

Figure S1. Multiple sequence alignment of FLA sequences. Fasciclin domains were divided into two types (Type 1 and Type 2). Residues with high similarity (80%, 60%) were highlighted in dark pink and light pink, respectively.

Type 1

```

*          20          *          40          *          60          *          80          *          100          *          120          *          140          *          160
AtrFLA10 : -----QTLEEAV-GKH--NITIFAPRNEALERDLDPE--FKRFLLEPGNLKSLQSLILFHVIPRRIPAKNWPESDAHSH-----DTLSSDRL-T--LT-----CKNRVRKVD--L-----ASLIHPDS-IVRP----DGVIH : 107
AtrFLA11 : HEFSKFNDYLSR-TH---LASEINRRT--TITVLAVDNAAMDILAKN-----YGIYEIKNILSLHILLDYFGAKKLHQITNGT-----ALAATLYQTTGSAPGTSGFVNITDEKGG---K-VSIGADDNGG-VL----DASYV : 119
AtrFLA5  : -----
AtrFLA1  : -----TFLMPSDKDLANYN--F-----LP---GQKELMLTHSIPNSMLFKHMLHFPTGT-L--LPSARHSRFLNVSNHGS-----YSFYLN--N-----ARIVAPNV-CGST---NIRCH : 87
AtrFLA2  : -----
AtrFLA7  : -----
AtrFLA3  : -----
AtrFLA8  : -----
AtrFLA9  : -----
AtrFLA4  : -----
AtrFLA6  : -----
AtrFLA12 : -----
FLA16    : SHYTELAELVEK-ALLLQTLLEEAV-GKH--NITIFAPRNDALERNLDPL--FKSFLLEPRNLKSLQSLLMFHILPKRITSPQWPSLSH--HHR--TLSNDHL-H--LT-----VDVNTLKVD--S-----AEIIRPDD-VIRP----DGIH : 122
FLA17    : SRYTELAELVEK-ALLLQTLLEDAV-GRH--NITIFAPRNEALERDLDPE--FKRFLLEPGNLKSLQTLMLFHIIIPNRVGSNQWPSEESGRVKHH--TLGNDQV-R--LS-----NGQGKKMVD--L-----AEIIRPDD-LTRP----DGLIH : 125
FLA15    : SHYTELAELVEK-ALLLQTLLEEAV-GQH--NITIFAPRNDALEKNLDPE--FKSFLQPKNLKSLQSLLMFHILPKRITSPQFSSAVV--SHR--TLSNDHL-H--FT-----N---GKVN--S-----AEITKPDD-LTRP----DGIH : 118
FLA18    : SRYTELAELVEK-ALLLQTLLEDAV-GRH--NITIFAPRNEALERDLDPE--FKRFLQPGNLKSLQTLLLSHIIPKRVGSNQWPSEENSGRVKHV--TLGHDQVLHLSKLG-----GTNGKRLVN--S-----AVITRPDD-LTRP----DGLIH : 129
FLA1     : PSFSSFSHFLTQ-TH---LADEINRRR--TITVCAVDNAAMSALTSKG-----YTLSTLKNILSLHVLLDYFGTKKLHQIRDGS-----ALAATLFQATGAAPGTSGFVNITDLRGG---K-VGFGPDGG---DL----SSFFV : 117
FLA22    : -----TFLMPKDKTLTSTNIIN-----QQ--DSVTEFLLRHSIPSSLLFEHLNLIIPNGS-I--VPSSLPHYTLEISNGGR-----SNYFLN--N-----VKIISRN-ICSLG----SIKCH : 89
FLA20    : -----TLFAPSDQSFSGFGQP--SL-----LDMKYQLSPTRLPGETLRNLPGA-K--IPTLRSNYSLTVTNS-S-----RFGGKTSIN--N-----VVVQDSPV-FDDG---YVVIY : 86
FLA21    : -----TLFAIEDASFFNTSSL-----HP--LFLKQLLHYHTLPLMLSMDDLKKPQGT-C--LPTLLHHKSVQISTV-N-----QESRTAEVN--H-----VRITHPDM-FLGD---SLVIH : 90
FLA19    : -----
FLA4     : PNLSSFSNLLVS-SG---IAAELSGRN--SLTLLAVPNSQFSSASLDLTRLRPP-----SALADLLRFHVLLQFLSDSDLRRIPPSG-----SAVTTLYEASGRTFFGSGSVNVTRDPAS---GSVTIGSPAT-KN-----VTVL : 120
FLA10    : -----
FLA8     : -----
FLA11    : -----
FLA12    : -----
FLA7     : -----
FLA9     : -----
FLA6     : -----
FLA13    : -----
FLA14    : -----
FLA3     : -----
FLA5     : -----
FLA2     : PDFSTFNHYLSA-TH---LADEINRRQ--TITVLAVDNSAMSSILSNG-----YSLYQIRNILSLHVLLVDYFGTKKLHQITDGS-----TSTASMFQSTGSATGTSGYINITDIKGG---K-VAFGVQDDDS-KL----TAHYV : 119
CreFLA11.1 : -----
CreFLA11.4 : -----
CreFLA1  : -----
CreFLA10.2 : -----
CreFLA9  : PNLTTYLRALRA-GE---LMGRLNDVQAPPVTLFVADDSAWQVFAADAGTSVDALLTEAGGALVRHLLLYGLV---PTPLSPQQLAASPV--LNTSWAGQMVFVPQPFMGAVSSSAGTEARITGRVKVCESYAYR-V-----AYVLPAL-SL----- : 137
CreFLA8.1 : -----
EgrFLA9  : SHYTELAELVEK-ALLLQTLLETV-GRH--NITIFAPKNEALERDLDPE--FKSFLLEPRNLKSLQTLMLFHIVPSRIDSADWPEPAPSAAGHREELSLSSHRL-RLA-KR-----ESGEREVD--R-----ARVIHADA-VARP----DGVIH : 129
EgrFLA5  : SHYTELAELVEK-ALLLQSLLEDAV-GRH--NLTIFAPRNEALERDLDPE--FRRFLLEPRNLRSLQTLLLSHIVPARLGSPQWPLPDSRPAR---HPTLGSDPV-HLS-VA-----PGSGLPAVD--S-----AEVVRPDD-VVRP----DGVIH : 127
EgrFLA10 : PDFSTFNHYLSA-TH---LAAEINSRT--TITVLAVSNAAMNDLLAEH-----PTTTTLKNILSLHVLLDYFGSKKLHQITDGS-----ALAATLFQSTGSAPGSSGFVNITDLKGG---K-VGFAPPEGGSSDA---GAYFV : 120
EgrFLA11 : PEFSTFNHYLTE-TH---LAAEINSRT--TITVMALDNAAMSRLAPH-----PTIATLKNVLSLHVLLDYFGPKKLHQITNGT-----ALAATLFQATGSAPGSTGFVNITDLKGG---K-VGFAPEDNNG-RL----DTYFV : 119
EgrFLA16 : -----TVFSPADDSFARFGQP--PL-----SLLQFHFSPHALSLDTLRSLPRGA-K--ISTMNAHSLMVTTSPTS-----DYQ--VEIN--G-----VKIVGSPV-FNDG---NLVVF : 85
EgrFLA14 : -----TVFSPSDDSFAQFGQP--PL-----SLLQFHFSPHALSLDTLRSLPHGA-K--ISTMNAHSLMVTTSPTS-----DYQ--VQIN--S-----VKIIGSPV-FNDG---NLVIF : 85
EgrFLA15 : -----TVFSPSDDSFARFGQR--PL-----SLLQFHFSPHALSLDTLRSLPHGA-K--ISTMNAHSLMVTTSPTS-----DYQ--VQIN--G-----VKIVGSPV-FNDG---NLVVF : 85
EgrFLA19 : -----TFFMPDDGMLSRIV--L-----PT--NDVSHFVLRHSIPKPLLFDYLEHIPTGS-L--IPTSAAGYLVRIDNKGK-----RSYFLD--D-----VRITKPNV-CVAGS---SIRCH : 88
EgrFLA4  : -----
EgrFLA12 : PEFSTFNHYLTI-TH---LAAEINRRL--TITVLAVDNAAMNAILDKH-----LSVGTLKNVLSLHVLLVDYFGTKKLHQISNGT-----TLTSTMFQATGAAAGTAGYVNITDLKGG---K-VGFGAEDNGS-DL---NAVVF : 119
EgrFLA8  : -----
EgrFLA7  : -----
EgrFLA13 : -----
EgrFLA6  : -----
EgrFLA1b : -----
EgrFLA3b : -----
EgrFLA2b : -----
EgrFLA17 : -----TIFVIKDLFMANL-SS-----SP--WLMEEVRLRYHTSPLKLSVDLLKMPRGs-C--LPTLLAKKNVTVTRS-D-----AEQRLVEIN--G-----AVITHPNV-FLGE---RLAIH : 89
EgrFLA20 : -----TLFAPSDSSLKSCAS-----CSVPRILSEHIVPGLFSFGYIQKLAFTG-K--VETMSPGHCLTVTSATHR-----V--TNTRIFID--G-----VEISRPDM-FNNG---IVVVH : 90
OsaFLA17 : SRYTEMAELVEK-ALLLQALEDAV-AEH--NVTILAPRNEALERDIDPE--FKRFLLEPRNLNSLQSLLLFHVLPARLPSGSWPAA--AT---HPTLAGEDV-ELAAAD-----GGGGMRA--H-----AAVSRPDA-VVRT---DGVIH : 123
OsaFLA24 : SHYTELAELVEK-ALLLQTLLEDAV-GKH--NVTIFAPRNEALERDLDPE--FKRFLLEPRNLKSLQSLLLFHVLPARLPSGSWSA---VS---HPTLSGEEV-ELAAAA-----NDGAMRV-A--H-----AAVTRPDA-VLRP---DGVIH : 122
OsaFLA16 : SHYTELAELVEK-ALLLQTLLEDAV-GKG--NVTIFAPRNEALERDLDPE--FRRFLLEPRNLRSLQRLLLFHVLPARLHASDSSSPDFPSS---HPTLSGERV-DLS-----ASPMRV-G--A-----AAVTRPDA-VVRP---DGVIH : 122
OsaFLA4  : -----
OsaFLA23 : -----
OsaFLA12 : PSFADFARLLES-SP----VAGELAARS--SLTLLAVPNNNLPRSPSAF-AAASG-----ADIADVRLRYHVLLLEYLSPSDLARLPASG-----KLVTTLFQTTGRAPSDLGAVNLTVGGN---STVVVR-SPAP-FPGS---SATVL : 121
OsaFLA1  : -----
OsaFLA5  : -----
OsaFLA8  : -----
OsaFLA27 : -----

