>AGL94

MGRVKLKIKKLQNMNGRQCTYTKRRHGIMKKAKELSILCDIDVVLLMFSPMGKASICIGK

HSIGEVIAKFAQLSPQERAKRKLENLEALRKTFMKANHDIDISKFLDRISTPTVEVLSEK

IRFLQTQLSDIHTRLSYWTDVDNIDSVDVLQQLEHSLRQSLAQIYGRKASMPQRQQQQLM

SSQCKNQLQTEIDIDFGMEMEQQLENFSWVRTDENMNVPIEEEDPNLQLHHMYKDITCSA

SSALGNYSGLFSKSSDILQKLETGSIPGTSADPNQQFSNLSFLNDQKLKQLAEWNLLGSP

ADYYVSQILEASYKPQIGGKNNGASSETLPYVAVFDDPLYFWPN

>AGL30

MGRVKLKIKKLENTNGRQSTFAKRKNGILKKANELSILCDIDIVLLMFSPTGKAAICCGT

RRCFSFESSELEENFPKVGSRCKYTRIYSLKDLSTQARILQARISEIHGRLSYWTEPDKI

NNVEHLGQLEISIRQSLDQLRAHKMQDGIQIPLEQQLQSMSWILNSNTTNIVTEEHNSIP

QREVECSASSSFGSYPGYFGTGKSPEMTIPGQETSFLDELNTGQLKQDTSSQQQFTNNNN

ITAYNPNLHNDMNHHQTLPPPPLPLTLPHAQVYIPMNQREYHMNGFFEAPPPDSSAYNDN

TNQTRFGSSSSSLPCSISMFDEYLFSQMQQPN

>AGL65

MGRVKLKIKRLESTSNRQVTYTKRKNGILKKAKELSILCDIDIVLLMFSPTGRATAFHGE

HSCIEEVISKFAQLTPQERTKRKLESLEALKKTFKKLDHDVNIHDFLGARNQTIEGLSNQ

VAIYQAQLMECHRRLSCWTNIDRIENTEHLDLLEESLRKSIERIQIHKEHYRKNQLLPIE

CATTQFHSGIQLPMAMGGNSSMQEAHSMSWLPDNDHQQTILPGDSSFLPHREMDGSIPVY

SSCFFESTKPEDQICSNPGQQFEQLEQQGNGCLGLQQLGEEYSYPTPFGTTLGMEEDQEK

KIKSEMELNNLQQQQQQQQQQQQQDPSMYDPMANNNGGCFQIPHDQSMFVNDHHHHHHHH

HQNWVPDSMFGQTSYNQVCVFTPPLELSR

>AGL104

MGRVKLEIKRIENTTNRQVTFSKRRNGLIKKAYELSILCDIDIALIMFSPSDRLSLFSGK

TRIEDVFSRFINLPKQERESALYFPDQNRRPDIQNKECLLRILQQLKTENDIALQVTNPA

AINSDVEELEHEVCRLQQQLQMAEEELRRYEPDPIRFTTMEEYEVSEKQLLDTLTHVVQR

RDHLMSNHLSSYEASTMQPNIGGPFVNDVVEGWLPENGTNQTHLFDASAHSNQLRELSSA

MYEPLLQGSSSSSNQNNMSECHVTNHNGEMFPEWAQAYSSSALFASMQQQHEGVGPSIEE

MMPAQQSDIPGVTAETQVDHEVSDYETKVPQLSSQ

>AGL9

MGRGRVELKRIENKINRQVTFAKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIIFSNRGKLYEFCSS

SSMLRTLERYQKCNYGAPEPNVPSREALAELSSQQEYLKLKERYDALQRTQRNLLGEDLG

PLSTKELESLERQLDSSLKQIRALRTQFMLDQLNDLQSKERMLTETNKTLRLRLADGYQM

PLQLNPNQEEVDHYGRHHHQQQQHSQAFFQPLECEPILQIGYQGQQDGMGAGPSVNNYML

GWLPYDTNSI

>AGL10

MGRGRVELKRIENKINRQVTFSKRRTGLLKKAQEISVLCDAEVSLIVFSHKGKLFEYSSE

SCMEKVLERYERYSYAERQLIAPDSHVNAQTNWSMEYSRLKAKIELLERNQRHYLGEELE

PMSLKDLQNLEQQLETALKHIRSRKNQLMNESLNHLQRKEKEIQEENSMLTKQIKERENI

LRTKQTQCEQLNRSVDDVPQPQPFQHPHLYMIAHQTSPFLNMGGLYQEEDQTAMRRNNLD

LTLEPIYNYLGCYAA

>AGL63

MRKGKRVIKKIEEKIKRQVTFAKRKKSLIKKAYELSVLCDVHLGLIIFSHSNRLYDFCSN

STSMENLIMRYQKEKEGQTTAEHSFHSCSDCVKTKESMMREIENLKLNLQLYDGHGLNLL

TYDELLSFELHLESSLQHARARKSEFMHQQQQQQTDQKLKGKEKGQGSSWEQLMWQAERQ

MMTCQRQKDPAPANEGGVPFLRWGTTHRRSSPP

>AGL7

MGRGRVQLKRIENKINRQVTFSKRRAGLLKKAHEISVLCDAEVALVVFSHKGKLFEYSTD

SCMEKILERYERYSYAERQLIAPESDVNTNWSMEYNRLKAKIELLERNQRHYLGEDLQAM

SPKELQNLEQQLDTALKHIRTRKNQLMYESINELQKKEKAIQEQNSMLSKQIKEREKILR

AQQEQWDQQNQGHNMPPPLPPQQHQIQHPYMLSHQPSPFLNMGGLYQEDDPMAMRRNDLE

LTLEPVYNCNLGCFAA

>AGL12

MARGKIQLKRIENPVHRQVTFCKRRTGLLKKAKELSVLCDAEIGVVIFSPQGKLFELATK

GTMEGMIDKYMKCTGGGRGSSSATFTAQEQLQPPNLDPKDEINVLKQEIEMLQKGISYMF

GGGDGAMNLEELLLLEKHLEYWISQIRSAKMDVMLQEIQSLRNKEGVLKNTNKYLLEKIE

ENNNSILDANFAVMETNYSYPLTMPSEIFQF

>AGL27

MGRRKIEIKRIENKSSRQVTFSKRRNGLIDKARQLSILCESSVAVVVVSASGKLYDSSSG

DEIEALFKPEKPQCFELDLEEKIQNYLPHKELLETVQSKLEEPNVDNVSVDSLISLEEQL

ETALSVSRARKAELMMEYIESLKEKEKLLREENQVLASQMGKNTLLATDDERGMFPGSSS

GNKIPETLPLLN

>AGL67

MGRVKLELKRIEKSTNRQITFSKRKKGLIKKAYELSTLCDIDLALLMFSPSDRLCLFSGQ

TRIEDVLARYINLPDQERENAIVFPDQSKRQGIQNKEYLLRTLEKLKIEDDMALQINEPR

PEATNSNVEELEQEVCRLQQQLQISEEELRKFEPDPMRLTSMEEIEACEANLINTLTRVV

QRREHLLRKSCEAQSNQQSMDGILLNDIVEDWGPEPEPKQAHMIANSAHHSNQPSYDLLL

RRSNSSSNQNPK

>AGL66

MGRVKLEIKRIENTTNRQVTFSKRRNGLIKKAYELSILCDIDIALLMFSPSDRLSLFSGK

TRIEDVFSRYINLSDQERENALVFPDQSRRPDFQSKEYLLRTLQQLKAENDIALQLTNPT

AINSDVEELEHEVYKLQQQLLMAEEELRKYEPDPIRFTTMEEYETCEKQLMDTLTRVNQR

REHILSQDQLSSYEASALQQQQSMGGPFGNDVVGGWLTENGPNEAHLFDASAHSAMYETL

LQGSSSSSNQNNIMGESNVSNHNGDMFQEWAQAYNSTTAHNPSTLFPPMQHQHGLVVDPN

IEEIEIPVMKKDAQADHEVSDYDIRMPQLSSQ

>AGL3

MGRGKVELKRIENKINRQVTFAKRRNGLLKKAYELSVLCDAEIALLIFSNRGKLYEFCSS

PSGMARTVDKYRKHSYATMDPNQSAKDLQDKYQDYLKLKSRVEILQHSQRHLLGEELSEM

DVNELEHLERQVDASLRQIRSTKARSMLDQLSDLKTKEEMLLETNRDLRRKLEDSDAALT

QSFWGSSAAEQQQQHQQQQQGMSSYQSNPPIQEAGFFKPLQGNVALQMSSHYNHNPANAT

NSATTSQNVNGFFPGWMV

>AGL44

MGRGKIVIRRIDNSTSRQVTFSKRRSGLLKKAKELSILCDAEVGVIIFSSTGKLYDYASN

SSMKTIIERYNRVKEEQHQLLNHASEIKFWQREVASLQQQLQYLQECHRKLVGEELSGMN

