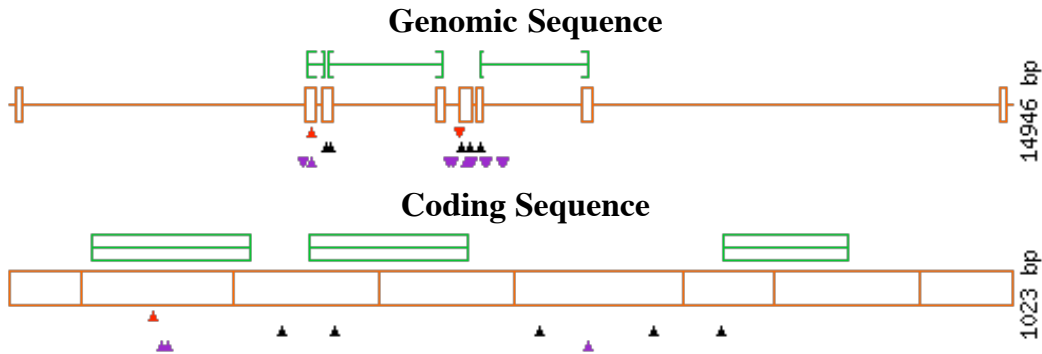


# nde1a

IPB002928, IPB000798, IPB006574, IPB001322, IPB006144, and IPB006953



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	Zygoty
				Gained in Variant	Lost from Reference				
1	<a href="#">G</a>	T4380C	Intron					2305	Homo
2	<a href="#">G</a> <a href="#">C</a>	C4488T	Q50*					5786	Homo
3	<a href="#">G</a> <a href="#">C</a>	C4496T	G52=		<a href="#">AsuI</a> , <a href="#">CviJI</a> , <a href="#">HaeIII</a>			1903	Homo
4	<a href="#">G</a> <a href="#">C</a>	G4502A	A54=		<a href="#">AciI</a>			1160	Homo
5	<a href="#">G</a> <a href="#">C</a>	T4721C	L93P	<a href="#">HpaII</a>	<a href="#">Eco57MI</a> , <a href="#">GsuI</a>			375	Homo
6	<a href="#">G</a> <a href="#">C</a>	T4775C	V111A	<a href="#">AlfI</a> , <a href="#">AvaI</a>	<a href="#">Hpy188I</a>	4.2	0.60	8544	Homo
7	<a href="#">G</a>	G6533A	Intron	<a href="#">TspEI</a>	<a href="#">Tsp4CI</a>			6145	Homo
8	<a href="#">G</a>	C6620T	Intron		<a href="#">BsaAI</a> , <a href="#">MaeII</a> , <a href="#">MaeIII</a> , <a href="#">SnaBI</a>			7458	Homo
9	<a href="#">G</a>	A6710T	Splice Junction	<a href="#">HindII</a>				3623	Homo
10	<a href="#">G</a> <a href="#">C</a>	G6738C	D181H	<a href="#">MwoI</a>	<a href="#">BsmAI</a> , <a href="#">Eam1105I</a> , <a href="#">Hin4I</a>			5466	Homo
11	<a href="#">G</a> <a href="#">C</a>	G6788A	P197=	<a href="#">Eco57MI</a> , <a href="#">GsuI</a>	<a href="#">BetI</a> , <a href="#">BspMII</a> , <a href="#">HpaII</a>			2977	Homo
12	<a href="#">G</a> <a href="#">C</a>	A6855G	N220D	<a href="#">BinI</a> , <a href="#">DpnI</a> , <a href="#">MboI</a> , <a href="#">XhoII</a>	<a href="#">HinfI</a> , <a href="#">TfiI</a>			4949	Homo

