

		*	20	*	40	*	60	*	80		
AglauHTP_A	:	M	-----		GKRKSGAKQQQQQQQQRRSQWSFKR	-----			LMVGA	:	32
MuccirHTP_	:	M	-----		SKLENKTLFPKTPPKKSKSAASTIIS	-----			VILGL	:	33
RdelHTP_Rh	:	M	-----		TEKVKKNQRVSIKKSRIKS	-----			LLLGL	:	25
AbHTP1_Aga	:	M	-----		FILFKIFHDIAFFSWDLGL	-----				:	20
UmHTP3_Ust	:	M	TFPTRPSTPSYSMPATKTKVEAKGLRDESHTMHKSNSMIRLTAQLMQQNRQPQAVNIALFFIFLVDFWLTSFNVFHSA	:						:	80
GrosHTP2_G	:	M	-----							:	1
PoxaHTP1_P	:	M	-----							:	1
GzHTP3_Gib	:	M	-----							:	1
PcarHTP4_P	:	M	-----							:	1
SlutHTP4_S	:	M	-----							:	1
SdicHTP1_S	:	M	-----			RPTSLQM	-----			:	8
SpispHTP_S	:	M	-----							:	1
PparHTP1_P	:	M	-----		VSLGTSLVAAAVAVASFAPSSS	-----				:	24
PsojHTP2_P	:	M	-----		VSFTRSIAVAAIATISSAWALQE	-----				:	24
PfungHTP1_	:	M	-----		SSWKASIPYRPAHLLIEEDFGYSYVCISDFQGKRSWSVSPRTRESFFVWPPFTGQKPQMKTAFI					:	65
AaeAPO_Agr	:	M	-----		KYFPLFPTLVFAARVAF	-----			PAYAS	:	24
CfumagHTP_	:	E	-----							:	1
MrotHTP1_M	:	S	-----							:	1
HspHTP1_Hy	:	M	-----			KSLSFSLALGF	-----			:	12
MtherHTP_M	:	M	-----							:	1

m

		*	100	*	120	*	140	*	160	
AglauHTP_A	:	ILGFLVIQVIRIELQAA-GSTKTPD	-----	EWRALVK	-----	:	63			
MuccirHTP_	:	IAAYLVSAIINIEVTGR-RGLKSTA	-----	EWKELIK	-----	:	64			
RdelHTP_Rh	:	FTTFTVLGAILLEADSRSGIKSPE	-----	QWYEIMK	-----	:	57			
AbHTP1_Aga	:	---TFVNLVLPNRPVGKVTPEGHPG	-----	Y	-----	:	43			
UmHTP3_Ust	:	LIKLGVINPLPENCVPPAFSPTSPPSFAQWPLTHIYCRLIHIYNFVTSYSEDERLHHDLYCRKPKNDWIRDWAYWDGIGH	:	160						
GrosHTP2_G	:	-----NSFRLLHSIKRYSMS	-----	:	16					
PoxaHTP1_P	:	-----PSQLQALE	-----	:	9					
GzHTP3_Gib	:	-----ASSIQPLT	-----	:	9					
PcarHTP4_P	:	-----SSSG	-----	:	5					
SlutHTP4_S	:	-----STPNWTCPP	-----	:	10					
SdicHTP1_S	:	---AAALAVLATSARRFASYASNPP	-----	P	-----	:	31			
SpispHTP_S	:	-----TSTT	-----	A	-----	:	6			
PparHTP1_P	:	----RVLDPNKLVVGEFFKPSGHI	-----	V	-----	:	45			
PsojHTP2_P	:	-----GEYYRPTTSE	-----	A	-----	:	35			
PfungHTP1_	:	FALLFLAAAYPRKNGKIVFPAYDD	-----	D	-----	:	91			
AaeAPO_Agr	:	LAGLSQQELDAIIPtleAREPGLPP	-----	GPLENSSAKLVNDE	:	63				
CfumagHTP_	:	-----PGSGIGYPYDN	-----	N	-----	:	13			
MrotHTP1_M	:	-----	-----	:	-					
HspHTP1_Hy	:	-----GSTLVYSAPS	-----	P	-----	:	23			
MtherHTP_M	:	-----RASVLPVLIAISPALAG	-----	:	18					

