagtgaatctgtgcttccacagtggaatgaaccaccaacta	266 12113
ttccagcatatgatttacacagcagatgcccttccagccgcaaccataactgggaaacaccggtacacact	266 12185
cattcacacacatactactgccaatTTtagttcatccagtatgtccatatttAAAactTTTTaaagggtgtgt	266 12257
gcaacttctcctgactgtaatacatgcatttacataggaagtttggttgcacatgaagacaatttaacatt	266 12329
ttatcctctacacatacatcctaccccatctgccaaaagcagtctctcataaatgcaaaaaaactcatat	266 12401
acacctaatgcattaatgggtgggtaaatacatgggctatTTTTatTTTTgggtgaactcaccctttaagttat	266 12473
gttcttcgagcagcaaattatcatagcagaatcatttctgaaggatcatgtgatactgaaaaccagagcaat	266 12545
tgaggctcaactcaaaattcttcttttctgtaaataaataacattataatatgacaaaatttaacttctta	266 12617
agcgtatgtgctcttgcttattgagtttacaatTTTgtgtgcag at gtt cat cct gtg gcc	V H P V A 271 12680
IPB001132D (2.1e-23) IC 2.88	
Y Q E <u>P K H W C S I V Y Y E L N N R</u>	289
tat cag gaa ccc aag cac tgg tgc tcc att gtg tac tat gag ctg aat aat cgt	12734

V G E A F L A S S T S V L V D G F T 307  
gtg ggt gaa gcc ttt ctg gcc tca tcc acc agt gta ctc gtg gat ggc ttt act 12788

IPB001132E (3.9e-34) IC 2.54  
D P S N N R N R F C L G L L S N V N 325  
gac cca tcc aac aac cgc aac cgc ttc tgc ctg ggt ctg ctg tca aat gtc aac 12842

R N S T I E N T R R H I G K G 340  
cgg aac tca acc atc gaa aac acc cgg cgt cac atc gga aaa g gtttgctttgttta 12899

340  
tacataactattctatgtccagtaggatataactaaatattctgcattgacttgcaaatcatagataac 12971

340  
aatttgacagtaagtcagtggaagttttatcatttctagaggagcatgtgattgttctgatgattgatcgc 13043

340  
gtctgggtctctgggtcagacaatagtcagattaatccaaacctacaataaaaatagcccatttcaccttacttc 13115

340  
ccttatcttcatttttgaagagttcccccatccaccccatctcccccttttctccattaccagagggctcg 13187

340  
gaccccttatatgagttttccaaaaaacaagctaaataatcttacttcaaagcaaagagaaggttatttt 13259

340  
gcttactctggtgacagattatcttacgtttcaactgtttgtttgacttcggttatatcatttattattatt 13331

340  
ttgtttagaaaatgcttcttgatttaataatcttttttgatatttagactagaaataagacaaactctctaaa 13403

340  
taagtaaagcattctttgcagtgcatggtctgctttagaaaaggctgtaatatgtcataatgtaaacaat 13475

V H L Y Y V G G E V Y 351  
catcttttcatacattctgcag ga gtc cat ttg tac tat gtg gga gga gag gtg tat 13532

IPB001132F (5.7e-46) IC 1.86  
A E C L S D S S I F V O S R N C N Y 369  
gcc gaa tgt ttg agc gac agc agt atc ttt gtc cag agc cgc aac tgc aat tac 13586

H H G F H P T T V C K I P S R C S L 387  
cac cat ggt ttc cac ccc acc acc gta tgc aag atc ccc agt cgc tgc agc ctc 13640

K I F N N O E F A E L L A O S V N H 405  
aag atc ttc aac aac cag gag ttt gca gag ctc ttg gca cag tca gtc aat cac 13694

IPB003619G (9.1e-42) IC 2.46  
G F E A V Y E L T K M C T I R M S F 423  
ggt ttt gaa gct gtc tat gaa ctc acc aag atg tgc acc atc cgc atg agt ttt 13748

