

Supplementary File 2: Phylogenetic reconstruction of odorant binding proteins

We used the alignment of the OBP gene family published by [59] (their Supplementary File 5), which is based on the OBP gene sequences found in the fly *Drosophila melanogaster*, a number of moth species, and the butterfly species *Danaus plexippus* and *Heliconius melpomene*. We completed [59] OBP amino acid fasta file with:

- i) our 47 Bany_OBP contigs, and with the OBP sequences we found in the butterflies
- ii) *Papilio polytes* and
- iii) *Melitaea cinxia*.

To do so, we mined the genome of *P. polytes* (website <http://papilio.bio.titech.ac.jp/>, accessed on May 23 2015) and *M. cinxia* (website: http://metazoa.ensembl.org/Melitaea_cinxia/Info/Index, accessed on May 23 2015) using the keywords “odorant binding protein” and found 9 annotated Ppol_OBP and Mcin_OBP genes.

We aligned the additional butterfly OBP sequences using Mafft V7 (website: <http://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>) using G-INS-i reconstruction method (which gave the same OBP tree as in Vogt et al 2015 when only their OBP sequences were used), leave gappy regions, gap opening penalty of 3.0 and offset value of 1.0.

We failed to improve the alignments, on which the quality of the phylogenetic reconstructions depend, using the tools *Prank* (website: <http://www.ebi.ac.uk/goldman-srv/cgi-bin/>), *Gblocks* (website: <http://molevol.cmima.csic.es/>) or *Guidance* (website: <http://guidance.tau.ac.il/>). Hence, the alignments were manually curated to remove highly divergent regions and we excluded the OBP sequences (DpleOBP22, Bany-CN33, Bany-cn15 and MsexOBP26) because they produced huge gaps in the alignments. Given that large portions of the OBP amino acid matrix still showed gaps in alignments between OBP sequences from different species, we next used *Phyutility* to cutoff amino acid sites without enough information [94]. After removing sites where either 30% or 50% or more of the sequences provided no information, 165 and 147 amino acid characters, respectively, remained in our dataset. Having 147 or 165 amino acid positions to sort the relationships between 383 OBP sequences is not statistically sound. We, therefore, removed all OBP sequences from *Drosophila melanogaster* and several moth species present in [59]’s original OBP dataset. The final dataset used for our phylogenetic reconstructions contained 281 OBP sequences listed in the table below:

Species	Number of OBP ORF	Origin of OBP amino acid sequences
<i>Manduca sexta</i>	49	[59] Suppl file 5
<i>Bombyx mori</i>	44	[59] Suppl file 5

<i>Other moths</i>	27	[59] Suppl file 5
<i>Bicyclus anynana</i>	47	This ms
<i>Heliconius melpomene</i>	51	[59] Suppl file 5
<i>Danaus plexippus</i>	32	[59] Suppl file 5
<i>Melitea cinxia</i>	32	http://metazoa.ensembl.org/Melitaea_cinxia/Search/
<i>Papilio polytes</i>	9	http://papilio.bio.titech.ac.jp/

We ran Phyutility again on this final aligned amino acid dataset of 281 OBP sequences, for a cutoff of 10%, leaving 229 amino acid sites in the dataset. The fasta file is available below.

Phylogenetic reconstructions were carried using maximum likelihood using the “LG+I+G” substitution model and 100 BT. Rate heterogeneity was set at four categories, and the gamma distribution parameter and the proportion of invariable sites were estimated from the data set. Tree reconstruction was performed using PhyML 3.0 [56], with both SPR (Subtree Pruning and Regrafting) and NNI (Nearest Neighbour Interchange) methods for tree topology improvement. Images were created using Evolview (website: <http://www.evolgenius.info/evolview/>).

94. Smith, S.A.; Dunn, C.W. Phyutility: A Phyloinformatics Tool for Trees, Alignments and Molecular Data. *Bioinformatics* **2008**, *24*, 715–716, doi:10.1093/bioinformatics/btm619.

Fasta OBP aligned amino acid sequences used for phylogenetic reconstructions:

>Msex-GOBP1_MsexOBP5_Msex207430_M73797_

-----MGQN-----
-----TR--SLV--LV-----VL
VGLVGA-V-----S--ADVQ-----VMKD-VTLGFGQ
ALEQCREES-----QLTE-E-----KM----E-EF-FHFWRED--F
--KFE-----HR-ELGCALQCMSRH--FNLL-----
-TD---S--S-R-----MHHENTDKFIKSFPNG----A-VLSKT--MVE-LIHNC-
----ELQ-----HDA---EE-D-----H---CWRILRVA-ECFKISCT
K---A-----

-----GIA----PSMEVMM
AEFIMETEN-----

-K-----

>Msex-GOBP2_MsexOBP6_Msex205759_M73798_AF323972_

V-V-AI-VV

YLA VGN-V-D-SSPD-VMKN-LCLNFGK

ALDECKAEM-NLSD-S-IK--D-DF-ANFWVEG-Y

--EVS---NR-DTGCAILCLS KK--LD MI-----

-DP--D-G-K-----LHH GNAMEFAKKHGAD---E-AMAKQ--LLD-IVHNC-

----ENS-----TPP---ND-D-----A--CLKT LDIA-KCFKKEIH

K---L-----

NWA-PNM DLVV

GEVLAE-----

V-----

Msex-PBP-B_PBP4_MsexOB P4_Msex205762_

MKEA-----

GVR-FKI-LL-----FL

IFPVVTGN-----F--KGKQ-----IMRS-VAETFGR

TVFECQNEV-----LMKFGS-----GI---LNDI-FRYWHEG--O

```
--PLE-----DR-DLGCFRCILLK--LELV-----
```

-ND---N--G-R-----LIDANADGFFQANGAD----E-SMTKH--LIE-LYHSC-

-----YQT-----MRF----PQDD-----CMLILEIG-KCCREGVR

N---A-----

-----HWT-----PGSK-----

>Msex-PBP-C PBP3 MsexOBP3 Msex205760-RE AF117580

-----MA-VIP--IF-----

-----T--V---LL-----MM

T-AVKE-I-----A---PSSD-----AMRH-ANGFLK

VLDQCKHEL-----GLTD-Q-----IV---V-DL-YQFWKLQ--Y
--ALL-----NR-DTGCAIICMSKK--LDLL-----
-DG---T--G-R-----MHHGNTQEFAVSHGAT---D-EVASK--VVV-IIRDC-
----EKQ-----QEG---EQ-D-----D---CVRVLEVA-KCFRTAIH
E---L-----

-----NWA---PNMEVVV
DELLTE-----

-----I-----

>Msex-PBP-D_PBP2_MsexOBP2_Msex205763_AF117588_

-----MV-STKW---CF-----
-----L-L---VT-----IA
VLTMEV-V-----S---ASQE-----VLKQ-MSVGFSK
VLQTCKTEL-----SVGD-H-----II---Q-DF-YNYWRED--Y

[illegible]

-DK---N--G-L-----FDVEATKEKSKKYISS-----EKDVTN--FDK-IIKDC-

-----TEV-----NQK---NVSD-----GNKGCDRAKELV-TCFLAKRG

D---F-----

-----SVF---TF-----

>Msex-ABP2_Msex200465_AF393491_note:samegenelocusasOBP12_

-----M-----DRKD-----

-----LCL--LII-----AF

IL---AD-----G---VDSM-----SKQQ-LKNSGKM

FKKQCMGKN-----KVTE-D-----EI---GEID-KGRF-----

---VE-----QQ-NVMCYIACIYQM--SQVV-----

-KN-----N-K-----LNYEASLKQIDIMYPP-----ELKDT--AKG-ALEAC-

-----KDI-----AKK---NKDL-----CEASFKTA-KCMYEYSP

K---D-----

-----FLFP-----

>Msex-ABP3_Msex209425_AF393488_

-----MQKQRGAMITA-----

-----TLH--VVF-----A-L

LGFVYGAK-----NKPV-----FSEE-IKEIIQT

VHDECVGKT-----GVSE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

---KE-----DV-KLKCYMFCLLEV--AGLA-----

-DE---D--G-T-----VDYDMLVSLIPE-----EYSER--ASK-MIFAC-

-----NHL-----DTP---EKDK-----CQRSFDVH-KCTYEKDP

E---F-----

-----YFLF-----

>Msex-ABP4_Msex200467_AF393490_

-----M-----FRYI-----

-----FCA--ICL-----IL

IL---FD-----A---SYAM-----SRQQ-LKNSGKM

MKKSCIPKN-----DVTE-D-----EV---GQIE-QGKF-----

---IE-----DR-RVMCYIACIYTM--TQVV-----

-KN-----N-K-----LSYDAIVKQVDMMFPP-----EMRTA--VKT-AAENC-

----KDI-----AKK---YKDI-----CEASYWTA-KCMYDFDS

K---N-----

-----FVFP-----

>Msex-ABP5_Msex207487_AF393498_

-----MCKPMYYVVFSI-----

-----IYL--SIVLAQK-----AD

NGNTKIAN-----V---QRND-----QGSM-DDVDVED

IMNQCNETF-----RIEM-A-----YL----Q-AL-NESGSFP---

---VE-----TDRTPKCFLLCVLDN--TGVM-----

-TK---D--G-D-----FDPERTAALFAGERAG-----KVMDG--IQD-MAAAC-

----ADR-----KEK-----C-----K---CEKSYNYL-KCLMTMEI

E---K-----

-----YAN---NN-----

>Msex-ABPX_Msex202108_AF117577_

-----MISS-----

-----LVH--VLT-----

---LLAA-----GVLA-----LDEE-QAELARM

VRENCVDEI-----GVDE-G-----LL----AKVD-DGADL-----

---MP-----DP-KLKCYLKCTMEM--AGMI-----

-SD-----G-V-----VDVEAVLGLLPD-----DVKLR--TTD-IVRAC-

----DTQ-----KGA-----DD-----CDTAFLTQ-TCWQQANR

A---D-----

-----YIFI-----

>Msex-OBP8_Msex213843_

-----MCKPMYCVVFSI-----

-----IYL--SIVAAQK-----AD

NGNTKIAN-----L---QSND-----QDSM-DNVDVED

IMNQCNETF-----RIEM-A-----YL----Q-AL-NESGSFP---

---DE-----TDRTPKCFLLCVLDN--TGVM-----

-MK---D--G-D-----FDPERTAVLFAGERAG-----KVMDG--IQD-MAAAC-

----ADR-----KEK-----C-----K--CEKSYNYL-KCLMTMEI

E---K-----

-----YAN---NN-----

>Msex-OBP9_Msex200460_

-----MYVL-----

-----KFF--ACI-----V

LIGCIKAK-----TLDD-LKNNYSE

MIVKCTSKY-----PITD-E-----DL---ELLK-TGDM-----

---GD-----KE-STKCLFACVYKK--TGMM-----

-DD---K--G-M-----LDVDQTNKIVQTYFSD---NSEELKK--GLA-YTEAC-

----KSV-----NDA---PVTD-----GDRGCDRAALLF-KCTTENLP

ALGGL-----

-----AVK---YCFFLEL

NDETIMPLA-----

>Msex-OBP10_Msex200461_Mad10HM167934_

-----MIRA-----

-----VVF--CCC-----MV

ALMPFSAN-----A--MTDE-----QKEK-IHEHF EK

LGLGCLKEN-----TITE-D-----DI---KDLR-AKKV-----

--PS-----GE-NAGCFLACMMKE--IGVL-----

-ND---E--G-M-----LEKGRAMELAKEVFDD-----AEELKK--IEE-YMHSC-

-----SSV-----NSE---SVGD-----GEKGCERAMLAY-KCMVENAS

K---F-----

-----GFD---IVTNILH

SKLILSYLNINLHSS-----

>Msex-OBP11_Msex200464_

-----MWKI-----

-----SYF--LFV-----FGV

AANLKHAY-----A---VTEE-----ERLM-LDSLMPK

KVLACVEEF-----GLKD-F-----SI---EDIR-KDHE-----

-----IDPCLLQCFLKK--AEVF-----

-VD-----G-M-----INLEKADETLREVIND-----EDEVEQ--IME-KGKEC-

---ADEA-----NGS---DVSG-----DDEDCARVAIFH-SCLREKNG

L---F-----

-----MAT---S-----

>Msex-OBP12_Msex200465_note:samegenelocusasABP2_

-----MPKHD-----

-----VTE--DQVGGIEQGKFLENRNV

CYIACVYS-----M---SQAM-----SKQQ-LKNSGKM

FKKQCMGKN-----KVTE-D-----EI---GEID-KGRF-----

---VE-----QQ-NVMCYIACIYQM--SQVV-----

-KN-----N-K-----LNYEASLKQIDIMYPP-----ELKDT--AKG-ALEAC-

----KDI-----AKK---NKDL-----CEASFKTA-KCMYEYSP

K---D-----

-----FLFP-----

>Msex-OBP13_Msex200468_

-----M--LFL-----VV

AKFFILLS-----L--GEAM-----TMKQ-IRNTGKM

MRKQCQPKN-----NVED-E-----KI---DPLG-KGVF-----

---IN-----EK-EVKCYMACIMKM--ANTI-----

-KN-----G-K-----INYEAMKQADLLLPE-----DIKEP--AKE-ALTSC-

----RKV-----ADS---HKDV-----CDAAFYIS-KCIYEYNP

D---I-----

-----FYF-----

>Msex-OBP14_Msex200463_

-----G---ITEK-----QRLH-IREELIE

IGTECHKN-----PITI-G-----DV---RSFR-NKQF-----

---PN-----GP-NAGCFIACVFNK--AGIMLGLEINNFTVQTQDALLRAYLIKQEL

FDD---E--G-L-----VSQKTATEKATKVFDD-----ETELKN--YEQ-FIAVC-

----DKV-----NEE---SVSD-----GQKGCERAKLAF-QCLIQNSK

Q---V-----

-----FIP---YNLLLS

R-----

>Msex-OBP15_Msex201454_

-----MRRK-----

-----LLN-----

-----I--KENP-----FTSV-VRKALIN

TARSCMVHV-----NATQ-E-----DL---E-YL-RKDP-----

---PF-----PE-KASCIVKCLEK--IGVV-----

-KN-----N-K-----YSKSGFMMVVTPLVFA---NKKKLDH--MKT-VSENC-

----ESE-----IVH---KESS-----P---CDAGNEVT-TCIFKYAP

E--L-----

-----HLR---G-----

>Msex-OBP23_Msex203518_

-----MYA-HDKLSDM

VAEQCLNEM-----YPKS-----KRIE---I-----

-----QESDEPCIIFCVLKK--FGIM-----

-ST---N--G-V-----INLEVFRKRVQNSHQH-----EQRNT--MND-IGSNC-

----LES-----AEA-TQHKQDV-----CKKAKVFN-DCTHLYRI

L---L-----

-----K-----

>Msex-OBP24_Msex203519_

-----MLVLKFLLC-----
-----ALT--SAL--AM-----KQ
HAPSGTMV-----D---FTDA-----KVQG-HLDALVR
MAQSCVIKV-----RATP-K-----DV---RAYF-TNSS-----
---PV-----SR-SGQCFAACMLEQ--SDVV-----
-NH-----G-K-----INRELLVHLASLVNGK---NSRVVRK--LNS-VSRLC-
----LDS-----IDG---MSDR-----CQLASTYN-DCLNENMI
E---F-----

-----AFP---LDIAEEA
VRKMPFHLIQPKNLPQEMRPANY-----

>Msex-OBP27_Msex208382_

-----MKRAKRRQPRQETNMFKIDF-----

-----QSL--MLF--LIFGA AFILVIAF

QPLSKEEH-----I--ERYN-----KMSE-DVEPFRK

NLTECARQV-----KASM-V-----DV---EHFL-KRIP-----

---QS-----TM-QGKCFVACILKR--NNII-----

- TK-----N-K-----VNVKNLLEANRAVYGD---DSEVLAR--LKT-AVKEC-

-----SEV-----VEG---VFEI-----CEYASVFN-DCMHMKME

H---L-----

-----LDR---MTMERRM

EALGQMTSNPDEWSDDDEMLKLVKDEL-----

>Msex-OBP29_Msex211541_

-----MMGVDAIHDPQTKIDKDTIITRNL-----
-----KLE--KKG--QAKTSVQNRKKDI
EREPDWSY-----Q---PIPP-----EVST-HVEQFKK
NMTECLKEV-----QAND-K-----RP----VKRL-SPKT-----
---ES-----PI-HGECLACVLKR--NGVI-----
-DN-----G-K-----INKNNLLTLVSKFYAK---DTKLMKK--LDK-NLEHC-
----IEI-----STR---NRDE-----CVLASQLN-ACTNDLMA
S---N-----

-----KHK----IIVNY--

>Msex-OBP_Y_Msex200466_

----MPKH-----DVTE-D-----QV---GGIE-QGKF-----

---LE-----NR-NVMCYIACVYSM--SQAV-----

-KN-----N-K-----IMYDNMIKQVDMMFPP-----DIKDA--VKD-SIENC-

----RPV-----AKK---YKDV-----CEAAFWTA-KCMYDYNP

A---N-----

-----FVFP-----

>Msex-ABP6_Msex203889_AF393499_

-----MKVTNGL-----
-----FLV--FLV--SV-----L
ACGIAASP-----K--KIYR-----IPPQ-SSEKIVE
EVLKCVQKM-----GLES-T-----VV---NLLK-EGKY-----
---TE-----DD-RVIETLMCSNQN--LGNV-----
-NG---D--G-K-----VNIDKVMNEIF-----SNKPE--IRS-ALVAC-
----EKD-----GGK-----SS-----LETFKNX-----

>Msex-ABP7_Msex203892_AF393500_

-----MKAL-----

-----LVL--AAC---LV-----
-----LAQA-----LTDE-QKEKLKK
HKSECLSET-----KVEE-Q-----LV---NKLK-AGDYK-----
--AE-----ND-NLK KYALCMMM K--SELM-----
-TK---E--G-K-----FKKDVALSKVPNP-----ADKPM--VEK-LIDTC-
----LAN-----KGN-----TP-----HQTAWNYV-KCYHEKDP
K---H-----