	*	180	*	200	*	220	*	240		
AglauHTP_A	:	QRPYA----	RLPTDARS	PCPMLNLLANHGFLPRDGRHISKAQLYDALVLVGAPPTITYGFLTTVVYR-----	:	126				
MuccirHTP_	:	EHYPYQ----	RKDTDLRS	PCPMLNNTLANHGFIARDGRNIKSEELFDALMLMGAPPTVTVVILNYVFSQ-----	:	127				
RdelHTP_Rh	:	SHPYE----	RKLSDLRS	PCPMVNTLANHGFLPRDGRDVKPTDIYNVLSLLRIPPVFSVGIIAFAYSQ-----	:	120				
AbHTP1_Aga	:	GGKWPEYI	PPKEGDSRCS	CPALNAMANHGILPRDGKNIQFKEMGRLI	RTTYNFSSSF	FCYFVPHYAAE-----	:	110		
UmHTP3_Ust	:	KGEGAPYP	PARDNSRCP	CPGLNVLA	THGLIHQSGRKVAASKMVVALS	RAFNIAPTMALQLYSPLFP-----	:	227		
GrosHTP2_G	:	AHVWQ---	GPGTHDKRS	PCPALNALANHG	YLPHSGENITKSQ	LARGLEGLNASSLLANFLAYGGFN-----	:	80		
PoxaHTP1_P	:	KGEFR---	PADSGDLRS	PCPVLNSLANHG	FIPRDGRNITANQ	LKDALQRIGTGVDIRHTLVNRAFTV-----	:	73		
GzHTP3_Gib	:	KGVYA---	PSGPNDIRG	PCPLINSLANHG	YLPRDGRNV	RVEEVLAMNAVGLSKPLGA	AFANPIFQERAPSKFHDDQVTQ	:	86	
PcarHTP4_P	:	SHAFC---	PPMEGDSRSP	CPAVNTLANHG	YLP	RDGKSITPALLIDALTQCYRLSKPLAWILAYGGLL-----	:	69		
SlutHTP4_S	:	AHPFI---	PATQGD	RRSPCPALNALANHG	YLP	RNGQNI	GLWHLISAVQEVYNLSFILA	AVLALAGVL-----	:	74
SdicHTP1_S	:	FQPWS---	PTDPTNM-AP	CPMLNALSNHG	VLP	RS--NISASDLRSALGALQCDSLIQRILSRDSVMA-----	:	92		
SpispHTP_S	:	HPQWK---	PAGKT	DARSPCP	LLNALANHDILPHSGR	IDPTTLTSSLRKAGIDPGISDRLVSITMGM-----	:	70		
PparHTP1_P	:	SGFFN---	TTA-PFRR	SPCPALNALANHG	HL	SRDGGGITKDQIGSALKSVLNQ	GDDAVVALLASLPE-----	:	108	
PsojHTP2_P	:	SGVYG---	TTA-PYRR	APCPALNTLANHG	YLP	RNGQNI	THDMLSSALQKVYNIGPGVAALLVAALPD-----	:	98	
PfungHTP1_	:	EHVWS---	AAGAGD	VRSPCPALNTLANH	NWLP	HDGKNI	SKAALMSALTDGLNVGYDVALLLATGAFS-----	:	155	
AaeAPO_Agr	:	AHPWK---	PLRPGD	IRGCPGLNTLA	SHGYLP	RNGVA-TPVQIINAVQEG	LNFDNQA	AVFATYAAHL-----	:	126
CfumagHTP_	:	TLPYV---	APGPTDS	RAPCPALNALANHG	YIP	HDGRAISRETLQNAFLNHMG	IANSVIELALTNAFV-----	:	77	
MrothTP1_M	:	AHPWK---	APGP	NSRGPCPGLNTLANHG	FL	PRNGRNI	SVPMIVKAGFEGYNVQSDILILAGKIGML-----	:	65	
HspHTP1_Hy	:	SSGWQ---	APGP	NDVRAPCPMLNTLANHG	FL	PHDGKGI	TVNKTIDALGSALNIDANLSTLLFGFAAT-----	:	87	
MtherHTP_M	:	FDTWS---	PPGPYD	VRAPCPMLNTLANHG	FL	PHDGKDI	TREQTENALFEALHINKTLASFLFDFALT-----	:	82	