```

Type 1

OsaFLA26	:	-----	:	-
OsaFLA7	:	-----	:	-
OsaFLA14	:	-----	:	-
OsaFLA2	:	-----	:	-
OsaFLA11	:	PEFSKFNEMLSK-TR---LAYDINRRQ--TITVLAVDNSAMASL--DH-----FTLPTIRHILSLHILVDYYGSKKLHALSHGA-----TASSSMFQATGSAPGTTGYVNITSHKGG---K-IDFISEDADESAK---PSRYV	:	118
OsaFLA9	:	-----	:	-
OsaFLA3	:	-----	:	-
OsaFLA18	:	-----	:	-
OsaFLA13	:	-----	:	-
OsaFLA15	:	-----	:	-
OsaFLA19	:	-----	:	-
OsaFLA10	:	-----	:	-
OsaFLA6	:	-----	:	-
OsaFLA25	:	-----	:	-
OsaFLA20	:	-----	:	-
OsaFLA28	:	-----TFLMPNDRMLSTAT--I-----PE---SQVMEFLSRHSIPAPLMFDDLIKLPNAT-I---VPTAHSSQTITITNVKH-----QKIYFN--N-----IELISPDV-CRVGD---LFRCH	:	88
PabFLA22	:	SRYTELAELVEK-ASLLQPLEEVV-GNN--NITILAPQNAHLEKNLDPE--FKRFMHEPGNLSNLQRLQLQSHIIPRRITAEEWSNAT-----HEALSKDGL--QFSV-----KENNIKAVD--L-----AVLTRPNA-VVRP---DGVIH	:	122
PabFLA9	:	-----	:	-
PabFLA1	:	-----TFFVPSDDALSRLPVQ-----A---EFTSSILQYHIIPQQLSSYDLQRLDVGM-R---LPTLLANQTIIVVTSNTQ-----PNYTVD--D-----TLVTHPDI-FYDG---TFAVH	:	87
PabFLA2	:	-----TFFVPSDDALSRLPVQ-----T---EFTSSILQYHIIPQQLSSYDLQRLDVGM-R---LPTLLANQTIIVVTSNRQ-----PNYTVD--D-----TLVTHPDI-FYDG---TFAVH	:	87
PabFLA3	:	-----TFFVPSDDALSRLPVQ-----T---EFTSSILQYHIIPQQLSSYALQRFDVGM-R---LPTLLANQTIIVVTSNRQ-----PNYTVD--D-----TLVTHPDI-FYDD---TFAVH	:	87
PabFLA4	:	-----TFFMPSDQALAEVNL-Q-----VT---SYISELVLRHSVHQPLKFNHLLHFPTGT-L---IPSSFPNYMLKVSNNGR-----NDFYLN--Y-----VHIVHPNV-CRASP---SISCH	:	89
PabFLA17	:	SHYTELAELVEK-ALLQTL EEVV-GSS--NVTIFAPQNDILERKLDPE--FKRFLHEPGNLKALQKLLMFHVVPRRIVAE EWRNG-T-----HQT LAKDRL--KLSM-----KGD KKT-ID--L-----ASVAHPNA-VVRP---DGVIH	:	120
PabFLA15	:	PEFETFNKLLTD-TN---VAKDINNRT--SLTILALPNSILENYMARFGGNLQV-----MEIESVLQYHVLL EYMDWDRLHQMTNRG-----TLITTLYQTTGRAPKDSGSVNITCEKNG--EIRIRAPA-PY-GGSF---NATVT	:	123
PabFLA5	:	-----	:	-
PabFLA20	:	PEFTTFNNLLTA-TN---VAGEINNRS--SLTILALSNAQLEPFISFGGNLPT-----QEVSDVLR YHVLL EYLDWERLKMMPAAG-----TLVTTLYQTTGRAPNNTGAVNITTGGGN---NGQVRIGMPVP-GAAY---NATID	:	124
PabFLA21	:	PEYSKFNHDL SQ-TK---LADEINSRQ--TITVLALSNSEMASLSG-----LDLASLKRVL SLHVLDFFDAKKLHEITNGT-----TLSTTLYQTTGNAPGNTGFINITDLKAG---K-VGFGPAAHGA-KL---DATYV	:	117
PabFLA16	:	-DYSSFNSYLTQ-TK---LADEINSRT--TITVLALNNGAMSVLTSKR-----LSLSVMKKVLSLHVLLDYFDGEK LHQISNGT-----MLSTTLYQTTSGNALGKSGFLNITDLKGG---K-VGFGAASPGA-KL---DSMFV	:	118
PabFLA10	:	-----	:	-
PabFLA6	:	-----	:	-
PabFLA11	:	-----	:	-
PabFLA18	:	--FTSLGMHLQ--SS---Q-DLLV-GLKGPLTLFAPTEEAFRYFNSP-----NSSSNSSSDYLLPYHIAKGLFTY TQLQMLPDGT-K---LDTIAS EGSLLVTFNSR GGDQDLIYSSA QTL--VDYRPVYVN--G-----VLVSHPDL-LNDG---LLTIH	:	130
PabFLA7	:	-----FANA LQM-VD---I-THLF-SSGGSYTF FAPPDEALEALGSA-----SKS-WQEFMDAVRYHIVNQLSYYNLKHLPDGA-R---LGTLLRSRSLTFTTFAPE-----SENETLMVN--N-----VSVSFPDL-----	:	105
PabFLA19	:	-----NLLV-GRAGPLTIFAPTEEAFRNFNSS-----NSSSDLSSDYLLSHHIAKGLFTY AHLVMQPDGK-K---LDTIASVGSIVVTFNSHGDLS---SSTQLR--AEYRPVYLN--G-----VLLSHPDL-LSDG---LLTIH	:	114
PabFLA12	:	-----	:	-
PabFLA13	:	-----	:	-
PabFLA8	:	-----	:	-
PabFLA14	:	-----	:	-
PabFLA23	:	-----	:	-
PabFLA24	:	-----TFLMPSDEKLAHAA-----ASKVDLLMHHTIPRPLTFHDLLHFPTGS-F---IPSF LPDYMYSVANDGK-----NNFSLN--N-----VKIVTPDL-CNGSP---AIQCH	:	85
PpaFLA10	:	SQYSEMVLYLDK-ADMLEELEREVL RQK--AITLFAPKNSHLEQLD-AD--LGRFLMRPGHEEYLR T VLR YHVIPGRVEGADFQNR TV-----ETLSKGDVVGL--R-----TYGLKRYVG--L-----LRVFS PNS-IVRK---DGIVH	:	121
PpaFLA11	:	SQYSEMVLYLDK-ADMLEELEREVLRRG--AITVFAPKNSYLEQQVDAD--LWRFLMRPGHEAYLR TLLKHHVIPGRVEGADFQNR TV-----ETLASGNVVGL--R-----SHGLKRYVE--S-----ARVFS PNS-IVRK---DGIVH	:	122
PpaFLA6	:	-----TLLAPNDNAFSNVLMN-----ST---TYLT TLLTYHGA AKVYSYEGLLNLPVGT-K---IPSTAANVVIVVTSNSK-----GAYKLD--D-----SQIVDPDI-FVDN---TVAVH	:	88
PpaFLA7	:	-----TLFAPDDGAFSGLNLN-----SS---KLLMTTLDYHVATSVYNYNQLSTLPLNS-T---IKTSVPDVVILITSTGT-----SGLRLD--N-----VAISDPDL-YVDS---QIAVH	:	88
PpaFLA8	:	-----TLFAPDDGAFSGLNMN-----SS---SLMTTLDYHVATSVYNFNQLSNLPLNS-T---IKTSAPNVEIFVTSTGT-----DGLRLD--N-----VAISDPDL-YADG---QMAVQ	:	88
PpaFLA9	:	-----TFFAPDDGAFSGLNMN-----NS---MLFMNTLHYHVATAVYSYQQLSYLPLNS-T---IQTAAPNVVMYITSTGE-----DGLMLD--N-----VVISDPDL-YLDD---KVAVH	:	88
PpaFLA1	:	-----	:	-
PpaFLA2	:	-----	:	-
PpaFLA3	:	-----	:	-
PpaFLA4	:	AGLTSSADAIQA-AV----ISGSIT-LPSSNFTIFAPVNQAVDSILPS-----N---PDLSKVLNYHLATTDLPHKALLLPIGQ-R---IPTLLPDNTLLVTDNNL-----ANYSIN--N-----EQILYFDL-----	:	104
PpaFLA5	:	-----	:	-
PpaFLA12	:	-----TIFAPNDGALSDFHKRK-----TQ---EHLENLVRFHIIITPLPFSNLLRMEAGS-R---LKTAVSNFTILVTNTTK-----DAYQVD--D-----ATIIDPDL-YTGA---TIAVH	:	89
PtFLA1	:	SHYTELAELVEK-ALLQTL EDAV-GKH--NITIFAPKNEALERDLDPE--FKRFLLEPGNLKSLQTLLLYHIVPNRINPSHNSSLQH-----HSTLCRDRV---KLSS-----QESGEK LID--S-----AKIIQVNA-VERP---DGVIH	:	122
PtFLA19	:	SHYTELAELVEK-ALLQTL EDAV-GKH--NITIFAPRNEALERDLDPE--FKRFLLEPGNLKSLQTLLLYHIVPNRINLSHNSSLHH-----HSTLCRDRI---KLGS-----Q-SGEK LID--S-----AKIIQVNA-VERP---DGVIH	:	121
PtFLA6	:	SHYTELAELVEK-ALLQTL EEAV-GKH--NITIFAPRNEALERQLDPE--FKRFLLEPGNLKSLQTLVLFHII PQRVGSNDWPGHKSNPSRHT---TLCNDHL---HLIT-----KNSGKKVVG--S-----ADVTRPDD-VTRP---DGVIH	:	126
PtFLA8	:	SHYTELAELVEK-ALLQTL EEAV-GKH--NITIFAPKNEALERQLDPE--FKRFLLEPGNLKSLQTLLLFHII PQRVGSNDWPGHKSNPTRHT---TLCNDHL---HLIT-----KNSGKKLVG--A-----AVLTRPDD-VTRP---DGVIH	:	126
PtFLA5	:	PSFSTFNHYLTL-TH---LAGEINSRN--TITVCAVDNAAMSELLSKH-----PSIATIKNILSLHVLLDYFGTKKLHQIREGT-----ALAATMFQATGSAPGSTGFVNITDVKGG---K-VAFGPEDNEG-NL---DVFYV	:	119
PtFLA22	:	PSLSTFNHYLTL-TH---LAGEINNRT--TITVCAVDNAAMSEILSKK-----PSISTIKNILSLHVLLDYFGTKKLHQIRDGT-----ALAATMFQATGSAPGSTGFVNITDVKGG---K-VAFGPKDNGG-NL---DVFYV	:	119
PtFLA42	:	-----TIFAPLDIAFARLGQL-----SV-----LDLQYHISPVRLSGYYLDSLPFGT-R---IPTLLPNHSLIVTTLSL-----YFDGKLSIN--G-----ISIEESAL-VDFG---SLIIF	:	87
PtFLA51	:	-----TFLMPKDRLLSKIR--M-----HQ---NAVSDFL LHHSIPSPLLFDHLRHIPP GS-L---IPSSDPDYMLNISNEGR-----KSFFLN--N-----VKISSPDL-CTAGS---SIRCH	:	88
PtFLA52	:	-----TFFIPSDNSLSPTT-----T---SADPDIFPYHIVPQRLSFADLQQKTF S-R---LPTLLFDKSLITNNSA-----SNFTLD--G-----SRLTHPDI-YTNA---AITVH	:	85
PtFLA37	:	-----	:	-
PtFLA17	:	-----	:	-
PtFLA53	:	SHYTELAELVEK-ALLQTL EDVV-GKH--NITIFAPKNEALERDLDPE--FKRFLLEPGNLKSLQTLLLYHIVPNRINPSHNSSLQH-----HRTLCRDRV---KLSS-----QESGEK LID--S-----AKIIQVNA-VERP---DGVIH	:	122
PtFLA41	:	SHYTELAELVEK-ALLQTL EDAV-GKH--NITIFAPKNEALERDLDPE--FQRFLEPGNLKSLQTLLLYHIVPNRINPSHNSSLQH-----NSTLCRDRV---KLSS-----QESGEK LID--S-----AKIIQVNA-VERP---DGVIH	:	122
PtFLA38	:	PDFSSFTSLITSIPS---LTS DLSDRS--ALTLLVIPNSYL-SSSLDLTRRLSP-----SALADLLRYHILLQYLSSSDLHQVPPSG-----ALITT LFQTTGRASSNSG SVNITRNPVT---NAITISSPSP-FSSS---NATVL	:	123
PtFLA30	:	PDFSSFTSLLASTPS---ITS DLSNRS--ALTLLVIPNSYL-SSSLDFTRRLSP-----SSLTDLLRYHILLQYLSSSDLHQLP PAG-----ALITT LFQTTGRASSNFGSVNITRNPVT---NAITISSPSP-FSSS---NATVL	:	123
PtFLA20	:	-----	:	-
PtFLA23	:	-----	:	-
PtFLA18	:	-----	:	-
PtFLA10	:	-----	:	-