13	<a href="#">G</a>	G6896A	Intron	<a href="#">BsaBI</a>	<a href="#">BsmAI</a>			8721	Homo
14	<a href="#">G C</a>	T7002A	S243T		<a href="#">BclI</a>			4558	Homo
15	<a href="#">G</a>	T7076A	Intron					7227	Homo
16	<a href="#">G</a>	G7111T	Intron		<a href="#">BclI</a> , <a href="#">DpnI</a> , <a href="#">Hpy178III</a> , <a href="#">MboI</a>			8029	Homo
17	<a href="#">G</a>	C7334T	Intron		<a href="#">AclI</a> , <a href="#">AcyI</a> , <a href="#">BsrBI</a> , <a href="#">HgaI</a>			1497	Homo
18	<a href="#">G</a>	G7369A	Intron					6545	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

```

attctgtttatgggaatattaatacattttaatagatctgattttgatggcatttgattttggtgctat    0
ttt                                     72

          M   I   P   K   F   T   T   K   E   E   E    11
accaggtttatctgtcatggatgcaaat atg ata cca aaa ttc acc act aaa gag gag gaa  133

I   D   F   W   K   A   L   S   L   K   Y   K   K   S    25
att gac ttc tgg aag gct ctt tca ctc aag tac aaa aaa ag gtaagcacattgaacgt  191

                                     25
tactcacacacagctcatttctctgttttgtactcttgacatctgagagctttccttcatggttctcaac  263

                                     25
cttcagtattgtctctaaaagaacaacattagcttgccctgaagtaatgtctgtgaatgctgggaataaagc  335

```

aaacgagaccttttcccttacatcattaccaccatgttgaggaagtatctgcatgtttgaggacttctctc 25  
407

agtctcattagctctgtttaccatatgcaatccaccaccacagtgagaatttcctttaacgagtttagctttt 25  
479

gtgatttgatatagactcctgccgctaaaattcaaaaaaatattacacaacaagcttggtgcttggtaaagt 25  
551

ttgtattccaaagcagcatttctcaattccagagggttttagactacttggaaattaagcatgggacgatagc 25  
623

tgttttcaaggataatgtgggttgaaaagtcaagggttttaaatagatttaagatcttagtcttaagaag 25  
695

actacgatttttttttatttacttttttaggacaacagtatctccagcagaaaagatatccaaagatgctgt 25  
767

tttaaatgttaagaaatgtgtgttttgaaactaatgaagaaagcagatgtcaatgactttttttaatta 25  
839

tttagcctgacatgtttactgttccaaaatatttaaaaatgtcttttaaaataaaatatattgtgttcaaag 25  
911

gagaaaaaaagtttttagttttttaccagacatttttaaaagaatatatttttagagcagtaatcacaatatca 25  
983

tgaaaatgtgacatttctatccaaggttaccataccgtcagaatcttatactggcccgtgcctaagagtccc 25  
1055

atggcaaaacttgcaaaaggtttgtgcatgttacgtctggttacgtaaaaaaaaaactaattattatgatgggg 25  
1127

ttttgtagctccaataaatcagttcatttattatgaatcagagatttggcttacaatatctgctttgttcttt 25  
1199

tgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgtgaactattttttagcatcatggcatctgcatgtcaaataagtctga 25  
1271

aatatatgattgggcagcttttttaagtagagttgtgatattaatagtcaagcagtggggtctagtttgctca 25  
1343

tagatgggggtttaaatcccataggactactttgaacaaagaaattggcctatagagatatataggtggtgtg 25  
1415