ANDLQNLEDQLVTSLKGVRLKKDQLMTNEIRELNRKGQIIQKENHELQNIVDIMRKENIK

LQKKVHGRTNAIEGNSSVDPISNGTTTYAPPQLQLIQLQPAPREKSIRLGLQLS

>AGL22

MAREKIQIRKIDNATARQVTFSKRRRGLFKKAEELSVLCDADVALIIFSSTGKLFEFCSS

SMKEVLERHNLQSKNLEKLDQPSLELQLVENSDHARMSKEIADKSHRLRQMRGEELQGLD

IEELQQLEKALETGLTRVIETKSDKIMSEISELQKKGMQLMDENKRLRQQGTQLTEENER

LGMQICNNVHAHGGAESENAAVYEEGQSSESITNAGNSTGAPVDSESSDTSLRLGLPYGG

>AGL17

MGRGKIVIQKIDDSTSRQVTFSKRRKGLIKKAKELAILCDAEVCLIIFSNTDKLYDFASS

SVKSTIERFNTAKMEEQELMNPASEVKFWQREAETLRQELHSLQENYRQLTGVELNGLSV

KELQNIESQLEMSLRGIRMKREQILTNEIKELTRKRNLVHHENLELSRKVQRIHQENVEL

YKKAYGTSNTNGLGHHELVDAVYESHAQVRLQLSQPEQSHYKTSSNS

>AGL5

MEGGASNEVAESSKKIGRGKIEIKRIENTTNRQVTFCKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVAL

VIFSTRGRLYEYANNSVRGTIERYKKACSDAVNPPTITEANTQYYQQEASKLRRQIRDIQ

NLNRHILGESLGSLNFKELKNLESRLEKGISRVRSKKHEMLVAEIEYMQKREIELQNDNM

YLRSKITERTGLQQQESSVIHQGTVYESGVTSSHQSGQYNRNYIAVNLLEPNQNSSNQDQ

PPLQLV

>AGL6

MGRGRVEMKRIENKINRQVTFSKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIIFSSRGKLYEFGSV

GIESTIERYNRCYNCSLSNNKPEETTQSWCQEVTKLKSKYESLVRTNRNLLGEDLGEMGV

KELQALERQLEAALTATRQRKTQVMMEEMEDLRKKERQLGDINKQLKIKFETEGHAFKTF

QDLWANSAASVAGDPNNSEFPVEPSHPNVLDCNTEPFLQIGFQQHYYVQGEGSSVSKSNV

AGETNFVQGWVL

>AGL20

MVRGKTQMKRIENATSRQVTFSKRRNGLLKKAFELSVLCDAEVSLIIFSPKGKLYEFASS

NMQDTIDRYLRHTKDRVSTKPVSEENMQHLKYEAANMMKKIEQLEASKRKLLGEGIGTCS

IEELQQIEQQLEKSVKCIRARKTQVFKEQIEQLKQKEKALAAENEKLSEKWGSHESEVWS

NKNQESTGRGDEESSPSSEVETQLFIGLPCSSRK

>AGL4

MGRGRVELKRIENKINRQVTFAKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVSLIVFSNRGKLYEFCST

SNMLKTLERYQKCSYGSIEVNNKPAKELENSYREYLKLKGRYENLQRQQRNLLGEDLGPL

NSKELEQLERQLDGSLKQVRCIKTQYMLDQLSDLQGKEHILLDANRALSMKLEDMIGVRH

HHIGGGWEGGDQQNIAYGHPQAHSQGLYQSLECDPTLQIGYSHPVCSEQMAVTVQGQSQQ

GNGYIPGWML

>AGL79

MGRGRVQLRRIENKIRRQVTFSKRRTGLVKKAQEISVLCDAEVALIVFSPKGKLFEYSAG

SSMERILDRYERSAYAGQDIPTPNLDSQGECSTECSKLLRMIDVLQRSLRHLRGEEVDGL

SIRDLQGVEMQLDTALKKTRSRKNQLMVESIAQLQKKEKELKELKKQLTKKAGEREDFQT

QNLSHDLASLATPPFESPHELRRTISPPPPPLSSGDTSQRDGVGEVAAGTLIRRTNATLP

HWMPQLTGE

>AP3

MARGKIQIKRIENQTNRQVTYSKRRNGLFKKAHELTVLCDARVSIIMFSSSNKLHEYISP

NTTTKEIVDLYQTISDVDVWATQYERMQETKRKLLETNRNLRTQIKQRLGECLDELDIQE

LRRLEDEMENTFKLVRERKFKSLGNQIETTKKKNKSQQDIQKNLIHELELRAEDPHYGLV

DNGGDYDSVLGYQIEGSRAYALRFHQNHHHYYPNHGLHAPSASDIITFHLLE

>AGL16

MGRGKIAIKRINNSTSRQVTFSKRRNGLLKKAKELAILCDAEVGVIIFSSTGRLYDFSSS

SMKSVIERYSDAKGETSSENDPASEIQFWQKEAAILKRQLHNLQENHRQMMGEELSGLSV

EALQNLENQLELSLRGVRMKKDQMLIEEIQVLNREGNLVHQENLDLHKKVNLMHQQNMEL

HEKVSEVEGVKIANKNSLLTNGLDMRDTSNEHVHLQLSQPQHDHETHSKAIQLNYFSFIA

>AGL18

MGRGRIEIKKIENINSRQVTFSKRRNGLIKKAKELSILCDAEVALIIFSSTGKIYDFSSV

CMEQILSRYGYTTASTEHKQQREHQLLICASHGNEAVLRNDDSMKGELERLQLAIERLKG

KELEGMSFPDLISLENQLNESLHSVKDQKTQILLNQIERSRIQEKKALEENQILRKQVEM

LGRGSGPKVLNERPQDSSPEADPESSSSEEDENDNEEHHSDTSLQLGLSSTGYCTKRKKP

KIELVCDNSGSQVASD

>AGL1

MEEGGSSHDAESSKKLGRGKIEIKRIENTTNRQVTFCKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVAL

VIFSTRGRLYEYANNSVRGTIERYKKACSDAVNPPSVTEANTQYYQQEASKLRRQIRDIQ

NSNRHIVGESLGSLNFKELKNLEGRLEKGISRVRSKKNELLVAEIEYMQKREMELQHNNM

YLRAKIAEGARLNPDQQESSVIQGTTVYESGVSSHDQSQHYNRNYIPVNLLEPNQQFSGQ

DQPPLQLV

>AGL13

MGRGKVEVKRIENKITRQVTFSKRKSGLLKKAYELSVLCDAEVSLIIFSTGGKLYEFSNV

GVGRTIERYYRCKDNLLDNDTLEDTQGLRQEVTKLKCKYESLLRTHRNLVGEDLEGMSIK

ELQTLERQLEGALSATRKQKTQVMMEQMEELRRKERELGDINNKLKLETEDHDFKGFQDL

LLNPVLTAGCSTDFSLQSTHQNYISDCNLGYFLQIGFQQHYEQGEGSSVTKSNARSDAET

NFVQ

>AGL11

MGRGKIEIKRIENSTNRQVTFCKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIVFSTRGRLYEYANN

NIRSTIERYKKACSDSTNTSTVQEINAAYYQQESAKLRQQIQTIQNSNRNLMGDSLSSLS

VKELKQVENRLEKAISRIRSKKHELLLVEIENAQKREIELDNENIYLRTKVAEVERYQQH

HHQMVSGSEINAIEALASRNYFAHSIMTAGSGSGNGGSYSDPDKKILHLG

>AGL14

MVRGKTEMKRIENATSRQVTFSKRRNGLLKKAFELSVLCDAEVALIIFSPRGKLYEFSSS

SSIPKTVERYQKRIQDLGSNHKRNDNSQQSKDETYGLARKIEHLEISTRKMMGEGLDASS

IEELQQLENQLDRSLMKIRAKKYQLLREETEKLKEKERNLIAENKMLMEKCEMQGRGIIG

RISSSSSTSELDIDDNEMEVVTDLFIGPPETRHFKKFPPSN

>AG

TAYQSELGGDSSPLRKSGRGKIEIKRIENTTNRQVTFCKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVA

LIVFSSRGRLYEYSNNSVKGTIERYKKAISDNSNTGSVAEINAQYYQQESAKLRQQIISI

QNSNRQLMGETIGSMSPKELRNLEGRLERSITRIRSKKNELLFSEIDYMQKREVDLHNDN