V K 425

gta aag gtaagctactgtacacaagatgaacacaagggtttacctggaaattgaaagtgtcattccttact	13818
	425
caccctcgtgtggtttacaagttatttgtatttcccacttctctaaaacatagaagatattgtgaggaatgt	13890
	425
tttagcatttcagctgcctcatttttttgaataattgggatttttaaacgttgtgaaaagtcacttacct	13962
	425
cattaaagctgcatttatttgagcaaaaatacaatcaaaatagcagtattgtgaaactctcttctctttcaca	14034
	425
tttattttattaatgtaagtgtagcggctttccaattgccgatatcgttgaagaatgaggaagttttgtat	14106
	425
gcgtaactgttaggagtccaaggcaaaattaaccagaaattagccagagatcagttatcaagattaacaga	14178
	425
tccaggatctgacaaatcatcttagataatttaagcgagctacaaagaacagaccgcaggattcagtcact	14250
	425
gtattgtacgctactctcttgtatgtaatttgcctcaaaactcaattcactaagcattgagctctgcagcat	14322
	425
atntagagttttttacagaaaagtatctttctaacctcaaaagagtgccctagctacaaactttgaagtagc	14394
	425
tgaataaaacctgtcttatttgaaagaaaatcccctaaattttaagatgcattaaatattgcatatttagt	14466
	425
attttattaattcataattatacaataatcacacaaaaagtcagatttttttgttatttcttatttgatta	14538
	425
ttccatttttagccatctgtttatgtggagtcttttgtttgtttcattttatttcacctgggtggcaataaa	14610
	425
ctgaggaaatTTTTTTTTTgctatcttatatgcaataaaaattatacagatttacctgttgtaggaagagt	14682
	425
gtacttttaatttccatatttttgtttttgacatatgacatacctaaatttaagagcctcctacacatgc	14754
	425
atacatttgaataaatgtatgaaaatggtctcattttacagaaaactaataaaaaatacttgtgagggaaac	14826
	425
cagagcacctggaggaaacccacacgaacacagggagaacatgcaaaactccacacagaaatgccatctgacc	14898
	425
cagccgaggctcgaaccagacccttcttgctgtgaggcatacactgccaccgcgtcgccttgaataa	14970

tgaattatattaatatatTTTTCTTAAGCAGCACAATTATCTTCAACCTTAATAATATTATTAATAGTAATA	425 15042
ttattaataatatattgaggcattaaaagataaatTTTTGAAAATTTGGAATATGGTGAAATAAGGTCAAAA	425 15114
actgtgtgcttcttaccaatgctcttccttgattcagtgaagtctgttatatagtacccatgcttccacctag	425 15186
tgtccaaatgctattctacaatgTTTGGCTCGAATACGAAGTTGGCATGTACGTGATGGCAAAGTTAAATAT	425 15258
ttaacagttattactctagtatgcagtattatgTTTTAATTTATAATAAATACACAGGAGAAAACACAGTA	425 15330
ctttacactctcagaaataaagggtacacgagctgtcactggggtgatacTTTTCAAAGGTACACATTTGT	425 15402
acttaaaagggtccatactggtaccgcaaaagtatatatttagtacctaaaaatTTAAGAGGAACACTTTTGTA	425 15474
ctTTTTAAGTGCTAATATATACCCTTGAGGTATTAATAATGGACCTTAAGGTACAACCTTTGTACCATTTGAA	425 15546
aagggtaccacccaggacagctcgtgtactTTTTATTTCCGAGAGTGTACTGAACTTAATGAACACAGCAT	425 15618
ccatacaggaaagggagttaaggacTTTTTAGGGTTAAATACATGAGGATAGTCATCAGCGTAAAACAGG	425 15690
acaggtgaggaaatgaactactgtaaaaaccagtaaaactaattagagatcttgtTTTAGAAAACAGCATCA	425 15762
acaacaacagcaactacaacagagaaacattaaacagaacccaaaaacagcagaatgtaactaaaatattatt	425 15834
tacaatttatgttaataatatttcagtactaccaatattgTTTTGTCATTGGTGTTTATACACATCCTATT	425 15906
atttccatttctgttctattgctgtttcaaaatttcacactcagatattgcttgatgctattagctgggttg	425 15978
gcatgctgtcccaggagagaaccctgggTTTGGAGGTAATTGACTAGGGCTGCTGTCTGGTCAATAAGCATA	425 16050
tataggggtccgagatcaggtaggcctcgaagctccccctggtaaaagaagggaaggaggagatggggtg	425 16122