Type 1

PtFLA16	:	PQFSTFNHYLTV-TH---LAAEINRRQ--TITVLALDNAAMSSLSISKQ-----LSVYTLRNVLSLHVLVDYFGTRKLHQITNGT-----ELTATMFQATGSAPGASGYVNITDLNGG---K-VAFGAEDNDG-KL---NAVYV	:	119
PtFLA34	:		:	-
PtFLA9	:		:	-
PtFLA12	:		:	-
PtFLA7	:		:	-
PtFLA2	:		:	-
PtFLA13	:		:	-
PtFLA47	:		:	-
PtFLA40	:		:	-
PtFLA28	:		:	-
PtFLA39	:		:	-
PtFLA50	:		:	-
PtFLA29	:		:	-
PtFLA32/49	:		:	-
PtFLA45	:		:	-
PtFLA35	:		:	-
PtFLA46	:		:	-
PtFLA3	:		:	-
PtFLA15	:		:	-
PtFLA14	:		:	-
PtFLA48	:		:	-
PtFLA27	:		:	-
PtFLA43	:		:	-
PtFLA33	:		:	-
PtFLA21	:		:	-
PtFLA26	:		:	-
PtFLA4	:	-----TIFAIKDSSSLVNT-SL-----PP--WFLKNLLQYHTSPLKLSMEDVFKKPQGS-C--FPTLVDRKKLAVTKI-D-----AKERLAEIN--H-----VLVSHPDM-VLER---RITIH	:	89
PtFLA44	:	-----TLFAPSDSSLRTCFS-----CSIPDLLHEHIVPGLFSIDYLRKLAFGT-K--IETLSPGRCITVTSTSLKNDS-----AT--PSTVKVFIG--G-----VEITHPDL-FNNG---VLIH	:	94
PtFLA24	:	-----TFFIPSDNSLSPTT-----T--SADPDIFPYHIVPQRLSFADLQQFKTFS-R--LPTLLFDKSILITNNSA-----SNFTLD--G-----SRLTHPDI-YTNA---AITVH	:	85
SmoFLA1	:	-----TLMIPTNEAIAAFVN-L-----NQ--SEIPSLLLYHAVTGVLPHYDVLSEFPVGQ-R--LPTLLFGNQLVVTDNSA-----AGYRLN--T-----ARIVRPNM-CGNSTS--VVTCH	:	90
SmoFLA2	:	-----TLLIPSNNAIAGVDANL-----SQ--EDIINTLQYHVLTFTPSTFEALSRNDVGA-E--LPTMLQGEMITVTSNSP-----GNFTLN--E-----VNITHPDV-CSSTR---FIACH	:	90
SmoFLA3	:		:	-
SmoFLA6	:	DHLSTFNRYLSE-TG---VIKEVDSRS--SITLFIPPNAVLDPVIASVG---A---NNLLVIADILRYHCVLQYLEIKEIRSMTNAT-----GIVLATLYQTTGKPTGEYGFVNVSVSHGG-----LIHLGVPG-AASN----ATVV	:	120
SmoFLA7	:	PDFSTFSKLLTD-TG---VISEINQRS--SLTLLVPHNSALDAVLNRSSPSSTP---LPLPVVADVLRyhCLLQYLDVPQIKSMTNEL-----GMLVTSLYQTTGRAAGQNGFVNVSVSSDG-----QIHAGLPF-AATS---LATVR	:	125
SmoFLA8	:	-NFSTFSRLLSM-TN---VTAEINSRS--SLTILVPDNSILDSYVGA---NLEG---MHVWAVADFCRYHVLLQYLDTQEIMQMTNQS-----GLLITTLYQTTGRAEGIDGFVNMTFGNDI-----QFGLPPPH-ASGP---VATVL	:	121
SmoFLA9	:	---TEMMECVEQ-AGMLEALELAA-DRH--NLTIFAPRDEFLELHFDAD--FRRFLLLPGNVRFQLQELVMFHVLPIRITASQWRSGRF-----QSLSGSRD-EVLLHW-----NKKQLRAVD--R-----STVDWPDm-IVRS---DGVVH	:	120
SmoFLA4	:		:	-
SmoFLA5	:		:	-
BdiFLA23	:	SHYTELSELVEK-ALLQOTLEDAV-GRH--NVTIFAPRNEALERDLDE--FKRFLLEPRNLKSLQSLLLFHVLPSRHPAASWPA---SAA---HPTLSGEDL-ELAAG-----SNGSMRV-A--H-----ASVTRPDA-VLRP---DGVIH	:	122
BdiFLA22	:	SRYTELSELVEK-ALLQQLEDAV-GRG--NVTIFAPRNEALERDLDE--FRAFLLQPRNLRSLQRLLLHFHVLPSRLSSSQWRSA---A---SLTLSGEHL-ELSLSD-----SSTAMLAG--S-----AAVTHPDA-VVRP---DGVIH	:	123
BdiFLA9	:		:	-
BdiFLA1	:		:	-
BdiFLA2	:	-----TFLMPSDRLLSTAS--V-----PG--NQVLDLLLRHSPVAVLMFADLNRLPNGT-V--VPTRHTNQMVITITKREH-----RQLYFN--N-----IELTSPDI-CRGGD---SFRCH	:	88
BdiFLA20	:	PNFSDFLRLITS-SP---VAGELTGRS--SLTLLAVPNANLPRSPSAF-AAASG-----ADLADVLRyhVLLLEYLSPSDLARLPASG-----KLVTTLFQTTGRAPSDLGAVNLTSSAAGGHSSTVVVHSPAPS-FPGS---NATVL	:	126
BdiFLA10	:		:	-
BdiFLA11	:		:	-
BdiFLA3	:		:	-
BdiFLA12	:		:	-
BdiFLA8	:		:	-
BdiFLA13	:		:	-
BdiFLA4	:		:	-
BdiFLA14	:		:	-
BdiFLA15	:		:	-
BdiFLA16	:		:	-
BdiFLA17	:		:	-
BdiFLA21.1	:		:	-
BdiFLA21.2	:		:	-
BdiFLA5	:		:	-
BdiFLA18	:		:	-
BdiFLA6	:		:	-
BdiFLA19	:		:	-
BdiFLA7	:		:	-
MpoFLA6	:	PDFSIFNQLLTD-TR---VAGEINRRQ--GVTVLAPSNEAMTDFRSAN-PALEG-----DRVANLLRYHVLLDFLTIQNLQRDIAN-----YTRVGTLFRTTGPANADDASVNLyntPSN-----IFIGSSAV-DSSQ---NSTVI	:	121
MpoFLA1	:		:	-
MpoFLA14	:	SQYSEWMELVEQ-AAMLHPLEELVGSGR--KLTIFAPQNHLQ---PK--IKSFLLKPSNAIALKRvVQYHVLSErVTASEWPTASF-----TTLASEAV-WL--S-----TQGPILMAG--D-----VAVAAPDA-IIRP---DGVVH	:	117
MpoFLA4	:	-----TLFVPTNEALSSLSM-----V---TPVLNILLYHAATPQYTFDQLVTLPVGT-R--LQSFLANESVLITNNAR-----NNFQVD--N-----VRIVLANV-CASNTTDLQISCH	:	90
MpoFLA7	:	PRFSVLSDLLVS-SG---VEKEINSRT--SITLLAPADAVLTAFQASV-PNADT-----VKIADLLRYHVLLQYFDMTelKGLGTvN-----YSSVTTLQTTGRANEQDGFVNIYNTATQ-----ILIGPAAS-ASAS---NATVV	:	121
MpoFLA2	:		:	-
MpoFLA3	:		:	-
MpoFLA5	:	-----TWLLPNDEAFSGTSY-----P---KNVTKFIDYHVIRQLLPYSRLSTLSVGT-R--LPTFLGSETVVVTSNLR-----FNYSLD--N-----AMIVVPDL-YSDS---TVAVH	:	86
MpoFLA8	:	PRFSVFREMLSS-HG---VAAEINGRK--SVTLLAPANNVMRAFRTSN-NKTDa-----IKITDLLRFHVLLTYFDMAELRALKTTN-----YTSVTTLQTTGRASGNNGFVNIYNLKSr-----VKLGPSVP-DSSS---NVTVL	:	121

Type 1

MpoFLA9/10	:	PSFSEMKNKLLSS-SG---VAEEINSRK--SLTLLALSNDVLTAFNASN-PNVDA-----VKLADLLRYHVLLQFLGMDDLKALPTDN-----YTAVTTTLYQTTGRANDNDGFVNIYNLPSG-----ILVGPSVA-GSSS----NATVA	:	121
MpoFLA11	:	PSFSQMNQLLSS-SG---VANDINARK--SITVLVVSNDVLNAFTASN-PNVDT-----VKMADLLRYHVLLQFLGMDELKALPTSN-----YTSVTTTLYQTTGRANNNDGFLNIYNLPSG-----FLIGPSVA-GSSS----NATVA	:	121
MpoFLA12	:	PSFSQMNQLLSS-SG---VANDINARK--SITVLVVSNDVLNAFTASN-PNVDT-----VKMADLLRYHVLLQFLGMDELKALPTSN-----YTSVTTTLYQTTGRANNNDGFLNIYNLPSG-----FLIGPSVA-GSSS----NATVA	:	121
MpoFLA13	:	PSLSAMNQLLTS-SG---VAAEINSRT--SLTLCAVSNPVLQAFVATV-----PNVDSGEVADLLRYHVFLQYLDIPELKQIVPGSPS---T-----VTTLLQTTGRTAGNDGSVNIYYDGTA-----IQVGLPDI-TAPPN----ATIL	:	121
CcrFLA1.1	:		:	-
CcrFLA1.2	:		:	-
CcrFLA1.3	:		:	-
CcrFLA1.4	:		:	-
CbrFLA1	:		:	-
CbrFLA2	:		:	-
CbrFLA3	:		:	-
CbrFLA4	:		:	-
CbrFLA7	:		:	-
CbrFLA9	:		:	-
CbrFLA11	:		:	-
CbrFLA15	:		:	-
CbrFLA16.1	:		:	-
CbrFLA16.2	:		:	-
CbrFLA16.3	:		:	-
CbrFLA16.4	:		:	-
CbrFLA19	:		:	-
CbrFLA20.1	:		:	-
CbrFLA22	:		:	-
CbrFLA23	:		:	-
CbrFLA24	:		:	-

Type 1										Type 2										
	*	180	*	200	*	220	*	240	*	260	*	280	*	300	*	320	*			
AtrFLA10	:	-GIERLLIPRSVQAEFNKRRSLTSIQAVLPEGAPEVDPR	TARLKKPAHS	-----	-APAPP	-----	YTPTLPIYAAMAPGPSLA	--PAPAPGPGSGHHWFDGESQIKDFIHTLLHYGGYNELADILVNL-TSL	----	ATEM	GKLV	S----	EGYV	ITV	LAPN	:	244			
AtrFLA11	:	KSVKELPYNISVLQVSKIILNSPSAE	-----	-AP	-----	APAPTEQNLTA	-----	VMTKK-GCKLFADQ	-IT-ATGA	----	EKTFVD	-----	AVSGG	LTA	FCPT	:	194			
AtrFLA5	:																	6		
AtrFLA1	:	-GLSTIIEYE	-----															96		
AtrFLA2	:																	33		
AtrFLA7	:																	36		
AtrFLA3	:																	36		
AtrFLA8	:																	36		
AtrFLA9	:																	33		
AtrFLA4	:																	25		
AtrFLA6	:																	15		
AtrFLA12	:																	6		
FLA16	:	-GIERLLIPRSVQEDFNRRRSLRSISAVIPEGAPEVDPR	THRLKKPS	-----	PAVPA	----	GAPPVLPIYDAMSPGPSLA	--PAPAPGPGGPRGHFN	GDAQVKDFIHTLLHYGGYNEMADILVNL-TSL	----	ATEM	GRLV	S----	EGYV	LTV	LAPN	:	258		
FLA17	:	-GIERLLIPRSVQEDFNRRRSLQSISAVLPEGAPEVDPR	TNRLKKPA	-----	APVPA	----	GSPPALPIQSAMAPGPSLA	--PAPAPGPGGQHHFDGEAQVKDFIHTLLHYGGYNEMADILVNL-TSL	----	ATEM	GRLV	S----	EGYV	LTV	LAPN	:	261			
FLA15	:	-GIERLLIPRSVQEDFNRRRSLRSIAAVLPEGAPEVDPR	THRLKKKP	-----	APIPA	----	GAPPVLPIYDAMSPGPSLA	--PAPAPGPGGPRHHFN	GEAQVKDFIHTLLHYGGYNEMADILVNL-TSL	----	ATEM	GRLV	S----	EGYV	LTV	LAPN	:	254		
FLA18	:	-GIERLLIPRSVQEDFNRRRNLRSISAVLPEGAPEIDPR	TNRLKKSATA	-----	VSVPA	----	GSPPVLPIESAMAPGPSLA	--PAPAPGPGGAHKHFNGDAQVKDFIHTLLHYGGYNEMADILVNL-TSL	----	ATEM	GRLV	S----	EGYV	LTV	LAPN	:	267			
FLA1	:	KSIEEVPYNISIIQISRVLPSETAA	-----	-AP	-----	TPAPAEMLTG	-----	IMSAH-GCKVFAET	-LLTNPGA	----	SKTYQE	-----	SLEGG	MTV	FCFG	:	193			
FLA22	:	-GIDGILQSP	-----															98		
FLA20	:	-GSDEFFTSPTKISDDSSSSSSIPS-TTSSTG	-----	-SIPISSATQTPSPN	IASDSTRNL	----	PNRSKPVNRFNIFESASRLLMSRGFVIIATF-TAL-Q-L	----	EDNTS	----	G	----	NDTK	ITV	FAP	I	:	194		
FLA21	:	-GVIGPFSPLQPHSDHLI	----HT	-----	-PLCQ	-----	SDTTNK	----	TSNNEEVPVSIWTRIVQLLSSNGFVPFAIG-THS-V-L	----	NRIVNDHNHKK	----	NLTG	VTI	LATP	:	177			
FLA19	:																	6		
FLA4	:	KLLETKPPNITVLTVD	SLIVPTGID	-----	-ITASETLTPPPTSTSLSP	PPAGINLTQ	-----	ILINGHNE	NVALSL	-IVA-SGV	----	ITEFEND	----	ER	----	GAG	ITV	FVPT	:	211
FLA10	:																	33		
FLA8	:																	33		
FLA11	:																	37		
FLA12	:																	36		
FLA7	:																	36		
FLA9	:																	36		
FLA6	:																	36		
FLA13	:																	36		
FLA14	:																	31		
FLA3	:																	31		
FLA5	:																	31		
FLA2	:	KSVFEKPYNISVLHISQVLT	SPEAE	-----	-AP	-----	TASPSDLILT	-----	ILEKQ-GCKAFSDI-TK-STGA	----	DKTFQD	-----	TVDGG	LTV	FCES	:	194			
CreFLA11.1	:																	6		
CreFLA11.4	:																	25		
CreFLA1	:																	27		
CreFLA10.2	:																	32		
CreFLA9	:	---TALP	----A	-----	-FSEARA	APPPPPPPACANAS	----	IPD	-----	LLSANGNLTTTLGA-TQV-TGL	----	EDQLYAP	-----	GVAPY	TI	FAPT	:	204		
CreFLA8.1	:																	17		
EgrFLA9	:	-GIERLLIPQSVQDDFNRRRSLRSITAVKPEGAPEVDPR	THRLKKPA	-----	PPAKA	----	GSAPALPIYDAMAPGPSLA	--PAPAPGPGGPHHHFDGEAQVKDFIHTLLHYGGYNEMADILVNL-TSL	----	ASEM	GRLV	S----	EGYV	LTV	LAPN	:	265			
EgrFLA5	:	-GIQRLIPRAVQEDFNRRRSLRSIAAVIPEGAPEVDPR	THRLKKPA	-----	PPAPA	----	GSAPALPIYDAMAPGPSLA	--PAPAPGPDGPRGHFHGEALVKDFIHTLLHYGGYNEMADILVNL-TSL	----	AVEM	GRLV	S----	EGYV	LTV	LAPN	:	263			
EgrFLA10	:	KSLEELAYNISVIEISKVLP	SAIAA	-----	-AP	-----	APEPSQVNVTD	-----	VMAAH-GCKEFADA-TLNS	SDA	----	LKTYED	-----	NVVGGLTA	FCPL	:	196			