-----AIF---L-----

>Msex-OBP7_Msex203888_

-----MYFK-----
-----ILV--LCG--IL-----A

IKNGICDE-----R---RAVS-----FVPE-VADHITK
TIKYCMVKH-----DNDP-K-----II---ELVR-QGSY-----
---GV-----DE-PFKKFIHCAYYK--SGYA-----
-NE---D--G-H-----VLVNKVIKAFPK-----DAN---IEE-VTKKC-
----STI-----KGE-----DA-----EDTTYQFF-KCFELNAP

I---R-----

-----LAL---E-----

>Msex-OBP16_Msex201707_

-----METF-----

-----QFA--VFC-----V

AFYTFVVS-----S---PIKE-----FYPKRDVATLKK

---SE-----QP-SLKNWVLCILNK--MGLM-----

-----LST-----TAL-----PA-----PDIWKYV-HCLHVNDP

-----LFL--TLL-----

NIAACIKES-----GVKP-E-----IL---AEAK-KGNY-----

---SE-----DE-AMKKFLLCFFNK--SGIM-----

-NA---D--G-K-----LNLDVALANLPPG-----VDKNE--ATK-ALEEC-

----QHK-----NGK-----DA-----PDTAFTIF-KCYRAATK

T--Q-----

-----VLF-----

>Msex-OBP18_Msex202300_

-NGYRSSH-----Q---SPRR-----YKRE-RRVDNTG

QRSQYNPNT-----QRNSGY-----ED---TYRN-EEKNSSE---

--NNT-----NTDNKACALQCFLN--LQMT-----

-AQ---D--G-M-----PDKYLVTHAITKNVKN-----DDLQDF--LQE-SIDEC-

----FQI-----LEN---EDSDD-----K---CEFSKNLL-LCLSEKGK

A-----

-----NCD---DWKDDMH

F-----

>Msex-OBP21_Msex202698_

-----MIKQ-----

-----MCA--FLF-----ALSVI

CSVNLAAS-----K---SIYV-----FPPE-KAEMILE

NAIKCITES-----GLQT-F-----VG---QEIK-QGKY-----

---TD-----DE-RTL GALVCANEK--IGYS-----

-NE---S--G-R-----LNIDKIMIDLF-----PLKPE--IRS-DLEAC-

----NKD-----YGL-----DP-----VGTFKSFL-ICFRKRVP

F--R-----

-----VVL-----

>Msex-OBP22_Msex203248_

-----MSWL-----

-----HAV--VAL---AL-----AAS

AAPATTSC-----K--NCIA-----LGKE-EKAMFRA

HSDACLPQS-----GVEP-K-----VV---ESML-NGQL-----

---VE-----SA-ALRRHVYCVLMK--CKLV-----

-SK---E--G-K-----LMKNAMLGKMAMR-----SDGKN--ATK-VLEGC-

----ADQ-----TGD-----TP-----EDLAWNLF-RCGYDKKT

M--L-----

-----FDYMPTSGASSGDI

DNISK-----

>Msex-OBP30_Msex213730_

--MYINMDFRVKLVTRCLTLKRHSYCKMKIT-----

-----ASL--VFV--LL-----N

VVSIYGES-----K--EIYF-----FPKE-AAVTFLE

ATLKCIADS-----NYDS-S-----VI---DQIM-QGKY-----

---IE-----DD-KTVNALICACVA--TGFG-----

-YP---D--G-K-----VNVEKIMKESV-----PTRQD--LRP-FIEDC-

----NRE-----SGK-----TP-----AQTFRGIV-KCYREKLP

V---Q-----

-----LRFSN-----

>Msex-OBP31_Msex214143_

-----MQEV-----

-----EYA--DERRNVT-----DI

LKETDVPN-----S---TSFN-----DEGF-TTRNLED

AALDSTKIQ-----IIRK-Y-----ND---TDTI-SRRKKRS--E

PLFDK-----PD-TNQCLSQCVFAN--LQVV-----

-DS---R--G-I-----PRETELWNLVQSAVTS-----QQSRAA--LRD-QIRAC-

----FQE-----LQS---EAEDN-----G---CSYSNKLE-RCLMLRFA

D---R-----

-----KMD---EGNANEK

KADQ-----

>Msex-OBP32_Msex203893_

-----MLCMHHCKLTIFVTTINMQSY-----

-----LFL--TLV-----

-LAVVGIN-----A---DIVL-----LTDV-QKEQSNA

NIAACIKES-----GVKP-E-----IL---AEAK-KGNY-----

---SE-----DE-AMKEFLLCFFNK--TGIM-----

-NA---D--G-K-----LNLDVALANLPPG-----VDKNE--ATK-ALEEC-

----QHK-----NGK-----DA-----ADTAFTIF-KCYSAATK

T---Q-----

-----VLF-----

>Msex-OBP33_Msex203891_

-----MKAA-----

-----QNL--FGI--IL-----FSVF

AAVIAAST-----K--KIFH-----LSPE-SGEKLVE

GIIKCIAKL-----NFDP-S-----LI---NLIK-EGKY-----

---LE-----DE-RLIKAIICMNVD--SGVG-----

-TA---D--G-R-----LNVDVAVMERIF-----SNNAE--IRK-GLICC-

----EKE-----YDG-----TP-----VGNLRGTL-TCLKETLP

F--K-----

-----IRM-----

>Msex-OBP35_Msex214323_

-----MRTA-----

-----IFL--LLV-----SV

ISCYAAEE-----K--DTYY-----YPKA-PSEIFLN

AAKKCVEDL-----SYNS-S-----IM---DQIM-QGKY-----

---IE-----ED-KTLNVLICA AVN--TGYG-----

-NA---D--G-K-----LNVEKVVKELY-----PERQD--VWP-IIIEKC-

----NLE-----QVT----STP-----LETFKGIV-VCLKNNLP

F--K-----

-----IRFPM-----

>Msex-OBP36_Msex214586_

-----MKVT-----

-----ILV--ILI-----IG

VSCDAAFT-----K--PIYR-----FPPK-QSEMYVE

AVVKCVAKL-----GYDL-A-----IL---DQIR-QGKY-----

---TD-----DD-KSVEALVCANND--IGYG-----

-LP---N--G-Q-----LDADKTIQDLF-----PTKPE--IKS-VFDKC-

----DKD-----YGV-----DP-----AGNFKAFL-LCFKDEIP

F--K-----

-----VII-----

>Msex-OBP40_Msex214420_

-----MRAA-----

-----IFL--LLV-----SV

ISCYAAEE-----K---DTYY-----YPKA-PSEIFLN

AAKKCVEDL-----GYTS-S-----IM---DQIM-QGKY-----

--IE-----ED-KTLNVLICA AVN--TGYG-----

-NA---D--G-K-----LNVEKVVKELY-----PEKQD--VWP-IIIEKC-

----NLD-----QKT----STP-----SETFKGIV-VCLKTNLP

F---I-----

-----IRFPM-----

>Msex-OBP19_Msex202657_

-----MKLRTKWNGIYTS-----

-----SLK--IVF--IKYVPAKLPSLHL

MVISSQGP-----P---PFLKDIP-----EKCR-GPPPVE

KPHECCKVE-----PFFEAS-----DF----TECG-YKNSNED---

-VGFK-----RGPPDCSKQLCLMKK--YNLA-----

-KD-----D-Q-----VDFEALKKFLDDYAEK---YPAFKSA--VEK--AKEC-

----VKE-----DLP---GPP-----SVCLANRIVFCIGSVVM

---F-----

-----ECPAE--NWSETEG

CKTLKDHMTECKPFFQRQ-----

>Msex-OBP20_Msex202656_

-----MATD-----

-----KEGINADL-----

-----LRQD-RSKATLK

PISACCDIP-----ELGDAK-----PL---SECS-NP-----

-----KLPGPCKDVQCAFEK--SGFL-----

-TD--N--L-T-----LKKEVYKKHLRQWAKN---HDGWSDA--VEK-AISDC-

----VDK-----DLR---QYLD-----IPCKAYDVFTCTGIAML

---K-----

-----KCP-----DAAWK

C-----

>Msex-OBP25_Msex207317_

-----MQTLRETRPRCTAERFLIMFKI-----

-----VLI--CAF--GI-----AA

SNADAPGD-----PPKV-YCGEIPY

KIFECLGSP-----RIIK-P-----ES---SMKC-D-----

-----KSISECDKMRCIFRE--EGWM-----

-VN-----N-V-----VDKSKVGASFDQFGKD---NPDWAAA--IGA-AKTEC-

----LAQ-----ELP---AQGV-----F---IGCPAYDILHCTLTLTI

---R-----

-----NANPA--KWSSEE

CKYPRQYAGACPICPSNCFVPAIPTGSCNACLSLPRTP-----

>Msex-OBP28_Msex210958_

-----MYRL-----

-----ALL--LVL--SC-----VL

LVQAD-----D--EWMD-----FMQK-CGQLIHP

AGIRCCKKK-----YVST-----DL---TEDL-KECMQLP---

-----GKPPSCEIEICVAKK--RGFA-----

-SD---D--G-T-----INKAAFKALLSKMDDK-----DL--QAS-IVEDC-

----VDG-----DIS----EYGP-----D---DLCDLKRLHTCVALHLV

---V-----

-----DCP----EWSNEGA

CSGSADVAADCIKSMQ-----

>Msex-OBP34_Msex214192_

EQRCRNPP-----T--APQK-----IERV-ITLCQDE

IKLSILREALDVIKEEHTMFLITEALDVIKEE-----HT---MPAQ-RKRNKRE--V

PFTHD-----EKRIAGCLLQCVYRK--VKAV-----

-DG---F--G-F-----PTLEGLVGLYSDGVNE-----RGYFMA--VLE-ASREC-

LMKNHDKF-----SRT---TPMD-----NGRNCDISFDIF-ECISDRIG

E---Y-----

-----CGN-----AGL

>Bmor-GOBP1_OBP1_NM_001044031_

-----MW--KLV--VV-----LT
VNLLQG-A-----L---TDVY-----VMKD-VTLGFGQ
ALEQCREES-----QLTE-E-----KM---E-EF-FHFWNDD--F
--KFE-----HR-ELGCAIQCMSRH--FNLL-----
-TD---S--S-R-----MHHENTDKFIKSFPNG---E-ILSQK--MID-MIHTC-
----EKK-----FDS---EP-D-----H---CWRILRVA-ECFKDACN
K---S-----

-----GLA---PSMELIL
AEFIMESEAD-----

-----K-----

>Bmor-GOBP2_OBP2_NM_001044033_

-----MS-IQG--QI-----
-----A--L---AL-----MV
YMAVGS-V-----D---ASQE-----VMKN-LSLNFGK
ALDECKKEM-----TLTD-A-----IN----E-DF-YNFWKEG--Y
--EIK-----NR-ETGCAIMCLSTK--LNML-----
-DP--E--G-N-----LHHGNAMEFAKKHGAD---E-TMAQQ--LID-IVHGC-
----EKS-----TPA---ND-D-----K---CIWTLGVA-TCFKAEIH
K---L-----

-----NWA---PSMDVAV
GEILAE-----

-----V-----

>Bmor-PBP-A2_PBP2_OBP4_AM403100_

-----MK-----
-----L-Q---VV-----LV
VLTVM-V-----C--GSRD-----VMTN-LSIQFAK
PLEACKKEM-----GLTE-T-----VL---K-DF-YNFWIED--Y
--EFT-----DR-NTGCAILCMSKK--LELM-----
-DG---D--Y-N-----LHHGKAHEFARKHGAD----E-TMAKQ--LVD-LIHGC-
----SQS-----VAT---MP-D-----E---CERTLKVA-KCFIAEIH
K---L-----

-----KWA---PDVELLM
AEVLNEVSWKS-----

>Bmor-PBP-B_OBP5_Gongetal_2009_

-----MKQR-----
-----LRV--LLL-----RF
CILQTVLS-----E---SGVD-----VVKN-LSLSFAR
FFLECDEER-----HFQP-----EV---RLKV-MTFWYSE---
--SST-----WDRDVGCAFLCIFKK--MEID-----
-NP-----Q-D-----PSYRTHLELLSFANSE----DNKIANQ--MVE-IFYAC-
----GEN-----TET-----DP-----CLWALEQV-KCYKNRIN
Q---L-----

-----GLT----PTF-----

>Bmor-PBP-C_PBP3_OBP6_NM_001083626_

-----MA--RYN-----
-----I--V---VA-----VL
VLGVVG-A-----R--GSSE-----AMRH-IATGFIR
VLDECKQEL-----GLTD-H-----IL---T-DM-YHFWKLD--Y
--SMM-----TR-ETGCAIICMSKK--LDLI-----
-DG---D--G-K-----LHHGNAQAYALKHGAA---T-EVAAK--LVE-VIHGC-
----EKL-----HES---ID-D-----Q--CSRVLEVA-KCFRTGVH
E---L-----

-----HWA---PKLDVIV
GEVMTE-----

-----I-----

>Bmor-OBP7

-----AV-----TEEE-LKIEFTK
LVMKCTKDH-----PVDM-S-----EL---MQLQ-QLIA-----
---PK-----KT-ESKCLLACAYKL--NGVM-----
-TS---Q--G-L-----YNLEHAYKIAEMSKNG---DEKRLEN--GKK-VADIC-
----VKV-----NDV---EVSD-----GEKGCERAALIF-KCTLENAP
KVFKF-----

-----GSS---EYNCQ--

>Bmor-OBP8_BAI44701_

-----MLRV-----
-----VVI--CVC-----

-FLVIAPY-----G--INAS-----SLDD-LKMVYKN
VIKECVGDY-----PITA-A-----DL---KLIK-ARQI-----
---PN-----D-DIKCVFACAYKK--TGMM-----
-TE---E--G-M-----LSVEGIKDMSQKYLSD---NPEQLRK--SKE-FAEAC-
----SSV-----NDQ---QVSD-----GTKGCERAALIF-KCSTEKIT
N---F-----

-----GFE---L-----

>Bmor-OBP9

-----MLRV-----
-----VVI--CVC-----FL
VVAPYGIN-----A---VSYE-----QKIK-IRDQLDR

AGFECFKDH-----KITE-D-----DI---KNLR-ANKP-----
---AT-----GE-NVPCFIACVMKK--TGVM-----
-ND---Q--G-V-----IRKGPVLELAKKVLAD----DKDIKK--LQD-YIHSC-
----SHV-----NSE---TVHD-----KGKGCEFAMQAY-TCMSANAS
K---F-----

-----GFN---I-----

>Bmor-OBP10

-----MLRV-----
-----VVI--CVC-----FL
VIAPYGIN-----A---VSDE-----QKIK-IREQIDK
SGFECFKDH-----KITE-D-----DI---KNLR-ARKP-----

---AT-----GE-NVPCFIACVMKK--TGVM-----
-ND---Q--G-V-----IHTEPVLQLAKKVLTD-----DKDIKK--LQD-YIHSC-
----SHV-----NSK---TVHD-----KGQGCEFAIQTY-TCMSANAS
K---F-----

-----GFD---V-----

>Bmor-OBP11_BAH36759_

-----MSAN-----
-----SFV--VLA-----F
CALAVGVN-----A--LTEE-----QKAE-ITKSSLP
LIAECSKEF-----SVNQ-G-----DI---DAAK-KLGD-----
-----PSGLNSCFVGCFMKK--AGII-----

-NA---S--G-L-----FDVAATIEKSKKYLTS-----EEDLKA--FEK-LTETC-

-----APE-----NDK---PVSD-----SDKGCERAKLLL-DCFVANKG

S---F-----

-----SVF---SL-----

>Bmor-OBP12_NP_001153664_

-----MTSF-----

-----MVF--FVL-----S

VLTLKYSD-----A---LTDE-----QKNK-IQSKFIE

IGAECIVEH-----PISI-D-----DI---NSFK-NKKF-----

---PS-----GV-NAGCFVACIFNK--IGLF-----

-DD---K--G-N-----LSHNSALEKAKGIFNA-----DEEVKN--LEE-FLNRC-

-----AKV-----NGE---AVGD-----GVKGCERAKLAY-NCLIENSL

E---F-----

-----GFN---IDF----

>Bmor-OBP13

-----MLKI-----

-----HVL--LCF--GM-----A

ILYFGSAK-----A--VTPE-----ESKA-FEAF AKP

VIEQCQKDF-----GMDK-E-----SF---AQKN-L-----

-----DE-IDECLIACVVEK--FGIT-----

-ND---E---K-----IDGDALKALVTKFVGN-----EEERNK--INK-IVEEC-

-----TED-----ANK---SGDG-----T---CNTSTILF-LCLLKNGK

D---L-----

-----WGF-----

>Bmor-OBP14_NP_001140185_

-----M-----ERKD-----

-----FYL--LIV-----VV

AL---TS-----G--VSSM-----SRQQ-LKNSGKM

LKKQCMGKN-----DVTE-E-----EI---GDIE-KGKF-----

---IE-----QK-NVMCYIACIYQM--TQII-----

-KN-----N-K-----ISYEASIKQIDLMYPP-----ELKES--AKA-SAGRC-

----KDV-----SKK---YKDI-----CEASYWTA-KCMYEDNP

K---D-----

-----FIFA-----

>Bmor-OBP15

-----M-----FLKN-----
-----IFI--ECV-----LL

YFVMLNTS-----F---VNTM-----TKQQ-IKNSGKI

LKKACISKN-----DVTE-D-----QI---SDID-KGKF-----

---IE-----DK-NVMCYIACVYSM--SQVV-----

-KN-----N-K-----FVHDAMVKQVDMMFPT-----EMRDA--VKA-SIANC-

----RGV-----AKN---YKDI-----CEASFWTA-KCMYEFDP

A---N-----

-----FVFA-----

>Bmor-OBP16

-----M-----

-----RIS--FLF-----LI

SVTIITFD-----S---VFAM-----TRAQ-VKKTMTI

MKNQCMCKN-----GVTE-D-----QV----GKIE-EGIF-----

---LE-----NH-NVMCYIACVYKT--IQVV-----

-KN-----D-R-----LDKDLISKQIDVLYPQ-----EIRES--TKK-AVGDC-

----INL-----QEK---YDDW-----CEGIFRST-KCLYEKDP

A---N-----

-----FIFP-----

>Bmor-OBP17

-----M-----TRQQ-LKNSGKI
MKKTCMPKN-----DVTE-E-----EI---GQIE-QGKF-----
---LE-----QR-NVMCYIACIYTV--TQVV-----
-KN-----N-K-----LSYDAVIKQVDVMFPA-----EMRPA--VKA-AAENC-
----KDI-----SKT---FKDI-----CEASYWTA-KCMYDFDP
K---N-----

