

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

XI2Ex5 - Ex9	-----CGAAACCCACAGATGACACTACATAAACTACCACTATTT	39
XI3Ex5 - Ex9	-----AACCCCCCGGATGACACTACATAAACTACCACTATTT	37
SRZ2Ex5 - 9	ATTACTACAGTTCTTAACATGCGAAACCCAGG A TGACACTACATAAACTACCACTATTT	60
XII2Ex5 - Ex9	-----GATGACACTACATAAACTACCACTATTT	28

XI2Ex5 - Ex9	GTTTGGGCTATCTTTGTTACAGCTATTCTACTGCTACTATCACTACCAGTACTAGCTGGT	99
XI3Ex5 - Ex9	GTTTGGGCTATCTTTGTTACAGCTATTCTACTGCTACTATCACTACCAGTACTAGCTGGT	97
SRZ2Ex5 - 9	GTTTGGGCTATCTTTGTTACAGCTATTCTACTGCTACTATCACTACCAGTACTAGCTGG-	119
XII2Ex5 - Ex9	GTTTGGGCTATCTTTGTTACAGCTATTCTACTGCTACTATCACTACCAGTACTAGCTGGT	88

XI2Ex5 - Ex9	GCAATTACAATGCTACTAACAGACCGGAACTTTAATACATCATTCTATGATCCAGCAGGA	159
XI3Ex5 - Ex9	GCAATTACAATGCTACTAACAGACCGGAACTTTAATACATCATTCTATGATCCAGCAGGA	157
SRZ2Ex5 - 9	GCAATTACAATGCTACTAACAGACCGGAACTTTAATACATCATTCTATGATCCAGCAGGA	179
XII2Ex5 - Ex9	GCAATTACAATGCTACTAACAGACCGGAACTTTAATACATCATTCTATGATCCAGCAGGA	148

XI2Ex5 - Ex9	GGTGGAGATCCAATTCTTTACCAACACCTATTCTGGTTCTTTGGTCACCCAGAAGTTTAT	219
XI3Ex5 - Ex9	GGTGGAGATCCAATTCTTTACCAACACCTATTCTGGTTCTTTGGTCACCCAGAAGTTTAT	217
SRZ2Ex5 - 9	GGTGGAGATCCAATTCTTTACCAACACCTATTCT CA TTCTTTGGTCACCCAGAAGTTTAT	239
XII2Ex5 - Ex9	GGTGGAGATCCAATTCTTTACCAACACCTATTCTGGTTCTTTGGTCACCCAGAAGTTTAT	208

XI2Ex5 - Ex9	ATCCTAATTATCCCTGGATTTGGAATGGTTAGTCACATCGTAAGTGCATTCTCAGGTAAA	279
XI3Ex5 - Ex9	ATCCTAATTATCCCTGGATTTGGAATGGTTAGTCACATCGTAAGTGCATTCTCAGGTAAA	277
SRZ2Ex5 - 9	ATCCTAATTATCCCTGGATTTGGAATGGTTAGTCACATCGTAAGTGCATTCTCAGGTAAA	299
XII2Ex5 - Ex9	ATCCTAATTATCCCTGGATTTGGAATGGTTAGTCACATCGTAAGTGCATTCTCAGGTAAA	268

XI2Ex5 - Ex9	CCAGTATTTGGATACCTAGGAATGGTTTATGCTATGTTCAAGTATTGGAATCCTAGGATTC	339
XI3Ex5 - Ex9	CCAGTATTTGGATACCTAGGAATGGTTTATGCTATGTTCAAGTATTGGAATCCTAGGATTC	337