5 r pCP 6N 6anHg 6p g

	*	260	*	280	*	300	*	320			
AglauHTP_A :	-----	MYHRVAPDAPFWTNFVAAPT	-----	IDLDMLAIHNL	IEHDVSLTR	LD	SAL	-----	D	-----	DTA : 175
MuccirHTP_ :	-----	LQEANPHDSLFAQFKSLKTL	-----	LDLRLTVFGV	LEHDVSLTR	QD	FAL	-----	GHQ	-----	DTS : 177
RdelHTP_Rh :	-----	YNEAVPDKHSLSQLGFTDK	-----	INLNQLSVYDV	LEHDVSLTR	HD	TAL	-----	LPH	-----	NTT : 170
AbHTP1_Aga :	-----	KVVKKDY	-----	NKDTFNLDEL	DHNGIEHDAS	LC	REDSAL	-----	CP	-----	DQS : 151
UmHTP3_Ust :	-----	VFSERAH	-----	IFDLESIGIANI	IEHDASLL	RP	DYHLADWHKDPK	-----		-----	AMS : 271
GrosHTP2_G :	-----	LLGKLDDK	-----	TINLDDL	NQHNKCEHDAS	LR	KDFYF	-----	G	-----	DNH : 118
PoxaHTP1_P :	-----	HDETS	-----	HIGLRNPGQVNESGMPVL	NLDQTGRPHAI	EH	DVSLSREDRAL	-----	G	-----	DCI : 124
GzHTP3_Gib :	-----	RSLLQKLWQTVTDPWSVL	-----	GKFGMRKPGQVDSEGH	RVNL	DQ	GLPNTVEHDISL	-----	G	-----	DNI : 151
PcarHTP4_P :	-----	LLGQGLG	-----	PFELHDL	ARHNKIEHDAS	LF	HPNIGP	-----	REEY	-----	API : 109
SlutHTP4_S :	-----	FCGRAF	-----	RLDL	DALALHNKIEHDAS	LV	HADALG	-----	QQR	-----	API : 112
SdicHTP1_S :	-----	LGHGG	-----	LLTLADLDVHGA	IEHDASLR	QD	AAL	-----	G	-----	DNT : 127
SpispHTP_S :	-----	TGRETPS	-----	GK-VLDL	DMLNEHNL	IEHDAS	LRSDSGV	-----	G	-----	DNS : 109
PparHTP1_P :	-----		-----	TIALSDLSQHN	VWDHDAS	LV	HTDAHF	-----	GH	-----	DPA : 139
PsojHTP2_P :	-----		-----	PINLDYLG	IHNKIEHDAS	LA	HTDAYY	-----	VH	-----	DPM : 129
PfungHTP1_ :	-----	DLGTPE	-----	TITLEELQKHNM	IEHDASLR	LD	NYL	-----	G	-----	DST : 191
AaeAPO_Agr :	-----	VDGNLITDLLSIGRK	-----	TRLTGPD	PPPPASVGG	LN	EHGTFEGDAS	-----	G	-----	NNH : 181
CfumagHTP :	-----	VCEYVTGSDC	-----	GD	SLVNLTL	LAEP	FAFEHDH	-----	G	-----	VANSNDFIDNR : 128
MrothTP1_M :	-----	TSREAD	-----	TISLED	KLHGTIEHDAS	LS	REDVAI	-----	G	-----	DNL : 101
HspHTP1_Hy :	-----	TNPQPNAT	-----	FFDL	DHL	SRHNI	LEHDAS	-----	G	-----	PAD : 125
MtherHTP_M :	-----	TNPKNTS	-----	TFSL	NDLGNHNI	LEHDAS	LSRADAYF	-----	G	-----	NVL : 119