-----FVFP-----

>Bmor-OBP18

-----M--ILI-----VI

AKFLILIS-----L---CETM-----TMKQ-IKNTGKM

MRKSCQPKN-----NVDD-E-----KI---NPIN-DGVF-----

---IE-----EN-EVKCYIACIMKM--ANTM-----

-KN-----G-K-----LNFEAAMKQADLLLPD-----EMKEP--TKE-AIVAC-

----RKV-----ADS---YKDV-----CDASFHVT-KCIYNHNP

S--V-----

-----FFFP-----

>Bmor-OBP19_NP_001140188_

-----M--TSAK-----TDVE-IKAWFLG
QAVECSKDH-----PVTT-E-----EL---RMHK--HEL-----
--PD-----SK-NAKCLMKCVFRK--CNWL-----
-DS--K--G-M-----YDINAAYASSTKDFSD---DKTKQEN--ANK-LFDTC-
----KSV-----NEE---NVGD-----GEEGCDRSLLLA-KCLTKAAP
Q--V-----

-----SIY---YS-----

>Bmor-OBP20_ABPX_NP_001037500_

-----MAVH-----

-----IFL--ILA-----

--SYMALA-----AHGQ-----LDDE-IAELAAM

VRENCADDES-----SVDL-N-----LV---EKVN-AGTDLAT---

---IT-----DG-KLKCYIKCTMET--AGMM-----

-SD-----G-V-----VDVEAVLSLLPD-----SLKTK--NEA-SLKKC-

----DTQ-----KGS-----DD-----CDTAYLTQ-ICWQAANK

A---D-----

-----YFLI-----

>Bmor-OBP21

-----MITA-----

-----SLH--VIF-----A-L

LAFVYGGK-----DKPV-----LSEE-IKEIIQT

VHDECVGKT-----GVSE-E-----DI---TNCE-SGIF-----

--KE-----DV-KLKCYMFCLLEE--AGLV-----

-ND---D--G-T-----VDYEMFTSLIPE-----EYFDR--ATK-MIFSC-

----KEL-----DTP---DKDK-----CERAFEVH-KCSYEKDP

D---F-----

-----YFLF-----

>Bmor-OBP32

-----MYSHKYLNDFTNIPEI-----
-----LII--LLS--SVALMSYGYNTKL
FSHSLGSE-----PSLS-----ILYA-RDKKSDK
VTNECLMEM-----YPKN-----LYKY-PLRI-----
-----DRNDIPCIHCVLKK--FGII-----
-SN--D--G-F-----INIKNYRVRVQAIHRY-----DPRIL--ISD-VGETC-
----AQN-----ING-MNLDHDV-----CKKAKVFN-DCTQLYAI
SYREP-----

-----EDW-----

>Bmor-OBP33

-----MYA-HDKLSDM

IADQCLNEM-----YPRS-----KRLE---I-----

-----EESDEPCIIFCVLKK--FGIM-----

-SP---T--G-V-----INLEAYRKRVQLPEQL-----AQRNS--IND-FGSAC-

----LES-----AEA-TQHKQDV-----CKKAKVFN-ECTHLYKI

L---L-----

-----K-----

>Bmor-OBP34

-----MEKMILLNVFAV-----
-----VLP--CVL--AS-----RT
RGSSGTLV-----D--FTDP-----KVQG-HLDALVR
MAQSCVIKV-----RATP-K-----DV---RAYF-TNSS-----
---PV-----SR-SGQCFATCMLEQ--SDII-----
-NH-----G-K-----VNRDLLVHLAGLVNGK----NSRVVRK--LNS-VSRLC-
----LDS-----ISG---MTDR-----CQLASTYN-DCLNENMI
E---F-----

-----AFP---LDIAEEA
VRKMPFHLLIQPK-----

>Bmor-OBP35

-----GMST-HVLDFKR

NMTECLKEV-----QNND-K-----RP---IKRL-SPKQ-----

--ES-----PI-HGECLACVLKK--NGVI-----

-QN-----G-K-----VNKDNLMAVSKFHAK---ETKLMKK--LEK-NLDRC-

----INI-----SVK---NHDE-----CSLASQLN-DCTNDIMA

S---S-----

-----KQK---ILFNY--

>Bmor-OBP36_NP_001140186_

-----MAVSEI-----
-----SRI--LTF--LTIVSFIYIVYSF
KPLTKDEH-----I--ERYN-----KMNE-DIEPFRK
NLTECARQV-----KASM-A-----DV---EKFL-KRIP-----
---QS-----NM-EGKCFVACILKR--NSLI-----
-KN-----N-K-----LSQENLLEVNRAVYGD---DSEVMSR--LKT-AILEC-
----SKI-----VED---IFEI-----CEYASVFN-DCMHMKME
H---I-----

-----LDK---ITMERRM
EALGQMSSNPDEWSEEEDEMLKLVKDEL-----

>Bmor-OBP37_NP_001140187_

>Bmor-OBP39

-----MVRKISALL-----
-----CCF--CVL--GISMCDSAISTDN
EQRCKNPP-----T--APQK-----IERV-ITLCQDE
IKLSILREA-----LDVIKEE-----HT----MPAE-RKRNKRE--V
PFTHD-----EKRIAGCLLQCVYRK--VKAV-----
-DG---F--G-F-----PTLEGLVGLYSDGVNE----RGYFMA--VLE-ASREC-
LMKNHDKF-----SRT---TPMD-----NGRNC DV SFDIF-ECISDRIG
E---Y-----

-----CGT-----SGL

>Bmor-OBP22

-----MLKV-----
-----FVV--VVC--TL-----GASQ
LCAALYTQ-----K--VAVS-----FPKD-KTTIVVE
AMKSCIAKT-----GANP-N-----VI---EVIS-SGKV-----
---SE-----DE-KFKEFFYCACND--IGVV-----
-NP---D--G-H-----IKVKECIELFPK-----ETQPL--VEP-VIKNC-
----DK-----EGV-----NK-----YDTLFKYL-KCFQETSP
V---R-----

-----VTL---A-----

>Bmor-OBP23_NP_001153665_

-----MTSK-----
-----VLL--SCV--VL-----AVLA
TTVLAEDS-----R--KLVS-----FAPE-VAKKLKV
LIQECLNEN-----GLGE-D-----AI---EVIR-AGEY-----
--RE-----DE-PFQNLVYCAKK--FGAL-----
-DE---N--N-R-----IISQVAAASFPK-----DID---VVT-VIESC-
----GKE-----DGN-----TP-----VEQVFKYF-KCFQKNSP
V---R-----

-----MQL---Y-----

>Bmor-OBP25

-----MKS-----

-----VLI--CLA-----
-FAVFNCG-----A---DNVH-----LNED-EREKANW
YTAECGVET-----GVST-E-----VI---NAAK-IGKY-----
---SK-----DK-AFKKFVLCFFKK--SAIL-----
-NS---D--G-T-----LNMVVALAKLPSG-----V NKSE--AQS-VLEQC-
----KNK-----TGQ-----DA-----ADKAFAIL-QCFHKGTK
T---H-----

-----ILF-----

>Bmor-OBP26_NP_001159622_

-----MKS-----
-----VLI--CLA-----

-FAVFNCG-----A---DNVH-----LAET-QKEKAKQ
YTSECVRES-----GVST-E-----AI---NAAK-IGKY-----
---SK-----DK-AFKNFVLCFFNK--SAIF-----
-NS--D--G-T-----LNMDVALAKLPPG-----VNKSE--AQS-VLKQC-
----KNK-----TGQ-----GA-----ADKAFEIF-RCYYKGTK
T---H-----

-----ILF-----

>Bmor-OBP27_NP_001106744_

-----MKSV-----

-----VLI--CLA-----

-FAVFNCG-----A---DNVH-----LTET-QKEKAKQ

YTSECVKES-----GVST-E-----VI---NAAK-TGQY-----
---SE-----DK-AFKKFVLCFFNK--SAIL-----
-NS---D--G-T-----LNMDVALAKLPPG-----V NKSE--AQS-VLEQC-
----KDK-----TGQ-----DA-----ADKAFEIF-QCYYKGTK

T---H-----

-----ILF-----

-----MLKV-----

-----FIV--TFF--AF-----Q

LSAIARLQ-----ANGCVAVP-----FPKD-KTIIIVE

AMKSCIAKT-----GANP-N-----FI---DVIR-SGKV-----

---SE-----DE-KFKEFYCYCTCND--TGFV-----
-NP---D--G-H-----IKVKECIELFPK-----ETQPL--VEP-VIKNC-
----DKE-----EGV-----NK-----YDTLKFKL-KCFQETSP
V---R-----

-----VAL---A-----

>Bmor-OBP29

-----MTGP-----

-----AAA--AVL---LA-----LLAA

AGQATTGC-----K--NCVI-----LGKE-ERAMFRS

HSDACLAQS-----RVEP-R-----LL---ESMM-NGEL-----

---ID-----DA-ALRKHVYCVLLS--CKMI-----

-GK---D--G-K-----LLKAAILGKLAAR-----PAGRD--VTK-VLEAC-

----AEQ-----PGA-----SP-----EDVAWNIF-RCGYNRKA

V---L-----

-----FDYMPAGGASSGNT

ENHP-----

>Bmor-OBP30

-----MRSF-----

-----VIL--LNYGLLCCGQFMAEDYYY

DIVTRDPD-----DLMR-----EKEN-EVRALRA

FQADCAEDV-----QVKP-D-----LV---VNLK-SGDWQ-----

---TE-----DV-SLKKWALCVLMK--LGLM-----

-TA---Q--G-V-----FKMNEAMSKIPDM-----NDKII--AEK-LIDDC-

----LSL-----QAT-----TP-----HDAAWNYI-KCHHQKDP

E---G-----

-----NFS---SLNIF--

>Bmor-OBP31_NP_001040212_

-----MKTF-----

-----IVF--VVC---VV-----

-----LAQA-----LTDE-QKENLKK

HRADCLSET-----KADE-Q-----LV---NKLK-TGDFK-----

---TE-----NE-PLKKYALCMLIK--SQLM-----

-TK---D--G-K-----FKKDVALAKVPNA-----EDKLK--VEK-LIDAC-

----LAN-----KGN-----SP-----HQTAWNYV-KCYHEKDP

K--H-----

-----ALF---L-----

>Bmor-OBP40

-----MSEF-----

-----IQP--SWR-----TQ

CNFRLNWD-----NRNR-LSIDISH

GAATTQTPV-----PTTKPK-----AL---RDFM-----

-----VVPQSCDKTTCVFKK--LNIV-----

-SD---K--G-V-----VDVKSEFIKLLDKFTNS---YPVWNSA--KAR-VITTC-

----LRK-----SLI---AYD-----GGCELNNILACTFDVLS

E-----

-----NCP---LNGNNQT

C-----

>Bmor-OBP41

-----MLTI-----

-----LFL--LPI--VV-----GV

LSGNIPE-----QPRV-YCGELPN

TIYSCLGNP-----KIIQ-P-----EV---SEKC-N-----

-----KPISECDKTRCIFKE--SGWA-----

-KN-----N-V-----IDKKKVSDYFEQFAKD---NPDWSAA--VQN-FKTTC-

----LSD-----SLK---PQGV-----D---TNCPAYDIIHCALISFI

---K-----

-----FASPS--QWSTSEQ
CVYPRQYAGACPVCPERCFAPSVPNGSCNACLALLRTP-----

>Bmor-OBP42_NP_001159621_

-----MMGY-----

-----ACV--FVI--LA-----VL

QAISAEDP-----P---GLPPFLKDA---PEKC-KSPPRVK

NPNECCISE-----PFFKEA-----DF----IECG-IEKPGSE---

-----RGPPDCSKQNCLLKK--YNLL-----

-KN--D--E-T-----PDIEAIKSLLDKYIEK---NPSFKSS--VEK--AKEC-

----LRE-----DLP---GPP-----QICLANRMTLCIGTVLL

---M-----

-----ECPDE--KWNTTDD

CKAFKDHMTECQKYFPK-----

>Bmor-OBP43

-----MKVC-----

-----VLF--AIF-----

-----TVAQ-AAKATLK

PISACCNIP-----ELGNPE-----PL----AECS-NP-----

-----KLPGPCKDIQCVFEK--SGFL-----

-TE--N--K-T-----LIKEAYKTHLRQWAKE---HEGWSVA--VEK-AISDC-

----VDK-----DLR---QYLE-----FPCSAYDVFTCTGIAML

---K-----

-----KCP-----NEHWT

C-----

>Bmor-OBP44

-----MSRL-----

-----VLF--FTI--LV-----

-----V---LQEF-----IINL-YFNFITE

IDSCCVKKY-----PKLFDSE-----FI----TECY-NTQR-----

-----KANDKCERDMCVARK--LNLL-----

-TE---E--D-S-----INKDALLRFVEEGFKT----EIDLVNA-----IKKKC-

----FEE-----DIS---NIGK-----P---EMCEVAKYKICITSRMA

---E-----

-----DCP---KWDSKGI

CSSAQQKVENFMKMLS-----

>Apol-PBP1_X17559_

-----ML--RKI--SL-----

-----L---LL-----PV

FVAINL-V-----H--SSPE-----IMKN-LSNNFGK

AMDQCKDEL-----SLPD-S-----VV---A-DL-YNFWKDD--Y

--VMT-----DR-LAGCAINCLATK--LDVV-----

-DP---D--G-N-----LHHGNAKDFAMKHGAD----E-TMAQQ--LVD-IIHGC-

----EKS-----APP----ND-D-----K---CMKTIDVA-MCFKKEIH

K--L-----

-----NWV---PNMDLVI

GEVLAE-----

-----V-----

>Apol-PBP2_AJ277266_

-----M-----SL-----

-----S--L---FL-----AM

LVTINL-V-----Q---ASPE-----IMKN-LCMNYGK

TMDQCKQEL-----GLPD-S-----VI---N-DL-YNFWKDD--Y

--VMT-----DR-LAGCAINCLSTK--LDIV-----

-DP---D--G-N-----LHHGNAKEFAMKHGAD---D-GMAQQ--LVD-IIHRC-

----EKS-----TPP----ND-D-----K---CTKTMDIA-MCFKKEIH

K---L-----

-----NWV----PNMDLVV

CEVLAV-----

-----V-----

>Apol-PBP3_AJ277267_

-----MI--AKT---FN-----

-----L--L---VI-----VY

LSTNTG-V-----D---ASQE-----IMKT-MTLTFTK

GLDACKKEM-----DLPD-T-----VD---V-DF-NNFWKED--Y

--VVT-----NR-DAGCAIVCLASK--INLV-----

-DS---M--G-I-----LIHGSAHEFAKQHGAD---D-NMAKQ--LSD-TLHTC-

----ETI-----IGT---GN-D-----E---CTRALHVA-NCFKVEMH

K---L-----

-----DWA---PSMDLII

GELLAE-----

-----I-----

>Aper-GOBP1_Y10970_

-----MAHT-----

-----LQ--TVV--LL-----LG

TSILHP-I-----L---ADV-----VMKD-VTLGFGQ

ALEKCREES-----QLTE-E-----KM----E-EF-FHFWSED--F

--KFE-----HR-ELGCAILCMSRH--FNLL-----

-TD---S--S-R-----MHHENTDKFIKSPNN---E-VLSKH--MVN-LIHSC-

----EQQ-----HDA---DL-D-----H---CWRILRVA-ECFKRSCQ

E---A-----

-----GVA----PSMELLM

AEFIMESEI-----

-N-----

>Aper-GOBP2_X96772_

-----MGYK-----

-----LL-LMY-----I

AVIDS-V-----I--GTAE-----VMSH-VTAHFGK

ALEECRDES-----GLSP-E-----IL---N-EF-KHFWSED--F

--DVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FSL-----

-KD---D--T-R-----IHHVNMHDYVKSFPNG----E-VLSAK--MVN-LIHNC-

----EKQ-----YDD---IT-D-----E---CDRVVKVA-ACFKVDAK

K---E-----

-----GIA---PEVAMIE

AVIEKY-----

>Aper-PBP1_X96773_

-----ML--GKI--SL-----
-----L---LL-----PV
FVAINL-V-----H--SSPE-----IKN-LSQNFCK
AMDQCKQEL-----NIPD-S-----VI---A-DL-YNFWKDD--Y
--VMT-----DR-LAGCAINCMAK--LDVV-----
-DP---D--G-N-----LHHGNAKEFAMKHGAD---A-SMAQQ--LVD-IIHGC-
----EKS-----APP---ND-D-----K---CMKTIDVA-MCFKKEIH
K---L-----

-----NWV---PDMDVVL
GEVLAE-----

-----V-----

>Aper-PBP2_X96860_

-----MI--RKV---LL-----

-----S--V---LL-----AV

LMTINL-G-----Q--ASPE-----VMKN-LCMNYGK

AMDQCKQEL-----NLPD-S-----VI---A-DL-YNFWKDD--Y

--VMT-----DR-LAGCAINCLSTK--LDIV-----

-DP---D--G-N-----LHHGNAKEFAMKHGAD---D-GMAHE--LVD-IIHGC-

----EKS-----SPP---ND-D-----K---CIKTMDIA-MCFKKEIH

K---L-----

-----NWV---PNMDLVV

GEVLAE-----

-----V-----

>Aper-PBP3_AJ277265_

-----MI--AKT---FN-----
-----L--L----VI-----VY
LSTNTA-V-----D---SSQD-----VMKS-MTLTFTK
GLDACKKEM-----DLPD-T-----ID---V-DF-NNFWKED--Y
--VVT-----NR-NAGCAIMCLASK--VDLV-----
-DS---M--G-I-----LIHGSSHEFAKQHGAD---D-NMAKQ--LSD-TLHSC-
----EKT-----IGT----LN-D-----E---CLRALNVA-NCFKVEIH
K---L-----