QILRAKIAENERNNPSISLMPGGSNYEQLMPPPQTQSQPFDSRNYFQVAALQPNNHHYSS

AGRQDQTALQLV

>AGL19

MVRGKTEMKRIENATSRQVTFSKRRNGLLKKAFELSVLCDAEVALVIFSPRSKLYEFSSS

SIAATIERYQRRIKEIGNNHKRNDNSQQARDETSGLTKKIEQLEISKRKLLGEGIDACSI

EELQQLENQLDRSLSRIRAKKYQLLREEIEKLKAEERNLVKENKDLKEKWLGMGTATIAS

SQSTLSSSEVNIDDNMEVETGLFIGPPETRQSKKFPPQN

>AGL24

MAREKIRIKKIDNITARQVTFSKRRRGIFKKADELSVLCDADVALIIFSATGKLFEFSSS

RMRDILGRYSLHASNINKLMDPPSTHLRLENCNLSRLSKEVEDKTKQLRKLRGEDLDGLN

LEELQRLEKLLESGLSRVSEKKGECVMSQIFSLEKRGSELVDENKRLRDKLETLERAKLT

TLKEALETESVTTNVSSYDSGTPLEDDSDTSLKLGLPSWE

>AGL21

MGRGKIVIQRIDDSTSRQVTFSKRRKGLIKKAKELAILCDAEVGLIIFSSTGKLYDFASS

SMKSVIDRYNKSKIEQQQLLNPASEVKFWQREAAVLRQELHALQENHRQMMGEQLNGLSV

NELNSLENQIEISLRGIRMRKEQLLTQEIQELSQKRNLIHQENLDLSRKVQRIHQENVEL

YKKAYMANTNGFTHREVAVADDESHTQIRLQLSQPEHSDYDTPPRANE

>AGL25

MGRKKLEIKRIENKSSRQVTFSKRRNGLIEKARQLSVLCDASVALLVVSASGKLYSFSSG

DNLVKILDRYGKQHADDLKALDHQSKALNYGSHYELLELVDSKLVGSNVKNVSIDALVQL

EEHLETALSVTRAKKTELMLKLVENLKEKEKMLKEENQVLASQMENNHHVGAEAEMEMSP

AGQISDNLPVTLPLLN

>AGL15

MGRGKIEIKRIENANSRQVTFSKRRSGLLKKARELSVLCDAEVAVIVFSKSGKLFEYSST

GMKQTLSRYGNHQSSSASKAEEDCAEVDILKDQLSKLQEKHLQLQGKGLNPLTFKELQSL

EQQLYHALITVRERKERLLTNQLEESRLKEQRAELENETLRRQVQELRSFLPSFTHYVPS

YIKCFAIDPKNALINHDSKCSLQNTDSDTTLQLGLPGEAHDRRTNEGERESPSSDSVTTN

TSSETAERGDQSSLANSPPEAKRQRFSV

>AGL2

MGRGRVELKRIENKINRQVTFAKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIIFSNRGKLYEFCSS

SNMLKTLDRYQKCSYGSIEVNNKPAKELENSYREYLKLKGRYENLQRQQRNLLGEDLGPL

NSKELEQLERQLDGSLKQVRSIKTQYMLDQLSDLQNKEQMLLETNRALAMKLDDMIGVRS

HHMGGGGGWEGGEQNVTYAHHQAQSQGLYQPLECNPTLQMGYDNPVCSEQITATTQAQAQ

QGNGYIPGWML

>PI

MGRGKIEIKRIENANNRVVTFSKRRNGLVKKAKEITVLCDAKVALIIFASNGKMIDYCCP

SMDLGAMLDQYQKLSGKKLWDAKHENLSNEIDRIKKENDSLQLELRHLKGEDIQSLNLKN

LMAVEHAIEHGLDKVRDHQMEILISKRRNEKMMAEEQRQLTFQLQQQEMAIASNARGMMM

RDHDGQFGYRVQPIQPNLQEKIMSLVID

>AGL32

MGRGKIEIKKIENQTARQVTFSKRRTGLIKKTRELSILCDAHIGLIVFSATGKLSEFCSE

QNRMPQLIDRYLHTNGLRLPDHHDDQEQLHHEMELLRRETCNLELRLRPFHGHDLASIPP

NELDGLERQLEHSVLKVRERKQQLENLSRKRRMLEEDNNNMYRWLHEHRAAMEFQQAGID

TKPGEYQQFIEQLQCYKPGEYQQFLEQQQQQPNSVLQLATLPSEIDPTYNLQLAQPNLQN

DPTAQND

>AGL72

MVRGKIEIKKIENVTSRQVTFSKRRSGLFKKAHELSVLCDAQVAAMIFSQKGRLYEFASS

DIRNTIKRYAEYKREYFVAETHPIEQYVQGLKKEMVTMVKKIEVLEVHNRKMMGQSLDSC

SVKELSEIATQIEKSLHMVRLRKAKLYEDELQKLKAKERELKDERVRLSLKKTIYTHLCQ

VGERPMGMPSGSKEKEDVETDLFIGFLKNRP

>AGL71

MVRGKIEIKKIENVTSRQVTFSKRRSGLFKKAHELSVLCDAQVAAIVFSQSGRLHEYSSS

QMEKIIDRYGKFSNAFYVAERPQVERYLQELKMEIDRMVKKIDLLEVHHRKLLGQGLDSC

SVTELQEIDTQIEKSLRIVRSRKAELYADQLKKLKEKERELLNERKRLLEEVNMHHSSKG

NTEGGHRTKHSSEVETDLFIGLPVTRL

>AGL8

MGRGRVQLKRIENKINRQVTFSKRRSGLLKKAHEISVLCDAEVALIVFSSKGKLFEYSTD

SCMERILERYDRYLYSDKQLVGRDVSQSENWVLEHAKLKARVEVLEKNKRNFMGEDLDSL

SLKELQSLEHQLDAAIKSIRSRKNQAMFESISALQKKDKALQDHNNSLLKKIKEREKKTG

QQEGQLVQCSNSSSVLLPQYCVTSSRDGFVERVGGENGGASSLTEPNSLLPAWMLRPTTT

NE

>AGL42

MVRGKIEMKKIENATSRQVTFSKRRNGLLKKAYELSVLCDAQLSLIIFSQRGRLYEFSSS

DMQKTIERYRKYTKDHETSNHDSQIHLQQLKQEASHMITKIELLEFHKRKLLGQGIASCS

LEELQEIDSQLQRSLGKVRERKAQLFKEQLEKLKAKEKQLLEENVKLHQKNVINPWRGSS

TDQQQEKYKVIDLNLEVETDLFIGLPNRNC

>AGL31

MGRKKVEIKRIENKSSRQVTFSKRRNGLIEKARQLSILCESSIAVLVVSGSGKLYKSASG

DNMSKIIDRYEIHHADELEALDLAEKTRNYLPLKELLEIVQSKLEESNVDNASVDTLISL

EEQLETALSVTRARKTELMMGEVKSLQKTVGKKTFLVIEGDRGMSWENGSGNKVRETLPL

LK

>AGL70

MGRRKVEIKRIENKSSRQVTFSKRRKGLIEKARQLSILCESSIAVVAVSGSGKLYDSASG

DNMSKIIDRYEIHHADELKALDLAEKIRNYLPHKELLEIVQSKLEESNVDNVSVDSLISM

EEQLETALSVIRAKKTELMMEDMKSLQEREKLLIEENQILASQVGKKTFLVIEGDRGMSR

ENGSGNKVPETLSLLK

>AGL69

MGRRKVEIKRIENKSSRQVTFCKRRNGLMEKARQLSILCESSVALIIISATGRLYSFSSG

DSMAKILSRYELEQADDLKTLDLEEKTLNYLSHKELLETIQCKIEEAKSDNVSIDCLKSL

EEQLKTALSVTRARKTELMMELVKTHQEKEKLLREENQSLTNQLIKMGKMKKSVEAEDAR

AMSPESSSDNKPPETLLLLK

>AGL68

MCRKSEAMGRRRVEIKRIENKSSRQVTFCKRRNGLMEKARQLSILCGSSVALFIVSSTGK

LYNSSSGDSMAKIISRFKIQQADDPETLDLEDKTQDYLSHKELLEIVQRKIEEAKGDNVS

IESLISMEEQLKSALSVIRARKTELLMELVKNLQDKEKLLKEKNKVLASEVGKLKKILET

GDERAVMSPENSSGHSPPETLPLLK

>ZaMADS105

MKRTLSRYNKCPDFSEAPVAEYETEKQDSEEVDGLKDTIAKLQTKQFRQLLGKDLNGLSLKELQLLEQELDEGFLLVKEKKEQLLMEQLEQSRVQEQRAMLENETLRRQVEELRGFFPSTECSVPAYLEYYPLGRKNSLMNQSSASPDVASDSA