SRZ2Ex5 - 9	CCAGTATTTGGATACCTAGGAATGGTTTATGCTATGTTTAGTATTGGAATCTAGGATTC	359
XII2Ex5 - Ex9	CCAGTATTTGGATACCTAGGAATGGTTTATGCTATGTTCAGTATTGGAATCCTAGGATTC *****	328
XI2Ex5 - Ex9	CTAGTATGGAGTCACCACATGTATGCTGTAGGACTAGATGTTGATACTCGAGCTTACTTT	399
XI3Ex5 - Ex9	CTAGTATGGAGTCACCACATGTATGCTGTAGGACTAGATGTTGATACTCGAGCTTACTTT	397
SRZ2Ex5 - 9	CTGGTATGGAGTCACCACATGTATGCTGTGGACTAGATGTTGATACACGAGCTTACTTT	419
XII2Ex5 - Ex9	CTAGTATGGAGTCACCACATGTATGCTGTAGGACTAGATGTTGATACTCGAGCTTACTTT ** .*****.*****.*****	388
XI2Ex5 - Ex9	ACAGCTGCTACAATGATTATTGCTGTTCTACAGGAATTA AAAATCTTCTCATGGCTAGCT	459
XI3Ex5 - Ex9	ACAGCTGCTACAATGATTATTGCTGTTCTACAGGAATTA AAAATCTTCTCATGGCTAGCT	457
SRZ2Ex5 - 9	ACAGCTGCTACAATGATTATTGCTGTTCTACAGGAATTA AAAATCTTCTCATGGCTTGCT	479
XII2Ex5 - Ex9	ACAGCTGCTACAATGATTATTGCTGTTCTACAGGAATTA AAAATCTTCTCATGGCTAGCT *****.***	448
XI2Ex5 - Ex9	ACACTATACGGTGGTTCTCTACGAATCACTACACCTATGCTATTTGCTCTTGGGTTTATT	519
XI3Ex5 - Ex9	ACACTATACGGTGGTTCTCTACGAATCACTACACCTATGCTATTTGCTCTTGGGTTTATT	517
SRZ2Ex5 - 9	ACACTATACGGTGGTTCTCTACGAATCACTACACCTATGCTATTTGCTCTTGGGTTTATT	539
XII2Ex5 - Ex9	ACACTATACGGTGGTTCTCTACGAATCACTACACCTATGCTATTTGCTCTTGGGTTTATT *****	508
XI2Ex5 - Ex9	GCTCTATTTACAATTGGAGGTCTAACAGGAGTAATTCTAGCTAATGCTTCACTAGATGTT	579
XI3Ex5 - Ex9	GCTCTATTTACAATTGGAGGTCTAACAGGAGTAATTCTAGCTAATGCTTCACTAGATGTT	577
SRZ2Ex5 - 9	GCTCTATTTACAATTGGAGGTCTAACAGGAGTAATTCTAGCTAATGCTTCACTAGATGTT	599
XII2Ex5 - Ex9	GCTCTATTTACAATTGGAGGTCTAACAGGAGTAATTCTAGCTAATGCTTCACTAGATGTT *****	568
XI2Ex5 - Ex9	GCTCTACACGATACATACTACGTTGTTGCTCACTTCCACTATGTTCTATCAATGGGTGCA	639
XI3Ex5 - Ex9	GCTCTACACGATACATACTACGTTGTTGCTCACTTCCACTATGTTCTATCAATGGGTGCA	637
SRZ2Ex5 - 9	GCTCTACACGATACATACTACGTTGTTGCTCACTTCCACTATGTTCTATCAATGGGTGCA	659
XII2Ex5 - Ex9	GCTCTACACGATACATACTACGTTGTTGCTCACTTCCACTATGTTCTATCAATGGGTGCA *****	628
XI2Ex5 - Ex9	GTATTTGCTCTATTTGGTGCACTTCTACTTCTGGACACCAAAAATCATTGGTAAACATTT	699