-----DWA---PSMDLII
GEILAE-----

-----I-----

>Hvir-GOBP1_X96862_

-----M-----
-----PG--VLR--AL-----LL
LAAAAP-L-----L---ADV-----VMKD-VTLGFGQ
ALDKCREES-----QLTE-E-----KM---E-EF-FHFWRDD--F
--KFE-----HR-ELGCAIQCMSRH--FNLL-----
-TD---S--S-R-----MHHDNTEKFIQSFPNG---E-VLARQ--MVE-LIHSC-
----EKQ-----FDH---EE-D-----H---CWRISHLA-DCFKSSCV
Q---R-----

-----GIA---PSMELMM
TEFIMEAEA-----

-----R-----

>Hvir-GOBP2_X96863_

```
-----  
-----  
-----MTSK-----  
-----SC--LLL-----VAM  
VTLTTS-V-----M---GTAE-----VM SH-VTAHFGK  
ALEECREES-----GLSA-E-----VL----E-EF-QHFWRED--F  
--EVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FSLL-----  
-QD---D--S-R-----MH HVNMHDYVK SFPNG---H-VLSEK--LVE-LIHNC-  
----EKK-----YDT---MT-D-----D---CDRVVKVA-ACFKVDAK  
A---A-----  
-----  
-----GIA----PEVTMIE  
AVMEKY-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
  
>Hvir-PBP1_X96861_  
-----  
-----
```


-----MM--SVR-----
-----L--M---LV-----VA
VWLCLR-V-----D---ASQD-----VMKN-LSMNFAK
PLEDCKKEM-----DLPD-S-----VT----T-DF-YNFWKEG--Y
--EFT-----NR-HTGCAILCLSSK--LELL-----
-DQ---E--M-K-----LHHGKAQEFAKKHGAD----D-AMAKQ--LVD-MIHGC-
----SQS-----TPD---ATDD-----P---CMKALNVA-KCFKAKIH
E---L-----

-----NWA---PSMELVV
GEVLAE-----

-----V-----

>Hvir-PBP2_AM403491_

>Slit-GOBP1

-----PKW---VF-----
-----A--R----AF-----CL
VLMMGS-A-----M--SSKE-----LLTK-MTGGFTK
VVDHCKTEL-----NVGD-H-----IM---Q-DM-YNFWREE--Y
--QLV-----NR-DLGCMIMCMTAK--LDLV-----
-GD--D-Q-K-----MHGKAEEFAKSHGAD---D-ALAKQ-LVG-LIHGC-
----ETQ-----HQA---IE-D-----H--CSRTLEVA-KCFRTKIH
E---L-----

-----KWA---PSMEVIM
EEIMTA-----

-----A-----

-----ML--LLL--AL-----PL
LAAVLP-L-----R---ADV-----VMKD-VTLGFGQ
ALDKCRQES-----QLTE-E-----KM---E-EF-FHFWRDD--F
--KFE-----HR-ELGCAIQCMSRH--FNLL-----
-TD---S--S-R-----MHHENTEQFIQSFPNG---E-VLARQ--MVE-LIHAC-
----EKQ-----HDH---ED-D-----H---CWRILHVA-ECFKQACV
Q---R-----

-----GIA---PSMEMMI
TEFIMEAEA-----

-----R-----

>Slit-GOBP2

-----V--F---VV-----YA

LYLTSA-V-----L---GSQD-----LMAK-MTKGFTR
VVDDCKTEL-----NVGD-H-----IM----Q-DM-YNYWRED--Y
--QLI-----NR-DMGCMLLCMAKK--LDLM-----
-DD---Q---T-----MHHGKTEDFAKSHGAD----D-DVAKK--LVS-VIHEC-
----EQQ-----HTG----IA-D-----D---CMRVLEVA-KCFRTKIH
E---L-----

-----KWA---PSMEVIM

EEVMTA-----

-----V-----

>Slit-PBP2

-----M---SLR-----

-----V--A---LV-----VA

ASLLVV-V-----Q---ASQD-----VMKN-LAINFAK

--ELT-----NR-QTGAILCLSSK--LEIL-----

-----AQS-----TPD---VAAD-----P---CMKTLNVA-KCFKLKVH

GEVLAE-----

$$\text{-----}V\text{-----}$$

-----MG--SRN--VF-----

-----V--A---LV-----VL

VLEEKHEL-----NMND-H-----LI---A-DL-FHYWKLE--Y

```
--TLL-----NR-DTGCAIICMGKK--LDLL-----  
-DA---N-G-R-----MHHGNAQEFAKKHGAG---D-EVASQ--IVQ-IIHEC-  
----EKK-----HER---DD-D-----E---CLRVLEVA-KCFRTGIH  
E---L-----  
  
-----  
-----NWQ---PNVEVIV  
SEVLTE-----  
  
-----  
-----I-----  
  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
  
-----  
>AseI-PBP_AB285328_  
  
-----  
-----  
-----  
-----  
  
-----MQ--RSW---CFYCR-----  
-----LLV--V---LG-----VF  
LALVQE-R-----E--CSQE-----VMHN-LSKGFAE  
VLEDCKKQE-----NVGD-H-----IM---Q-DF-YNFWHEE--Y  
--SLV-----NR-EMGCIIILCMAGK--LDLL-----
```


--D---G--D-T-----MHHGNAHEFAKKHGAD----D-ALAKQ--LVG-LVHEC-

----EQA-----SAS---VE-E-----R---CARALET-KCFRGKIH

G--L-----

-----KWA---PSMRVVM

EEVMAD-----

-----M-----

>Asel-PBP2_AB327273_

-----MR--TNK-----

-----V--V---LI-----LL

MSMIAI-V-----T---PSQD-----VMKT-LTINFGK

PMEICKKEL-----DLPE-A-----VT---K-EF-LNFWRDG--Y

--EVT-----NR-LTGCAIMCISEK--LELL-----

-DE---G--Y-K-----LHHGNAKDFAMKHGAD----A-GMAQQ--LVD-IIHGC-

----NES-----TPD---NT-D-----H---CLKTVAVA-MCFKHKIH

E---L-----

-----DWA---PNADLII

AEVLAE-----

-----V-----

>Eobl-GOBP1_FJ156732_

-----MAR-----

-----LA--SSV--LA-----VV

AVAAAA-V-----V---ADVQ-----VMKD-VTLGFGQ

ALEVCREES-----QLSQ-D-----VM---E-EF-FHFWRED--F

--KFE-----SR-AVGCALQCMSRH--FNLL-----

-TD---S--S-R-----MHHENTHRFIESFPNG---S-VLAKQ--MVS-LIHGC-

----EQQ-----HEA---EP-D-----H---CWRILRVA-ECFKRRCQ

E---A-----

-----GIA---PSMEIIM

AEFIMETEA-----

-K-----

>Eobl-GOBP2_FJ156733_

-----MKSV-----

-----LV--ATV-----V

LSVVGL-A-----M--GTAE-----VMSH-VTAHFGK

ALSECREES-----GLTP-E-----VL---E-EF-QHFWRED--F

--EVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FSSL-----

-QE---D--S-R-----IHHVNMHDYVKGFPNG---Q-VLSAK--MVE-LIHNC-

----EQQ-----YDD---IT-D-----D---CARVVKVA-ACFKRDAK

K---E-----

-----GIA----PEVTMIE

AVMEKY-----

>Pxyl-GOBP1_EU368114_OBP1_JN088193_

-----MERR-----

-----WC--LLV--LA-----AA

AAGLPGVV-----R--GTVE-----VMKD-VTLGFGE

ALEQCREQS-----QLTE-E-----MM---E-EF-YHFWRED--F

--KFE-----AR-AVGCAIHCMSRY--FNLL-----

-GE--Q--Q-R-----MHHDNTHKFIQSFPNG----E-VLSHQ--MVG-IIHTC-

----EQQ-----HDA---ET-D-----H--CWRILRVA-ECFKRESQ

A---Q-----

-----GLA---PSMEMLM

AEFIMEADV-----

>Pxyl-GOBP2_EU368115_OBP2_JN088194_

-----MASV-----

-----WS--LVV--CG-----LM

MAALPA-A-----R---GTAE-----VMSH-VTAHFGK

TLEECREES-----GLSG-E-----IM----E-EF-HHFWRED--F

--EVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FQLM-----

-QD---D--A-R-----MHHENMHDYIKSFPKG---D-LLSET--MVR-LIHNC-

----EKK-----YDD---ID-D-----E---CSRVVKTA-ACFKKDAQ

A---E-----

-----GIA----PELTMIE

AVLEKY-----

>Pxyl-PBP2_AB263118_

-----MV--KMITKKPA-----

-----C--L---MM-----VL

MCALKK-V-----E---SSAD-----VMKG-LSENFGK

ALGDCKKEL-----DLPD-S-----IM----T-EF-YNFWKDD--Y

--VLS-----DR-STGCAIICLSSK--LDLL-----

-DP---D--G-N-----LHHGNAKDFALKHGAD---E-GMAGQ--LVG-MIHEC-

----EKA-----APD---NP-D-----A--CLKVLDIA-NCFKKKIH

E---L-----

-----KWA---PSMDVVV

AEVLAD-----

-----V-----

>Pxyl-PBP1_FJ201994_

-----MW--FPV--RL-----

-----S--A---VL-----LI

TLAVMD-T-----Q--GSKE-----TMKD-ITSGFFK

VLNECKHEL-----NLPD-H-----LV---G-DF-YHYWRQE--Y

--ALL-----DR-DLGCAILCMSRK--LELI-----

-DA---S--G-K-----LHHGNTQEFAEKHGAD----N-SMASK--LVE-VLHSC-

----EKQ-----HEA---VS-D-----E---CQRALEVA-KCFRSSVH

E--L-----

-----GWA---PTIDVII

EEVLTD-----

-----M-----

>Pxyl-OBP3_JN088195_

IAMNCTKKY-----PLEV-H-----EI---LDLQ-KSKV-----

---PT-----KK-TAKCLLACAYRL--EGSM-----

-NE--K--G-L-----LDYEHMMKTADLLADG---DEKRL-----

>Pxyl-OBP4_JN088196_

-----EEFIQ

LGMECAKQH-----QVTP-E-----EV---QLMH-QHVI-----

---PD-----GR-GARCLVACVFKK--KDLI-----

-ND---K--G-M-----LDIDAAHSMADKEHLD---DPTMIE-----

>Dple-GOBP1_DPOGS210500_mod_EHJ71301_AB_DpOBP1_DPGLEAN01448_

-----MTSR-----

-----SGR--RLL--LL-----LL

VQLAVQ-L-----K---ANVD-----VMKD-VTLGFGE

ALKLCREES-----QLTE-E-----KM---E-EF-FHFWRDD--F

--KFD-----DR-AVGCAIKCMSSH--FDLL-----

-TD--S--H-R-----MHHRNMDNFIKSFPNG---E-VLSQQ--MVT-LIHEC-

----EQQ-----HDS---EE-D-----H---CWRILRVA-ECFKSSCK

K---H-----

-----GIA---PTMELLM

AEFVMESEA-----

-N-----

>Dple-GOBP2_DPOGS210512_mod_EHJ71306_AB_DpOBP2_DPGLEAN01461_

-----MAVR-----

-----GL--LLL--SA-----VL

AATSVT-V-----D--GTAE-----VMSH-VTAHYGK

SLEECKERKET-----GLSK-E-----IL---E-EF-KHFWSDD--F

--EIV-----HR-PFGCTLICMSNK--FALL-----

-QD--D--A-R-----MHHINMNDYVKGFPEG---D-VLADK--LVQ-MIHKC-

----EKE-----YDD---IK-D-----D---CDRVVKVA-ACFRADAK

K---E-----

-----GIA----PEVAMIE

AVMEQY-----

>Dple-PBP-B_DPOGS210513_EHJ71307_AB_DpOBP5_DPGLEAN01462_

-----MAI--MMF--AI-----FI

LSIFIPSV-----N---LNQD-----VMKS-LSYKFGT

KLFECGERT-----NYTR-----AM---ARDI-LHIWEES--Y

--DLN-----HD-ETGCLVLCAMVR--LELL-----

-DQ---Q--G-N-----MIVENTEGFIRANGGD---D-SMVSF--LIQ-LYSMC-

----REK-----TSS---ISNG-----CKAAIELS-KCFRAAIQ

Q---I-----

-----GWV---PDTTSL

VISYD-----

>Dple-PBP-C_DPOGS210514_EHJ71308_AB_DpOBP6_DPGLEAN01463_

-----MN--KSC-----

-----V--F---VF-----AL

IFVNVQ-K-----V---QSNE-----VMKG-ITSSFFK

VLDECKREL-----GLTD-N-----VL----T-DL-YYFWKQD--H

--PLM-----HR-DTGCAIVCMSQK--LNLL-----

-DT---I--G-K-----LHHGNAQEFAINHGAG----E-QMAKK--LVT-MVHEC-

----EQQ-----FME----QE-D-----S---CLRALDVA-KCFRTAMH

D---V-----

-----NWA----PKFDIIV

TEVLTEVK-----

>Dple-PBP-D_DPOGS210497_EHJ71309_AB_DpOBP3_DPGLEAN01445_

-----MALFC-W---RL-----

-----L--F---AA-----GV

LSLAQG-T-----L---ASQE-----IMKK-LTTGFVK

AMEECKAEL-----NLGD-H-----II---Q-DF-MNYWREE--Y

--ELL-----NR-DTGCAIMCMASK--HDLI-----

-TE---D--M-K-----IHHENAHEFAKSHGAD----D-DLAKQ--LVQ-MIHDC-

----EKQ-----FTD----IT-D-----D---CSKTLEIS-KCFRTKIH

E---L-----

-----KWA---PSMETIL

EELMTE-----

-----T-----

>Dple-OBP2_DPOGS207887_EHJ65656_AB_DpOBP19_DPGLEAN06529_

-----MKKWFLE

LTVECSKEH-----PVTKE-----EI---QMLK-DHKI-----

---PD-----NK-NVKCLMGCVFRK--IGWL-----

-DD---N--G-M-----FSFNNAKYKTSEEEYPD---DKTKLEK--AKN-LYSLC-

----EKV-----NTA---EVSD-----GKEGCERSLLA-KCLIENSS

K---M-----

-----GFV---VQ-----

>Dple-OBP3_DPOGS207885_EHJ67765_AB_DpOBP9_DPGLEAN10496_

-----MTAE-----QKQM-VHQHFEQ
VGMECIKTH-----EITA-E-----DV---TNLR-TRKI-----
--PT-----GE-NASCFLSCIFKH--VGIM-----
-DD--N--G-L-----LQKESAIELAKKVFDD----EEELKL--IED-YLHSC-
----SSV-----NTA---TVSD-----GEKGCERSLLAY-KCMIENAS
Q--F-----

-----GID---L-----

>Dple-OBP4_DPOGS207878_EHJ67766_AB_DpOBP11_DPGLEAN10492_

-----MMSL-----
-----KYL--FVF--GV-----L
AVSLRSAR-----A---ISDE-----DRNK-IHTAVLP
HVAECSANF-----GVTE-D-----DI---KAAK-EAGT-----
-----LGTFNPCLMGCVLKK--IQVI-----
-DD--K--G-L-----FDADKAVELSNKYFSD----EADKKK--AEE-IITTC-
----KAV-----NDK---EVGD-----GEKGCERAGLLF-QCFLPFKD
A---F-----

-----IN-----

>Dple-OBP5_DPOGS207877_EHJ65653_AB_DpOBP14_DPGLEAN06527_

-----M-----TRQQ-IKNSSKM

LKKNCMGKN-----DVTE-D-----MV---GEID-KGKF-----

---IE-----DK-NVMCIYCIYQM--SQLV-----

-KN-----N-K-----LNYEASIKQVDLMFPP-----DMKEA--MKA-SIENC-

----KDI-----SKK---YKDI-----CEASYWTA-KCIYDDNP

K---N-----

-----FIFA-----

>Dple-OBP6_DPOGS207886_EHJ65655_AB_DpOBP18_DPGLEAN06528_

-----M--YIL-----AV
VKFLAALT-----I--CEAM-----TMKQ-IKSTGKM
MRKTCQPKN-----NVAD-D-----KI---DDIG-TGVF-----
---IE-----ER-EVMCYVACIMKM--ANAI-----
-KN-----N-K-----LNYEAAIKQADLLLPD-----EIKEP--TKE-AITAC-
----RKV-----ADS---YKDI-----CEASFHVT-KCIYNHNP
S---I-----

-----FFFP-----

>Dple-OBP7_DPOGS207876_EHJ65654_AB_DpOBP16_DPGLEAN06526_

-----M-----TRAQ-LKKTMTI
MKNQCMPKH-----NVNN-D-----KV---GQIE-QGVF-----
--IE-----DH-DVMCYIACIYKT--IQVV-----
-KN-----N-R-----LDKDLISKQIDALYPP-----ELKES--TKE-AVSKC-
----IKE-----QAK---YEDP-----CAGIFYAC-KCLYEDNP
A---N-----

-----FIFP-----

>Dple-OBP8_DPOGS208192_ABPX_EHJ75781_AB_DpOBP20_DPGLEAN20037_

-----MAELAKM
LRDNCLEET-----GADV-A-----LI---DKVN-QGATL-----
---MP-----DG-KLKCYIKCVMET--AGMM-----
-SG-----G-E-----VDVEAVVAVLPE-----ELQRH---AD-TMRAC-
----GTK-----RGL-----DD-----CDTAFLTQ-ACWQAGCP
K---D-----