ttgtttatTTgattTTTTTTacttgagctggttacaaccacatagaacatcttagcaaggctttaactcagc	1487
	25
ttaccagtgTtaactcaactttccttactatgctttgagatttaaccatagttgtatctTTTTgtgcatcta	1559
	25
ccaaaggcaaaacaatatgcactttatTTatTTatTTTTTTattaaatatatattatTTatgTTgTTtagt	1631
	25
TTTTTTtagtTTTTTTaactaacctggTtaaaaaataatgagaactaaataattgtcattctataataat	1703
	25
aataataattctggattatctgTtaatcacatttcatgacttgctgatctggccgatctcatgaaccaatcg	1775
	25
caagttctTTgTTTTgacaacattgcaagTTactaaaatctggctggaaatattaaggaaataaaaaaaaa	1847
	25
aattattTaaacctcaatattTaatataatgtctTgTaatatacttattTTaacaatatgtagtgTataggg	1919
	25
ctacttcctTTtagTtaagaagTaatggatttattTatTTatcaatTTTTTgtctgTtTaatctattattt	1991
	25
tctgTaaagctgcttcggaccatgacatgtcctcactaaatggtTataagagacatgTtTaaaggattatat	2063
	25
gcaacatcctTTatTTatTTctcttcgTtaaggagagTtctctctTTaggTtTaatgcttagagTgaaaatgt	2135
	25
gctTTatgcattataaaagTTTcagccaatcagcgtgacaagcaatcagtactaggcatggaccggtatatga	2207
	25
ttctgatggTatgataacctTggataaaaaatatcacggTatcacgggattgtgTgcgactgctctaaaacata	2279
	25
ttctTTTTaaatTTctgggTaaaatgtctTTTTTTcccctTgaaagccctatatatatatattTTTTTTa	2351
	25
aagattTataatTTTTgTtacagTaaacatgtcaagctaaataattcaaatgaatcattgacttctgctct	2423
	25
cttcattagTTTcaaaaacactgattacttcacaattTaaaatggcatctTTatggcctacttataacctggT	2495
	25
attaagatgcactTTTatgtgaacgcttattTTTTaagtggacaggactaaatacagatccaaacaggttctg	2567

agatgtattaagcaagccccatTTTTgaacacttccagtagtcatgtatTTTgtatggatgactggacagactc	25 2639
TTTTgtgtctgacatgataactccatctgcccagttctgacctgctagtaaaacacactaatcggcacttca	25 2711
gagaccagaaactatccaaaaatgagtcccagatgTTTctcatgctctcctgcgctgcctgggcattatgcac	25 2783
TTTgtgcagttctagtggtctccttgtgcctggacaaaacaggtcgtcatgctcaatctccttggctcacgtgg	25 2855
tgtaacatgactaggtacaaaaatattgctctggtgccatTTTTtagatccttccacaccataatgctggctg	25 2927
gtgattacataaagaggccccagggcagcgttctcccggtcactggtgactgtaaacaaaactgcttattta	25 2999
cagcagatctgccccatgaagccagactcattcaacttaaatacaccctatttaataatgaggcaaatacca	25 3071
gtaagatgaccagtgctttccacagatTTTtaataatacttgcggtggtagccggattgaaacacccctTTTta	25 3143
ctcatggcacatggttacctacatgcgacaaaagtgattTTTTatcacgttcattataaacacctataagtctg	25 3215
TTTctTTTcaattggttaaagtattaaaaaaagactTTTTaaaataaaaaagaaattcactatTTTgtTTaact	25 3287
ttaattctattcaggagccatgtgcacccactgtcaagtaaaaatctgctgctgacatTTTtatacagtattgc	25 3359
taaagcatgtcaaataatgtataaaaatgtagtatttcagcatcatcaaaggaataaaaaagataataatt	25 3431
acaagaataaaaaatgTTgattaattaataatcaggcaaatgagTTaattaagcatttctaacggtgtacgaat	25 3503
atTTTgcagccagTTtagatgtaatttctcctctctgagtatatagaaaagTTtatctgggtcgTTtatat	25 3575
caaagaattatttatttaaatgcttctctctgtctTTTggctgtgcacgcgctgtcagctacgaagccatttc	25 3647



gtgtgtgtgtgaagaacattaaagtgaggacaggactaatgcaagtggtgttttacgtattctgtcctgtag g 4672

K L E Y Q Y A Q S Y K Q I S V L E 94  
ag aag ctg gaa tat cag tat gct cag agc tat aaa cag atc tct gtg ctg gag 4725  
cL93P[5]

IPB006953G (7.6e-08) IC 2.16  
D D L S Q T R G I K E O L H K Y V R 112  
gac gac ctc agc cag act cga ggc atc aag gaa cag ctg cat aaa tat gtc cga 4779  
cV111A[6]

E L E O A N D D L E R A K R 126  
gag tta gaa cag gcc aat gac gac ctg gag aga gct aag ag gtcagaggacatcatct 4837

126  
tataccttcaccattacaattagctgtatcacagccagaaataacttactaagaggacacccatgaaattaatat 4909

126  
ttggaggggaagttacactgctgttcaaacgttttggagttggtctgatatttaatgtctcttatgctcatta 4981