gaagggggaacttttcctcgaagaaaaggtacggcgaaatcggcctatgttgtaagcttcaat	425 16194
caatttgattgcattattgctgtttacgaagaggccagccacgatcaatcaaatcatgtgctcctctataa	425 16266
tttgtttgtaaaacttcacgatgtgttctgcgtatcccgatgttttagtctttcatttctgtgtttatt	425 16338
gtatgttgatgtttgactccttaaaaaagaataggcatgttacttaactgtcaaattagtaattttt	425 16410
aaacatttgcttaataatattggtatagtttgtaaaacacaaaactgcgtgtatgtgaataatttgattat	425 16482
tatctttttattattggtttgtaaaaaaactgttgttttatgtaacgtcaccttgctcaaaaacaaatct	425 16554
ttctttatttaatttgctccaacacaatttcacccaaaatattaagcagcacaattatcttcaaccttaat	425 16626
aataataacaatagtagtactagtagtagtagtaggagcaaggtggtgcagtgggtaggactgttacctca	425 16698
cagcaggaaggtcgctgatttgagccttggtgggtcagttggcatttcagtgaggatttgcattctcc	425 16770
ctgtggttgctaggtttcctccaggtttccccagtcctcaagatatgcactataggtgaattgggtaagct	425 16842
aaattgtccgtagtgtatgagtgtgagtgaatgagagtgtgtggatgtttcccagtgataggttgtaactga	425 16914
aaggcatccgctacataaaacatgctgaataagttggcgttctttccactgtggcgaccctgattaata	425 16986
acgggactaagttgaaaataaaatgaatgaatgaatagtagtagtaacagtaatagtactaataatttattt	425 17058
ttaagcattaaaagataactattgaaatatctggaatatggtgaaatactgacaacagttcacaaccttact	425 17130
gctttgctgtatgttttgattaaataaattcagcctaggtgagcatcagataattttaattattctagtcata	425 17202
taaatagacgcattatggaaccttcttacctttatgaaaggaaaaaccattagacgctgaagtaaatcatt	425 17274

G W G A E Y 431  
 tttgtttgtaaacaatctttcaacagacatctgttgtgttttccag ggc tgg ggt gca gag tac 17340  
  
H R O D V T S T P C W I E I H L H G 449  
 cat cgg cag gat gtg acc agc acc ccg tgc tgg att gag att cat ctt cat gga 17394  
  
P L Q W L D K V L T Q M G S P H N P 467  
 ccc ctg cag tgg ttg gat aaa gtc ctc acc cag atg gga tct cct cac aac ccc 17448  
  
 I S S V S \* 473  
 att tct tca gtg tcc tag atggagctgaccataaagcaactgctgatgcaaccctgtcagtcctggg 17514  
  
 ttcacatgtagaagctgattggttgaagggaggggtgggagatgactagagg 473  
 17566

## Coding Sequence

M N V T S L F S F T S P A V K R L L 18  
 atg aat gtc acc tca ctc ttt tcc ttc acc agc ccg gcg gtc aaa cga ctg ctg 54  
 gL18R[1]

IPB003619A (2.7e-16) IC 2.18  
G W K Q G D E E E K W A E K A V D A 36  
 ggc tgg aag caa ggg gat gaa gaa gag aag tgg gca gag aag gcg gtg gat gca 108  
 cD24=[2] cW29R[4]  
 aE26K[3]

IPB003619B (1.2e-13) IC 2.15  
L V K K L K K K K G A M E E L E R A 54  
 ctg gtc aag aag ttg aag aag aag aag ggc gct atg gag gaa cta gag agg gca 162  
 cL51P[5]

IPB003619C (2.2e-47) IC 2.23  
 L S C P G Q P S N C V T I P R S L D 72  
 ctc agc tgc ccc ggt cag cca agc aat tgt gtc act atc cca cgc tca ctg gat 216  
 tT66I[6] tL71=[7]

G R L O V S H R K G L P H V I Y C R 90  
 ggg agg ctt caa gta tca cac cga aag ggg ctt cct cac gtc atc tac tgc cgt 270  
 tH85=[8]