-----YILI-----

>Dple-
OBP14_DPOGS205435_combinedwithDPOGS205437_EHJ74349_AB_DpOBP32_DPGLEAN2
2247_

-----MNTWSI-----LFTL-----

-----TII--LLG--TI---NCYKHSKY
LTKSLDSE-----PSLS-----ILYA-RDKKSDT
ITNECLMEM-----YPRN-----LYKY-PLHI-----
-----DRNDIPCIHCVLKK--FGIM-----
-SN---D--G-I-----INIRNYYRRVQAIHRY-----DPRVL--ISD-VGETC-
----AQN-----ING-MNLDHDV-----CKKAKVFN-DCTQLYVI
SYKDL-----

-----ED-----

>Dple-
OBP15_DPOGS205438_sameasDPOGS205436_EHJ74350_AB_DpOBP33_DPGLEAN22248_

-----MYA-HEKISDM

VAQQCLTEM-----YPKG-----KKIE---L-----

-----QESDESCIHYCVLK--FGII-----

-NG---N-G-Q-----FNLDIYRKRVQMAHQL-----DSRNL--MND-KGGAC-

----VES-----AEA-TQHkQDV-----CKKAKVFN-DCTHLyRM

I--F-----

>Dple-OBP16_DPOGS205439_EHJ74351_AB_DpOBP34_DPgleAN22249_

-----MQLYVFLC-----

-----LIG-HVL--AS-----KS

HGYSGTLV-----D---FTDP-----KVQG-HLDALVR

---PI-----TR-SGQCFAACMMEQ--SDVI-----

-----LDS-----IEG---MSDR-----CQLASTYN-DCLNENMI

VRKMPFH LIQPK-----

NLTDCARQV-----KASM-I-----DV---EHFL-KRIP-----

---QS-----SM-QGKCFVACILKR--NSII-----

-VN-----N-K-----ISRENLEANRAVYGQ---DSEVMTR--LNT-AIVEC-

-----SDV-----VEG----IFEV-----CEYSSVFN-DCMHMKME

H-I-----

-----LDK---VTMERRM

EALGQMTSDPDVWTDDEILKLIKDEL-----

>Dple-OBP18_DPOGS216124_EHJ64212_AB_DpOBP35_DPGLEAN1205_

-----MFLRFLFPLMFFVYVE

TDQAVENNRMGVDTVHDIKIDKDTIITRNM-----

-----NLK--KKNEKSS---EAQIEQK

NVSPDWSY-----S---SFPE-----DVKK-HVDQFKR

NMSECLKEV-----HASD-K-----RP---VKRL-SPKK-----

---ES-----PV-HGDCLIACVLKR--NSVI-----

-EN-----G-K-----IHKENLIALVKKFYEK---DEKLMKK--LER-NLDRC-

----IET-----SAR---DKDD-----CAIAARLN-ECTNDIMT

S--N-----

-----KHK---IVVNY--

>Dple-OBP19_DPOGS203084_EHJ68962_AB_DpOBP37_DPGLEAN13103_

-----MPLY-----

-----GVH--PYV-----K

LSPERFYL-----W---TDSP-----IYAV-VHKTLSM

TARSCMVSA-----NASE-V-----DL---E-PL-REDP-----

---PF-----PE-KSACILNCLLEK--INIV-----

-KS-----G-K-----FSKSGFMTTISPLVFT---NKKKMDH--MKT-VSENC-

-----DKE-----VNH---DVSS-----CELANEIT-SCIYKYAP

E---L-----

-----HFK---N-----

>Dple-OBP20_DPOGS212737_EHJ78968_AB_DpOBP38_DPGLEAN10161_

-----MRVLVVAAVTL-----

-----ITI--TLT--RCVPRTDKMQNNV

KDLTSTTP-----N--SMEE-----QMDK-ISNDLRP

VMAECNETF-----RIEM-Y-----YL---E-TL-NTTGSFP---

---EE-----LDRTPKCFLRCVLEK--AEVA-----

-SA---D--S-Q-----FDVSRTADVFDQIRVL-----PHDD--LVK-MATTC-

-----SDR-----AET-----C-----K---CERAYQYL-KCLMGMI

N---K-----

-----YDT---T-----

>Dple-

OBP1_DPOGS207879_DUPLEX_EHJ67764_EHJ67763_AB_DpOBP7_DPGLEAN10494_AB
_DpOBP8_DPGLEAN10493_

-----MECSKDYPLTDEDIAQLKDK

QFPDKDDVRCLFACAYKKTGMMDDQGKLSVD-----

-----GVNNLAKKYFSDDQDKLQKSQKF

TEACAGVNDEAVTDGEKGCERAALIYKCSIEQA---SQGL-----TDEE-VKKEFIK

EVMTCTKDI-----TVDM-F-----DL----MELE-QLKV-----

---PT-----KT-NVKCVLACAYKR--VGTM-----

-NK---E--G-K-----YDIKEAYKISSETMMKG---DDKRIEN--GKK-LADLC-

----SKV-----NEA---DVRD-----GNKGCERAALLF-KCVIENAP

K--L-----

-----GFK---V-----

>Dple-OBP9_DPOGS203667_EHJ74653_AB_DpOBP21_DPGLEAN11049_

-----MPSL-----

-----SLL--LYL-----AM

LTLCYGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH

VHNECVGKT-----GVAE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

---KE-----DM-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DD---D--G-N-----VDYDMMVSLIPD-----QYTDR--VLN-MINGC-

----KHLVLSISCDDS---ETSG-----MQVPLEAP-KPSSSPSA

P---H-----

-----PRRGLSDDIGPVEN

TPRIFA-----

>Dple-OBP10_DPOGS201921_EHJ66992_AB_DpOBP5_DPGLEAN08164_

-----MKFL-----

-----VLI-CVC-----

AIFISRSN-----A---QNAH-----LTSA-QKEKVKQ

YTAECIRES-----GVKH-E-----VL----ADAK-KGNL-----

---NE-----DE-GLKRFIFCFFQK--SGIV-----

-TA---D--A-K-----LNMEVALSKLPKD-----IDKVA--AGK-VLSEC-

----KNK-----NGK-----NH-----ADTAFQIF-KCYHKATK

Q---H-----

-----VLF---E-----

>Dple-OBP11_DPOGS214842_EHJ69393_AB_DpOBP30_DPGLEAN14493_

-----MSTK-----

-----FYC--ILA-----IV

LFFVQVR-----NTAS-----ITNY-KSPLIAE

YVEHCLRES-----RANP-E-----HI---IFLK-NGVIH-----

---SP-----NY-ALKNWLLCYLSR--TGVM-----

-SP--E--G-V-----LKQHVVMKKVAK-----QDKDL--VEK-IIDKC-

----LFK-----TPH-----EP-----VDTAWKYL-TCFRKRQP

Q---Y-----

-----ARE---INHI---

>Dple-OBP12_DPOGS214841_EHJ69392_AB_DpOBP31_DPGLEAN14492_

-----MKTf-----

-----IVL--AAI--LV-----

-----AAQA-----LTDE-QKQKLNK

HKSECLAEF-----KPDE-Q-----LV---EKLK-AGDFK-----

---TE-----NE-PLKKYVLCMLMK--SELM-----

-TK---E--G-K-----FKKDVALAKVPNP-----EDKPA--VEK-LIDAC-

----LAN-----KGN-----TP-----QQTAWNYA-KCYHEKDP

N---H-----

-----SIF---Q-----

>Dple-OBP13_DPOGS209054_EHJ75212_AB_DpOBP29_DPGLEAN13901_

-----MCYWISTTGRDSEDDVVRILPSDVYKTND
EYRHIWSPVHGDAVV FVRPLL FHRLVVVLLQ-----
-----VSL--QLS--QDDMLTLLVLL
LHQVTTES-----K--SFMP-----LGKA-ERAMFLS
HSEACLEQS-----GAER-A-----QV---ERLV-GGAP-----
---ED-----SP-ALRRHVLCVLRR--CKLL-----
-RK---D--G-R-----LDKHALRDRISA-----SN--DTK-ILEGC-
----SDQ-----SGD-----TP-----EDLA WHLF-RCGLNKKV
---L-----

-----FEHMTAAAPNEA--

>Dple-OBP27_DPOGS208339_EHJ75008_AB_DpOBP26_DPGLEAN03483_

-----MEEEISNALQDCSQLNDKLNK
VNIEKRQRRHNDFRYYAFRIDANSKQEINQY-----
-----NHE--RRN--TS-----TE
NDKNINGN-----D--SGIN-----FSRY-PYGGIEE
DLINSGNRQ-----TIDDDR-----KS---NLKQ-QSRFKRN--E
PLVSK-----DD-VDKCLSQC VFAN--LQVV-----
-DS--K--G-I-----PREAMLWNKIQSSVTS-----EQSETL--MRE-QIRSC-
----FQE-----LQS---ESEDN-----G---CVYSNRLE-RCLMLHIS
D--R-----

-----NRN-----STQ

TYTTSIK-----

>Dple-
OBP21_DPOGS210117_sameasDPOGS210118_EHJ65319_AB_DpOBP39_DPGLEAN12415_

-----MVS KISVLL-----

-----CCI--YVF--GISLSDSAISADS

ESRCRNPP-----T---APQK-----IERV-ITLCQDE

IKLSILREA-----LDVIKEE-----HT---MPAQ-RRRNKRE--V

PFTHD-----EKRIAGCLLQCVYRK--VKAV-----

-DG---Y--G-F-----PTLEGLVGLYSDGVNE----RGYFMA--VLE-ASREC-

LMKNHDLF-----SRT---VPMD-----NGRNC DV SFNIF-ECISDRIG

E---Y-----

-----CGN-----SGL

>Dple-OBP23_DPOGS209968_EHJ77172_AB_DpOBP41_DPGLEAN05855_

-----MMKY-----

-----LFV--LIC--LS-----IA

TCEADDI-----ASPV-LCGVTPN

AIYQCLGTP-----KVVK-K-----EA---SSQC-D-----

-----SDLGECEKMSCIFSK--SGWM-----

-KD-----N-K-----VDKEEFAAHFDQFAKE---NPDWKVA--VEH-MKSNC-

----LSS-----DLP---PQGV-----H---LNCPAYDVMICAFANFI

---K-----

-----GAPAS--QWSSSSH

CEYPRRFAASCPVCPTACFASAIPIGSCNACLSLPRSP-----

>Dple-OBP24_DPOGS201299_EHJ67714_

-----MAEM-----

-----THL--LTL--FV-----LF

LMSTVSTA-----D---EVDE-----SCFE-LFDPEEP

EQECCETDF-----ETDD-----EV---EYEE-DFSDCPT---

--DFS-----TDEGKCDTIKCYYPKH--DGVW-----

-KD-----D-D-----IDDEAVKTKLQSIDSK----NPPAQRA--AER-ILKHC-

----LNG-----KYM---KYGT-----D---DACPAMKYFLCSYINTV

---V-----

-----ECD---SWNKTET

CAKHSEYASKCKVSLG-----

>Dple-OBP25_DPOGS202589_EHJ67714_AB_DpOBP42_AB_DpOBP43_DPGLEAN20949_

-----MLNLLRIALFIVAVNADLLNHERTKGATLKPISVCCDIPELGDPKP

LAECSNMKLQGPCSDVQCVFEKSGFLLDKQT-----

-----LNK--EGYRNHLMKWLEGHKEWK

DGIEKAISDCVDVDLRQYLDYPCKAYDVFTCTG---IAMLKVVLSDVPPHCR-GPPPGGA

NPSDCCKLP-----KVFTEE-----DF---KECG-IEKPTKE---

-----RRVPECSKQICLLKR--YELM-----

-KD---D--T-N-----VDKDAVA AFLDKYSEG---DEDTQSA--VEA-TKQKC-

----LNN-----DLP---NIP-----EICEPSKIVFCVAGSML

---M-----

-----NCP---KWDESED

CQKLKDH FENCNKYFPKK-----

>HmelGOBP1_HMEL004625_AB_HmOBP1_

-----M-----

-----IS--LLT--LS-----LA

CGVLTG-L-----D--ATME-----VMKD-VTLGFGE

ALQSCREES-----QLTE-D-----KM---E-EF-FHFWRDD--F

--KFE-----DR-EVGCAMKCMSSH--FNLL-----

-TD---S--H-R-----MHHENTDKFIKSFPNG---E-VLSKR--MIS-IIHTC-

----EQQ-----FDA---LE-D-----H---CWRILRIA-ECFKVACK

K---E-----

-----GIA---PTMELLM

AEFIMEADP-----

-S-----

>HmelGOBP2_HMEL022500_mod_AB_HmOBP2_

-----MAVR-----

-----CY--VVVFLAL-----LA

LATLPR-V-----R---STAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSS-D-----IL---D-EF-QHFWSEE--F

--QVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FLLM-----

-HD---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPQG---E-LLSEK--MVN-LIHNC-

----EKQ-----FDD---IE-D-----E---CSRVVKVA-ACFKESAK

E---E-----

-----GIA---PEVAMIE

AVLEKY-----

>HmelPBP_C_HMEL016107_AB_HmOBP6_

-----MF--KR-----
-----L--T---VV-----VL
VFVGLN-K-----V---TSNE-----TLRG-ITASFLK
VLEECRQEL-----NIGD-N-----VL----A-DM-YYFWKLD--R
--TLI-----HR-DTGCAIVCMSKK--LNLL-----
-DT---S--G-K-----LHHGNAEEFALQHGA---D-DMAKK--LVT-TVHEC-
----EQK-----HEL---EE-D-----Q---CLRALEIA-KCFRGAMH
E---I-----

-----NWA---PKVDVAI
SEILTEV-----

>HmelPBP_D_HMEL016108_AB_HmOBP3_

-----MA-VQKW---QL-----
-----I--L---VM-----CV
LMQACK-V-----S---PSQE-----IMHK-LTKGFAT
AFEQCKQEL-----NLGD-N-----IM---Q-DF-LNYWREE--Y
--ELL-----NR-DTGCAIMCMAQK--HDLL-----
-TE---D---G-----IHHEKVHGFTKSHGAD---D-ELAKQ--LVT-MIHEC-
----EKS-----NAG---VS-D-----E---CMKTLEVA-KCFRTKIH
E---L-----

-----KWA---PDMETIL
EEIMTD-----

-----I-----

>Hmel-OBP3_HMEL005621_AB_HmOBP35_

-----MVGLKALHDIQINKDTIITRNM-----
-----NLK--TDN--KI-----SH
NHDPDWSY-----S---SFPK-----EVKS-HVEQFKR
NMSECLKEV-----QLND-K-----RQ---VRRL-SPKK-----
--ES-----PV-HGECLIACVLKR--NGVI-----
-EN-----G-K-----IYKDNLLSLVRKFYGK---DEKLMKK--LEK-NVDRC-
----IEA-----SVK---NKDD-----CTVASYN-ECTNDLMA
N---N-----

-----KHK---IIVNY--

>Hmel-OBP6_HMEL007173_sameasHMEL022532_AB_HmOBP32_

-----MENISYKG--KLFL-----
-----LFI--AFA--HVTLVDSYSH-KF
FSQNLDT-----PSLS-----IQYA-RDKKSDM
ITNECLTEM-----YPKN-----IYRY-PLHI-----
-----DRNDVPCIIHCVLKK--FGIM-----
-SN---D--G-V-----INTRNYYRRVRAIHRY-----DPRVL--ISD-VGETC-
----AQN-----ING-MNLDHDV-----CKKAKVFN-DCTQLYAI
SYRES-----

-----DD-----

>Hmel-OBP7_HMEL007174_AB_HmOBP33_

-----MLIHAVLA-----
-----LIG--YTL-AA-----QH
RSFSGTMV-----D---LSDP-----KVQG-HLDALVR
MAQSCVIKV-----RASP-K-----DV---RAYF-TNSP-----
--PI----TR-SGQCFAACMLEQ--SDVI-----
-NH-----G-K-----VNRELLVHLAGLVNGK---NSRVVRK--LYG-ISRLC-
----LDS-----IEG---MSDR-----CQLASTYN-DCLNENMI
E---F-----

-----AFP---LDIAEEA
VRKMPFHLIQPK-----

>Hmel-OBP12_HMEL008322_AB_HmOBP38_

-----MKIIIIITLAL-----

-----LTF--SVA--QCGSSVGCRMSTD
DITTTTMA-----T---TMED-----DDAR-SNFDVMS
VMVDCNDTF-----RVEM-S-----YL---E-SL-NKSGSFP---
---DE-----TDKTPKCFVRCVLEK--SDIV-----
-SG---D--S-Q-----FNVTRTAEVFSQIRDT-----SQND--IIK-MATAC-
----SDR-----PEK-----C-----K---CERSYQYL-KCLLETTI
E---I-----