>ZaMADS104

MGRGKIEIKRIENSNSRQVTFSKRRAGMLKKAQELATLCDAEVAVIIFSNTGKLFEFSSSGMRRTLSRYNKCLDISEAAVVEYKTEKQDSKEVDGLKDEIAKLQTKQSRLLGKDLNDLRLKELRLLEQELNEGLLFVRAKKEQLLMEQLEQSRVQEQRAMLENETLRRQVEELRGFFPSTECLLPAYIEYCPLGRKNSLMNHSSASPDNASDSAVEKGDSDTTLHLGLPSNICHKRKAPEGETNSNDSRRHLGLL

>ZaMADS100

MENPTTRQVTFSKRRAGLLKKTHELSVLCGLIIFSSTAKLFQYCTHPFRMEHIIERRLKVTGTRIPEHDSREQLFNELAVLRKETRRLQLSMRRYTGEDLVSIPYEDLDELEHELESSVHKVRERKQLDNLRRKIEDQRAALEYQQWKQSQWSNLQDPFFGDHQQQPSSLLQLALNNIPPQIHPYNHHHLQLAQPNLQDPNF\*

>ZaMADS38

MGRGRVELKRIENKINRQVTFAKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIIFSNRGKLYEFCSSSSMLKTLERYQKCSYGAVEVNKPAKELESSYREYLKLKTRFEALQRAQRNLLGEDLGPLSSKELEQLERQLDSSLKHVRSTRTQFMLDQLSDLQNKEQLLLDANRALSMKLDEINAKTQLQPSWEGNEQHMAYNPLTQGLFQPIECNPTLQIGYNPSSCSDQMTATTHTQQVSGFIPGWML\*

>ZaMADS101

MVRGKTQMKLIENATSRQVTFSKRRNGLLKKACELSVLCEAEVALIIFSPRGKLYEFSSSSMQETIGRYLRHTKDTRNKQQLTEQQMEHLKHEAADMVKKMELLEVSKQKLLGEDLSSCTLEELQQMELQLDRSVSNIRARKNQVFKEQIEQLNEKGKVLEAENSRLAEKCGTEQLQGSKEQQENLPNDDNGTPTSDVETELFIGPPPERRTRCLLFPPHN\*

>ZaMADS43

MDTLCYGGISISAGAAFRALSMLKTLERYQKCNYGAPEPNVSAREALELSSQQEYLKLKARYEALQRSQRNLLGEELGPLNSKELESLERQLDMSLKQIRSIRTQYMLDTLTDLQHKEQLMSEANKTLKQRLMEGYQLNTLQLNPSAEDCGYGLKQVHPQCDDTFFQPLDCEPTLQIGYQAADPASVVIAGPSINNYMHGWLPC\*

>ZaMADS35

MGRGRVQMKRIENKISRQVTFSKRRAGLLKKAHEISVLCDAEVALIVFSTKGKLFEYSTDSSMERILERYEKNAYVEQQLLSTDAGLQGSWSLEYHKLKNRIEVLERNIRNFMGEDLEPLGVRELQNLEQQIDTALKRIRTRENQLMHESISDLQKKARALQDQNNMLAKQLKEKEETVTEQQTQMGQNSSSSMPPTPPVLTFPSQTTGGSFQMIRGTEIDEPEHIQTRPNMSSIVVPSWMLGHVNHHE\*

>ZaMADS65

MAREKIKIKKIDNVTARQVTFSKRRRGLFKKAEELAVLCDADVALIIFSATGKHFEYSSSSMKEILEKHHMHSKNLERLDRPSLDLQLMKDDNYSRLSKEVSEKSHQLRQMRGEEIHGLSLEELQELERSLEVGLGRVMDKKGEKILKEINEFKRRGLLLMEENERLRQRVAEVTNAERQTAPDSDNLNSEEGQSTESVNFVCNSSNGPPPESESSDISLKLGLPYAG\*

>ZaMADS81

MGRGKIEIKRIENLNNRHVTYSKRRNGLIKKTKEIAVLCDAKAVVIIVPLSGKIHEYCSAPISEILEGYQKKSSKKLWDDKHEKLSNEIDRIKKENDIMQIKLRHLKGQDVTSLNIKELMSFEDSLENGLTGISNKQARTY\*

>ZaMADS102

MLHSCHINRNLLGEELGPLNSKELESLERQLDMSLKQIRSIRVRGLNKLSLLWNHIVRSWLLKMHVVTTLCSLLGYCTIKTT\*

>ZaMADS36

MTKSLERYQSCSYGSLQANQSAKETQANYEEYIKLKEKQEALQRSQKQFSGEDLGDLALKELQQLERQLDSSLGKVRSLKARNQLDKLSELQRKVYMRL\*

>ZaMADS103

MVRGKIEMKKIENATSRQVTFSKRRNGLLKKAFELSVLCDAEVAAIIFSQKGRIYEFSSSELHDTIERYYKYAKVVQSEQPGMEQYKQQLTEEIANIVEKIQQIEVSQRKLLGKDLDSCTIEELQELEGQLERSLRSIRDR

>ZaMADS84

MGRGRVQLKRIENKISRQVTFSKRRGGLLKKAHEISVLCDAEVALIVFSTKGKLFEYSTDSRMERILERYERNTYVEQQLGTTDTQQQGCWSLEYPLLKNRIEVIERNIRNFMGEDLEPLGLRELQHLEQQIDTSLKRIRTRKNQLINESISDLHKRERALQDQNNTLAKKLKEKEKTVLTEQQNQMGQNSSPFMPTPP

>ZaMADS80

MGRGKIEIKRIENTTNRQVTFCKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIVFSSRGRLYEYSNSNSIRSTVDRYKKACSDNSNSGSVTEINAQYYQQESAKLRQQIQMIQNSNRHLMGDSLSSLTVKELKQLENRLERGITRIRSKKHEMLLAEIEFLQKREIELENESVCLRSKIAEVERFQQANMVTGQELNAIQALASRNFFSPIIEGGTTYSHPDKKTLHLG

>ZaMADS62

MGRNSLPFSATPSRIFIPLYSSFQAAAIMEFNPNNQNLESGSSHNKKMGRGKIEIKRIENTTNRQVTFCKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIVFSNRGRLYEYANNSVRATIERYKKACTGSSNPGSVTEANTQFYQQEATKLRRQIREIQNSNRHILGEALSSLSFKELKSLETRLEKGISRVRCKKNEMLLAEVEFMQKREIQLQNDNMYLRARIAENERVEQEQQSESMMQGGGPVYESVASQPYDRNFFPVNLLEPNHQYSRQDDQTPLQLV\*

>ZaMADS60

MGRGRVELKRIENKINRQVTFSKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIIFSSSGKLYEFCSSSSMTKSLERYQSCSYGSLQANQSAKETQANYEEYIKLKEKQEALQRSQKQFSGEDLGDLALKELQQLERQLDSSLGKVRSLKARNQLDKLSELQRKEEMLLETNKTLSKKLEEIDTVLRSRSWETGQEQSTTYNNQPSHSQGSFGPSHFNNPFHIGYDPGVTDYSRTVTTADQQNANGLIPEWML\*