126  
aggttgcatgtatttgtaaataaaagcaacactatgcaaatatgtctagcgaattccccttggtggaagcgca 5053

126  
attggctattagagccattaatatcagtcattaatatcagaatgttttgataggcccagcgtagacatttta 5125

126  
catcagcacgttttgaaattgtacatgctcatacaggcaattttactactgcgttcaaactgcagaattt 5197

126  
actggtattgttacaacctctcgtttctaaaatttggcagaaaaaatttctggttccaaattttctgtcca 5269

126  
tgtaaaaaatctgtaaaaaagccacacccatgaaaattctttcacgacttccccttggtgggagtgcaattg 5341

126  
gctaccagtggtgtaaaactattggtgagcttccaatggacagcgcaactcacatgcatttggtgactaac 5413

126  
ctaaccggaccagcgtaagctgacacctcatttggaactatgtccagaaaccaggtaaaatagcctgtgat 5485

126  
tcaactacactgtccaacaaatatcattacattcttctacttcagctcgtgccattaagtgtaagctcgttca 5557

126  
atacaaatcaatgtttgggtttgtgtctatcagctcagaattgtttttatttatttatttattttttgctt 5629

cctctgacaaaaccctcataggtttcttttagtgggtctatattagcatgttttgtaccacaaacaagctttt	126 5701
ggctaactccccctaagctatgaaagcagattgtagggttctgcaattatataatgttttatataatgtcca	126 5773
tggttccactggcaggagaatattaataaaaagtattatgttggcaacaatatgctaaccatgctggaat	126 5845
gtgtagcagcatgctaatttatgctaacatattagcaatgatgccagtagtgactaaaatcctaatac	126 5917
tgtgctactgcagtggttaatacaagtcaatggacagcaagcctgcaaccattagccaaaaagtgtcatct	126 5989
ctacagatgctaataacattgaaacaaaaacattcaaaaacatgataaagtcaggtgttcatgaattctctt	126 6061
aatgaaaattctctcaataaatagaaaaataaacagaacaacacttatttttatcaattaatatcaattt	126 6133
attgtgtccgtgctaatttaaagattctacttatttattatttgttgtcatccttgagattactaaacaaaa	126 6205
caaaataatagattttgggtaacaggttttcttaaaaaaaaaaacgctagtagtttgtagtggtttgcattg	126 6277
tttcctacggttctactataactgacagtttattctgctactgtatattattctgtctgtaaccacag a	126 6346
<u>A T I T S L E D F E O R L N O A I E</u>	144
gcc acc ata aca tct ctg gag gac ttt gag cag agg ctg aac cag gcc atc gag	6400
<u>R N A F L E S E L D E K</u> E S L L V S	162
agg aac gct ttt ctg gag agt gaa ctg gat gag aaa gaa tct ctc ctt gtg tct	6454
V Q R L K D E A R D	172
gtg cag aga cta aaa gat gaa gcc aga g gtatttactgactctgctctcagtaaatctggcca	6516
tgtgtaattacagacagttcctcattccaagctttgtttactgatcctgttctgtcagtaaaaagcttttcc	172 6588
a[7]	
tgctgctagtggaatgaagttatgatgttacgtagtctgatcagcattattgtctgtgagtgaaacttaa	172 6660
t[8]	