XI3Ex5 - Ex9	GTATTTGCTCTATTTGGTGCATTCTACTTCTGGACACCAAAAATCATTGGTAAAACATTT	697
SRZ2Ex5 - 9	GTATTTGCTCTATTTGGTGCATTCTACTTCTGGACACCAAAAATCATTGGTAAAACATTT	719
XII2Ex5 - Ex9	GTATTTGCTCTATTTGGTGCATTCTACTTCTGGACACCAAAAATCATTGGTAAAACATTA *****;	688
XI2Ex5 - Ex9	AACGAGAACCTAGGACGAATCCATTTCTGGACACTATTTGTAGGAGTTAACCTAACATTT	759
XI3Ex5 - Ex9	AACGAGAACCTAGGACGAATCCATTTCTGGACACTATTTGTAGGAGTTAACCTAACATTT	757
SRZ2Ex5 - 9	AACGAGAACCTAGGACGAATCCATTTCTGGACACTATTTGTAGGAGTTAACCTAACATTT	779
XII2Ex5 - Ex9	AACGAGAACCTAGGACGAATCCAT - TCTGGACCCTATTTGTAGGAGTAA - CCTAACATTT ***** *****; *****;	746
XI2Ex5 - Ex9	TCCGCAAACATTTTAAA-----	776
XI3Ex5 - Ex9	TCCCCAAAC - NTTT-----	770
SRZ2Ex5 - 9	TTCCCGCAACATTTTCTAGGTCTTGGTGGTATGCCACGGCGGATTCCAGACTATCCAGAT	839
XII2Ex5 - Ex9	TTCGCC - ACCATTTTATTA----- * * * * , ***	764

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

```

SRZ2Ex5-9      -----AITMLLTDRNFNTSFYDPAGGGDPILY 27
XI2Ex5-Ex9     RNPQMTLHKLPLFVWAI FVTA I L L L L SLPVLAGAITMLLTDRNFNTSFYDPAGGGDPILY 60
XI3Ex5-Ex9     -TPRMTLHKLPLFVWAI FVTA I L L L L SLPVLAGAITMLLTDRNFNTSFYDPAGGGDPILY 59
XII2           ----MTLHKLPLFVWAI FVTA I L L L L SLPVLAGAITMLLTDRNFNTSFYDPAGGGDPILY 56

```

```

SRZ2Ex5-9      QHLFSFFGHPEVYILIIPGFGMVSHIVSAFSGKPVFGYLGMYAMFSIGILGFLVWSHHM 87
XI2Ex5-Ex9     QHLFWFFGHPEVYILIIPGFGMVSHIVSAFSGKPVFGYLGMYAMFSIGILGFLVWSHHM 120
XI3Ex5-Ex9     QHLFWFFGHPEVYILIIPGFGMVSHIVSAFSGKPVFGYLGMYAMFSIGILGFLVWSHHM 119
XII2           QHLFWFFGHPEVYILIIPGFGMVSHIVSAFSGKPVFGYLGMYAMFSIGILGFLVWSHHM 116

```

**** *****

```

SRZ2Ex5-9      YAVGLDVDTRAYFTAATMIIAVPTGIKIFSWLATLYGGSLRITTPMLFALGFIALFTIGG 147
XI2Ex5-Ex9     YAVGLDVDTRAYFTAATMIIAVPTGIKIFSWLATLYGGSLRITTPMLFALGFIALFTIGG 180
XI3Ex5-Ex9     YAVGLDVDTRAYFTAATMIIAVPTGIKIFSWLATLYGGSLRITTPMLFALGFIALFTIGG 179
XII2           YAVGLDVDTRAYFTAATMIIAVPTGIKIFSWLATLYGGSLRITTPMLFALGFIALFTIGG 176

```

```

SRZ2Ex5-9      LTGVILANASLDVALHDTYYVVAHFHYVLSMGAVFALFGAFYFWTPKIIGKTFNENLGRI 207
XI2Ex5-Ex9     LTGVILANASLDVALHDTYYVVAHFHYVLSMGAVFALFGAFYFWTPKIIGKTFNENLGRI 240
XI3Ex5-Ex9     LTGVILANASLDVALHDTYYVVAHFHYVLSMGAVFALFGAFYFWTPKIIGKTFNENLGRI 239
XII2           LTGVILANASLDVALHDTYYVVAHFHYVLSMGAVFALFGAFYFWTPKIIGKTLNENLGRI 236

```

*****:*****

```

SRZ2Ex5-9      HFWTLFVGVNLTFFPQHFLGLGGMPRRIPDYPDAFAAWNAISSFGSLVSVVATALFGYII 267
XI2Ex5-Ex9     HFWTLFVGVNLTFSANIL----- 258
XI3Ex5-Ex9     HFWTLFVGVNLTFSPNX----- 256
XII2           HSGPYL *E*PNIFRHHFI----- 252

```

* : * :