>ZaMADS55

MGRGKIEIKKIENANSRQVTFSKRRAGLLKKAKELAILCDAEVAVIIFSNTGKLFEYSSSGMKRTLSRYNKCPDFSEAPVAEYETEKQDSKEVDGLKDTIAKLQTKQLQLLGKDLNGLGLKELQLLEQELDEGFLLVKEKKEQLLMEQLEQSRVQEQRAMLENETLRRQVEELRGFFPSTECSVPAYLEYYPLGRKNSLMNHSSASPDVASDSAIEKGDSDTTLHLGLPSNIYHKTKAPEGESHSNDSRSQLGLL\*

>ZaMADS49

MIVGTNRILPKYSGSMGRGKIEIKRIENTTNRQVTFCKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIVFSSRGRLYEYSNSNIRSTIDRYKKTCSDNSNSGSVTEINAQYYQQESAKLRQQIQMLQNSNRNLMGESVSSLTVKELKQLENRLERGITRIRSKKHEMLLAEIEFFQKREIELENESLSLRSKIAEVERFQQANMVNGEELNAIHALASRNLFSPLMEGGSATAYSHPHPHTEKKMLHLG\*

>ZaMADS77

MKNILFVLAASLKMVRGKTQMRRIENATSRQVTFSKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVAIIIFSPRGKLYEFANSSMQETVERYLRHTKDTRTKQQPTEKHMQQHLKHEAASMAKKIELLEVSKRKLLGEGLASSTLEELQQIEHQLE

>ZaMADS85

RIENKISRQVTFSKRRGGLLKKAHEISVLCDAQVALIVFSTKGKLFEYSTDSSMERILERYERKSYVEQLVATDTELQGCWSLEYPKLKSKTEVLDRNIRNIMGEDLEPLGLRELQHLEQQIDTALKRIRTREKQLIHKSISDLQKMERALQDQNNMLEKKLKEKEKTVADEQQNQMEQNSLPSMPTPPLMLTFPSPNIG

>ZaMADS68

ELSVLCEAEVALIIFSPRGKLYEFSSSSMQETIGRYLRHTKDTRNKQQLTEQQMEHLKHEAADMVKKMELLEVSKQKLLGEDLSSCTLEELQQMELQLDRSVSNIRARKVHLIRTITANPSKDFVTCAKHLSMFQNQVFKEQIEQLNEKVRPIKIYNVVRYGITPFLLSPYSTTLFEDTSFLDSKKKERKRDTVLSIFMSRSMLGL

>ZaMADS63

KRIENLNNRHVTYSKRRNGLIKKTKEIAVLCDAKAVVIIVPLSGKIHEYCSTPISEILEGYQKKSSKKLWDDKHEKLSNEIDRIKKENDIMQIKLRHLNGQDVTSLNIKELMSFEDSLENGLTGISNKQSKLIERMRKNGKMLEEENNYLKFILRQQEIAKQQMAMKNNAREIENGYHQQRENHEYNLHMPLTFNMKPI

>ZaMADS44

MGRGKIEIARIESRTNRQVTFSKRRGGLLKKAHELSVLCDAQIGLIIFSCSGKLTEFCSDSTSIDQIIRKYEAAKGTRINPADINNHDDTEEIYSELRRMRNETHNLELSLGRYTGDIDLNSVQFEELALLEDQLECSMNKVRARKMEILRLKTDDLRRKEKVLEDENEQILNLIKDNNQMAWEQQQATLMASKIEEHGHVLDQFPFSGEPQPSSVLELAINPQYLQPTQPNLQDFSLHQFTNYE\*

>ZaMADS51

MEMIKKKPCVGRQKIAISKIPKKNHLQVTFSKRRAGVFKKASELSTLCGVDIALIVFSPANKPFSFGHPNVDSIVDRFLTQNPNPNPNQAPAGSGTNRLIEAHRNANIRELNLQLTQVLHQLEVEKKHGEVLSEIRKASQSQCWWEAPVNELGLHELEQLKTAMEELKKNVETQANKILIESKNNPSGPSPFFGVNYQTMNPHHESKLHLDQIHASSNNVHPNYNFYSLAYGQCHDHHQQLL\*

>ZaMADS47

MVRGKTQMKLIENATSRQVTFSKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIIFSSRGKHYEFASSSMQETIERYLKYTIDTRSKQQPTEQHIQNLKHEAANMVKKIELLEVSKQKLLGEGLAECTLEELQQIKHQLERGVSAVRARKNQIFKERIEQLKEKGRVLEAGNARLAEKCGIEFEQLHGLKERQENIPNDDIGTPTSDVETELFIGPPPERRTRRLPMPRHK\*

>ZaMADS53

MGRGRVELKRIENKINRQVTFAKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIIFSNRGKLYEFCSSPSMMKTLERYHRCNFGALEANRPPSETQQSTYQECLRLKTTVDVLQQTQRNLLGEDLGPLSTKELEQLEHQLETSLQQVRSTKTQFMVDQLTDLQKREHVLLQVNAGLRKKLEESNAHQFHHRLAWEAAAAAAAAAGQNMTYNGYPVQSEGFFQPLGGNPTLQIGYNPVGSEEVNDPVHAHVNGFVPGWML\*

>ZaMADS69

MGRGKVELKRIENKINRQVTFSKRRNGVLKKAYELSVLCDAEVALIIFSSRGKLYEFGSAGVSKTLERYQRCCFNPQDNNSIEHETQSWYQEVTKLKAKYESLQRTQRHLLGEDLAPLSVKELQNLEKQLEGALSMARQRKVTYLYSCMFNQYGSI\*

>ZaMADS71

MTRKKVKLMWIVNDSARKASLKKRRAGLLKKVSELTTLCDVNAFILIYSPGEREPEMWPSRPVVEQLLTRFNNVPEMERSKKMMNQETYLKERVGKVQDQVKKNSRKNKELDVSHLMEQVSHGKTIDDFNINELQGLVWYTEERKKDIRKKIEYYQQVNPLPPESLPLPPPPPPQHPSPVDSTAGVGGSTGGDGRNPPQPESALWDQWFIDMINSSENNAGSSSAGAKSDAGLTSHQAFDACSGAASAANQMGLPHGYPEAYNTDSDKGLPQGNINIGSSSSLGGNDGNMGQPQGNAGEASNAADGAMGLPSELFGGSIAGSDIEIPYDVTKQWPGNFHT\*

>ZaMADS73

MTRKKVKLAFISNDSARKATFKKRKKGLLKKVSELSTLCGIDACAIIFSPYDSQPEIWPSPLGVKRVLSQFKKMPEMEQSKKMVNQDSFLRQRIGKANEQLKKQRKDNREKEMTQVMFQSLSGKALLSLNMMDLNDLVGWLIEQNLKEICKRIWDLVVKKLCTHMGKAAAKTLFLA\*

>ZaMADS75

MGRGKIEIKRIENPTNRQVTYSKRRNGIFKKAEELTVLCDAKVSLILLSNSGKVHEYISPSTTTKKMFDQYQQSLGVDLWSTHYDKMQETYRKLKEINNKLKKDIRQRMGEDLEDVTSEQLQGLEQNMTTSLATILERKVLSLSISQLDLNES\*

>ZaMADS76

MVRGKIQMKKIENATSRQVTFSKRKNGLLKKAYELSVLCDAEVAAIIFSQKGTLYEFSSSGMQHTMERYYNYTKEKEEQSDLPGMEQHMQQLKHEITKMIEKIEHIEVSQRKLLGQNLDSCTIEELGELDSQLGRSLRSIRARKACNSLSQQKLFCHFLRRNPCSAIQ\*

>ZaMADS82

MVRGKTQMKRIENTTSRQVTFSKRRNGLLKKAFELSVLCDAEVALIIFSPRGKLYEFSSCSINKTIERYQKRSKDFGINTKIVEEDHTQEETFNMVKELEFLEVTKRKLLGGGLEPCSIDELQQLENQLERSLSRIRARKNQLFREQIEKLKEKVNLLCIYLPF\*

>ZaMADS64

MGRGKIAIKKMENPTTRQVTFSKRRAGLLKKTHELSVLSDAQSGLIIFSSTAKLFQYCTHPFRMEHIIERRLKVTGTRIPEHDSREQLLNELAVLRKETRRLQLSMRRYTGEDLVSIPYEDLDELEHELESSVHKVRERKQLDNLRRKIEDQRAALEYQQWKQSQWSNLQDPFFGDHQQQPSSLLQLALNNIPPQIHPYNHHHLQLAQPNLQDPNF\*