Type 1

Type 2

```

EgrFLA11 : KGLEEIPYNISIIQISNALPSDVAA-----AP-----TPGPSEMNLTR-----LMSAH-GCKVFADT-I DANADA---MKTYED-----NVEGG-LTTFEFL : 195
EgrFLA16 : -GIEMFFDPEFQTSAPVQSPVLG-----LECV-----APR-----YGGLEDLSSGNVFGEACGAMRSKGYFAMASF-I GL-Q-I---MKL-K-----G---DNQMLTVFTPS : 166
EgrFLA14 : -GIEMFFDPEFQTSAPVQSPIPG-----LECV-----APR-----YGGSEDLSSGNVFGEACGAMRSKGY SVMASF-I GL-Q-I---MKP-K-----G---DNQMLTVFAP : 165
EgrFLA15 : -GI-----: 87
EgrFLA19 : -GIDGVLLP-----: 96
EgrFLA4 : -----HNINVAASM-I AA-SGV---VEEFQAD---EG---GAG-ITTFVET : 34
EgrFLA12 : KSVDEIPYNISVLHISQVLTSPEAE-----AP-----TPSPSNLNTA-----ILSKQ-GCKSFADL-I S-ASGA---LKTFFD-----NLEGG-LTTFCAS : 194
EgrFLA8 : -----GSFHTFLGY-I ES-TKV---IDTFQE QANS---SKDG-ITIFAPT : 36
EgrFLA7 : -----GPFQTFLSY-I ES-TKV---IDTFQNQANN---TEEG-ITTFVFK : 36
EgrFLA13 : -----PDFSTFNDF-I TQ-TKL---YEQINRR-----QTITVLALD : 31
EgrFLA6 : -----GOYTSFIRL-I TT-TQV---ANQIENQLNT---STEG-LTVFAPT : 36
EgrFLA1b : -----SQFTVLLKI-I RA-TSV---DKQINQLNN---S-NNG-LTIFAPN : 36
EgrFLA3b : -----TNL---SSQLS---NQ---KSNQGF-TIFAPT : 22
EgrFLA2b : -----GGFTVLIK-I RG-THV---SDQVDSELSD---L-NDG-ITVFAPD : 36
EgrFLA17 : -GVLQPLLHKEQELCLVQ-----S-----SKRN-----RDP-RS---LSVVEKERHLVDWGRVIRSLSSSGFVSFAIG-I QS-V-L---DGILDDNA-----DLAS-VTVFAPA : 171
EgrFLA20 : -GLEGFIAPLSPFSCSIEKMTSLAF---P-F-----SLPP-----PVSS-----SFSPSPLMRLMLRDAVLRRLRTSGF GILALA-I KI-K-Y---PEL-----V---NLQNA-LTFTVD : 174
OsaFLA17 : -GIDRLLVPRSVQDEFNRRRSLADISAMPPTAAPEVDPRTRLKKPA---PP---GDSPVLPISDATVPDPSVA---LAS---EPSDHYDGDSQVKDFIQTL LKYGGYNELAD-I VNL-TSL---ATELAQLVS---EGYA-LTVLAPN : 251
OsaFLA24 : -GIERLLVPRSVQEDFNRRRSLADISAVLPTGAPEVDPRTHRLKKPA---PPVPP---GAPPVLP IWDAMAPGPSIA--PAPAPGPGSGKHHFDGHSQVKDFIQTL LLYGGYNELAD-I VNL-TSL---ATEMGR LVS---EGYV-LTVLAPN : 258
OsaFLA16 : -GIERLLVPRSVQEDFNRRRSLAAISAVLPTGAPEVDPRTHRLKKPA---PPVPP---GAPPVLP IWDAMAPGPSIA--PAPAPGPGSGKHHFDGHSQVKDFIQTL LLYGGYNELAD-I VNL-TSL---ATEMGR LVS---EGYV-LTVLAPN : 258
OsaFLA4 : -----I AFCEP : 6
OsaFLA23 : -----: -
OsaFLA12 : GAVTAVPYNLSVLAVGGLIVPSGLD-----VAASD-----SRPAGGVNITH-----VLADARGINVAASM-I EA-SGV---ADEFTAD---ER---GAG-ITVFVET : 201
OsaFLA1 : -----A-GCKQFARL-I VS-SGV---MKMYQA-----AMDKA-LTIFAPN : 33
OsaFLA5 : -----GPFHTFLDI-I EK-TDV---LRTFQS QANGS---KDG-ITVFVFK : 36
OsaFLA8 : -----GQFNTLIRL-I RS-TGA---AEQIDNQLNS---S-RNG-LTVFAPT : 36
OsaFLA27 : -----GPFHTFLNY-I EK-TNV---IETFQS QANKT---KEGVITFVFK : 36
OsaFLA26 : -----FNVAASM-I EA-SGV---ADEFEAD---ER---GAG-ITVFAPT : 32
OsaFLA7 : -----GOYTTFIRL-I KE-TQQ---DTQLNSQLNNSF-N-GNGY-TVFAPT : 38
OsaFLA14 : -----GPESTFLMY-I RQ-TNL---VAVFEHQAYRT---HQG-ITTFVFPV : 36
OsaFLA2 : -----LLEKA-GCKRFASL-I TS-TGV---LKT FED-----AMDKG-LTIFAPN : 37
OsaFLA11 : KSVKEIPYDISVLQVSSVLSSSEAE-----AP-----VPPAPVNLTE-----LLSKK-YCKSFAGL-I AANADV---FRAVNE-----TKDNG-LTTFCEV : 194
OsaFLA9 : -----GOETKFLQL-I QS-TQA---GEQINNQIKGKA-SSSGG-LTVFAPP : 39
OsaFLA3 : -----CKNFAGL-I ASNADV---YSNINA-----TKDNG-LTTFCEV : 32
OsaFLA18 : -----GSYTTFIRL-I KS-TQQ---DTQLNSQLNGT---STGF-TVFAPT : 36
OsaFLA13 : -----GPYGTFLGY-I TK-TGV---ITTFQS QANDTA-AGAPG-VTVFAPE : 39
OsaFLA15 : -----GHYNTFVRL-I KD-TEV---TSQVSSLLNNDR---NGDGLTVLAPT : 38
OsaFLA19 : -----GOYNTLLRL-I NA-TRV---GEQLGSQLKT---TYDGLTFEAPT : 36
OsaFLA10 : -----G-GCKAFADL-I AASPDA---SSTYQS---AAGGG-ITVCEPT : 34
OsaFLA6 : -----GKYTTFLRL-I HE-SRV---DTQINSQLMD---SYNG-LTMFAPT : 36
OsaFLA25 : -----PEFGLFSYL-I SK-THV---DRDINSR-----NTVTVLVED : 31
OsaFLA20 : -----SDESTFNHL-I TQ-TKL---ADEINRR-----QTITVLALD : 31
OsaFLA28 : -----: 96
PabFLA22 : -GIDRLLVPKSVQDDFNAWRRGVV-LAVKPEGAPVVTKLSTLAS---V-----NGRQS---PLVTAPVSYIAMAPGPSLA--PAPAPGPSSGRHWFDGESQVKDFIDT LSLFGGYSEMAD-I VNL-TSL---ASELAKLVS---EGYR-ITVLAPN : 255
PabFLA9 : -----TVLAPN : 6
PabFLA1 : -GVADLL-----: 93
PabFLA2 : -GVADLL-----: 93
PabFLA3 : -GVADLL-----: 93
PabFLA4 : -GVSGVL-----: 95
PabFLA17 : -GIDRMLIPKSVQDDFSKWRSGVS-LAVMPQGAPVLDPIKKLSKSA-A-----SSLSA---KSPPIHSIYYALAPGPSLA--PAPAPGPSTGHYWFDGESQVKDFINT LVLVLYGGYNEMAD-I VNL-TSL---ASELAKLVS---EGYK-VTVLAPN : 256
PabFLA15 : RLVKAFPNISIFISISTLLIPYGFD-----LSTSY---EPSDNAINVTE-----VLLKANNFNFVVS-M VA-SGI---TSDLESD---QA---GAG-ITIFAPT : 203
PabFLA5 : -----KNFNFVVS-M VA-SGM---TSELEFD---QA---GAG-ITIFAPT : 34
PabFLA20 : GLVDKFPYTISIARISAMIFPYGFD-----LSGSP---APT PVGINVTD-----VLVKAMNENFLVSL-I EA-SGV---VSEFESE---EA---GAG-ITIFAPS : 204
PabFLA21 : KSVKQEGYNISVIEVSKPITTNVE-----AP-----APAPADVNTA-----VLIKG-GCKIFAGM-I SA-TGV---VKTFKD-----AVQGG-LTVFAPT : 192
PabFLA16 : KSIKEDPYNMSVLEISNVIMPSDLS-----AP-----APSTNDLNITA-----LLEKA-GCKIFVQM-I TA-TGV---LQTYSD-----AVASG-LTILAPT : 193
PabFLA10 : -----GPFKTFRL-I EA-SDL---LTVLQAQANN---TEQG-ITIFAPS : 36
PabFLA6 : -----G-GCKIFAGL-I ST-TGV---IKSYDDSIKSSQDAVKKG-LTVFAPT : 40
PabFLA11 : -----I-I TA-TGV---LHTFQE-----IVDSG-LTIFAPV : 25
PabFLA18 : -GVDQPLPFLVLESSSSRRRKNYYS-SG---I-----APPPAG-----APALIPQSSSASP-GIDHPMNIIMPFMLEDAELSLRNQGY S I LALA-M RI-K-S---PEL-----L---RLQN-LTIFTLS : 228
PabFLA7 : -----: -
PabFLA19 : -GVDQFLVLESSSPASAPTSAPAAP-ASAP-A-----SAPAPA-----APTMLSPLPASP-GPDQPLNIILPFMLEDAMLSLRDRGY S I LALA-M RA-K-S---PEL-----L---RSQS-LAIFTLS : 214
PabFLA12 : -----GOEKTFLSL-I AG-TQA---ETQLQTQANN---TQQG-LTIFAPL : 36
PabFLA13 : -----: -
PabFLA8 : -----: -
PabFLA14 : -----GPFKTLNL-I EA-SDL---LTSIQSQANNTE-----: 27
PabFLA23 : -----TIFAPP : 6
PabFLA24 : -GISSVI-----: 91
PpaFLA10 : -GVDGLMVPKVASAFEWKRNKG-SGVNPHGSPVTLKRSRKSSAGAKSAPKARYMLERSAPAVPAALIHAVTAPA-PPATAPSLGPSLGPSIAPAPGPGTAMFNWDDDEMLQFVTALSNYGGYN DMAELL V NA-TTL---GVELGKLAR-----MGYK-LTILAPN : 276
PpaFLA11 : -GLDGFMI PPWNEKPRG-----SPVSRKVSRSRSGTKSASTTRYMLEKNAPVVPDALLRAVMPPT-TSVTAPSLGPSLGPSIAPAPGPGIAGFTWDDDEETLQFVMALTNYGGYN DMAELL V NA-TTL---GIEIGKLAR-----MGYK-ITILAPN : 263
PpaFLA6 : -GIDNVL-----: 94
PpaFLA7 : -GISAVM-----: 94
PpaFLA8 : -GISSVM-----: 94

```

[illegible]