V W R W P D L Q S H H E L K A L E C 108  
 gtg tgg cga tgg ccc gac ctg caa tgc cac cat gag ctc aag gcc cta gag tgc 324  
 tD96=[9]

IPB003619D (1.2e-16) IC 2.54  
C E F P F G S K Q K D V C I N P Y H 126  
 tgt gag ttt cct ttt gga tcc aag cag aag gat gtg tgc atc aac cct tac cac 378  
 cV120L[10]

Y K R V D S P V | L P P V L V P R N 143  
 tac aaa agg gtg gac agt cca g | tg ctg cca ccc gtg ctg gtt cca cga aac 429  
 aP137T[12]

S E F N A K L S M L P R F R N P L H 161

agc gag ttc aac gct aaa ctc tcc atg ctg cca cgc ttc cgt aac cca ctc cac 483

Q T E P P M P Q N A T F P D S F P Q 179  
cag acg gag ccc ccc atg cct cag aac gcc acc ttc ccc gac tcc ttc ccc cag 537  
gP165A[13] tP178S[14]  
aQ179K[15]

Q P A N A L P F T P N S P T N S Y P 197  
cag cca gca aat gcc ctt ccc ttt acc ccg aac tcc cca acc aac agt tat ccc 591

IPB001346D (8.7e-05) IC 1.04  
S S P N S G T G S T A T F P H S P S 215  
agc tcg ccc aac agc ggc aca ggc agc act gcc acc ttt cca cat tcg cca tcc 645  
aG205D[16]

S S D P G S P F Q M P E | T P P P A 232  
agc tca gat cca ggc agc cct ttt cag atg cca g | aa acc cct cca cct gcg 696

Y M P P E E P M T Q D C P Q P M D T 250  
tat atg cct cca gag gag cca atg aca cag gac tgt ccc cag cca atg gac act 750  
gD243G[22] aQ246K[23]  
aQ246K[24]

N L L A P N L P L E I S N R T D | V 267  
aac cta tta gct cca aac ttg cca ttg gag atc agc aac cga aca g | at gtt 801

IPB001132D (2.1e-23) IC 2.88  
H P V A Y Q E P K H W C S I V Y Y E 285  
cat cct gtg gcc tat cag gaa ccc aag cac tgg tgc tcc att gtg tac tat gag 855

L N N R V G E A F L A S S T S V L V 303  
ctg aat aat cgt gtg ggt gaa gcc ttt ctg gcc tca tcc acc agt gta ctc gtg 909

IPB001132E (3.9e-34) IC 2.54  
D G F T D P S N N R N R F C L G L L 321  
gat ggc ttt act gac cca tcc aac aac cgc aac cgc ttc tgc ctg ggt ctg ctg 963

S N V N R N S T I E N T R R H I G K 339  
tca aat gtc aac cgg aac tca acc atc gaa aac acc cgg cgt cac atc gga aaa 1017

IPB001132F (5.7e-46) IC 1.86  
G | V H L Y Y V G G E V Y A E C L S 356  
g | ga gtc cat ttg tac tat gtg gga gga gag gtg tat gcc gaa tgt ttg agc 1068

D S S I F V O S R N C N Y H H G F H 374  
gac agc agt atc ttt gtc cag agc cgc aac tgc aat tac cac cat ggt ttc cac 1122

P T T V C K I P S R C S L K I F N N 392  
ccc acc acc gta tgc aag atc ccc agt cgc tgc agc ctc aag atc ttc aac aac 1176

Q E F A E L L A O S V N H G F E A V 410  
cag gag ttt gca gag ctc ttg gca cag tca gtc aat cac ggt ttt gaa gct gtc 1230

IPB003619G (9.1e-42) IC 2.46  
Y E L T K M C T I R M S F V K | G W 427

tat gaa ctc acc aag atg tgc acc atc cgc atg agt ttt gta aag | ggc tgg 1281

G A E Y H R O D V T S T P C W I E I 445  
ggt gca gag tac cat cgg cag gat gtg acc agc acc ccg tgc tgg att gag att 1335

H L H G P L Q W L D K V L T Q M G S 463  
cat ctt cat gga ccc ctg cag tgg ttg gat aaa gtc ctc acc cag atg gga tct 1389

P H N P I S S V S \* 473  
cct cac aac ccc att tct tca gtg tcc tag 1419