>ZaMADS52

MTRQKIEIKKIENPAARQVTFSKRRRGLFKKAQELSTLCDAELALIVFSATGKLFDYSSAGSSMKQVIERHSLHSQNLHKFDQSSLELQLEGSTYAILRKEIAERTLELRRMRGEELQELDMEQVKRLEKSLEDGLSRVVQTKGEKILKQIDALRTKESQLMEENLRLKQQSGNNIQAEGNPFESIIKITSSPDKDNSDISLKLGLPFPSK\*

>ZaMADS46

MVRGKTQMKRIENPTSRQVTFSKRRNGLLKKAFELSVLCDAEIALIIFSPRGKLYEFSSCSINKTIGQYQKRSKDVGISTKRVEEDHTQYLKEETFNMVKKLEFLEVTKRKLLGDGLEPCSIDELQQLECQLERSISRIRARKNQLFREQIEELKEKEKILMEENIKLWEKCGMLPRQASAEQEILNIQSMDVETELFIGPPERRVTLHKAYKKNP\*

>ZaMADS88

MISNLLLLLLCLVMEAKTTSSLHHSLITMPKKKPKGTGRKKIEIKKIENNSSLKVAFSKRRKGMFKKASELCRLCGAEIAVIVFSPKGRPYSFGDRVIDKFMAENDETPAVIDRSEEQMNEDNSSEEMHEELGFWWEQSIDNMDLEEIEKYKSCLEELRYNVAEKIEEMVMRRTCERDFLGVSHDII\*

>ZaMADS89

MAREKIKIRKIDNITARQVTFSKRRRGLFKKAEELSVLCDAEVAVIIFSATGKLFENSSSSMKDILARYNVHSSNIGKLNQPSLELQLENSKHTSLSKEVTDKSNQLRQMRGEDLNGLNIEELQRLEKMLELGLSRVLETKDNKFNSEISSLERKGAKLLEENTHLKQKMASMSKGKRLALVDSDVGTREEGMSSDSVNNVCSCSGGPPPEDDSSDTSLKLGLPFSN\*

>ZaMADS83

MARGKVQMKRIENPVHRQVTFCKRRSGLLKKAKELSILCDADIGVFIFSNHGKLYELATKGTMQGLIERYLKSTLGAQAEPAVIQNQQLDAMEEINMLKKEIEILQKGLRYMFGGGAETMTLDELLVIEKHLELWIYNIRSAKMDIMIQEINLLRNKEGILTAANNYLQEKVDENTGVANFGPMTTNIEYPLTIPNDIFQF\*

>ZaMADS74

MGRGKVLLERIQNKINRQVTFSKRRNGLLKKAYELSLLCDAEVALIIFSSHGKLFEFGSNDGVEKILERYRQCCYSSQNPSNINELEPEGLFPEILRLRALRESLERSQRYFLGEDLGTLGVKELLKLEKQLDKTISLSRLRKSELMRQELENLQQKTHDLGEENKQLKAKLEKSIQELGADPNYIAMASNCFRVHPSQHIG\*

>ZaMADS58

MTRQKIEIKKIENPIARQVTFSKRRKGLFKKAQELSTLCDAELALIVFSATGKLFDYSSSSSSMKQLIERHNLHSQNLHQPSLELQLESSTCAILSKEMAERTRELRQMRGEELQELNMEELERLEKSLEVGLSHVVQTKGERVLKEIDALRTKQGQLMEENRRLKQQQTGNAHVQGHSFESVTFISSSGDNSQDKDSSDTSLKLGLVH\*

>ZaMADS45

MGRGTVELKRIESKANRQVTFSKRKNGILKKALELSILCDAEIALIIFSPSGKPYRYASDNNNPERIIARYRREVGLLSNSANHESFGLMQFWKSEIDQLERSVEAMEARLRHLAGEDISSLGVKELKILEGQLKIGAERICTRTSRLLAEKINELKTKQRELQENNSRLQKIVRLQILSLYVGQVFI\*

>ZaMADS61

MTGIGHKKTQMKMSQGSDARQVAPSRRRSGLFKRASELTTLYAVETALVIFSPGDKAVPYAHPGAEPVIINLAPTGMPDSGLTQCAQADHEATMRALNKEYHDLLEQLEAEKKRGEKLQERKMMNQQRYGRRLWDIPVDELNLEELLKLKAIMEDLDEKLQKHMAKHSSQAYTPTEGCSVDPNGHGTGPGN\*

>ZaMADS57

MNEELTSIFCNFQLLLNKTKKKGSQLVKIENIYFQAAAAGAEAIASMEFPNNENPESSSHNKKMGRGKIEIKRIENTTNRQVTFCKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVSLIVFSSRGRLYEYANNSVRATIDRYKKACADSSNPGSVTEANTQFYQQESTKLRRQIREIQNFNRHILGEALSSLSFKELKNLETRLEKGISKVRSKKNEMLLAEIEFMQKREIQLQNDNMYLRARIAENERAEQEQQSESMMHGRGPVYESAASQPYDRNFLPVNLLEPDHQYSRQGDQLPLQLV\*

>ZaMADS90

MTRKKVKLAFISNDSARKATFKKRKKGLLKKVSELSTLCGIDACAIIFSPYDSQPEIWPSPLGVQRVLSQFKKMPEMEQSKKMVNQDSFLRQRIGKANEQLKKQRKDNREKEMTQVMFQSLTGKTLLSLNMMDLNDLGWLIEQDLKEICKRIETLKNNIATHSSNVVVRNNGEISRHVEKSSGVDQMNMEAMQKQQWFLDLMNPQEHMGFGGEEIMYPFGESSSHNTLWPNPFYP\*

>ZaMADS48

MARGKIQIKRIENSTNRQVTFSKRRNGLFKKARELTVLCDAKVSIIMCSSSGKVYEYISPLTTTKHLLDEYQKTLKIDIWSSKYEKMQEDLKHVKEVNENLRKEIGQRLGESLNDLSLVELYGLQQDIDNSLKIIREQKDKVLSGQINTWKRKVKSVEQQHKNLQSGFIINAKEEDPNYDLVDNGGHYDTVIGLRNEGPGIFIRLQPN\*

>ZaMADS96

MVRGKIEMKKIENATSRQVTFSKRRNGLLKKAFELSVLCDAEVAAIIFSKKGRIYEFSNSEMHDTIERYYKYAKEVQSDQPGMEQYKQQLMEGIANMVEKIEQIEVSQRKLLGKDLDSCTIEELQELEGQLERSLRSIRDRKAQLLQEQINQLKEKERLLREENVSLCTMVNISSLLDR\*

>ZaMADS92

MGRGKIEIKRIENLNNRHVTYSKRRNGLIKKTKEIAVLCDAKAIVIIVPTSGKIHEYCSAPISEILEGYQKKSSKKLWDDKHEKLSNEIDRIKKENDIMQIKLRHLKGQDVTSLNIKELMSFEDSLENGLTGISNKQSKLIERMRKNGKMLEEENNYLKFILRQQEIVKQQQQMAMENNAREIENGYHQKRENHEYNLHMPLTFNMQPI\*

>ZaMADS72

MTRKKVKLTWIVNDSARKASLKKRRVGLLKKVSELTTLCGVNAFVLIYSPEEREPQMWPSRPVVEQLLARFNNMPEMEKCKKMMNLETYLKERVGKVQDQLKKHSRKNKEMDVYQIMEQVHHGKPTDDFNINELHGLIWFSEEKKKEIRKRIEYYRQINPLPLESLPPPSPPPQLPAPMDGMAGVGGSIGGDGRNPPESGLWDQWFIDMVNNSENVAGSSSAKAKSDAGLTSNQAFAASSGAANQMGLPHGNPRAYNIGSAMGMPQGNFNIGSSSSSLGGNNGGFDGNMGQPQENAGADSNAAGRELGLQYELFGGSIAGSDVGMPYDVSKQWPGNFYP\*