	L R Q E	176
gatcaatactgtacgcattatcttaacatgcgcatatatatgcattttag ac ttg cgg caa gag		6725
	t[9]	
L A V R D T R S E V T R M S A P S S		194
ctt gca gtg cga gac acc agg tca gag gtg acg aga atg tca gct ccc agc tct		6779
	cD181H[10]	
P T P D N D K T D S A V Q A S L S L		212
ccg act ccg gat aac gac aaa aca gac tct gcg gtc cag gca tcc ctt tct ctg		6833
	aP197=[11]	
P A T P L S K N L D N A F T S Q T V		230
cct gct aca cct ctt agc aag aat ctg gac aat gct ttc acc agt cag aca g gt		6887
	gN220D[12]	
		230
tgatttctgtctctgagatgtacacaatgtcacacttggttcaacatcaactgatttatttcttctctctttt		6959
	a[13]	
	IPB006953H (5.2e-06) IC 2.49	
L A N G S T N A A L T P S	<u>A R I</u>	246
tcag tt ctg gcc aac ggc tcc act aac gca gcc ctc aca cca tct gct aga ata		7013
	aS243T[14]	
<u>S A L N I V G D L L R K V G</u>		260
tca gcg ctc aat att gtg ggc gat tta ctg cgc aaa gtt ggg gtgaggaaatgctgta		7071
		260
tgaatgagagacaaataattggttgaaggtttggttctctgatcattaggggtgcaatggttctggatagacc		7143
	a[15] t[16]	
		260
taaaaatcaaattggttccattgtcctcccacagtttagtgcaccctgtgatccacggttcagattatgcatt		7215
		260
attggtattagattgatgaggaaaaacaactgcagaaagtttcaccttcgtacacttccaattgcctttcac		7287
		260
atgtgtgagtcatttcccagtaactgggttgtggcttgttggcgctccgctccgtaaaacatatgttggaaat		7359
	t[17]	
		260
aattggtgggttattccactgtggcaacctctgataaatcagagatgaagcatctaattgcctcatagtatg		7431
	a[18]	
		260
taaatctgttgttgacgtttcattacttgcggtgtggttgagagttcagcatggcagggtgaaagagatacag		7503

ttaacccccaaaagcgcaggtgagcccaaacacagttcattgcagtcagtgtttttcagacaaacaaaaaa	260 7575
aatatggaattcagattttcttgcaaaaaacatgaagatatcccagatcagggattcccaaactttttagcc	260 7647
cacgattcccaaaataacaatgccagtgactcgcgatccccaatatcctctgaggtggttataaatttacia	260 7719
accttgcaaagacaaaatggcccatacacacacacacaccaacaggttaagtctgtttttcatttaaat	260 7791
tcgaggtcatcctccatgttcaattgtggcctgtattttaattttaagtaacttgagggccgtaaaggtttc	260 7863
ataaagtttactctgggtgccatgaaatcaatctgctgcatctgaccctattgctgtgtctttaactaatgt	260 7935
aatgagacctcaggggtcgcaatccaatggacaaaaaaagtgttttgttttataagtgtaaactacaatttt	260 8007
tatcttctgtagcatatggaaaaaatttacttatttctaacagtttaataaaaagaattatatttttgtgatc	260 8079
accaagccaccctctctcattatcccgtgaccctagagctgtctcgatttcctttttgggaaccactggca	260 8151
tagatcagtgtttctcaaccagattcctggaggaccaccaaacactgcatgtttttttgatgtctcctttgtc	260 8223
tgttacatccatcacaggtctttaaatctttgctaatagagctgatgatctgaattagatgtgtttggttaag	260 8295
gagacaaggaaaatgtgcagagctgggtggcctccaggaatgtggttgagaaacactggcctagatggtttt	260 8367
gaatggtgaaaattaccaggtataagctattttatgatgcacaagtagcactaaaaataaaaagttttttagt	260 8439
ttgttccacatagtgacacacatatatttattgatataattataaataactatgcttgtcgggaactggctg	260 8511
taattttaagtgttgctttttgcttcctag <u>gct ttg gag tct aag ctc gca gct tgt cga</u>	270 8570

A L E S K L A A C R

N F A K D O A A R K N Y V T N V N G 288  
aat ttt gca aag gac cag gca gcc aga aag aac tat gtt acc aac gtc aac ggc 8624

N L I N G D I S N Y S H S L H T S Y 306  
aat ctg att aat ggc gac att tca aat tac tct cat tcg ctc cac aca tcc tac 8678

F D K A 310  
ttc gac aaa gc gtgagttgccatttagttcagaaagaccaatcaatacatcattagatgttgatgag 8746

310  
cagttacttgaattgatctgttgccataattgcacttttcttcctcattctgatgttttgcaaaaaacagat 8818

310  
aaataagaataaactattaagttcaggttcagtcacctagaaacggacatcctgtaatctttttttctcatg 8890

310  
ttgtactaaaaaccataagacatttgcttatctcctaaaaattgggaactttttgactctattaactcaag 8962