BdiFLA11	:	-----GPFHTFLSY- IKQ-TNV -----IETFQRQANKT---KEG ITIFVPEK :	36
BdiFLA3	:	-----A-GCKQFAR L - IVS-SGV -----IKTYQA-----AMDKG LTILFAPN :	33
BdiFLA12	:	-----GPFHTFLDY- IEK-TDV -----LKTFSKANDTK-ESAEG ITIFVPEK :	39
BdiFLA8	:	-----GQYTTFIR L - NKE-TQQ -----DTQLNSQLNNSF-N-GNGY TVVFAPT :	38
BdiFLA13	:	-----GQYTKFM R L - NKS-TQQ -----DTQLNSQLNGS---DTGF TVVFAPT :	36
BdiFLA4	:	-----GRFQTFVMY- IQQ-TGL -----VEVFEIQAHRT---HHG ITILVET :	36
BdiFLA14	:	-----GQFTKFLQ L - IQS-TQE -----DSQIDNQLKGKS--SSGG LTVFAPP :	38
BdiFLA15	:	-----KAGQFNTFIR L - IRS-TGV -----AAQIDNQLNS--SQTGG LTVFAPT :	39
BdiFLA16	:	-----GPYGTFLDY- ITK-TDV -----IKTFQSQANDTEEQGGHG ITVFAPQ :	40
BdiFLA17	:	-----G-GCKAFA A L - ISASPDA -----SSTFQS-----AIDGG VTAFCE S :	34
BdiFLA21.1	:	-----PEF S VYSGL- IRE-TGL -----ASILDGR-----RV VTVLAPN :	31
BdiFLA21.2	:	-----PDLTAFNS L - ITD-SGL -----ARAINAR-----PT VTVLATN :	31
BdiFLA5	:	-----A-GCKRFA A L - VAGNPGV -----LKAYQA-----AMATG LTLFAPN :	34
BdiFLA18	:	-----G-GCKAFAD L - IAASPDA -----ASTYQS-----AADGG VTVFCE S :	34
BdiFLA6	:	-----ANFTDFSS A - IAS-ANI -----TAQIDGR-----TP ITILAVD :	31
BdiFLA19	:	-----PDFTLFNY L - ITK-TKV -----SAQINRR-----GT ITILAPV :	31
BdiFLA7	:	-----PEFKTFNS L - ISK-TKV -----AEEINAR-----QDA ITVLVVD :	32
MpoFLA6	:	STVFLQPSDVSVIMIDRTLQPVGFE-----TPRGA-----ANITG-----TLQDLGGY S IFV S L - ITQ-TGV -----DVVF GGR ---QS---GEG ITIFVET :	195
MpoFLA1	:	-----GQLSSLKM V - VDA-AGL -----ADTFDD-----SALN VTVFAPN :	32
MpoFLA14	:	-GVEEMLIPNSVMQ E YVAHTTRKM-ATPLPTGAPGLDTRRAQLLEKQ-----FSAVEAKLVVAAASPSLP--PALALAPSIAPAPGPAMGPSTAPWLGFGDDEVTTFISAMLRFGG Y SEFAG L L - DL-TSL -----GSE I SKLVN-----MGYK LTILAPD :	258
MpoFLA4	:	-GVES L -----	96
MpoFLA7	:	GTVLEDPYDIS I IEIDQVLKPAGFD-----AVEGD-----LVT-----VLESFQ T FSLFIS Y - IKA-TGV -----DGV LATR ---QT---SGG LTVFAPR :	193
MpoFLA2	:	-----PDL S LLGQ V - VQA-AGL -----TETLSD-----PTLE VTVFAPN :	32
MpoFLA3	:	-----PDL S LLGQ V - VQA-AGL -----TETLSD-----PTLE VTVFAPN :	32
MpoFLA5	:	-GINSV L N-----	93
MpoFLA8	:	AGVQKSPFDV S IIIEIDQVLLPVGFN-----NASGD-----LIA-----VLDSFQ E FTLLIS Y - IQE-TKV -----DAVFAEK---Q---AEG ITIFAPR :	192
MpoFLA9/10	:	TNITNEAFDIS I IQINSILTPVGFN-----TATGD-----LIK-----VLETFKD Y TMFIS L - IKD-SGV -----DSIFAGR---QT---GGG ITVFAPT :	193
MpoFLA11	:	ANITHEAFEISV I QISSILTPVGFN-----SATGD-----LIQ-----VLTKFN V YTMFIS L - IKE-SAV -----DSIFAGR---QT---GGG ITVFAPT :	193
MpoFLA12	:	ANITHEAFEISV I QISSILTPVGFN-----SATGD-----LIQ-----VLTKFN V YTMFIS L - IKE-SAV -----DSIFAGR---QT---GGG ITVFAPT :	193
MpoFLA13	:	SSIASIPYN S I-----VQCDKVLVPPPGFGTRATDNAN---ITA-----ALEAGLN Y NTFIQ L - IQS-TGI -----DAEFAAK---Q---TGTG ITIFAPT :	196
CcrFLA1.1	:	-----DQFSVLALAA V -PDL-----TEALGD-----PNRR LTVFAPT :	33
CcrFLA1.2	:	-----DS E GILARAVGT V -DSL-----VKALDD-----PNSRF TVFAPT :	33
CcrFLA1.3	:	-----I-----VEVLGN-----PGSR LTVFAPT :	18
CcrFLA1.4	:	-----VEVLGN-----PGSR LTVFAPT :	17
CbrFLA1	:	-----PRF S IFV G L - IDK-G-F -----AANLPL-----QP LTISVE E :	29
CbrFLA2	:	-----QFSMFY K A - IVD-TTE -----IWNVEGR-TVL---VGEQ LILFAPT :	35
CbrFLA3	:	-----PEFQRFY E A - INM-SRS -----IDMVKGL---V---N-SG VTILFAPV :	33
CbrFLA4	:	-----DGAT A YANFVEAA T -RGA-----TV S ILL-----DDSN VTVFAP I :	36
CbrFLA7	:	-----GDLSMF S NA- IMA-SRI -----NLTLSGI---V---GGGR VTVFAPN :	34
CbrFLA9	:	-----GDLSMF S NA- IMA-SRI -----NLT L IGI---I---GGGK VTVFAPN :	34
CbrFLA11	:	-----GLTTFV S L - IKL-AKV -----DE S IKGI---A---ATGP VTVFAPS :	33
CbrFLA15	:	-----KNLTL Y VGALRSS-RGALMAMEAQRRR-----PGG VTIFAPT :	36
CbrFLA16.1	:	-----Q Y STLV S L IT---KAN-----LTVSLD-----TTSP LTVFAPT :	30
CbrFLA16.2	:	-----	6
CbrFLA16.3	:	-----	6
CbrFLA16.4	:	-----SNYTQ I AF L V-RR V -----GPTYLG-----ELTNN TLFAPS :	30
CbrFLA19	:	-----PDLTMF V QA- ILV-SDT -----FHVAISR---A---NGGG VTVLAPN :	34
CbrFLA20.1	:	-----D Y VN-----TLRN VTFLAPV :	15
CbrFLA22	:	-----LKKFY Y A - IQI-SRI -----ELR I RDS---A---NRGP ITVFAPT :	32
CbrFLA23	:	-----LKKFY Y A - IQI-SRV -----ESRLRDS---V---NQGP ITVFAPT :	31
CbrFLA24	:	-----LKKFY Y A - IQI-SRV -----ESRLRDS---V---NQGP ITVFAPT :	31

[illegible]

FLA22	:	DEAIPNPTT	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	----	
-------	---	-----------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	--

Type 2

PabFLA2	:	-----	:	-
PabFLA3	:	-----	:	-
PabFLA4	:	-----	:	-
PabFLA17	:	DEIMG-ELTTEQ-----L-----SEPGAPEHINYYHITPEYQ-TEESLYN-----	:	294
PabFLA15	:	DDAFSAL-PPDT-----LQGL-----TAENKAVVIKYHVLHSYY-PLGSLDSI-----VNPLQPTIATESM-GAGT-----YTLNIT-RV-----NGSV-AVDI-----GI-----VQ--A-SITQTVFD-QKPLAIFA-----	:	298
PabFLA5	:	DDSFASAL-PPHT-----LQGLTARNKALQGLTARNKAVVIKYHVLHSYY-PLGSLESI-----VNPVQPTIATESM-GAET-----YTLNIT-RV-----NGSV-AVDI-----GI-----VQ--A-SITQTVFD-QKPLAIFA-----	:	139
PabFLA20	:	DDAFSAL-NPET-----LQGL-----TAEKKAVITKYHVLHSYY-PLGSLQTI-----VNPAQPTLATQAM-GAGS-----YTLNIT-RM-----DGMV-AVNT-----GI-----VQ--A-----	:	283
PabFLA21	:	DASEFTGV-TSKL-----LSKL-----SSEDKVSLEFHALPMYS-PLGYLKTS-----NGP-ISIMATTGA-G--K-----YVMTAS-SS-----GDTVMLNT-----RI-----SK--A-TISDTLLD-DQPLAIFT-----	:	284
PabFLA16	:	DGAFTSGT-VMLK-----LKKL-----SSAQEVSLEYHAYPAYN-PVGTLKTT-----IAP-ISIATLATNGA-S--K-----YALSVS-SA-----GDTVILNT-----GL-----SK--S-TISSTILD-DQPVVYYT-----	:	285
PabFLA10	:	DTAFSSL-PKKL-----LANL-----TADEIKEVILAHCTSKFY-TLTDFQDFSNP-----ANIMATGSN--GGK--YNLNIT-GDG-----G--TVTVSS-----GY-----VT--T-PITSTVHV-TDPLAITY-----	:	129
PabFLA6	:	DGAFTDV-IKKL-----LKKL-----SSEDKVSLLKFHAVPSYT-PLGTLKNT-----NGP-VTMMAS-----N--YAVTVS-SS-----GNTVTLNT-----SL-----SK--A-TISSTLLD-NLPLAIFT-----	:	128
PabFLA11	:	DGAFTDSV-MT-E-----IKKL-----SRAQQVSTIEYHARPVYS-PLGTLKTT-----DGDVVTIMATNGA-E--R-----YSLTVG-VN-----GDNVILGT-----GV-----NS--A-VITSTLLD-DQPLVYFS-----	:	117
PabFLA18	:	DDSVFLKG-----GQDFTNTVRYHVPNRRLLLADLVRLP--AGTRLHTLL--H--GQS-----LLVTDN-----KPFISI-----N-----H--VGVKIPDAFT-NRWIAVHE-----	:	307
PabFLA7	:	-----	:	-
PabFLA19	:	DDSVFLKD-----GQDFVDNVTYHVPNRRLLLADLMHLP--AGTVLHTLL--D--GQS-----LVVTNS-----KPFISV-----N-----H--VGVKIPDAFT-NRWIAV-----	:	291
PabFLA12	:	DGAFTSSL-RPQY-----KAML-----SKLTDDQ-----APTLSNP-----LSTIM-----GS-----YKFNVS-AFG-----AQVNVST-----GL-----VN--A-PLTSSIFS-QAPVAIYE-----	:	107
PabFLA13	:	-----	:	-
PabFLA8	:	-----VKNE-----LKKL-----SSEDKESLEFHALPIYS-PRTTLKFS-----KRP-IATIMASTGP-G--K-----YDIKVS-SA-----GDTVILNT-----GV-----DK--A-TITSTLLD-DVPMVILT-----	:	85
PabFLA14	:	-QERSVVGPL-----HSQV-----LPDEKKEVILAHCTPKFY-TLTDFQNF-----SNP-ANIMATGSN--GGK--YNLNIT-AM-----SGAVTVSS-----GY-----VS--T-AITGSVRV-TDPVAIYT-----	:	118
PabFLA23	:	CLALLPVVG-----SPALPHHVLCHVAAQR-LSYGDLVNKT---SSDRIPSLA--L--GHP-----IVVTTG-PLTN--QGTGKYVVVLN-----G-----R--ARVVSFDLYG-DANLIYHG-----	:	94
PabFLA24	:	-----	:	-
PpaFLA10	:	DQAMQ-LLTTEQ-----L-----NQAM--EPLTYYHFSEYQ-TEESMYNAVKR-LGKQSYSTLR--H--PHK-----VVAS--E-----SDGTVKFGDGD-----DA--AHIFDHDIIYV-DGHIISIQGINR-----	:	369