>ZaMADS50

MGRGRVELKRIENKINRQVTFAKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIIFSNRGKLYEFCSSASMLKTLERYQKCSYGAVEVNKPAKELESSYREYLKLKTKFEALQRTQRNLLGEDLGPLNSKELEQLERQLESSLKHVRSTKTQFILDQLSDLQNKEQMLLDANRALTIKLDEINAKTQLRHSWEGSEHQMAYNPQHAETQGLFQPIECNPTLQIGYNPSCSDQMTATTHGQQVSGFIPGWML\*

>ZaMADS99

MDKTEATSSIKKKPCGSGRRKVEIKKIESSSSRMVAFSKRKKGIFNKGCELYRLCDADIAVVIFSSTGRPFTFGKPSADHVIDRFLRDEYEDNNAEEESLEMLQLGEDDDDDEEEEGFWWEESIEGLSLEELDKYKASLEALRYNVAMKLEETMMRRDHERDFLSFI\*

>ZaMADS67

MGRGKIAIKKIENTTTRQVTFSKRRAGLLKKTHELSVLCDAQIGLIIFSSTGKLCQYCTQPFRMEQIIERRLKVTGTRIPENDSREQLFNELAVLKKETRRLQLSMRRYTGEDLSSVPYDDLDELEQQLEHSVNKVRERKNELLQQQHDNLRRKERMLEEENSNMYRWIQEHRAAMEYQQAAMEAKPVEDHHHQQILDHFPFCGDHQQPSSVLQLATNNIPPQILPYHHLQLALPNLQDPNI\*

>ZaMADS98

MGRGKIEIKKIENANSRQVTFSKRRAGLLKKAKELAILCDAEVAVIIFSNTGKLFEYSSSGMKRTLSRYNKCPDFSEAPVAEYETEKQDSKEVDGLKDTIAKLQTKQLQLLGKDLNGLSLKELQLLEQELDEGFLLVKEKKEQLLMEQLEQSRVQEQRAMLENETLRRQARYIFLNETRLFHYIYDL

>ZaMADS79

AYELSVLCDAEVALIVFSSRGRLYEYSNSNSIRSTVDRYKKACSDNSNSGSVTEINAQYYQQESAKLRQQIQMLQNSNRNLMGESVSSLTVKELKQLENRLERGITRIRSKKHEMLLAEIEFFQKREIELENESLSLRSKIAEVERFQQANMVNGEELNAIHALASRNLFSPLMEGGSGTAYSHPHPHPHTEKKMLHLG

>ZaMADS78

GKLYEFSSCSIHKTIERYQKRSKNIGISTKIVEEDHTQHVKEETSSMAKKLEFLEATKRKLLGEGLEPCSMDELQQLENQLERSLSRIRAIKDQQFREQIKNLKEKEKIVMEENMKLREKCGMQPRQASPEQEVFNIQSMDVDTELFIGPPERRVA

>ZaMADS93

MGRGRVQMKRIENKISRQVTFSKRRAGLLKKAHEISVLCDAEVALIVFSTKGKLFEYSTDSSMERILERYEKNAYVEQQLGTTDTQQQGCWSLEYPLLKNRIEVVERNIRNFMGEDLEPL

>ZaMADS91

YGRTLHHHHGLLPLPFLADRGRISGLGFGFGFGGEEEAGMVRGKTQMKRIENPTSRQVTFSKRRGGLLKKAFELSVLCDAEVALVIFSPRGRLYEFASGSMQKTIERYKTSTKDNIRSQTVQQDIEKIKADAEGLSKKLEALDAYKRKLLGYNLEECPIEELQSLEVKIEKSLLCIRARKAQLFEEQLAKLRQKEVTLRKEKEDLLGQRKNGPQLAAAAAAPVTVVAQNHPQPEPVQEKDEMEVETELFIGLPG

>ZaMADS86

MARERREIRRIESAAARQVTFCKRRRGLFKKAEELAVLCDADVALVVFSSTGKLSQFASSSMNEIIDKFSTHSKNLGKSDQQPALDLNLEHSKINSLTEQLAEASLHLRHMRGEELGGLSVGELQQMEKNLETGLQRVLCTKDRQFMQQISDLQQKGSQMVEENMRLRNQMPQVPTADMMAVADTENVVTEAVSSESVMTQGNGDGSDISL

>ZaMADS54

MGRGKIEIKRIENLNSRQVTFSKRRNGLLKKAKELSVLCDADVGVIVFSSTGKLYEFSSSSMDHILSRYNKGLDLESQTNPHEVHKAEQAQVPEVNALKDEFARLHLAYMQMNGKELDGLSFKELQQLEHQLSEGILYVKEKKEQVLLEQIKRSRLLEQNAILENETLWKQMEELRGSRSPLLEFDPLERRFSFKKSKTDHCHCTSIEDEDEDDHSDTSLHLG\*

>ZaMADS66

MKLDSKEVDGLKDTIAKLQTKQLQLLGKDLNGLSLKELQLLEQELDEGFLLVKEKKEQLLMEQLEQSRVQEQRAMLENETLRRQVEELRGFFPSTECSVPAYLEYYPLGRKNSLMNQSSASPDVASDSAIEKGDSDTTLHLGLPSNIYHKTKAPEGESHSNDSRSQLGLL\*

>ZaMADS56

MKEILEKHHMHSKNLERLDRPSLELQLVENNSYSRLSKEFSDKSHQLRQMRGEEIHGLSLEELQKLERSLEVGLKRVMDKKGEKIVAEINEYQRRGKVLMEENEHLRQRVAEISNAQRQIAQDSDNFYSEEGQSSESVTNISNSSNVPPPESESSDTSLKLGLPYVG\*

>ZaMADS70

MKPIETFFSELRSSFSSCSRMPKMLERYQKCNYGAPEPNVSAREALELSSQQEYLKLKARYESLQRSQRNLLGEELGPLNSKELESLEIQLDMSLKQIRSTRTQYMLDTLTDLQHKEHFLNEGNKNLRQRLMEGYQVNTLQLHPSAEDCGYGFKPAHPQCDTFFQPLDCEPTLQIGYQGADQVSVVTAGPSVSNYMQGWLPC\*

>ZaMADS94

MHTPVLFFLFTPFIISIIMDGTLSFFSPLSLFHESKSVSKTLERYQRCCFNPQDNNSIEHETQSWYQEVTKLKAKYESLQRTQRHLLGEDLAPLSVKELQNLEKQLEGALSMARQRKTQVMIEQMEDLRKKERQLGDINKQLRIKLETEGQSYKAIEDMWNSAASGAGNSNFHVHPSHDNSMNCDPEPVLQIGYQHYLPAEGSSLPKNMIGETNFIQGWLL\*

>ZaMADS95

MLLQYHKNHRDNFFFFLASSNFGLFFFFGFCYFAAGLKMVRGKTQMRRIENATSRQVTFSKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIIFSPRGKLYEFANSSMQETVERYLRHTKDTRTKQQPPEKHMQQHLKHEAASMAKKIELLEVSKRKLLGEGLASCTLEELQQIEHQLERSVSNVRARKNQVFKEQIEQLKEKGKVLEAENARLAGKCGMEQWQVSEQQRENFPSNENGTSTSDGTSTSDVETELFIGPPPERRTRRLPMSLHN\*

>ZaMADS87

MKMFDQYQESLRVDLWTNHYAKIQETYMELKEINNKLRKYTRQMMEEDLDEVTIEELRALEQDMTTSVAIIRERKVLSLSISQLDLNES

>ZaMADS59

MQNKNRNMLGESLSVLSVKELKKLEDSLEKGISRIRSKKNELLFAEIEYMQKRVSTFYLYLFNSCLYLII\*

>ZaMADS42

MAFPNELAREESSKRKMGRGKIEIKRIENTTNRQVTFCKRRNGLLKKAYELSVLCDAEVALIVFSTRGRLYEYSNNSVKSTIDRYKKASADTSNTGSASEANAQFYLQEANKLRAQISSMQNKNRNMLGESLSVLSVKELKKLEDSLEKGISRIRSKKNELLFAEIEYMQKREVDLHNNNQLLRAKIAENEREPQNANLMPGGSSYNVMQQSQVQPFDSRSYFQVDALQPTNHYPHQDQMALRFV

>ZaMADS29

MMGRVKLKIKKLENTNGRQATYAKRKHGIMKKANELSVLCDIDIMLLMYSPTGKPSLCNGKRSNIEEIIAKFAKLTPQERAKRKMEGLEALKKTFKKLDHDVNVQEFVGTSSQTIEDLSNQTRLLQSQLSEIHGRLSYWANPDKINSLEHLGQMENSLRESLNQLRMHKENLGKQQLMSLECTPQFQNGMHIPFRLGSEQQLQPPPWIPNNDNRHMVLPEDPNLLSHR\*