310  
ctttaaaaatattcagaaaaacagtgcatatctattgtgttaatccaggtttatgaaatgctatgaatt 9034

310  
ctttgtttgagctttatattatagactaaatatcttcacttccacatgaaaaccagacaagtttaccagtaat 9106

310  
cattagtaatgcattcttaagctgctcgactccaaatcagaagtgtagcattattttaaataacattat 9178

310  
ttagatggctcagtggaagcagaaatttttgacagcatcctgagtagtagctgggacccaaggactgatgcc 9250

310  
ccatttaggaacaattattttaaaattattttaaaattattttaaaattatttattttaaaataaataattgaaga 9322

310  
cccaaagcagaatcgttttaagatcgtattagatcttattgtaatgcaacaacatggaagtgatggttgttt 9394

310  
atggcagagcttcattcattatattataatagaagattttggtatattttggttgggacttggttttagtttc 9466

310  
tttgaattatgcacaacatttttattttattttattggcaaagaaaaaaaaattgcattggtttcgtgaaactgg 9538

310  
gattaaatgcttactttttataaacgattcaaagctcaaaatggttctagcagaaaactgattgtgaacatga 9610

310

tggaaagtTTTTTGGGGactggaacaacatgagggagattaatcaaagactTTTTGGATgaatttctagtgtg	9682
	310
gttttaatgggattgttcacccaaaaattagaaatgtacagatcctgctccacttgtcccaaacctgtttga	9754
	310
atctcttgcttcttttaaacacaaaatgaagatgtactgggtgatcattggttaaaaacagaaactgact	9826
	310
tccatggtatgttttgttcctactctgcatatcaatggctgctTTTTCTCCaaacctcttcagtatatct	9898
	310
ttctttgtgtttaacagaagaaatgaattcataaaagtttagaactacttgaaatgtaaatggtttggcaat	9970
	310
gtttgtTTTTGGGTgtactatccctttaatatgaggactgatggaaagtgtgattataagaataaagaatct	10042
	310
tacaccagagatgaaattctctcagacttttatgtgtttctctcctcagcagaagagaggggtcattttcc	10114
	310
ctgcgttactcttgggtaaatgatccgactggtagttttatgatggggccatgcatgctggttaacaacc	10186
	310
ctgcatataacttatagtatgataatccactagggttaagatcacatcatctccactaacatcttgggtgg	10258
	310
ctaaatctgggatgggtgcactccataggtttgctcaaagtgttttaagtaaatgtgaaaggattggactct	10330
	310
tagctgaagatttaaaagctgaaaggccatcagaaaaaaagtgcaaatttatggagttcactctgaatgtt	10402
	310
gaattc gatagagTTTTTCTCctgtctgtcggtatcaattacattacaagattagaccgttctagtcattag	10474
	310
ttagatcatgttcattttcttggtaaggtcaacatgaaatgacattcgcaaactcgctttattttcataatc	10546
	310
tgacatttctgagtgaacaatatattcaaaaatatagcatggtgcttctTTTTTatccaagaggtaggaag	10618
	310
gtagagattatttacactactacaattcaaaataactTTTTTgttttgtttttttgcttgattgtaatt	10690
	310
tcaaatgtaatttacttctgtgatggtaaaaaatatattctttgaagcactcatgctgcattccagacaac	10762