PpaFLA11	:	DQAMQ-QLTIEQ-----L-----DMPM--EPLTYYHFSEYQ-TDESMYNAVKR-LGKQSYSTLR--H--PHK-----VIAS--E-----SDGTVKFGDGD-----GA--AHICDHDIIYV-EGHIISIQGINR-----	:	356
PpaFLA6	:	-----	:	-
PpaFLA7	:	-----	:	-
PpaFLA8	:	-----	:	-
PpaFLA9	:	-----	:	-
PpaFLA1	:	NNAFNGTGGLLSILA-----ANNLTLE---QVTAPGSNRAASTILYHIVPSPA-TAADLTDGQT-----LTTAL--G--K-A---YELTVD-KTA---TPT--VVVSFIGA-GS-----N--A-TVITADLR-VCNSVYHI-----	:	134
PpaFLA2	:	NNAFNGTNGLLSLLR-----QNNLNLIT---DVTAPGQNRAASTILYHIHAGPA-RAADLKNNQV-----LTTFL--G--P-N---YTLRVN-KQT---APT--LIVSFVGT-GS-----N--A-TVTAADVP-VCSSIVHV-----	:	134
PpaFLA3	:	NSVLDPFIAARR-----SFSTQMLADVIRYHVLQYL-DSAELRTQT--NNGGMFTTLYQTIG-RANEL-DGFVNIITVT-PS-----NAVA-----	:	106
PpaFLA4	:	-----	:	-
PpaFLA5	:	NGAFGGYLGGHS-----TYTPQMVSDEVIKYHILSYF-DTETIKTVST--MNDGVVTTLYQSTG-RANGM-DGFVNIITVS-PT-----DGVVTI-----	:	109
PpaFLA12	:	-----	:	-
PtFLA1	:	DEMA-KLTDDQ-----L-----SEPGAPEQTIYYHVIPEYQ-TEESMYNAVRR-FGKISYDTLR--L--PHK-----VLAE--E-----ADGSVKFGHTE-----NS--AYLFDPDIYT-DGRISVQG-----	:	350
PtFLA19	:	DEMA-KLTDDQ-----L-----SEPGAPEQTIYYHVIPEYQ-TEESMYNAVRR-FGKISYDTLR--L--PHK-----VLAQ--E-----ADGSVKFGHAE-----NS--AYLFDPDIYT-DGRISVQG-----	:	349
PtFLA6	:	DEMA-KLTDDQ-----L-----SEPGAPEQTIYYHIIPEYQ-TEESMYNAVRR-FGKIGYDTLR--L--PHK-----VAAQ--E-----ADGSVKFGSGD-----GS--AYLFDPDIYT-DGRISVQG-----	:	354
PtFLA8	:	DEMA-KLTDDQ-----L-----SEPGAPEQTIYYHIIPEYQ-TEESMYNAVRR-FGKIGYDTLR--L--PHK-----VVAQ--E-----ADGSVKFGSGD-----GS--AYLFDPDIYT-DGRISVQG-----	:	354
PtFLA5	:	DDPFKAF--FPK-----FKNL-----TASGKVSLEFFGVPIYQ-SLAMLKSN---NGI-MNTLATDGE-K--K-----FDFTVQ-ND-----GEDVTILKT---RS---IT--A-KIVGTLLID-EQPLAITY-----	:	286
PtFLA22	:	DDPFKAF--LPK-----FKNL-----TASGKESLLQFFGVPIYQ-SLAMLKSN---NGI-MNTLATNGD-K--K-----FDFTVQ-ND-----GEDVTILKT---RG---TT--A-KIVGTLLID-EQPLAITYS-----	:	286
PtFLA42	:	DQMDAYAK-----NVSDYSSIFRKHVVPGL-FPRQDLEGFN---DGTSLPTIFS--G--GFM-----INLTKS-----GDVLVL-----N-----G--VPVIFPDMYQ-SDWLIYHG-----	:	252
PtFLA51	:	-----	:	-
PtFLA52	:	-----	:	-
PtFLA37	:	BSLLFSVDLAS-----TAPHYTKSIFLHVSPSR-LSTSDLRNLTAASGGTYIDSILV--P--NHR-----LLITNS-LAQL--NGTVDGSILV-----N-----R--VRVSVPDLLFL-GSDIAVHG-----	:	100
PtFLA17	:	DEAFKAA-GVPD-----LSKL-----TNAEIVSLIQYHATATYS-PFGSLKTS-----KDP-ISIILASNGA-G--K-----FDLTVT-SA-----GDSVTLHT-----GI-----GP--S-RVAETVLD-STPLVIFT-----	:	125
PtFLA53	:	-----	:	-
PtFLA41	:	-----	:	-
PtFLA38	:	DSAFSDL-SATA-----ISLQSLPADKKADVIFKHVLSHSYY-PLGSLESI-----VNPVQPTIATEDM-GAGS-----FTLNIS-RV-----NGSV-AIDS-----GI-----VQ--A-SVITQTVFD-QNPVVIFG-----	:	300
PtFLA30	:	DSAFSDL-SETD-----VSLQSLPADKKADVIFKHVLSHSYY-PLGSLESI-----VNPVQPTIATEDM-GAGS-----FTLNIS-RA-----NGSV-AIDS-----GI-----VL--A-SVITQTVFD-QNPVAFG-----	:	300
PtFLA20	:	DSAFSAL-KTGT-----LRTL-----TDQEKVELMQFHIVPMFI-SSSQFDTVSSP-----LKTHA-GSG---AR-----FQLNVT-ASG-----N--SLNIST-----GL-----TN--T-TISDTVYT-DTHLAIFY-----	:	127
PtFLA23	:	DNAFSSL-KSGT-----LNSL-----NDQEKAEVLQFHIIPOYL-SSSQFQTVSNP-----LTTQA-GSG---GR-----LELNVT-TTG-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SVSGTIYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA18	:	DDAFKNL-KKAS-----LSNL-----TQDQLKQLILFHALPHYYSLSDFKNLSQV-----S-PVSTFAG--AGG---YALNFT-DTS---G--TVHLDG---GW---SK--T-KVSSSVHS-TDPVAIFY-----	:	128
PtFLA10	:	DNAFSSL-KSGT-----LNSL-----SDQEKAEVLQFHIIPOFL-SSSQFQTVSNP-----LTTQA-GSG---GR-----LELNVT-TTG-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SVSGTIYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA16	:	DPVINGF--MPK-----YKNL-----TAPQKVSLLLYHGPIYQ-SLQMLKTS-----NGI-MNTLATNGA-N--K-----YDFTVQ-ND-----GEVVTLET---KV---TT--A-TITGTVKD-EEPLVYK-----	:	284
PtFLA34	:	DSAFSNL-KAGF-----LNL-----SDEDKTELVKFHVLPALI-SSSQFQTVSNP-----VRTQA-GTG---PR-----VTLNVT-TTG-----N--FVNITT-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DSQFAIFY-----	:	127
PtFLA9	:	DNSFANL-KAGT-----LNSL-----SDQQKVQLVQFHILPNFL-SMSNFQTVSNP-----LRTQAGNSA--DGE---FPLNVT-TSG-----N--QVNITT-----GV---NT--A-TVANTIYT-DGQLVIFY-----	:	129
PtFLA12	:	DDAFKNL-KKPS-----LSNL-----TQDQVKQLILFHALPHYYSALADFKNLSQV-----S-PVSTFAG--AGG---YALNFT-DVS-----G--TVHLDG---GW---SK--T-KVSSSVHS-TDPVAIFY-----	:	128
PtFLA7	:	DNAFTNL-KAGT-----LNSL-----SDQQKVQLVQFHILPNFF-SMSSFQTVSNP-----LRTQAGNSA--DGE---FPLNVT-TSG-----N--QVNITT-----GV---NT--A-TVANTIYT-DGQLVIFY-----	:	129
PtFLA2	:	DNAFSSL-KAGF-----LNSL-----SDEDKTELVKFHVLPALI-SSSQFQTVSNP-----VRTQA-GTG---PR-----VTLNVT-TTG-----N--FVNISS-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DSQFAIFY-----	:	127
PtFLA13	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTL-----SDGDKSELVKFHVVPTEFL-STSQFQTVSNP-----LGTWA-GTG---SR-----LPLNVT-SYP-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA47	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTL-----SDGDKSELVKFHVVPTEFL-STSQFQTVSNP-----LGTWA-GTG---SR-----LPLNVT-SYP-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA40	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTL-----SDGDKSELVKFHVVPTEFL-STSQFQTVSNP-----LGTWA-GTG---SR-----LPLNVT-SYP-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA28	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTL-----SDGDKSELVKFHVVPTEFL-STSQFQTVSNP-----LGTWA-GTG---NR-----LPLNVT-SYP-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA39	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTL-----SDGDKSELVKFHVVPTEFL-STSQFQTVSNP-----LGTWA-GTG---SR-----LPLNVT-SYP-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA50	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTL-----SDGDKSELVKFHVVPTEFL-STSQFQTVSNP-----LGTWA-GTG---SR-----LPLNVT-SYP-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA29	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTL-----SDGDKSELVKFHVVPTEFL-STSQFQTVSNP-----LGTWA-GTG---SR-----LPLNVT-SYP-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA32/49	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTL-----RDGDKSELVKFHVVPTEFL-STSQFQTVSNP-----LGTWA-GTG---SR-----LPLNVT-SYP-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA45	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTL-----SDGDKSELVKFHVVPTEFL-STSQFQTVSNP-----LGTWA-GTG---SR-----LPLNVT-SYP-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA35	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTL-----SDGDKSELVKFHVVPTEFL-STSQFQTVSNP-----LGTWA-GTG---SR-----LPLNVT-SYP-----N--SVNITT-----GL-----TN--T-SISGTVYT-DNQLAIFY-----	:	127
PtFLA46	:	DNAFSSL-VAGA-----VGS-----NDREKLEFVQFHILPRFL-SISDFQTLNPN-----VKTLA-GSD--RK-----FPLTIT-TSD-----N--SVTVSS-----GL-----TK--T-SISNTIYT-DKQVAIYE-----	:	127
PtFLA3	:	DNAFNNL-KAGA-----LNGL-----NQREQVQLIQYHTLPKFY-TMSNLLLVSNP-----VPTQASGQD--GV-----WGLNFT-GQ-----SNQVNVST-----GL-----VE--V-QINNALRQ-DSPLAIFY-----	:	128
PtFLA15	:	DNAFNNL-KSGA-----LNGL-----SQQQVQLIQYHMLPKFY-SLSNLLLVSNP-----VPTQASGQE--GV-----WGLNFT-GQ-----SNQVNVST-----GL-----VE--V-QINNALRQ-DFPLAIFY-----	:	128