-----NEM---KSSK---

>Hmel-OBP13_HMEL008689_ABPX_AB_HmOBP20_

-----MQGF-----
-----IVH--CSI-----

--FVFFFG-----D--SQGM-----TDDE-MREEFMR

---PT-----KK-DVKCLLACAYKK--TGSM-----

-----AKV-----NDE---TVSD-----GEAGCDRAGLIF-KCVVENAP

-----KNN-----

-----A--ITDE-----QKAM-IHSHFEM

LGKECIKDN-----LISA-D-----DI---KNLR-AKKI-----

---PS-----GE-NAPCFLACMFKK--LGIM-----

-DD---A--G-L-----LQKETVLDLARKVFND----EDEIKL--IGD-YLHSC-

----SHI----NTE---SVGD-----GDKGCDRSMMA Y-KCMIENAS

Q-V-----

-----LFT---FN-----

>Hmel-OBP16_HMEL010227_AB_HmOBP12_

-----MFLI-----

-----VLI-F-----

-----Q-----G--YSDE-----ERTK-IYATMLP

HILQCSTEY-----GITE-D-----EL---KASK-ENЕК-----

-----FGSINPCFMGCIFKK--IHVI-----

-NK---E--G-I-----FNVEKAEKLSENFLVH----DEDKKK--ASA-VIKAC-

----ATI-----NDE---DVSD-----GEKGCDRAKLLF-ECLLPFRQ

Q--V-----

-----ILK---LIMCIEK

ATKT-----

>Hmel-OBP17_HMEL010228_AB_HmOBP11_

-----MTSL-----

-----QLV--FLV--FG-----VV

AVSLGSVS-----A---FSDE-----ERNK-IYAGMLP

LVLECSKDY-----GLTE-D-----DL---KAAK-ESGS-----

-----IGSINPCLMACVFKK--INVI-----

-ND---K--G-L-----FDVDKAGELSQKFLTE-----TDDQQK--ATE-IIKTC-

----ASV-----NEK---DVSD-----AEKGCDRSKLLF-DCLLPFKG

Q--V-----

-----KYN---IVIIILII

YSSR-----

>Hmel-OBP18_HMEL010229_AB_HmOBP14_

-----M-----TRQQ-LKNSSKL

LKKNCMAKN-----DVTE-D-----LV---GDIE-KGKF-----

--IE-----DQ-KVMCYIACIYQM--SQLV-----

-KN-----N-K-----LNVEASIKQVDMMFPP-----EMKDA--TKA-SIENC-

----KDV-----SKK---YKDL-----CEASFWTA-KCLYEDNP

K---N-----

-----FFFA-----

>Hmel-OBP19_HMEL010230_AB_HmOBP16_

-----M-----TRPQ-LKKTLTI

MKNQCMPKH-----RVTN-E-----KV----GQIE-QGVF-----

---VE-----DH-DVMCYIACVYKT--AQVV-----

-KN-----K-R-----LDKDLVSKQIDILYPA-----EIREA--VKL-STVKC-

----IPV-----QYN---YEDE-----CEGIFYSV-KCLYEDNP

A---N-----

-----FIFP-----

>Hmel-OBP20_HMEL010231_AB_HmOBP17_

-----M-----TRQQ-LKNSGKL
MKKSCMPKN-----DVTE-D-----QI----GQIE-QGKF-----
--LE-----ER-NVMCYIACVYTM--TQVV-----
-KN-----N-K-----LNYEATIKQVDLMFPP-----DMKDA--VKA-AVEHC-
----KDI-----SKK----YKDI-----CEVSYWTA-KCMYDFDP
N---N-----

-----FVFP-----

>Hmel-OBP21_HMEL010232_AB_HmOBP18_

-----M-----TMKQ-IKNTGKM

MRKTCQPKN-----NVAD-E-----KI----DPLN-KGEF-----

---IE-----EK-EVMCYVACIMKM--ANTI-----

-KN-----N-K-----LNYEAAIKQADMLFPD-----EIKEP--AKE-AITAC-

----RKV-----VDD---YKDL-----CESSFYTT-KCIYNYP

S---I-----

-----FFFP-----

>Hmel-OBP22_HMEL012883_AB_HmOBP36_

-----MGNSIKKDEEQHAMFRIKF-----

-----YYI--VIF--LIIFTAFILVMAF

TPLTKDEQ-----I---DKFN-----KMNE-GVEPFRR

NLTECARQV-----KASM-V-----DV----ENFL-KRIP-----

---QT-----SL-QGKCFVACILKR--NSII-----

-KN-----N-K-----ILKENLLEANKAVYGE---DSEVLSR--LKL-AINEC-

----SDV-----VAN---IFEI-----CEFSSVFN-DCMHMKME

H---I-----

-----LDK---VIMERRM

EALGQMTGDPDVWTDEEDELKLVKDEL-----

>Hmel-OBP23_HMEL013351_AB_HmOBP21_

-----MQSA-----

-----ALLAAVFL-----A-L

ITFGFGQK-----EKPE-----FSEE-IKEIIQH

VHNECVAKT-----EVTE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

---KE-----DI-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DE---N--D-N-----VDYDMMISLIPE-----QYTDR--VSK-MITAC-

----KHL-----DTP---DKNK-----CQRAFDVH-KCSYDSDP

K---V-----

-----NF-----

>Hmel-OBP36_HMEL006421_sameasHMEL017002_AB_HmOBP37_

-----MSSVVKPHLRLESP-----

-----FIQINCYPLLTI RRPRNWIRQLA

VNNWQDIC-----NERVLENP-----IAAM-IHKSLTA

VAHSCMEKI-----NGTE-E-----DL---E-YL-RKDP-----

---PF-----PE-KSACIIVCLLKK--IGVV-----

-KD-----D-N-----FSKTGFVTA VTPLVFH---NRKKLEH--MKN-VSEKC-

----DKE-----ITT---PEDT-----CQLGNSIT-ACIFKYAP

E--L-----

-----HYK---T-----

>Hmel-OBP39_HMEL022521_AB_HmOBP19_

-----AR-----SETE-IKKWFIQ
QAVECSKEH-----PVTG-E-----EL---QQMKTCHKI-----
--PE-----SM-SAKCLVACIFKR--IEWI-----
-DE---K--G-M-----FVKEKAYKTSEKDYLN---DQVKLDK--AKE-LYESC-
----SKV-----NSE---TVTD-----GEKGCERSNLLA-ICLTESAA
Q---V-----

-----RLV---KS-----

>Hmel-OBP43_HMEL022602_AB_HmOBP8_

-----KYAE

IIMTCAKDY-----PITP-E-----DI---EQLK-NSKL-----

--PD-----NAKCLFACAYKT--SGMM-----

-DD---Q--G-K-----LSVEGVNKL AHTFLAD---DPERLKK--AEQ-FTDAC-

----KSV-----NEE---EVSD-----GDKGCERAALIF-KCSIEKAP

QVINN-----

-----KIE---M-----

>Hmel-OBP2_HMEL003711_AB_HmOBP13_

-----MSIL-----

-----LCF--LFL-----

SIALIDGK-----T--VNIP-----VDPD-ITSQLVQ

ISADCIASN-----GLTE-E-----VL---KQVM-EWKL-----

---EN-----NE-PTKKLLFCFGTK--LNTT-----

-DK--N-G-H-----VILNEALKLAVS-----KKRPV--FGD-AIKRC-

----NDQ-----EGS-----DK-----YDTLFKII-ICMRDQEN

I--F-----

-----LRF-----

>Hmel-OBP4_HMEL006095_AB_HmOBP29_

-----MAVM-----

-----MVM-SAV---VS-----AMV

VHQVITQY-----IYFKQIKN-----LGKD-EKAMFRA

HSEACLPQS-----QVDP-K-----LL---DNLL-QGEL-----

---VE-----DA-ALKRHVYCVLLK--CKVI-----

-SK---D--G-K-----LQKTAVLGKMAHR-----ADSKN--ITK-VLERC-

----ADQ-----PGD-----TP-----EELAWNLF-RCGYNKKA

V---L-----

-----FDYMPAQVNDGADN

DG-----

>Hmel-OBP9_HMEL007611_AB_HmOBP30_

-----MLVF-----

-----ILF--SAH-----

---NMEN-----KCDE-----DVSP-TCVPSVD

PIEECIEKL-----HVNR-A-----LV---EKLK-SGNSK-----

---LF-----DK-NLKRWLLCFFEK--TCVM-----

-TP---D--G-V-----LRQDVVLKDIPD-----QDKSK--IEK-ITSIC-

----LYQ-----KLH-----FA-----VDTAWNYL-NCFREKDP

K---Y-----

-----SVI---ANKI---

>Hmel-OBP10_HMEL007612_

[illegible]

[illegible]

-----MRAV-----

-----WCL--LAV-----

SLAVVSGK-----VLD-TLVI-----VPPE-RVPGIVQ

ASSKCIEEM-----NLDK-D-----TM---QKFF-SWQL-----

---GD-----SE-STRKMYCLGVK--SGYI-----

-AD---D--G-S-----MVKKEVLGLAG-----SHGGN--IDG-VIDEC-

----NNL-----KYS-----DK-----YEAVFKIV-MCFHEKSK

L--E-----

-----FKV-----

>Hmel-OBP25_HMEL015916_AB_HmOBP24_

-----TII-----LPPA-RAFDIVQ
ASSKCIEEL-----NLEK-N-----IL---QKYL-AWEL-----
---SD-----CE-STRKMYCLGTQ--SGYI-----
-AN---D--G-S-----IVKNKAFEVVG-----SHRNR--VNG-IIDEC-
----HEF-----KHN-----DK-----YEAVYRNV-MCFNKKSR
L---H-----

-----FKV-----

>Hmel-OBP26_HMEL015917_AB_HmOBP22_

-----IVI-----LPPA-RVPGIAQ

ASSKCIEEL-----NLEK-D-----TL---QKFL-AWEL-----

---SD-----SE-STRKYVYCLGTE--SGYM-----

-AK---D--G-S-----IHKNEVLEVVG-----NHRNR--VDG-VIDEC-

----NER-----KYN-----DK-----YEAVFHNV-ICFNEKSG

L---H-----

-----FKF-----

>Hmel-OBP27_HMEL015918_AB_HmOBP23_

-----MDTGKMRAV-----

-----WCL--FLV-----
TLATVYAG-----NVKVEYVD-----IPKD-YIPAVEK
ASFECIKKL-----KLEEEQI-----SL----QGFL-NWEL-----
--SE-----SD-NTKKYIFCLANG--SGFF-----
-AD---D--G-S-----ILKDKVLAIMG-----KYRDR--VDK-VIDEC-
----SKV-----KYD-----NK-----YEEVYRME-VCFRDLSG
L---Y-----

-----FRM-----

>Hmel-OBP28_HMEL015920_AB_HmOBP27_

-----MNTL-----
-----WFF--LFL-----

SIALVKGK-----ALFH-----VPPE-YAGEILK
AAADCIDST-----GAGV-D-----AV----QKVI-SANL-----
--EN-----TE-PFKKFLYCFSSK--SGYV-----
-DS--D--G-H-----FIVDQMTKLIGNH-----KDKAK--FID-NLNLC-
----NKS-----EGG-----NT-----IDTIYQIA-VCFKDNSP

I--Y-----

-----FTV-----

>Hmel-OBP29_HMEL015921_

-----MKTF-----

-----WCF--LFL-----

SIALVSGR-----AIVN-----VSQE-FTGDILK

TAVDCTDSS-----GAGV-D-----AL----QKMA-SANF-----
---ED-----TE-PFKKFLYCFASN--SGYV-----
-DS--D--G-H-----FIMDKMTKLIGNH-----KDKAK--YVD-AINLC-
----NKR-----KGG-----RT-----IDTIYELA-NCFKDHSP

I--Y-----

-----FTL-----

>Hmel-OBP30_HMEL015922_

-----MFD-----IPKE-FVPDIK

ASAECADKL-----GLDTLN-----IL----SKFF-SGEL-----

```

---KD-----SE-SVRQYMYCLGTT--SGYV-----
-ND--D-G-R-----LNKDRLGKVVG-----EHKSK--VES-VVDEC-
----NKA-----KAS-----DK-----YETVYKAV-VCFRENSG
L---Q-----
-----
-----FKI-----
-----
-----
-----
-----
-----
-----
-----
-----
-----
-----
-----
>Hmel-OBP31_HMEL015923_
-----
-----
-----
-----
-----MLMR-----
-----KNP--ICI-----YI
SIIYLGVQ-----YVLVEYIK-----VPKE-FIDDAIN
GSGQCAEEL-----GLPG-D-----TL---NKLL-SNNF-----
--ED-----SQ-AMRKYYICLGIA-LDVG-----
```


-DG---T--G-----SLKHSLSKYASND-----RRKAE--ITK-TIDEC-

----NKE-----KAS-----DK-----YEKAYKVS-TCYLNTSS

V---Q-----

-----FKV-----

>Hmel-OBP32_HMEL015924_AB_HmOBP10_

-----TYFK-----IPKE-FIEDAIK

GSVHCTEEL-----GLPV-D-----TL---NMFL-SDNF-----

---ED-----SP-TMRKYIYCLGLA--VDVS-----

-EE---D--G-----SLKHSLSKYANND-----KRKAE--VIQ-RVDEC-

----NKQ-----EAN-----DK-----YEKVKVS-TCYLNTSS

V---Q-----

-----FKV-----

>Hmel-OBP33_HMEL015925_AB_HmOBP23_HMEL015918_

-----AYIK-----VGKE-FTEDAIK

GSVHCTDEL-----KLPV-E-----TL---QTFL-TSKY-----

---ED-----SL-PMRKYIYCLGIM--LDVG-----

-DE---N--G-----NLKHSLSKYAGNN-----KRKAE--ILE-TIDEC-

----NKL-----EAS-----DK-----YEKALKVS-TCYLNKSS

L---L-----

-----FEIKKD-----

>Hmel-OBP34_HMEL015927_AB_HmOBP15_

-----AYIK-----VGKE-FTEDAIK

GSVHCTDEL-----GLPV-D-----TL---QTFL-TSKY-----

---ED-----SP-LMRKYIYCLGIM--LDVG-----

-EE---D--G-----SLKHSLSKYAGND-----KRKVE--VLK-TIDEC-

----NKL-----EAS-----DK-----YEKAIKVS-TCYLNKSP

L---L-----

-----FEIKKD-----

>Hmel-OBP35_HMEL015928_AB_HmOBP5_

-----MKVL-----

-----IIC--VGL-----

---FALIE-----A---HNIH-----LSHG-QKEKVKE

YAAECMKES-----GAKP-E-----VL----ADAK-KGHL-----

---VD-----DE-GLKKFILCFFQK--TGVL-----

-SS---D--A-K-----LNTDVALSKLPAG-----IDKVT--AAK-VLNDC-

----KNK-----KGA-----TH-----ADTAFEIF-KCYYTHTK

Q---H-----

-----ILF---EK-----

>Hmel-OBP37_HMEL018118_

-----IIA-----MPPA-RISRIVM

ASSKCIEEL-----NLEK-D-----TM---QKFF-AWQL-----

---SD-----SE-STRKYTYCLGTG--SGYI-----

-DS--D--G-S-----IIKNEVLDIVG-----SHRDR--VNA-IIDEC-

----NKS-----KYN-----DK-----YETAFRSV-MCFNEKSG

L---Q-----

-----FKV-----

>Hmel-OBP41_HMEL022561_

---YLKES-----AAKS-K-----IL---ANTN-KRHL-----

---ID-----YEEL-----

-SS--D--D-K-----LNTDIALCLKLPA-----KVT--AAK-VFND-

---ENK---QGA---TR-----AYTAFEIC-NVTTLHN

QLLYL-----

>Hmel-OBP42_HMEL022573_

-----YAGVILK

AAADCIEST-----GVGA-D-----AV---QKVI-AANL-----

---EN-----TE-PFKKFLYCFSSK--SGYV-----

-DG---D--G-H-----LIVDQMIKLVGNH-----KDKAK--FID-VINLC-

----NKS-----KGG-----NT-----LDTMFQTT-VCFKQNSP

I--Y-----

-----LTL-----

>Hmel-OBP1_HMEL003176_AB_HmOBP41_

-----MSVR-----

-----VLF--IFI--IV-----TA

CQANIQV-----SPPV-TCGYLPR

AIHECIGSP-----HIVK-P-----EI---SAQC-S-----

-----KSISECERMTCVFQK--SGWM-----

-SG-----N-A-----VDKDKVKSYFDQFSTD----NPQWALA--VNH-VKAAC-

----LNM-----DLP---SQGV-----Y---LNCPAYDILTCVFSGFI

---K-----

-----NAQPD--QWSSSES

CSYPRQFASACPYCPSDCFAAQVPIGSCNACLALPRSP-----

>Hmel-OBP5_HMEL006666_AB_HmOBP43_

-----MLRI-----

-----PLV--AIF-----

-----ILK

PISACCDIP-----EMGDVG-----PL---SECS-NP-----

-----RLPGPCNEVQCVFEK--SGFL-----

-ID--K--Q-T-----LNKEAYRAHLRQWVEG---HKGWEDA--VEK-AIKDC-

----VDR-----DLR---QYLD-----NPCKAYDVFTCTGIAML

---K-----

-----VRK-----

>Hmel-OBP38_HMEL022514_AB_HmOBP40_

-----EF-----

-----IQP--KWR-----TD

CGFKLKWD-----DINR-LSIFNES

DVTTTTTEA-----TSLRNK-----DV---K-----

-----IVPLPCDKQNCIFSK--LNIT-----

-ND-----G-V-----IDKDAFSRLLDTMTHR---HTQWTS--KAK-VVTQC-

----LNK-----PLL---GYE-----EDCEINRILACTYDILT

---E-----

-----VCY-----

>Hmel-OBP40_HMEL022553_AB_HmOBP42_

-----MHQT-----

-----VVF--CLL--IF-----QV

VTAEPPPP-----QCRG-PPAGLQK

NPKECCKFP-----KVFKEE-----DF----KECG-IEKPSEE--D

GSFHH-----RGPPDCDKQICLLQI--NNLM-----

-KD--D--T-T-----IDKDAVTAFMQKWGDA---NGDFKDA--VDV-AIDRC-

----VKG-----DLP---GPP-----ELCEATKMIFCIGSTMF

---M-----

-----NCP----KWEDTDD

CKKVKEHIEECKPYFN-----

>Hmel-OBP45_HMEL009897_AB_HmOBP39_

-----MVQRISALL-----

-----WCL--YIF--SISLSDSAISAET

ETRCRNPP-----T--APQK-----IERV-ISLCQEE

IKLSILREA-----LDVIKEE-----HT----MPAQ-RRRNKRE--V

PFTHD-----EKRIAGCLLQCVYRK--VKAV-----

-DG---Y--G-F-----PTLEGLVGLYSDGVNE----RGYFMA--VLE-ASREC-

LMRNHDKF-----SRT---VPMD-----NGRNCDISFDIF-ECISDRIG

E---Y-----

-----CGN-----SGL

>Bany-OBP_CN1_GW3I2KR01B64MG_35Frame3

-----DRRTGV-----

-----RMF--RNV--FL-----ML

CSVSVG-L-----Y---ADVE-----VMKD-VTLGFGE

ALQHCREES-----QLSE-D-----KM---E-EF-FHFWRDD--F

--KFE-----DR-ELGCAIKCMSAH--YDLL-----

-TD---S--H-R-----MHHENTDRFIKSFPNG----E-VLSQQ--MVQ-LIHEC-

----EQQ-----HDA---EE-D-----H--CWRILRVA-ECFKGACQ

R--H-----

-----GIA---PTMEMLM

AEFIMEAESRTSTALVD--FTSLRNIIYTSILIIYKAEFVCLFERANLINYWSDLKNYFS

ARPIYRGRLAIYYPSIPTGPRTRVKPRGVSYHKL TNGLDTKAGRIHPFFVFGILMRNF

DLEFRTLRFSSSGMHIVSSARIRYVREEFVQFENKNVFAGGSPPYRQRRTTKRFRVPYDV

VWIFIPLLTSPAFLDCIT-----

----IRDQSQGL-----TC-----

-----KEK

RK-----

>Bany-OBP_CN2_GZKG99Z02D6PVR_35Frame1

-----CAIMCMAS---IRPI-----

-AD---D--M-S-----LHHQNAHEFAKTHGAD----D-DMAKQ--LVN-MLHDC-

----EKV-----HDS----IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH

E---L-----

-----KWA----PSMEEIL

EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFANRQMVLGNHNIVRGHSRFIVFKITV--LNTKG