tcagtcagacctcggtgcagtcfaatcatatcgtcacagttgcattttcattatttcataaacatttcattgtaa	310 10834
tgtgccaatgatggctcaaacaaaatgctatctaagagtgacttcttgcaaagcttcagggccaagcgcta	310 10906
tatcaacttaatggggagactcaacaaatggtaataataaacgtttacaagcaaagtgttattaaaagag	310 10978
gtcataaatatcttcaatttaataagtagtggtcgaacctggaacagtattaatttgtagcttgact	310 11050
taagctgatttagctgccagaaaaaatattatatattgcactattatgctaataatattagaactatgag	310 11122
aaaccactcattttgttctgtaagcatacttgaaagtttatgttatgtttcacataacatagctctttgcta	310 11194
atctcacttagcagaacaagttgctgtctgtgaagtgtcaaagagttttgtggttggttcgatctgcctg	310 11266
ttatgttcaagttggaaaacgcccaatacaagttgtctggaatgctggattatctccatttaggaaatatt	310 11338
tcatatatgctaattaacccttggtgactgttaaaatctaccacacttttggttatggtggctggtttta	310 11410
gcctattgactttcaatataaccacattctttgattgcaaagccatgacaccaaataaacttactatgttct	310 11482
gagagctgaggtgcttattttttattttctcaaacacatcaagataagtgtgcaaagtttgcttttctctc	310 11554
ttacatacactatactccatatacaagccagaaacaaatctttttgtgcactgtaaatgattatcaacag	310 11626
aaaaaagggaacaaacaatcaagaatgcattattatcggtgttatggctttgcaatcaaaaaaagta	310 11698
atcataatggaagtcaatggggaaaaaactgccacaaacataacgaaagggtagtcaattagcccaaagtgt	310 11770
attggtgagtttttttttttaattccaagcattttcccaaatatgtgtcaaaacaagattgtcacca	310 11842

aacaccatgccatttgctgaaagttgtggcceaattaagcatcaaaatcacctcagagtgaaatgaaaacatc	310 11914
cccaacagcacaaaagggttaaggaaaaattactataatctctgtgtggaatcatgatctttttccatctc	310 11986
aggatacgttgatgaatagaaagctttttttaatacctttacaagtctttgtggcattattactgcttaa	310 12058
cactgacttttgttcaatttaacacattcctttcttaataaaacgcactaattattccttcaacaaaaaca	310 12130
acctacaataagctacaatgagttatttcagaggcaaatgtgaaagaaagtggtgcaaaaagacgattttt	310 12202
tatcatacatccaccattaagaccaggaaattaatggcatcccacaaacaatgcttttcattttaaatctc	310 12274
atggtgactttaagcttgtttaacgattaagttgggctggacaataataatcaatataaattgtgataca	310 12346
tttttttcaataatggtgatatgatttttaactcattccccggtatttcgatataggctacatttgcatac	310 12418
gtat	310 12490
atatatatatatatatatgtttgtaaaggctaaatacaaaaagagaacatacatttttgttttacttt	310 12562
tttatttaagaaaagctataagaccctcaaggtattaaagactttgcaaatcagtttgacagacatttgta	310 12634
ggaacagacatctattgtgtgogttcctagcagttttttcatgtctttttaatattgtccatattgatgtcg	310 12706
gaattatattgtatcgaccaaattaagaagtatatcgtgatataaattttgccatattgtccagccctacg	310 12778
attaagaagctttattagatttaaacggttaacaagacaaatggagtcctcaaagattcagtggtctat	310 12850
tacagtgccgttttccgcagtgctgaatcagtcctctgctgtggctcgagtagatcaatagatgataaaggtt	310 12922

acggtgaggacgtttttctgtggagcttgtgtttctgcttcgaaagacttatcgtgtctatacatgagccgt	310 12994
cacgaagtgtacatcaggattacaagctttaatctggtaactttataatataactttacaaataatttcaag	310 13066
aatgtcaaggtaacgaaaacagagacagtgatgcgtagctgaaggccatcatcgaattaccgaagaaaatcg	310 13138
aagaaaatctacagtttcagagcttcagagttttgttttgcttgcttctacaccaattcactcacgcgtggg	310 13210
cattgctatgcatattaactggcccttttggtttgaaaaagcttttaaggcctgtttctgtctcagtttc	310 13282
atcaagccaggttctgtctattgtctcttgggtgtttactgaaagaagtactagcaactagagctgggtg	310 13354
atatggcagaatacagaaataatgttacaacacaataccagtcattataatctttgcttactgaaatatt	310 13426
taattataaaataccaaaaactttctcattcagactgcttaggttacttcaaattgttatcgatggtttata	310 13498
tagttgtttaaaataaatataagtgcataaaaataaaaatatcaaaatatattattaaatgtaacgcttaa	310 13570
tatgtttgctttattaataacaaatatacattattattattttttaaaattacgtctccaactctgtttc	310 13642
aaaggccccatgaaattaaataacgttttttttagatattagtatcagtattattaattttcaggatatcaa	310 13714
taagctagtatgctccaaaacagtgccaaaatttgcatcttagaaattacaaaactgatatcaacatgaaaa	310 13786
cttgtagtttgtcacttccacccaaattgatcaacgttttattcacgtcagctcacagtacagtttctcatc	310 13858
acatcattactaatcaaatgctctctagtatctgacacacccccgcccttcaagacgcttctcatttgcttt	310 13930
tcactctgatgctcaaccactctcactggtagagctgtgataaaacaaaacacaattggatttttttaaaaa	310 14002
	310