6 ehD S r 1

```

      *           340           *           360           *           380           *           400
AglauHTP_A : IPQANLVRRMHQWTL-----QHDGQLDMQAEHDLRKIRWYESTLSNPKSHLGLLYQFSSSTECALLLDILGRD----- : 243
MuccirHTP_ : HVVPEYVDRMIKLAETKNQG-ELKGIFTRENENDARKLRWMESIRDNRHMHNLNFFSQFASSTECSLLLDILGRD----- : 250
RdelHTP_Rh : YPAPELIERMIRLVELNNTSTENKEYFTFENEHDARKLRWLESTKHNPFLFHYPLFLQIASSFECNLLLNTIGRH----- : 244
AbHTP1_Aga : KPHVEYITQLLAHATGKDK--DGNPLLTMKDLAKYSSKRRADARSYNKKFTLGFIIHRMFGSSSNSSTMLTIFGG----- : 222
UmHTP3_Ust : RPHQDMIDRWFPAPTKHG---KVKADLTDRDFAEAVCIIRSESRKHNRQYSSNVVQSLIGSGSCCLMLNVFGGKVLDLRE : 348
GrosHTP2_G : TVNPELVDDLKQ-----NIDRKIKEEPLSKLHWIRLNNKEVNPULLYKFKQKFLSAGESSLLLNFIGAN----- : 184
PoxaHTP1_P : KADPDLVDKLIQYP-----GNKDSFTISDLGRFRKRHRHTEQMARNSDLKFDSSKHKKACGEAALFQSIFGKG----- : 191
GzHTP3_Gib : TLQKDLVEDLLASS-----KDGKVITVDDLVEFRKKRIARQKEDNPGVQYGAFENDLACAEIALILNVIGTG----- : 218
PcarHTP4_P : HGEAQLLRAFLAMS-----ADGRVITPEDLARIRVQREAET-----PLDPLHAEIARGEMAIVFNMFNNDPPTLHE : 175
SlutHTP4_S : EVDPKLLKSFLSHA-----DPQRGMSLYDLAQVRISR--EAQLARP---LDLVHSQIGAAEAALCWLLKQD----- : 174
SdicHTP1_S : KLDPTLLAAFQAIS-----SDGKYITKAELAAYRLARAADSKARNPAFRFGAREQVVAYAEAAVLFVAFED----- : 193
SpispHTP_S : AVNKTLLVEQLLAFS-----KDGKTIDYDDMAKLRRLRYRQSQATNKNLIYGAWQYLLASGEAVLLIETFGGK----- : 176
PparHTP1_P : EVNITLANDLLNRG-----KASNKLGVNEVGNAAYKDRRQAGKPYEPKYSLSDAQKTQSYSGAGLLLVFGAK----- : 206
PsojHTP2_P : TANVTLAEEFFSRA-----GSDGLLTNSIVAKTRKDRGNTCNAQNPECSYGVQAQSLAFLEASVLLMALGSG----- : 196
PfungHTP1_ : KLDQTLFERLLNAS-----SDGITISIPDFVKYRREERQEESEKTNPNSEVFGKKQLIAAAGEVVLVSTIFGSY----- : 258
AaeAPO_Agr : DFNETLFEQLVDYSNR-----FGGGKYNLTVAGELRFKRIQDSIATNPNFSFVDFRFFFTAYGETTFPANLFVDG----- : 250
CfumagHTP_ : NFDAETFQTSLDVV-----AGKTHFDYADMNEIRLQRESLSNELDFPGWFTE-SKPIQNVESGFIFALVSDF----- : 194
MrothTP1_M : HFNEAIFTTLANSN-----PGADVYNISSAAQVQHDRLADSLARNPNVTNTDLTATIRSSESAFFLTVMSAG----- : 168
HspHTP1_Hy : VFNEAVFNQTKSF-----WTGDIIDVQMAANARIVRLLTNLNPEYSLSDLGSAFSIGESAAYIGILGDK----- : 191
MtherHTP_M : QFNQTVFDETKTY-----WEGDTIDLRMAAKARLGRIKTSQATNPITYSMSELGDAFTYGEAAYVVVLGDK----- : 185

```

R

		*	420	*	440	*	460	*	480	
AglauHTP_A :	-----	GT	MRADHIEALLLDERFP	-----	DD	WYPREKA	-----			: 270
MuccirHTP_ :	-----	GT	ITLPHLKSFLLNESFP	-----	ED	WHPRETT	-----			: 277
RdelHTP_Rh :	-----	GRL	RVDHLESILLHERFP	-----	ND	WYPPTPEP	-----			: 271
AbHTP1_Aga :	-----			-----	RV	KDLETVLLERLP	-----	EN	WESRVGKMG	: 249
UmHTP3_Ust :	MA-----	GS	VEHDL-PGVRTTRAGLEYGYERIP	-----	PART	INAKKGSE	-----			: 386
GrosHTP2_G :	-----	TD	-----	LE	IEIEKLEVFLKHERFP	-----	EG	WRKPNKV	-----	: 213
PoxaHTP1_P :	-----	VF	-----	YN	LPTKYVKSMFQEERLP	-----	YE	ED	-----	: 215
GzHTP3_Gib :	-----			-----	DR	VECSYARAFLLQERLP	-----	PI	DEGWKKRS	: 245
PcarHTP4_P :	AGVPLQPRRSIFRLVHTLLHRPDTGASRPLDGVPIDRLRYWFEHERIP	-----	PG	WE	PEPYHE	-----				: 231
SlutHTP4_S :	-----	SG	-----	RI	PSSTLLQWYGEERLP	-----	DN	WARPRRV	-----	: 202
SdicHTP1_S :	-----	DS	-----	GAM	RLDWLEMFFAQEKLP	-----	FE	LGWTLRH	-----	: 222
SpispHTP_S :	-----	EQ	-----	KI	PIETARELLHERFP	-----	EN	WTPKETP	-----	: 204
PparHTP1_P :	-----	NG	-----	ES	VSLDVARSLVEERIP	-----	DG	WKPAATP	-----	: 235
PsojHTP2_P :	-----			-----	DS	ISVDHARSFIVDEKIP	-----	AD	YKAPKSS	: 223
PfungHTP1_ :	-----	FS	-----	GL	PVEAARTFFGSEERFP	-----	DG	WTKPAFP	-----	: 286
AaeAPO_Agr :	-----	RR	DD	-----	GQ	LDMDAARSFFQFSRMP	-----	DD	FFRAPS	PRSGTGVEVVIQAHPMQPGRNV : 302
CfumagHTP_ :	-----	NLP	DNDENPLVRIDWWKYWFTNESFP	-----	PY	HLGWHPSPAREIEFVTSAS	-----			: 241
MrothTP1_M :	-----	DPL	R	-----	GE	APKKFVNFFREERMPIKEGWKRSTTP	-----			: 201
HspHTP1_Hy :	-----	KS	-----	AT	VPKSWVEYLFENERLP	-----	YE	LGFKRPNDP	-----	: 222
MtherHTP_M :	-----	ES	-----	RT	VKRSWVEWFFEHEQLP	-----	QH	LGWKRPAAS	-----	: 216