>ZaMADS31

MGRGKIEIARIESRTNRQVTFSKRRGGLLKKAHELSVLCDAQIGLIIFSCSGKLTEFCSDSTSIDQIIRKYEAAKGTRINPADINNHDDTEEIYSELRRMRNETHNLELSLGRYTGDI

>ZaMADS25

MGRVKLEIKRIENTTNRQVTFSKRRNGLIKKAYELSILCDIDIALIMFSPSGRLSHFSGRKRIEDVFSRYVNLPDHEREHAIIFPDQGRHPDIQNKEYLLRTLQQLRSENDIALQLANPAAINNDIEELQQEIGRLQQQLQMAEDQIRIYEPDLLRITSMKDIESCEKNLVDTLTRVAQRKEYLLGNHMSSYDPSSMQQAMPTSFENEVVGWLPDGGQNQAQMFDASAPLNQLRDLSTTMYDPMLQGTSSNAGPHSIGECHITNHNGENFATWPQAYVSAGLHSAPISPSLYPQIQHTNEMLPREQMEMPISAQHVQVDNEAANYDQNRIPQVNGQQ\*

>ZaMADS28

MVRGKTQMKLIENATSRQVTFSKRRNGLLKKACELSVLCEAEVALIIFSPRGKLYEFSSSRKLVYYLGFGAHRESPYIIQGSLSSPMK\*

>ZaMADS34

MGRGKIEMKKIENATSRQVTFSRRRNGLLKKACELSVLCDAEVGAIIFSQKGRLSEFSSSEMQNTIERYYKYSKGKSDRPEMEQYMQVRPSKFESKYFYDVQGSEYTYSKT\*

>ZaMADS39

MKKIENATSRQVTFSRRRNGFLKKACELSVLCDAGVGAIIFSQKRRLSEFSSSELVIQSIHHRYQILRRRVAAVQSASRQVLGG\*

>ZaMADS23

MGRVRVQIKKIENKTYRHITFAKRKNGLLKKAYEISTLCDVEVALIIFSPAGKLILFYGNKRLDEILMHYIDLPQHQRGRLRDQELVRRLIAQLSLEAELCHHLASNNRYDRDVTMSIDSQLQEIEKEICIRSAELENVEKQLQYFLKSPSCIKSASEAKFLE

>ZaMADS32

MGRGRVELKRIENKINRQVTFAKRRNGLLKKAYELSVICDAEVALIIFSNGGKLYEFCSTSSLRSHLEILGSNSRRDNRRFYLFRLSSEGMIWRWSFQRFKKYMFFFVIKTLELTPITLFLFF\*

>ZaMADS26

MGRGRVQLKRIENKINRQVTFSKRRSGLLKKAHEISVLCDAEVGLIVFSTKGKLFEYSTDSWYLYLIYLYLHLF\*

>ZaMADS27

MGRGRVQMKRIENKISRQVTFSKRRAGLLKKAHEISVLCDAEVALIVFSTKGKLFEYSTDSSMERILERYEKNAYVEQQLLSTDAGLQVLTESNIPHFYLQNLNYIC\*

>ZaMADS24

MGCGKIEIKRIENLNNRQVTYSKRRNGLTKKIKEIAILCDANAVVIIVPTSGKIHEYCSAPYGFFFLFNFSKSFL\*

>ZaMADS37

MGRGTVELKRIESKANRQVTFSKRKNGILKKALELSILCDAEIALIIFSPSGKPYRYASDNNNPERIIARYRREVGLLSNSANHESFGLMQVLWSSTFFFFFFEMGF\*

>ZaMADS20

MGRRKIEIKAIKDDRNRSVTFLKRKGGLFKKAHELSVLCSVDVAVFIFGNNKKLYEYSSTDMRELIHRYQYHGGPSEHKGPSDFNGGNDDDEDEENDGTPPHGPEVVENQMMPPHAYGQHQPPFPQIRHHTPSASPPIGNGGPFQAHPGHPIQRQHTPQPSIGSRPASRTDMRRMGPGMVQPPPPPGPPHPGMNYMPNPPIYNSPHPPGLIPQHGPHPQYAYHQQPSHMQQPGPYMDDRRSPMPSPMPPAYTSQPPSQPIQAPVRPTPSPQPPQQQLPPNMSQMSPPPPQPERRLHDPPPPPPVEPKTEPQERPQPPLLNTDSAIKKLPQRKSHSIFTPIEENRSILSQHLASFTSESNKSESAAAAAAANAANAANRSQSVDVAALNRAADGPKSSPHLPQRASTQTDEKSRTVSLSSIPETTLTPPSRSNSAKAGGPGGARPRGPRLTVQIPDGGSEGGGSARTAESNSPRVATETTTQAPQRHNSQSSLVLPPPSPSASAILSAGATGPPNPFARPPPQQNVNGDTPVSALPSRFLTNELLPSPSSFYPDWNFRGGDSNTLPSPLNFATPVVGSGPSFLRDDLNTTPNANSNASKDRDPLPGSNGSLGQNLSVAPSNSTATKRKTPEPGATTQSDPADESEPKRLKVEE\*

>ZaMADS33

MGRRKLTIRRLENMKARQTKYSKRKIGILKKAEELAVLCDIDLVLLMFSPTGKPSLCVGQNKDLSTVLEKLAKMSVEDREERRGYTMKLLKKIYANSEVDPRNFSLDRYDALKLHEDQLRELKDKLAEKTRILREWMNPHNVKDIAQINIMEEHLIGSLHKIRNKRRQLIEEQQQRYEPSQAIKDPQI\*

>ZaMADS30

MMGRVKLKIKKLENTNGRQATYAKRKHGIMKKANELSILCDIDIVLLMFSPTGKPSLCNGKRSSIEEVIEKFAQLTPQERAKRKLESLEALKKTFKKLDHDVNVQGFLGTSSQTIEELTNQTRLLQSQLSEIHGRLSYWANPDKINNVEHLGQMENSLRESLNQLRMHKFQNGIHMPFRLDSEQQLQPLPWIPNNDNRHMVLPEDPNLLSHSS\*

>ZaMADS41

MGRVKLKIKKLENTNCRQATYAKRKHGIMKKANELSILCDIDIVLLMFSPTGKPSLCNGNEEVIEKFAQLTPQERAKRKLESLEALKKTFKKLDHDVNVQGFLGTSSQTIEELTNQTRLLQSQLSEIHGRLSYWANPDKINNVEHLGQMENSLRESLNQLRMHKENIGKQQLMSLDCTNQFQNGMHIPFRLGSEQQLQHLSWIPNNDDRHMVLPEDPNLLNDNRHMVLPEDPNLISHRDVECSGSSSFGSYPGYFGTGKSSEISNSGLESSLLSELSGTASLRLQLGGQCSYLPYNVNLLCDKYQPVSEMNIQENPVDYHVTGSLEVPRPGFDTTPGSWASTSGPSEVTLFDEHLYSQQLN\*

>ZaMADS40

MGRGRVQLKRIENTINRQVTFSKRRAGLLKKAHEISVLCDAEVAVIIFSHKGKLFEYSTDSCMEKILERYERYSYAERQLVAPDPESQGNWPLEYHKLKSKIDLLQRNQRQYLGEDLGSLSLKDIHHLEQQLDSALKRIRSRRDQVVQESISELQKKEKAIQEQNNLLAKQITETEKAAALQAQWGNQIQNQVPNTLSFLLPQPQPQPPPCLSIGNAFQEDNVEMRRNELDLTRMLR\*

>ZaMADS21

MGRGKITIRRIDNSTSRQVTFSKRRNGLLKKAKELAILCDAEVGAIIFSSTGKLYDFASTRSFNLFFNLIYLFKIDRSQYHDDYLLCDPYYAMS\*

>ZaMADS97

MLLSEAVICISLAYLINILYNIQETTSRACATYPNRQMMGEELSGLSVKDLQNLENQLEMSLRGVRMKKV

>ZaMADS22

MGRGKIMIRRIDNSTSRQVTFSKRRSGLLKKAKELAILCDADVGVIIFSSTGKLYDFASTRSFILISFFCLRSQISIS\*