Type 2

PtFLA14	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTI-----SDGDKSELVKFHVIPTEL-STSQLQTVSNP-----LGTWA-RTG---SR-----LPLNVT-SYP-----N--SVNITT---GL---TN--T-SISGTVYT-DNQLAIYK-----	: 111
PtFLA48	:	DGAFSAIIKSGV-----LNSI-----TDHQKIELVQFHIIIPRIL-TTANFQTVSNP-----ITTILA-GSG---NR-----FALNVI-TTE-----N--MVNVTT---GL---TN--T-SVSAIVYT-DSQLAIYQ-----	: 128
PtFLA27	:	DGAFSAIIKSGV-----LNSI-----SDHQKIELVQFHIIIPRIL-TTANFQTVSNP-----ITTILA-GSG---SR-----FALNVI-TTE-----N--MVNVTS---GL---TN--T-SVSAIVYT-DSQLAIYQ-----	: 128
PtFLA43	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTI-----SDGDKSQLVKFHVIPTEL-STSQFQTVVG-----YHLTSQ-SYT-----N--SVNITT---GL---TN--T-SISGTVYT-DNQLAIYK-----	: 116
PtFLA33	:	DSAFSEL-KSGT-----LNTI-----SDGDKSELVKFHVVPNSY-LLPSSR-----PLSGTVYT-DNQLAIYK-----	: 91
PtFLA21	:	NGMNSPLS-----GKPNGEIKNVISGHVILDYY-DVAKLQKLQ---NKTAMLTITL-----	: 77
PtFLA26	:	NGSIDGLS-----GRPLDIAKRITSAHVILDYY-DQIKLSKLQ---KASTI-----	: 73
PtFLA4	:	ELEFVASS-----SPMLEKIVRLHIIPQR-ATYIELAALP---DKQRLRLTIL---P--DED---LKITKG-----VGVTQGLAI-----N-----G--VEIAAPEIFS-SKEFIIVHG-----	: 258
PtFLA44	:	EVSIF-SG-----SHGYISSVRFHIVPNHYLSTADLERLP---VGATLPITLE---R--GQA---LVVTSAGGLT--GFNTAVPMRI-----N-----Y--VRVKVPDVMR-NLKIVVHA-----	: 275
PtFLA24	:	-----	: -
SmoFLA1	:	-----	: -
SmoFLA2	:	-----	: -
SmoFLA3	:	DHAMD-HLTTEQ-----I-----NAPGGLEAITMYHVITEYQ-TEESLYNAVRR-FEKVKFLTILW---Q--PHT-----IHAK--E-----TDGTVQFGEGE-----SG--ALLYDHDIFT-DGHISIQGISKVL---	: 133
SmoFLA6	:	DDAFKAL-PPNA-----LAEL-----SQAQKIALIQFHAIATYF-TMGSLRSV---A-TPLPTVASSRI--GG-----FELNVS-TAG-----GKGVSVFVT---GL---NR--A-DVTDTELD-TPPVAVYA-----	: 288
SmoFLA7	:	DEAFQGL-PNGT-----MAAL-----SPSQASSLMAYHTLPAYT-SSGSLQRQ---N-SLVQTVASNGD--NQK---FLIQVA-PSG---GNSGGVSLST---GV---DT--A-DVSTIYD-QPPTAAYS-----	: 296
SmoFLA8	:	DSAFQNL-PSGS-----LAAL-----TQSQRQLIVRYHLPSFF-TFGSLRTL---K-APLITILATSN---RN---FEVNAS-GE-----GPSGGLAIAIAT---GV---ST--A-NVIATILLE-DDPVGVYA-----	: 294
SmoFLA9	:	DRAVA-RLAAEH-----I-----GAIESITAYHIVAEYQ-TEESLYTL-----	: 281
SmoFLA4	:	NNTLLNDFIYDM-----GK-HPSEEKLADIVRYHISDFYI-ESEFLAVRR---NFSSPIKTLIFRERP-YEETLHFRWLQLNVND-NH-----GVATILSRPPHQSP---PL--ATILRNVVQE-PFSITIVYA-----	: 138
SmoFLA5	:	DSVLDPIILDQLA-----Q-SVTGQQIADIVRYHVILEYE-GINDLRSLP---NKSCLFTTLFQTTG-RASNN-AGFVNITDD-PN-----GGVSVGWPPSSSTV---FS--SEILGTVKEL-PFNVSIVD-----	: 136
BdiFLA23	:	DEAFMA-RLTTDQ-----I-----SEPGSPENIIVYHMIPEYQ-TEESMYNAVRR-FGKVRYDILR---L--PHK-----VVAR--E-----ADGSVKFGQGE-----GS--AYLFDPDIYT-DGRISVQG-----	: 350
BdiFLA22	:	DEAFMA-RLTTDQ-----I-----SEPGSPENIIVYHMVPEYQ-TEESMYNAVRR-FGTVRYDILR---L--PQK-----VTAR--E-----ADGSVKFGHGE-----GS--AYLFDPDIYT-DGRISVQG-----	: 351
BdiFLA9	:	DAFVASF--MPK-----YKNL-----TAKAKTATILYHAVPDYY-SLQLLTSN---SGK-VSTLATSSV-AKKD---YSFDVS-KD-----GETAALDT---KV---IT--A-SVTATVKD-DDPLAVYA-----	: 99
BdiFLA1	:	DAAFEDL-PSGT-----MNGI-----SSQDQIQMMLYCVLPRFY-SLSMLGTLNGK---VSTQASGSD---GP---YEYKIK-PSG-----SNVNVST---GV---KGNNM-LISTIVSK-EFPLAVYS-----	: 100
BdiFLA2	:	-----	: -
BdiFLA20	:	DDAFAG-GLPD-----A-----AGRLQSLPADRKAVIVRFHVHSYY-PLGSLESI---VNPVQPTLATECT-EAGR---FTLNIT-RS-----NGSV-AIDT---GV---VQ--A-SITRTVFD-QNPVAVFA-----	: 305
BdiFLA10	:	DDAFASL-PAG-----P-----GDRLQSLPAERKAVIVRYHVHSYY-PLGSLESI---VNPLQPTLATEFSSQAGR---FTLNIT-RA-----NGSV-AIDT---GV---VQ--A-TITRTVFD-QNPVAVFA-----	: 132
BdiFLA11	:	DSAFALKKSTF-----SNL-----TSDQLKMLIMYHALPEFY-SLAQFRNL---S-V--LNPVN-TFA--GAP---YTLNLT-DD-----MGTISVKS---MW---SK--P-TISSSVYA-TDPVAVYS-----	: 127
BdiFLA3	:	DDAFQAK-GLPD-----LSKL-----TSANLVTILEYHALPQYA-PKASLKT---KGG-IPTLASTGS-G--K---YDLSVV-TK-----GDDVSMAT---GM---DK--S-RVASTVLD-DTPVAVHT-----	: 125
BdiFLA12	:	DSAFSSLRATTF-----ANL-----TGEELKSILVLYHALPKYY-SLAEFNKL---S-S--LNPVP-TFA--GSQ---YTLNLT-DN-----MGSIRVKS---MW---SN--P-KISSSVYS-TRPVAVYE-----	: 130
BdiFLA8	:	DNAFNNL-KPGT-----LNSL-----TQQQVALVQGHVLPQFY-SMESFQTASNP---VRITQASGQD---GP---FTLNIT-ATA-----N-NQVNVSS--GV---SE--V-TVNNALSD-KKPLAVYS-----	: 131
BdiFLA13	:	DNAFDSL-KAGT-----LNSL-----SQEQQVSLVQAHIIPAFF-SMESFETASNP---VRITQASGAD---GP---YTVNVT-ATS-----N-GQVNVST--GL---VS--T-MVGTALRK-EKPLAVYS-----	: 129
BdiFLA4	:	DDAFAAIEPSVL-----SGL-----KKHQVKSIMYHALARHY-ALKEFDAL---S-R--VSPVT-TFA--GGL---YTVNVT-YD-----AGAIRVVS--SW---AD--A-KVVRPVYE-MPPMAVYE-----	: 127
BdiFLA14	:	DNAFSAL-KSGT-----LNAL-----SDAQKTSILVQFHVSQLI-PM AQFDTASNP---LRITQAGETR--PGK---YPLNVT-ADG---Q--QVNIST--GV---VN--A-SVSGTVYT-GDRLVIVYQ-----	: 131
BdiFLA15	:	DNAFTSL-ASGT-----LNSL-----SDSQKNSILVQFHVSTAV-PM SQFDTVSNP---LRITQAGESS--PGE---YPLNVT-ATG---Q--QVNIST--GV---VN--A-TVNTLFT-GDQLVIVYQ-----	: 132
BdiFLA16	:	DSAFAAVDSAAL-----SNL-----TADRLRSLMLHHAAPKYY-PLSVFSAL---A---ASST-PVS--MFA---YSVNVT-DK-----AGKTGVVS--GW---AA--A-KLVSSVYS-TRPVAVYA-----	: 129
BdiFLA17	:	DGAVKSF--LPR-----YKNL-----TAAGKAALILSHAVPVYY-TRALKSN---NGV-MNTLATDGG-A-GN---FNLTVQ-NV-----GDQVSVKT---AG-KGKGA--A-RVESTVYD-KEPVAVYG-----	: 129
BdiFLA21.1	:	NTDIPKVIH-----TLPRPLLADILALHVIPDYLDPEKLDALRR--GRTG-----DGS-----	: 77
BdiFLA21.2	:	NTLADSLRGLR-----HLPEPALVDLIALHVLDYL-DPEKLDALRR--GRTG-----GGSIV-T-----GGSIV-T-----	: 83
BdiFLA5	:	DDAFVAKAGTPD-----VGKM-----EKDDLVRILMYHAVPAYE-PKPSLKLKVA--GARP-LRITLASTAA-G--E---YNVTVV-AR-----GDDVSLDT---GV---RK--S-RVAATVLD-EVPLCVLT-----	: 130
BdiFLA18	:	DAFVRAF--MPR-----YKNL-----TADGKASLILFHAVPVYY-SPGSLKSN---NGV-MNTLATDGA-S-KN---FNFTLQ-NE-----GEAVAIKT---GASPGGGV--A-RVEATVMD-RDPVAVYR-----	: 130
BdiFLA6	:	NAAVAQLKA--R-----RLAPESLAHVILSLHVLDYF-DDARIRHL-----	: 69
BdiFLA19	:	NADVDWLLRRSS-----RLPRAALVELLAVHVLDYI-DAAKL-----	: 68
BdiFLA7	:	DKFAGAIT-----ALPADTQKKVIAVHVILDYY-----	: 60
MpoFLA6	:	DEAFNKL-PGQW-----FEAF-----ELKEQKLILEYHALTRYN-SDLALWRY---RDKQVPTVSSTVQ--EGP---DAFNLL-VTA-----NKGLV-TIHSS-TPDK---PV--A-TLQSTLFD-ASPLVIVYS-----	: 294
MpoFLA1	:	NAAIQGLV---NVLN-----ASGLTIA---NVTGN-NKAASIVLYHVATLVA-TSTQLVNDQS---LPTILY--G-GY-N---LTVDRN--A---T--NVEIDGGA-DT-----Q--A-TVVTDPDVR-VCGSVVHI-----	: 128
MpoFLA14	:	DKAWSGALTEEH-----I-----SSQTALEDILHYHIITEYQ-TEESLYSTLRR-MGKTHFSTLR---V--PHK---LAAH--E---VDGQVVFEGED-----DA--AGVFDHDIIFA-DGRISIQGIDRVMIP--	: 358
MpoFLA4	:	-----	: -
MpoFLA7	:	DSAFNAL-KSGS-----IQTL-----SPGKQKLILQYHALTQYY-TMNFLSM---VDAPVQTVSSTVG--GGY---L-MNIT-SK-----ASTV-TIKT---GV---GN--A-TVGEVLYN-ANPVTIVYA-----	: 286
MpoFLA2	:	NAAFEELL---QVLN-----SSGLTLD---DVTAPESNKAASILLYHVVPVAA-LSTQLSDMQV---LPTLL---GK-N---LTVSLM--G---G--MVNIIA-Q-ES-----N--A-TVVTADVT-VCGSVVHI-----	: 127
MpoFLA3	:	NAAFEELL---QVLN-----SSGLTLD---DVTAPESNKAASILLYHVVPVAA-LSTQLSDMQV---LPTLL---GK-N---LTVSLM--G---G--MVNIIA-Q-ES-----N--A-TVVTADVT-VCGSVVHI-----	: 127
MpoFLA5	:	-----	: -
MpoFLA8	:	DSAFNSL-ATGS-----IQTL-----SLSEQKLILEYHALDGYE-SLDSLETM---LNKPTKTILASADA--AGY---I-LNVS-ATP-----GQSTV-RLRT---GV---SV--A-TVLEIITYD-ANPVTIVYA-----	: 287
MpoFLA9/10	:	DSAFNGL-TSAS-----LQAL-----SVTDLKLILMQYHALTSYQ-PLDILQNM---VDSPVSTIASTIA--SGY---L-LNVS-SA-----VMTV-TLHT---GV---ND--A-KIETLYD-ARPVTIVFG-----	: 286
MpoFLA11	:	DSAFNSL-ASGS-----IQGL-----SVSDLKLILMQYHALTSYQ-PLSVLQNM---VNSPVSTIASTIA--SGY---L-LNVS-SA-----AKTV-TLHT---GV---SV--A-TIQETLYD-ATPTTVFG-----	: 286
MpoFLA12	:	DSAFNSL-ASGS-----IQGL-----SVSDLKLILMQYHALTSYQ-PLSVLQNM---VNSPVSTIASTIA--SGY---L-LNVS-SA-----AKTV-TLHT---GV---SV--A-TIQETLYD-ATPTTVFG-----	: 286
MpoFLA13	:	DAAFAAPAGAL-----A-ALTPDQAKQVIRAHAVTYYY-PLGTLSTM-----AEIVQ---G--T-L---LRFRDG-----RVVDRDPS-RR-----N--P-RPDPRNVF-TQNGWVHV-----	: 237
CcrFLA1.1	:	NAAFAALTNKLSPGAGVDAADPEGILFALMGALPGP---LPGRSPGEVLTTILSYHLAFAA-PQLELNDGT---AEIVQ---G--D-A---LRFADG-----LVIDADES-RE-----N--P-VADPRNFF-PQNGWVHV-----	: 144
CcrFLA1.2	:	DEAFALANQLVPGADLNPAKDCAVVEALVSAIAPLA---DVEAAANSTIESILGYHALPFAA-PQLELDMSS---AEIVQ---G--D-A---LRFADG-----LVIDADES-RE-----N--P-VADPRNFF-PQNGWVHV-----	: 145
CcrFLA1.3	:	DEAFTNLANTLVPDANLEASDKDAVVEALVTAIAPLA---DVEAAGGATIESILLYHAGMAA-PLGKLEEMKT---AKTLQ---G--G-V---LSFNSG---SVTDDDP-RE-----D--A-VVDPRNIF-TQNGWVHV-----	: 130
CcrFLA1.4	:	DEAFTNLANTLAPDANLEASDKDAVVEALVTAIAPLA---DVEAAGGATIESILLYHTLGEAS-PIQLEKSDT---LTTIQ---G--D-S---ISVADG-----KVTDGDDS-RD-----D--A-AISTPNIF-LQNGWVHV-----	: 129
CbrFLA1	:	NAAFARLPGQL-----DTIKADEALLYEFLGYHFADGEY-PKADLLAAT---AKSTSGTVSVPTQG-----GSYVSFSSV-GD-----V-IKVDGS--TSV---TE--A---DFLVDS-PNKAVAHV-----	: 125
CbrFLA2	:	NAAFSTALSE--E-----VITCL---QKEPGA-TLASEFKY-----	: 66
CbrFLA3	:	NGAFDALGAV-----YTECM---LKRPGMDDLPLIVRFHVAT-GNFVNAQLMTMSS---VQSFL---G-LP---IPLTH-AAAG-----GLVLD---G-----Q--ATVTGPDVKI-AVNATVHT-----	: 123
CbrFLA4	:	NSAFDKLGSSL-----VDCLLSDS-----SSGLLDIILLNHIFEGGH-PSKSLTD-GQK---LLTVA---N-TT---AEIAV---N--E---TGAF---IE---G--AKIVPDLFL-TGESAVHG-----	: 123
CbrFLA7	:	NGAFAMLSPE-----VKQCL---DTQSGKIDVLTQIMLFHLAVGGNYTAELKTISR---LTAAS--G-MP---IDLMT-LGDG---TIMVE---G-----T--ARVVPDAIT-GVNATVHI-----	: 125
CbrFLA9	:	NGAFAMLSPE-----VKQCL---DTQSGKIDVLTQIMLFHLAVGGNYTVaelKtISR---LTAAS--G-MP---IDLMT-LGDG---TIMVE---G-----T--ARVVPDAIT-GVNATVHI-----	: 125
CbrFLA11	:	EAFAVLSSAYPA-----QLACV---TTGGGIDNYLSQILKYHILPNGNFTASKLTKLTQ---VSTLI---G-LP---IQLEVTLPsg---PLKLD---M-----T--AEVVQADAI-F-ANGTVHV-----	: 128
CbrFLA15	:	DAFVSDQIQRLG-----GCLA---AIPDVADLVMTSSLLYSAVPGHL-PM AEIRSRLNQSNGLRLPTLY---P-PN-E---VAVSSA-TSR---YPSTKMGVFDGA-QI---F--P-SGGFDVVT-APDVVQM-----	: 143
CbrFLA16.1	:	NDVIEALNVGD-----TKFLTDPK-----NVELLKRLVVFYHFNSKI-LAVNLTA-GRS---LRSLE---G-EN---LIVEV---E---D---GTTF---VQ---G--AGITAADDII-REDGVVHG-----	: 117
CbrFLA16.2	:	NQGMSSSVE-M-----AQLLTNA---TARNDILLYHLAGRY-TFSWLKEHPGV---YDNFT---G-FE---I--VV--SGG---G---TEFVGNA-AS-----L--GQIVTPDLIA-NPKIVVHG-----	: 94
CbrFLA16.3	:	NEAITNFMLAY-----AALLSDN---AKLDEVIKFHVINGSY-SALFLRTNPGD---YGG-----N---F--SVV-VQ---G---DSLRVGYs-LA-----L--GSVVAPDLIA-TSSITVHG-----	: 91

Type 2

CbrFLA16.4 : NEATITNFMVAN-----AAI LGDR-----AKLDEVIK FHV L NGSY-TASF LRKNPGD-----YGG-----N-----F--SVD-VQW---D----NSLMVGYS-SA-----R--GLV VAPDIYA-TSKIT L HG----- : 116
CbrFLA19 : NTAFSVFDPA-----VLDCL-----YSKPASLNVLSQITKYHI L V-GNHNATELIAMQT-----VHADS---G-LP-----LHFNL-TSRG-----RVRISDDD-GG-----E--AFMTRPDFRL-LINST L HV----- : 128
CbrFLA20.1 : NSAWDFLDPAM-----KDCI MAGD-----KLVDV VVKSH L I GKL-TAEMISNVPR-----VENI Y--R-FW-----L--NVT-TDD---I----TNLT---S-VN-----N--VEI I RPD VYM-FPTKV L HG----- : 102
CbrFLA22 : DDSITKLDPE-----LWTCV-----TTGQGPLDILSQITLYHF V TDGNFTAAEVATKRH-----LTSAS---G-MP-----LG V KV-V-NG-----NVMLE---D-----Y--API TEPNALR-TSNAT V HL----- : 122
CbrFLA23 : DDSFMKLDPE-----LWRCA-----TTGQGPLDVLSQITMLYHF V TSGNFTAAEVATKTQ-----LTSAS---G-MP-----IDVKD-V-NG-----NVVLE---G-----Y--ASITGPDALK-SPNAT V HL----- : 121
CbrFLA24 : DDSFMKLDPE-----LWRCA-----TTGQGPLDVLSQITMLYHF V TSGNFTAAEVATKTQ-----LTSAS---G-MP-----IDVKD-V-NG-----NVVLE---G-----Y--AAITGPDALT-SPNAT V HL----- : 121