## IPB001322A (1.9e-10) IC 1.82

S L K Y K K S | Y K E A O E E L L E 35  
 tca ctc aag tac aaa aaa ag | t tat aag gag gca cag gag gag ttg ctg gag 105

F O E G S R E L E T E L E T O L G O 53  
 ttt caa gag ggc agc aga gag ctg gaa acc gag ctg gag aca caa ctg ggc caa 159  
 tQ50\*[2]  
 tG52=[3]

A E H R I R D L O A D N O R L O H E 71  
 gcg gag cat cga atc aga gac ttg cag gca gac aat cag aga ctg cag cat gag 213  
 aA54=[4]

L D S L K | E K L E Y Q Y A Q S Y K 88  
 ctc gac tcg ctc aag | gag aag ctg gaa tat cag tat gct cag agc tat aaa 264

## IPB006953G (7.6e-08) IC 2.16

Q I S V L E D D L S Q T R G I K E Q 106  
 cag atc tct gtg ctg gag gac gac ctc agc cag act cga ggc atc aag gaa cag 318  
 cL93P[5]

L H K Y V R E L E O A N D D L E R A 124  
 ctg cat aaa tat gtc cga gag tta gaa cag gcc aat gac gac ctg gag aga gct 372  
 cV111A[6]

K R | A T I T S L E D F E O R L N O 141  
 aag ag | a gcc acc ata aca tct ctg gag gac ttt gag cag agg ctg aac cag 423

A I E R N A F L E S E L D E K E S L 159  
 gcc atc gag agg aac gct ttt ctg gag agt gaa ctg gat gag aaa gaa tct ctc 477

L V S V Q R L K D E A R D | L R Q E 176  
 ctt gtg tct gtg cag aga cta aaa gat gaa gcc aga g | ac ttg cgg caa gag 528

L A V R D T R S E V T R M S A P S S 194  
 ctt gca gtg cga gac acc agg tca gag gtg acg aga atg tca gct ccc agc tct 582  
 cD181H[10]

P T P D N D K T D S A V Q A S L S L 212  
 ccg act ccg gat aac gac aaa aca gac tct gcg gtc cag gca tcc ctt tct ctg 636  
 aP197=[11]

P A T P L S K N L D N A F T S Q T V | 230  
 cct gct aca cct ctt agc aag aat ctg gac aat gct ttc acc agt cag aca g | t 689  
 gN220D[12]

## IPB006953H (5.2e-06) IC 2.49

L A N G S T N A A L T P S A R I S 247  
 t ctg gcc aac ggc tcc act aac gca gcc ctc aca cca tct gct aga ata tca 741  
 aS243T[14]

A L N I V G D L L R K V G | A L E S 264  
gcg ctc aat att gtg ggc gat tta ctg cgc aaa gtt ggg | gct ttg gag tct 792

K L A A C R N F A K D Q A A R K N Y 282  
aag ctc gca gct tgt cga aat ttt gca aag gac cag gca gcc aga aag aac tat 846

V T N V N G N L I N G D I S N Y S H 300  
gtt acc aac gtc aac ggc aat ctg att aat ggc gac att tca aat tac tct cat 900

S L H T S Y F D K A | R T V N G L D 317  
tcg ctc cac aca tcc tac ttc gac aaa gc | c agg acg gtg aac ggt ttg gac 951

P G D A T H I T A P P R S N S P S G 335  
ccc ggt gac gcg aca cac atc aca gcc cca ccg cga tcc aac tct cca tct ggc 1005

L V L S V \* 341  
ctg gtc ctc agc gta taa 1023