RRKQKYNI-----DSLHNLVVNISNLNTGQSSGNLLQ

-----KKTRKT-TSKALITKWLDYITRNNTNDIILYL-----

-----VEYNP-----YIISHNNFIEVV-----

-----ASYFR-----

>Bany-OBP_CN3_GE679317_35Frame2

-----SSGQRRVAITAGDRYNNMATRARWR-----
-----FLA--V---VV-----FV
VTHGHR-A-----I---ASQE-----IMKK-LTTGFSK
ALEECKQEM-----GFGE-H-----IM---K-DF-YNWYKED--Y
--ELL-----NR-ETGCAIMCMASK--FDLI-----
-AD---D--M-S-----LHHQNAHEFAKTHGAD---D-DMAKQ--LVN-MLHDC-
----EKV-----HDS---IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH
E---L-----

-----KWA---PSMEEIL
EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFAN-QMVLGNHNIARGHSRFSFILSFLRHLYLIQ
KADASRNIIILLRHLYLIQKADASRNIIILSFFFLNLICYPNVLVDSLTFGSQNLINRYR
ITLVRVVVTCCKKTRKTLTSKALTTKLILYCTYLVEYNPYMHLRITQLYRGGRFVFQFVS
TVMLIWFRDGSVKLLESYKTKLYFP-----YYVPHYGLTNIISLKICLCVLDILF
IFNELEIIVKHIAIELQRLLKTPITTAFRSTAAMSLHFTLASCLTMLSETTYLLCLWR
LRSFGRENGAAYFNMRGLNCLSAAAKTVGLRAPAVYDNIFCFGQHLYVF-----LV
KVFDTRSNSMIIC-----LLNVFHCNLMIACLLNVFHCNSMITCTLSLQLPNNTTNCLMF
YGFKYLTLLPATCQIAFRLFNPHVLCVFVWVNVNQTSIWCTDKKKTLLIPLSLPLSYRNH
STVGKYLDITLPLQFHHFKRNIILYL

>Bany-OBP_CN4_GE686547_53Frame2

-----QTNNRTNEDYGRTTYLR-----
-----LVG--R---YF-----TF
VNNMGT-S-----Y---SFPR-----NHEE-TNHRVSK
ALEECKQEM-----GFGE-H-----IM---K-DF-YNWYWKED--Y
--ELL-----NR-ETGCAIMCMASK--FDLI-----
-AD---D--M-S-----LHHQNAHEFAKTHGAD---D-DMAKQ--LVN-MLHDC-
----EKV-----HDS---IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH
E---L-----

-----KWA---PSMEEIL
EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFPN---ISSLDVGTKSYCRSIFIYRF--DNCSY
KRPTQAEIY-----FLVTFGSQLINRYRIILGRVVVTC
-----CKKHAKPLLKPLLNDLYYIVPSIPLHLTFTYH-----K
LIISRWSLRISVCLLNGYANMVMRW-----VSIMIRKLQNIIFSILCSSLWPHY
PVKDLFMCFRYSFHIVEDYRKAYLSHRVTTSTREDTTHHYLPINCG-----DIAT
LHISFVLAYYVERNVIYGAYEVLVAKTALHILIVEDLTNVLVLQKILKSACVELSVCDML
FVLDSISSTYFLVTQFKLVLSRTYLILVVTQFKFVFSRTYFIVTQFKLVLYNNPSS----
----YQITRRPACFMDFRNIRFSQQLVRHLGYLILMYCVYFKWCGMLTNKQVFGIQKKKI
ITKKK-----
>Bany-OBP_CN5_GE680338_53Frame3

-----XLRPGV
KRHCGHYGRGSPSLSNM-----IVPN-----
-----YCG--GFL-----VL
VLYFIHFP-----S---NYAM-----TRQQ-LKNSGKL
MKKSCMPKN-----EVTE-E-----QI---GQIE-QGKF-----
--IE-----ER-NVMCYVACVYSM--TQVV-----
-KN-----N-K-----LNHEAIIKQVDMMFPP-----DMRDA--VKV-AVENC-
----KDI-----GKK---YKDI-----CEASYWTA-KCMYDYDP
K---N-----

-----FVFPCNNNTYFKKE
KKEKK-----

>Bany-OBP_CN6_GS8R7LM03EULY6_53Frame1

[illegible]

-----YQRRVAITAGEIDTENTE-----

-----MFK--VVPIVVF-----LF

ISISIN-E-----I--TTNE-----TMKN-ITSGFLK

VLDDCKHEL-----NLSE-N-----VL----A-DM-YHFWKAD--H

--ALL-----HR-DTGCAIVCMSKK--LNLL-----

-DT---S--G-K-----LHHGNAQEFVNHGAA----S-DMASK--LVS-VVHEC-

----EQK-----HDA----EE-D-----P---CLRALEIA-KCFREVMH

E---M-----

-----NWA----PRMDIII

SEVLTEIINEETKRIINKEVKRMKHANKQTSYVTYNIFLSRLFFGIVNVYCLFIFYFLNP

LFNFFINNFYFCNFMFIVVLSYFYPGKTNWDTVMIPGSISYKLNYSFLLYIYFGYLLQLH

MTSMYCMLQRPSFLEFFRILNKNQICVHIYIK-----

>Bany-OBP_CN8_GW3I2KR01AEGGI_53Frame1

-----FCK

VLDDVSMSL-----NAKT-Y-----PIXTTSGSGS---

--RFA-----PP-RHRVRHRMHEQK--AEPA-----

-RY---S--G-K-----LHHGNAQEFAVNHGAA----S-DMASK--LVS-VVHEC-

----EQK-----HDA---EE-D-----P---CLRALEIA-KCFREVMH

E---M-----

-----NWA---PRMDIII

SEVLTEIINETKRIINKEVNVSMQISKEVNIRLLTKIFFVGYFLELVILCLLLYLVNSDT

PGKRIG-----ILLFPGSISYKLNYSFLLYIYFGYLLQLH

MTSMYCMLQRPSFLEFFRILNKKSNLRTY-----

>Bany-OBP_CN9_GE686922_35Frame1

-AASDMASKLVSVVHECEQKHDAGEDPCLRA-----

-----LEI--AKC--FR-----EV
MHEMNWAP-----R---MDII-----ISE--VLTEIHK
LKNRNNKRS-----KTYEA-CK-----AN---K-LI-LGYLLKY--F
FKVIF-----WNSRLLFIYILFFES--FVRF-----
-PS---Y--M-S-----TNLLNVLSILKVFFLI---L-IKDGQ--LMS-TNQGA-
----RAI-----ADV---DQ-S-----R---PTNWGKRS-VGGARRLR
S---S-----

-----RAS---FEILELL
KSVIKLRKVNKICYCAKRKFYFHTGLNLTPLFNFFINNFYFCYFMFIVVLSYFYPRKTNW
D-----

-----TVVIPCLFHINNITVSYCIFTLITYCSYIRVCI
VCCNGRASWNRILN-----

>Bany-OBP_CN10_GW3I2KR01E2YNH_53Frame3

----NDSF-----RVEM-S-----YL---A-SF-NKSGSFP---
--DE-----TDKTPKCFMRCVLEK--SGVA-----
-SP--A--S-Q-----FNVKRTAEIFPQIRDI-----AEED--IVK-IATEC-
----TDR-----PET-----C-----K--CERSYQYL-KCLMETVI
E--I-----

-----YDV---KNNFPIF
GFPNKHTYPLL-----LLFFHGKIYKTLLKIKK--ICYYNRFIINFFILMCTYSNV
KSIKRK-----

>Bany-OBP_CN11_GE680903_35Frame3

-----YDSL-----RRGG-N-----VT---AGSF-NKSGSFP---

---DE-----TDKTPKCFMRCVLEK--SGVA-----

-SP---A--S-Q-----FNVKRTAEIFPQIRDI-----AEED--IVK-IATEC-

----TDR-----PET-----C-----K---CERSYQYL-KCLMETVI

E---I-----

-----YDV---KIKPFPS

LVVPICILITASAFVFFPIYLFVLFNFKQKIYKTLLKFIKKNVTIHALFSIFDLYCNVHI

KAMFKNIKKKNFSINKYTGRYFKNYLFYVMSFLYNLYRLGNKHCNSLKSPLINKSLLNH-

>Bany-OBP_CN12_GS8R7LM03EMD3J_53Frame2

-----AITAGERPLRPGEE-----

-----AMS--ILI-----AV

VKFLALT-----L---CDAM-----TMKQ-IKSTGKM

MRKTCQPKI-----NVAD-E-----KI---DPLN-EGVF-----

---IE-----EK-EVMCYIACIMKM--ANAV-----

-KN-----N-K-----LNYEAAMKQADILFPE-----EIKQP--AKD-AITAC-

----RKV-----ADS---YKDI-----CEASFFVT-KCIYNHNP

A---I-----

-----FYFPLLNLWHKGKK

K-----

>Bany-OBP_CN13_GE678549_53Frame3

-----PLRPGSYK

SESVTKLKIRVGAIVYCSELNKIYKSMSNTF-----

-----WFF--AFL-----

SVALVNGK-----K--ATVT-----IPPE-YAGELIT

ASVDCVRDT-----GVDP-D-----ML---NQIV-QWKL-----

---QE-----ND-NVKKFIFCVATA--TGYG-----

-DS---D--G-H-----VVVDKAEKLLSNH-----KKKEE--FKN-ILKEC-

----NKI-----SGS-----DK-----YDTLYKTA-KCNREKQP

I--V-----

-----FSLKKLRVAYEGIN

KMKTQGCLLTSKFSLNKGLCLREINI-KILRKE-----

>Bany-OBP_CN14_GS8R7LM02B1WGH_53Frame1

-----LRPGRSHYGYLVSKLL

SSIVLNYIKHKINKINKINKINKYKTMSNTF-----

-----WLF--AFL-----

SVVTVYGK-----R--ATVT-----IPPE-YAAELVT

ASVGCVRNT-----GVDP-N-----IL---DQIV-QWNF-----

---QE-----TD-NVKKFIYCMSLA--SGFG-----

-DS---D--G-H-----LIIDKVARLVSDSN-----KKKDE--LIN-ALKEC-

-----NTL-----SGS-----DK-----YDTLFKTV-KCNREKQP

I--V-----

-----FSFIYLKHIAMNT

TGGFCCLLRRYYQNQVSSYLKGCVWKTIKGSKKK-----

>Bany-OBP_CN15_GE680950_35Frame2

YGRGNGFGLRAEKQRNIDAAMTSAALLVFLFLVSFGHGAKESRNLARKSKEIIQHVHNE
C

VDKSSVSTQSGHYGRGRNKGITPLHLRRCLCFCSSFRLVTERKKSRNLARKSKKYNMFT
T

SVSIKPPRRTRIAKTAYLRRTHYLRLRGGETKEYRRRYDICGAACVSVPRFVWSRSEKA

GTRGNQRNNTTCSQRVCRNRSNRGGHSELKRKHIGGHKIEVLHVLFTGRRESCCWQCFY
S

TNASLWEKSSSNKYLLRGEKQRNIDAAMTSA-----

-----ALL--VFL-----F-L

VSFGHGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH

VHNECVDKT-----GVTE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

--KE-----DT-KLKCYSMFCLEE--GSLV-----

-DD---D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-

-----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP

N---F-----

-----YFLFYSTNASLWEK

SSSNKYVLNIFAWFKKKKKKKKLCVNCFKCCINRVYCIYYIKCNNNRNLVKKEK-----

>Bany-OBP_CN16_GS8R7LM03C9PJO_35Frame1

-----HDS---IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH

E---L-----

-----KWA---PSMEEIL
EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFANRQMVLGNHNIARGHSRFSFILYFL--VNI--
-----IWESINKILNLNTGRSSDNLLQ
-----KTRKT-TCKALITK-LDYITRNNTNDIILYLVEYNPYIISHNNYFKVV
ASYFSLSPKRLCYGLDEMGQLNYDKVTKLNYIFHIMFLTMA SLILLASERFVYVFIFFSY
LMSRLSSIFRPLSYNVYRRHHSSLLPSDKLWRYRYTSHFRASLLCTKR-----NLWR
LRNFGRENGAAYFN SMRGLNCLSAAAKT VSLRAPAVYDNIFCFGQHLYVFLSNSMIACL
V
NVFDTRSNSMIVC-----LLNVFHCNLMIACLLDVFHCNSMIACTLSLQLPNNTTTYLMF
YGFKYLTLLPATCQIAFRLFNPHVLCVFVWVNVNQTSVWYTKKKNYKYGK-----

>Bany-OBP_CN17_GS8R7LM02B5M46_35Frame1

-----ITAGVSTQSGHYGRDCEKARGTMASC-----
-----WY--VMV--VV-----VM
SMVSRP-V-----A--GTAE-----VMSH-VTAHFGK
SLEE CREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F
--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----
-ED---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSF PKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-
-----EQE-----YDD----IK-D-----D---CSR VVKVA-ACFKVSAK
D---E-----

-----GIA----PEVAMIE
AVLEKYVHGIKSRTLIFYFSFSH--VTRATDLQFFFYSLQVSSLQSHLMVSDDAIDESRQT
CVEDENLYPFRFLHDIVLERIAWRYVVFVGRVVTSHGQSLPPARPGPIKKTSISPAGNRTQ
DLRLLNSPRTPLRYGGRQKCNCTVLSNRNFNQNHKNCTIKTVKNCRSVGYITYYYFEITII
RITNFLFNRSFRRIEKKCTQLYYNNHFPFLCYCYLLRLVSKLTDVIITIVIDFENELDFH
KNNL-----VFIFSLQNEKFTIHYLVHLYCKLWTKGLNN---IVLSNLYVKIDY
RINFVRNRDYGESLRENGHFGILIKKQFKIKKKKKEKLCV-----

-D-----

>Bany-OBP_CN18_GE654902_53Frame2

-----VSTQSGHYAAITAGGEKARGTMASC-----

-----WY--IMV--VV-----VM

SLVSRP-V-----A---GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F

--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----

-ED---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-

----EQE-----YDD---IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK

D---E-----

-----GIA----PEVAMIE
AVLEKYVHGIKSRTLFYFSFFKYNLQTFSFNCAVLIVQFSSLSELESPRRMRGVRPIVHH
AGPMRIGKHAENENSLVCRFPHDIFLHRLRHVIFFLKMHTTEKLECMPTREFEPTPFGI-
-----GGRGHIHWAITARYSLILSKFQSKSLEKLYSNCKKLPVCKLHNLLLKQLFVSLN
FCNLI-----KVFEDSNAPNKCNTTMIIFHSFVIAIY--DLVNQRSELLSI
LNKMNWTSTKIISYNLANIYFQPFKKLRKVYNLSSALNL-LIMDRPEYCAKYMQKIIDD
RISLYETETMANHCMKT-DTDLVYRSNLKIKKEKKKLCVD-----

-T-----

>Bany-OBP_CN19_GS8R7LM02B0493_53Frame1

-----GH--YGR-----

-----G-----R--ESAR-----YHGV-VLVHYGG

DGDVYGVQT-----SGRY-S-----GD----E-PC-YCAFREI--F

--RRV-----SR-RVGSLTRDSGRV--PTFL-----

-ER--G--L-RGGAPAGLCPHLHVNMHDYIKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-