^aType 2

*
AtrFLA10 : -----IDKVI L FFP : 344
AtrFLA11 : -----IDKVI L QPK : 293
AtrFLA5 : -----IF----- : 90
AtrFLA1 : ----- : -
AtrFLA2 : -----VPKVI L LP- : 135
AtrFLA7 : -----VDSVI L LP- : 134
AtrFLA3 : -----VDKVI L LP- : 138
AtrFLA8 : -----VDKVI L LP- : 135
AtrFLA9 : -----VDNVI L LP- : 131
AtrFLA4 : -----ISHVI L LP- : 128
AtrFLA6 : ----- : -
AtrFLA12 : -----I----- : 89
FLA16 : -----IDGVI L FPK : 358
FLA17 : -----IDGVI L FP- : 360
FLA15 : -----IDGVI L FPE : 354
FLA18 : -----IDGVI L FFP : 366
FLA1 : -----TDKVI L LPK : 292
FLA22 : ----- : -
FLA20 : -----FNQMT----- : 281
FLA21 : -----ISHT L EIP : 269
FLA19 : -----IADLT L PL- : 99
FLA4 : -----VSKVI L LP- : 315
FLA10 : -----VDNVI L LP- : 132
FLA8 : -----VDNVI L LP- : 132
FLA11 : -----VDQVI L LP- : 137
FLA12 : -----VDKVI L LP- : 136
FLA7 : -----VNRVI L LP- : 134
FLA9 : -----VDMVI L LP- : 136
FLA6 : -----VDSVI L LP- : 138
FLA13 : -----VDMVI L LP- : 137
FLA14 : ----- : -
FLA3 : ----- : -
FLA5 : ----- : -
FLA2 : -----IDKVI L LPR : 293
CreFLA11.1 : -----VDTVI L VP- : 107
CreFLA11.4 : -----LDGVI L V-- : 129
CreFLA1 : -----INKVI L LP- : 131
CreFLA10.2 : -----VDRVI L --- : 145
CreFLA9 : ----- : -
CreFLA8.1 : -----VDKVI L LP- : 131
EgrFLA9 : -----IDGVI L FFP : 365
EgrFLA5 : -----IDGVI L FP- : 362
EgrFLA10 : -----IDKVI L LP- : 294
EgrFLA11 : -----IDKVI L MPK : 294
EgrFLA16 : -----VLDVI L --- : 252
EgrFLA14 : -----ILDVI L --- : 241
EgrFLA15 : ----- : -
EgrFLA19 : ----- : -
EgrFLA4 : -----VSRVI L LP- : 137
EgrFLA12 : -----IDKVI L QP- : 292
EgrFLA8 : -----VDHVI L LP- : 134
EgrFLA7 : -----IDKVI L LP- : 134
EgrFLA13 : ----- : -
EgrFLA6 : -----VDKVI L LP- : 131
EgrFLA1b : -----VDKVI L LP- : 136
EgrFLA3b : -----VDQVI L LP- : 122
EgrFLA2b : ----- : -
EgrFLA17 : ----- : -
EgrFLA20 : ----- : -
OsaFLA17 : -----IDAVI L FFP : 351
OsaFLA24 : -----IDAVI L FFP : 358
OsaFLA16 : -----IDAVI L FFP : 358

Type 2

OsaFLA4	:	-----	VDTVLEP	:	107
OsaFLA23	:	-----	IDAVIMPL	:	94
OsaFLA12	:	-----	VSKVLLP	:	304
OsaFLA1	:	-----	VDSVLLP	:	132
OsaFLA5	:	-----	VDRVLLP	:	135
OsaFLA8	:	-----	VDKVLLP	:	136
OsaFLA27	:	-----	LNKVLLP	:	134
OsaFLA26	:	-----	VSKVLLP	:	135
OsaFLA7	:	-----	VDKVLLP	:	138
OsaFLA14	:	-----	LDTVLLP	:	134
OsaFLA2	:	-----	VDNLMP	:	136
OsaFLA11	:	-----	VTKEFKP	:	294
OsaFLA9	:	-----	VDKVLLP	:	139
OsaFLA3	:	-----	TSKEFQOP	:	132
OsaFLA18	:	-----	VDKVLLP	:	136
OsaFLA13	:	-----	LNRVLLP	:	139
OsaFLA15	:	-----	LDVAVLLP	:	138
OsaFLA19	:	-----		:	-
OsaFLA10	:	-----	VDAVLEP	:	135
OsaFLA6	:	-----	VDKVPLP	:	135
OsaFLA25	:	-----		:	-
OsaFLA20	:	-----		:	-
OsaFLA28	:	-----		:	-
PabFLA22	:	-----	IDKVLEFP	:	354
PabFLA9	:	ISVQGI	IDKVLFPP	:	120
PabFLA1	:	-----		:	-
PabFLA2	:	-----		:	-
PabFLA3	:	-----		:	-
PabFLA4	:	-----		:	-
PabFLA17	:	-----		:	-
PabFLA15	:	-----	VPRVLLP	:	305
PabFLA5	:	-----	VPKVLLP	:	146
PabFLA20	:	-----		:	-
PabFLA21	:	-----	VDKLEFKP	:	291
PabFLA16	:	-----	ISGVLLP	:	292
PabFLA10	:	-----	VGKVLLP	:	136
PabFLA6	:	-----	VDKVLEP	:	135
PabFLA11	:	-----	IDKVLEFKP	:	124
PabFLA18	:	-----	IVRPFL	:	313
PabFLA7	:	-----		:	-
PabFLA19	:	-----		:	-
PabFLA12	:	-----	VNKVLLP	:	114
PabFLA13	:	-----	VDKVLLP	:	84
PabFLA8	:	-----	VDKVLEFKP	:	92
PabFLA14	:	-----	MGKVLLP	:	125
PabFLA23	:	-----	IDRVLE	:	99
PabFLA24	:	-----		:	-
PpaFLA10	:	-----	VLTTPP	:	374
PpaFLA11	:	-----	VLSPP	:	361
PpaFLA6	:	-----		:	-
PpaFLA7	:	-----		:	-
PpaFLA8	:	-----		:	-
PpaFLA9	:	-----		:	-
PpaFLA1	:	-----	VNTVLLP	:	141
PpaFLA2	:	-----	VNNVLLP	:	141
PpaFLA3	:	-----		:	-
PpaFLA4	:	-----		:	-
PpaFLA5	:	-----		:	-
PpaFLA12	:	-----		:	-
PtFLA1	:	-----	IDGVLFPL	:	358
PtFLA19	:	-----	IDGVLFPL	:	357
PtFLA6	:	-----	IDGVLFPE	:	362
PtFLA8	:	-----	IDGVLFPE	:	362
PtFLA5	:	-----	IDKVLLP	:	293
PtFLA22	:	-----	IDKVLLP	:	293
PtFLA42	:	-----	LNQLLTTPP	:	260
PtFLA51	:	-----		:	-
PtFLA52	:	-----		:	-
PtFLA37	:	-----	LDGILE	:	105
PtFLA17	:	-----	VDNVLLP	:	132
PtFLA53	:	-----		:	-

Type 2		
PtFLA41	: -----	: -
PtFLA38	: -----VSKVLP-	: 307
PtFLA30	: -----VSKVLP-	: 307
PtFLA20	: -----VDKVLP-	: 134
PtFLA23	: -----VDKVLP-	: 134
PtFLA18	: -----VDKVLP-	: 135
PtFLA10	: -----VDKVLP-	: 134
PtFLA16	: -----INKVLP-	: 291
PtFLA34	: -----IDKVLP-	: 134
PtFLA9	: -----VDQVLP-	: 136
PtFLA12	: -----VDKVLP-	: 135
PtFLA7	: -----VDQVLP-	: 136
PtFLA2	: -----LDKVLP-	: 134
PtFLA13	: -----IEKVLP-	: 134
PtFLA47	: -----IEKVLP-	: 134
PtFLA40	: -----IEKVLP-	: 134
PtFLA28	: -----IEKVLP-	: 134
PtFLA39	: -----IEKVLP-	: 134
PtFLA50	: -----IEKVLP-	: 134
PtFLA29	: -----IEKVLP-	: 134
PtFLA32/49	: -----IEKVLP-	: 134
PtFLA45	: -----IEKVLP-	: 134
PtFLA35	: -----IEKVLP-	: 134
PtFLA46	: -----VDKVLVP-	: 134
PtFLA3	: -----VDKVLP-	: 135
PtFLA15	: -----VDKVLP-	: 135
PtFLA14	: -----IEKVLP-	: 118
PtFLA48	: -----VDKVLP-	: 135
PtFLA27	: -----VDKVLP-	: 135
PtFLA43	: -----IEKVLP-	: 123
PtFLA33	: -----IEKVLP-	: 98
PtFLA21	: -----	: -
PtFLA26	: -----	: -
PtFLA4	: -----I-----	: 259
PtFLA44	: -----V-----	: 276
PtFLA24	: -----	: -
SmoFLA1	: -----	: -
SmoFLA2	: -----	: -
SmoFLA3	: -----	: -
SmoFLA6	: -----VNRVLP-	: 295
SmoFLA7	: -----VNRVLP-	: 303
SmoFLA8	: -----IDAVLP-	: 301
SmoFLA9	: -----	: -
SmoFLA4	: -----IDRVLP-	: 145
SmoFLA5	: -----VSRVLP-	: 143
BdiFLA23	: -----IDAVLLPE	: 358
BdiFLA22	: -----IDAVLFPP	: 359
BdiFLA9	: -----VSKFLQPK	: 107
BdiFLA1	: -----VDKVLPL-	: 107
BdiFLA2	: -----	: -
BdiFLA20	: -----VSKVLP-	: 312
BdiFLA10	: -----VSKVLP-	: 139
BdiFLA11	: -----LNKVLP-	: 134
BdiFLA3	: -----VDSVLP-	: 132
BdiFLA12	: -----VDKVLP-	: 137
BdiFLA8	: -----VDKVLP-	: 138
BdiFLA13	: -----VDKVLP-	: 136
BdiFLA4	: -----IDRVLP-	: 134
BdiFLA14	: -----VDKVLP-	: 138
BdiFLA15	: -----VNQVLP-	: 139
BdiFLA16	: -----LDRVLP-	: 136
BdiFLA17	: -----VDAVLP-	: 136
BdiFLA21.1	: -----	: -
BdiFLA21.2	: -----	: -
BdiFLA5	: -----VDSLIMP-	: 137
BdiFLA18	: -----LDAVVEP-	: 137
BdiFLA6	: -----	: -
BdiFLA19	: -----	: -
BdiFLA7	: -----	: -
MpoFLA6	: -----IDEVLP-	: 301
MpoFLA1	: -----VNAVLP-	: 135

Type 2			
MpoFLA14	:	-----	: -
MpoFLA4	:	-----	: -
MpoFLA7	:	-----IDKVLFP-	: 293
MpoFLA2	:	-----INHVLIP-	: 134
MpoFLA3	:	-----INHVLIP-	: 134
MpoFLA5	:	-----	: -
MpoFLA8	:	-----IDEVLFP-	: 294
MpoFLA9/10	:	-----IDAVLFP-	: 293
MpoFLA11	:	-----IDQVLFP-	: 293
MpoFLA12	:	-----IDQVLFP-	: 293
MpoFLA13	:	-----	: -
CcrFLA1.1	:	-----IDTVLFP-	: 151
CcrFLA1.2	:	-----IDLVLFP-	: 152
CcrFLA1.3	:	-----IDSVLFP-	: 137
CcrFLA1.4	:	-----VDSVLFP-	: 136
CbrFLA1	:	-----IASVLL--	: 131
CbrFLA2	:	-----	: -
CbrFLA3	:	-----IDTVMVP-	: 130
CbrFLA4	:	-----IDQIIM--	: 129
CbrFLA7	:	-----INDIIFP-	: 132
CbrFLA9	:	-----INDIIFP-	: 132
CbrFLA11	:	-----IDSVLIP-	: 135
CbrFLA15	:	-----VDTLLIP-	: 150
CbrFLA16.1	:	-----IDSIIFP-	: 124
CbrFLA16.2	:	-----INKVLLPP	: 102
CbrFLA16.3	:	-----VDTVLLP-	: 98
CbrFLA16.4	:	-----VDRVLP-	: 123
CbrFLA19	:	-----IDTVMIP-	: 135
CbrFLA20.1	:	-----FSRIMLP-	: 109
CbrFLA22	:	-----IGELLVP-	: 129
CbrFLA23	:	-----IGELLVPE	: 129
CbrFLA24	:	-----IGELLVP-	: 128