e P

	*	500	*	520	*	540	*	560	
AglauHTP_A :	-----	YPAL--	QALVRPLKCWYGIRKSAATLES	LQALSNDTQQILV-----					: 309
MuccirHTP_ :	-----	FTLK--	ELATKPLICWHGLRNSQVSLDLINELA-----						: 308
RdelHTP_Rh :	-----	TSLS--	EILIDPLNCWKGLRSNVFSF-----						: 295
AbHTP1_Aga :	-----	LTFAAFNL	TVTPVELMISEKKYLKEKAAKEANKDD-----						: 284
UmHTP3_Ust :	-----	CCPI--	VSTTQKQRWQPATAKWYFGMTIFYALWTTFKIEMRARA-----						: 428
GrosHTP2_G :	-----	VGIW--	PIISSLFSFLKRYDQLEKEQKK-----						: 239
PoxaHTP1_P :	-----		SDIALCFANLI-----						: 226
GzHTP3_Gib :	-----	FGIV--	SLITERDKVKKKLGMDFKS-----						: 268
PcarHTP4_P :	-----	TTLL--	DTVATSMRIRRAMKITREVASERRGRSH-----						: 263
SlutHTP4_S :	-----	IGLL--	DARSKAAEVTNIMSSLKKSTCRTPSSSNFDVSVLGLRTILTCDS--						: 251
SdicHTP1_S :	-----		ISLSRVLLVAGELRSSAFGAEVLAMIA-----						: 249
SpispHTP_S :	-----	TGRL--	GLFANVAKLRFKMLTAPSHELEKQALRDEL-----						: 238
PparHTP1_P :	-----	ITVA--	DSRATSAKLREVAEAV-----						: 255
PsojHTP2_P :	-----	VGVA--	AVTARAALLKAQSLTWAM-----						: 245
PfungHTP1_ :	-----	VFAA--	ELIPQITRVAWQCS-----						: 304
AaeAPO_Agr :	GKINSY	TVDPTSSDFSTPCLMYEKFVNITVK--	SLYPNPTVQLRKALNTNLDFFFQGVAAAGCTQVFPYGRD-----						: 371
CfumagHTP_ :	-----		SAVLAASVTSTPSSLPSGAIGPGAEEAVPLSFASMTTPFLLATNAPYYAQDPTL						: 294
MrotHTP1_M :	-----	ITI--	PLLGPIIERITELSDWKPTGDNCGAIVLSPEL-----						: 236
HspHTP1_Hy :	-----	FTTDDL	GDLSTQIINAQHFPQSPGKVEKRGDTRCPYGYH-----						: 261
MtherHTP_M :	-----	FEEE--	DLNSSMEEIEKYTKELEGSNSTSGSQKHRRRLPRRRRAHFGF-----						: 261

AglauHTP_A	:	----	:	-
MuccirHTP_	:	----	:	-
RdelHTP_Rh	:	----	:	-
AbHTP1_Aga	:	----	:	-
UmHTP3_Ust	:	----	:	-
GrosHTP2_G	:	----	:	-
PoxaHTP1_P	:	----	:	-
GzHTP3_Gib	:	----	:	-
PcarHTP4_P	:	----	:	-
SlutHTP4_S	:	----	:	-
SdicHTP1_S	:	----	:	-
SpispHTP_S	:	----	:	-
PparHTP1_P	:	----	:	-
PsojHTP2_P	:	----	:	-
PfungHTP1_	:	----	:	-
AaeAPO_Agr	:	----	:	-
CfumagHTP_	:	GPND	:	298
MrotHTP1_M	:	----	:	-
HspHTP1_Hy	:	----	:	-
MtherHTP_M	:	----	:	-