----EQE-----YDD----IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK

D---E-----

-----GIA----PEVAMIE

AVLEKYVHGIKSRTLFYFSFFKYNLQTFSFNCAVLIVQFSSLSELESPLRMKVRPIVHH
AGPMRIGRLYTRRELRKLSGFLTIFSFTVDTYFNFLKCTQLKSWRCMPRTGFETTPSGI-

-----GGRGHIHWDITARYSLILSKFQSKSLEKLYSNKKLPVCRLQP

ITITIICITSFRRIEKKCTQLYDNNHFPFLCYFYLLRLVSKLTEVITIVIDFDYYELVFH

KNNL-----VQFSKHLFSAFYKTKENLQFIICTFIVNYVLKAILCVTYMQKYIID

DRISLETETTANHCMKT-DTDLVYRSNLKLKKKKKKICVY-----

-H-----

>Bany-OBP_CN20_GE680902_53Frame3

FFFVTTSPCREWVICAPAAFLGCGSRFSGSLSGIEFPVTRDNHGSRRNYHRKLIRQTFE

RCVERRVAITAGGISTMNRNMNFVYAITFAL-----

-----ITF--SVT--ECATKEKDKPNNA

KVETTTAS-----V---SVEE-----RDKS-EEFNLME

VMVECNDSF-----RVEM-S-----YL---A-SF-NKSGSFP---

---DE-----TDKTPKCFMRCVLEK--SGVA-----

-SP---A--S-Q-----FNVKRTAEIFPQIRDI-----AEED--IVK-IATEC-

----TDR-----PET-----C-----K--CERSYQYL-KCLMETVI

E---I-----

-----YDV---KNTFAIF

GFPNKHIYPPLLFSLIYLFVLFNFKQKIYKTLLKFKKKIVILIALFSIFDFILMCAYSNV

KSKKEK-----

>Bany-OBP_CN21_GE660702_53Frame2

-----AITAGDTISDIQ-----

-----EDT--RVFYKMFIKKLFFYNFVI

LITFCNFN-----N---IHAK-----NADD-LKQNFMH

ILMECAKDY-----PITG-D-----DV----EQFK-NKQV-----

---PD-----NE-NMRCLLACAYKK--TGMM-----

-DD---Q--G-M-----LSVEGVNKYTQEYLGD----DSNKLEK--AHD-FTDVC-

----KSV-----NDV----SVSD-----GSKGCDRAALMF-KCSVDKAA

E---F-----

-----GFD----IVLYNPI

REEKELAHLERRIYAEPKTQIVIKLDIVCNVLYLLLRLSCIHLLLLQLYQIDHLDGKLNW

QMRIIEPLKLIIFYIAFKNTAFYIIDFIFDAFLMLSCQLFSLLYKSMLGIVSIQFLLLLN

IFKGKNIKIQLAVCISLFYLVTLVCFKLIMAISSCVLKISTRNPFNTTGTVNSFFNY
YYVFVVGIKTNIEVVKKKEKRK-----

>Bany-OBP_CN22_GS8R7LM03DK2TO_35Frame1

-----YLRSGVFVVVKSSVTYWSFV-----

-----VWY--VMV--VV-----VM

SMVSRP-V-----A--GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F

--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----

-ED---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-

----EQE-----YDD----IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK

D---E-----

-----GIA---PEVAMIE

AVLEKY-IHQIGNSIPDLILLFSSCNPGYRPSVFFTLYKLALDYNLTWSVMTQSRWKRAN

LLGGGNPYPPRFQHDIVLERIAWRYVFVDRVVTSHGQRPTSQTWTNNLNRPSWGSNPGP

-

-----PSHTTAPRRPSKVLRSFNTVLSNRIFIKIFRKTQVQFKLKKTAGLVVPITITIIC

ITKFLYFNRSFRRIEKKCTQLYNNNHFPSLCYCYLLRLVSKLTEVI--IVINFENELEFH

KNNL-----IHLANIYFQAFYKTKKSLQFIICTFIVNYVLKAILCVTYMQKYIID

DRISLETETTANHCIE--GT-----TRIVITKKKDXXX-----

-X-----

>Bany-OBP_CN23_GS8R7LM03D9HP1_53Frame2

-----EKD--TEL--TPEQRREEQSKYG

IFFDDDDYN-----Y--LQHL-----KDTR-EEFNLME

VMVECNDSF-----RVEM-S-----YL----A-SF-NKSGSFP---

---DE-----TDKTPKCFMRCVLEK--SGVA-----

-SP---A--S-Q-----FNVKRTAEIFPQIRDI-----AEED--IVK-IATEC-

----TDR-----PET-----C-----K--CERSYQYL-KCLMETVI

E---I-----

-----YDV---KIKPFQS

LVVPICILTLPFPLLLLFSSNFFLILKVLKNIQNTVKIYKKKLLLSLYFQFLIYT----

>Bany-OBP_CN24_GW3I2KR01A0OH8_53Frame3

-----TAGGHCQSRTGRKLCDRRTGV-----

-----RMF--RNV--FL-----ML

CSVSVG-L-----Y---ADVE-----VMKD-VTLGFGE

ALQHCREES-----QLSE-D-----KM---E-EF-FHFWRDD--F

--KFE-----DR-ELGCAIKCMSAH--YDLL-----

-TD--S--H-R-----MHHENTDRFIKSFPNG---E-VLSQQ--MVQ-LIHEC-

----EQQ-----HDA---EE-D-----H--CWRILRVA-ECFKGACQ

R---H-----

-----GIA---PTMEMLM

AEFIMEAESRTTTALVSLHFTSKYHLYFYTNISRVLNALISGTTGPIKIISVLDSPFIEG

YYP-----TGARTTRVKPRGVSYYHKL TNGLDTKAGRIHPFFVFVILMRNF

DLEFRTLRFSSSGMYIVSSARIRYVREEFVQFENKNVLAGGSPPYRQRRTTKQFRVPYDV

VWIFIPLLTSPAFILDCIITDYQVRLRANLRKRKKNVHVRHLMVFYIDFMHVSFRTLKTD

SENVGIRKYVKGVYAAGLNVNLLRTSGRPHHLREKLKNTCMFIMETDAWSTHYSHNPG
LI

YLKYVAIQTRLPEPVVYTSLLMHGTVSGTTTKYTTSKYFYTYAAPIVCNVHIKAMFKNI

KE-----

>Bany-OBP_CN25_GW3I2KR01AJ48K_53Frame3

-----XXXITAGDCEKARGTMASC-----

-----WY--VMV--VV-----VM

SMVSRP-V-----A--GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHALYQE--L

SQRAV-----ISKDGRTNTLARVRH--QGLQ-----

-PR--GEGGGV-----LQSERQGRNRSSGYD---RSGLRKV--LSS-LVGNIP

DLILLFFV-----PSDLQFLRSFN-----CTVFIIARVSSQNERG

A---N-----

-----SPPRWPNADWQTLH

TQRIKETLWCAGFHTIFSFTVDTYFNFLKCTQLKSWSVCRGPDSNLRPPESEAEVIFTG-

-----LSRLGTVLSNRNFNQNHKNCTVKIEKKLPVCRLHNLLLNNNY

SYHFFVISKFSKNRMKKCTQLYYNNHFPFLCYCYLLRQVSKTEVIIVINFEN-----

[illegible]

--KFE-----DR-ELGCAIKCMSAH--YDLL-----

-TD---S--H-R-----MHHENTDRFIKSFPNG---E-VLSHT--FF-----

[illegible]

>Bany-OBP_CN27_GZKG99Z02C1ZKR_53Frame3

XXXT-----

-----IYGPGVNRLLVRPSMTSA-----

-----ALL--VFL-----F-L

VSFGHGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH

VHNECVDKT-----GVTE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

---KE-----DT-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DD---D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-

----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP

K---F-----

-----YLLF-STLLMLADW

EKSYKILF-----

>Bany-OBP_CN28_GE681934_35Frame2

-----YGRGQ
LQSYRRYEVQSSIVLSI---KKYKSMFNTF-----
-----WFF--AFL-----
SVALVNGK-----K---ATVT-----IPPE-YAGELIT
ASVDCVRDT-----GVDP-D-----ML---NQIV-QWKL-----
---QE-----ND-NVKKFIFCVATA--TGYG-----
-DS---D--G-H-----VVVDKAEKLLSNSH-----KKKEE--FKN-ILKEC-
----NKI-----SGS-----DK-----YDTLYKTA-KCNREKQP
I---V-----

-----FSLKKLGVYQNEVD
AR-----LSSDFQVFKRVVFRGNKLNNIVNIT-----

>Bany-OBP_CN29_GE684370_53Frame2

-----M---V-E-----LIHNC-----

-----EQE-----YDD----IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK

D---E-----

-----GIA-----PEVAMIE

AVLEKY-----

>Bany-OBP_CN30_GE679318_35Frame1

-----LED--Y

--ELL-----NR-ETGCAIMCMASK--FDLI-----

-AD---D--M-S-----LHHQNAHEFAKTHGAD---D-DMAKQ--LVN-MLHDC-

----EKV-----HDS---IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH

E---L-----

-----KWA---PSMEEIL

EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFANRQMVLGNHNIARGHSRFSFILYFL--VNI--

-----IWESINKILNLNTGRSSDNLLQ

-----KTRKT-TCKALITK-LDYIT-----

>Bany-OBP_CN31_GW3I2KR01B8IJW_53Frame2

-----ESTPPECAVAKTHGAD---D-DMAKQ--LVN-MLHDC-

----EKV-----HDS---IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH

E---L-----

-----KWA---PSMEEIL

EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFAN-QMVLGNHNIARGHSRFIVFKIPVLNTKGRR

KQKYNI-----DSLTFGSQLINRYRIILVRLVVTC

-----CKTRKTLTSKALTTKLILYCTLNITLTFNIYV-----SHNNYIEVV

ASYFSLSPKRLCYGLDEMGQLNYDKVTKLNYIFHIMFLTMA SLILLACERFVLLCFYYFF

FYIVGDYREAYLGHVTTSTREEHHSSLLPSVQ-----

>Bany-OBP_CN32_GE680582_35Frame1

-----HHRHHHHHHNVP
TRRHGTFALSRPGPIYLRSGAREREGTMASC-----
-----WY--IMV--VM-----VM
SMVSRP-V-----A--GTAE-----VMSH-VTAHFGK
SLEECREES-----GLSP-E-----IL----E-EF-QHFWSED--F
--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----
-ED---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-
----EQE-----YDD---IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK
D---E-----

-----GIA----PEVAMIE
AVLEKYVHKQVGNSIPDLILLFFSCNLGYRPSVFFYSLQVSPLQSHLMDSVITGTCHDEE
TRFLMSIFPGCMDRGHDGIEVASKTRGCKKK-----

>Bany-OBP_CN33_GS8R7LM03DRG7F_53Frame1

-----FFFFQLNNILVAIIFLKSIRHNDLQL

LFYIAQTVVCIHQTVDNFWASKGGIFSKDSMSTSFKLLYSSLSLFSLFFSKSFSLKGFFF
FLALLDFGSLPPRAGSGFARLLPSLDVVAVSQAPSPESNPDSPLPVTTMVVAENYHRKVD

KADIKMRRRYQRRVAITAGDCEKARGTMASC-----

-----WY--VMV--VV-----VM

SMVSRP-V-----A--GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F

--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----

-RT-----ISRAFPKV-----SCYQQ--RWN YITVSK-

-----SMT-----TSRMTAAA-WRWRRASK

A-----

-----PRTKESL

LKWL-----

>Bany-OBP_CN3435_GW3I2KR01CVXZX

-----TAGGEKARGTMAPC-----
-----WY--IMV--VV-----VM
SMVSRP-V-----A--GTAE-----VMSH-VTAHFGK
SLEECPRE-----E-----IL---E-EF-QHFWSED--F
--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----
-ED---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPGK---E-LLSAK--MVE-LIHNC-
----EQE-----YDD---IKDD-----CSRVVKVA-ACFKVSAK
D---E-----

-----GIA---PEVAMIE
AVLEKYVHGIKSRTLFIYFSFLSITFRPSVKTVKNCRSVSYITYYLNNNYSYHIFVISKFS
KIRMHLTNVIQQFSIPLLLFIKTSINRGLNNYCNRFIKIGLPQNNL-----

-----VQFSKHLFSAFKTKESLTITLICTFIVNYGLK-----

>Bany-ABPX_CN36_GW3I2KR01AZ1VU1_53Frame2

-----XXXYGRGDIIALVNQS

ALPRGITSMAITAGEVTFNWFNFYSNKMASK-----

-----LVL--WMV-----

--LSCLVL-----GAFG-----MDAE-MAELAKM

LRESCVDET-----GVDV-G-----LI---DKVN-AGADL-----

---MQ-----DN-KLKCYIKCVMET--AGMM-----

-SG-----G-D-----VDVEAVIAVLPE-----ELKKH---AN-TMRSC-

----GTQ-----KGT-----DD-----CDTAFKTQ-ECWQKGNK

Q---D-----

-----FFLILSNTYY----

>Bany-OBP_CN37_GE680035_53Frame1

-----GHLRPGEKQRNIDAAMTSA-----

-----ALL--VFL-----F-L
VSFGHGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH
VHNECVDKT-----GVT--E-----DI---ANCE-NGIF-----
--KE-----DT-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----
-DD---D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-
----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP
N---F-----

-----YFLFYSTNASLWEK
SSSNKYVLNIFAWYVKKEK-----KKRK-----

>Bany-OBP_CN38_GZKG99Z02C7YYH_35Frame2

YLRSGGS-----

-----KLKVIISTSVLLYYSCRSS-----
-----CLC--CFL-----VSS

FVLGHGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH
VHNECVDKT-----GVTE-E-----DI---ANCE-NGIF-----
---KE-----DT-KLKCYSMFCLLEE--GSLV-----
-DD---D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-
----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP
N---F-----

-----YFLFYSTNASLWEK
SSSNKKVLEIKIITTIGF-----KKEK-----

>Bany-OBP_CN39_GZKG99Z02CZ4PM_53Frame3

-----TAGDCEKARGTMASC-----
-----WY--IMV--VM-----VM
SMVSRP-V-----A---GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F

--EVV-----HR-ELGCALICMTIS--RAFP-----

-KV-----SCY-----QQRWNYITVSKSMTTS---RMTAAAW--RWR-RASKAP

RTKESHLK-----WRK---RSWK-----SIKFTSRELNPG-PYFTLVFL

S---I-----

-----TFR---PSVKTVK

NCRSVSYITYYLNNNYLYHFSKNRMKEMHLTNVVQQSFLLLLFIKTSINRGLNNYCNRF

LIGFP-----

>Bany-OBP_CN40_GZXD38A01B7FTS1_53Frame3

-----TAGGEKARGTMASC-----

-----WY--VMV--VV-----VM

SMVSRP-V-----A---GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECQEL-----SQRA-V-----IS---KDGR-TNTLARV--R

-----LRISGNLKSVPKSG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-

----EQE-----YDD----IKDD-----CSRVVKVA-ACFKVSAK

D--E-----

-----GIA----PEVAMIE

AVLEKYVHGIKSRTLFIYFSFLSITFRPSVLTAQFLYSFHHLSSSLLAEEGLGQSTTLAQ

CGLANTQRIKKNYVIAGFLTIFSF-----

>Bany-OBP_CN42_GZXD38A01BULAD_53Frame2

-----IT-----AGERIGHVHSYS

GRKISVSTY-----TLRR-E-----KI----DPLN-EGVF-----

---IE-----EK-EVMCYIACIMKM--ANAV-----

-KN-----N-K-----LNYEAAMKQADILFPE-----EIKQP--AKD-AITAC-

-----RKV-----ADS---YKDI-----CEASFFVT-KCIYNHNP

A---I-----

-----FYFPLLNLW-----

>Bany-OBP_CN43_GZXD38A01B8Y5N_35Frame1

-----LFTVRGSRRRLPIGRSLF-----

-----GYY--LLVGCIG-----LF

LLVSRP-V-----A---GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F

--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----

-ED---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-

-----EQE-----YDD----IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK

E---R-----

-----RKSNRSGTRKAMIE

AVLEKLQLSRELNPGPYFTLVF-----

>Bany-OBP_CN44_GZKG99Z02C6VHV_35Frame1

LFTVRGK-----

-----KLKVIISTSVLLYYSCRSS-----

-----ALL--VFL-----F-L

VSFGHGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH

VHNECVDKT-----GVTE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

---KE-----DT-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DD---D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-

----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP

N---F-----

-----YFLFYSTNASLWEK
SSSYKICFRNNNYDVVK-----KEKR-----

>Bany-ABPX_CN45_GE680205_53Frame2

-----RPLRPGHVTFNWFNFYSNKMASK-----

-----LVL--WMV-----

--LSCLVL-----GAFG-----MDAE-MAELAKM

LRESCVDET-----GVDV-G-----LI---DKVN-AGADL-----

---MQ-----DD-KLKCYIKCVMET--AGMM-----

-SG-----G-D-----VDVEAVIAVLPE-----ELKKH---AN-TMRSC-

----GTQ-----KGT-----DD-----CDTAFKTQ-ECWQKGNK

Q---D-----

-----FFLILQYILCVCiY

KTLYFKKKK-----

>Bany-OBP_CN46_GZKG99Z02D3ZH1_53Frame1

-----GHYGRGK

QRNIDAAMT-----SAAL-----LV-----

-----FLFLVSFGHGAK--EKPV-----

-DD--D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-

----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP

N-----

-----FLLFYSTNASLWEE

VVKICFELNIRIGLKEK-----

>Bany-OBP_CN47_GZKG99Z02DM7MM_35Frame2

-----AACV-----

-----SVP-----

RSFGHGAK-----KKTG-----TARK-IKEIIQQ

VHNECVDKT-----GVTE-E-----DI----ANCG-NGIF-----

---KE-----DT-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DD---D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-

----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP

N---F-----

-----YFLFLVLYCLTMGE

VVKICFELNIRIGLKKKKKEKRK-----

>Ppol-OBP_Gene0006371_D2SNQ6_HELVIOdorantbindingprotein

-----MS--ILT-----VL
VKFLVTVT-----I--CEAM-----TMKQ-IKSTGKM
MRKSCQPKN-----NVED-E-----KI---DPLN-DGVF-----
--IE-----EK-DM-----
-KN-----G-K-----LNYEAAIKQADMLLPD-----EIKEP--TKA-AITAC-
-----RKV-----ADS---YKDV-----CEASFYVT-KCIYKENP
D--I-----

-----FFFP-----

>Ppol-OBP_Gene0006368_C0SQ83_BOMMOOdorantbindingprotein

-----MYKL-----

-----YLY--VNL-----CLI

ALMPFKSH-----A--MTAE-----QKAA-IHEHFEE

LGTECMKDY-----PITE-E-----DV---NNLR-AKKI-----

---GT-----GE-NVPCFLSCLLKK--VGIM-----

-DD---K--G-M-----LQKETALEYAKKVFND-----AEELKL--IEG-YLHSC-

----SHI-----NGE---TVTD-----GEKGCDRALLSF-QCMLLENAS

Q---F-----

-----GFD---V-----

>Ppol-OBP_Gene0006898_C0SQ81_BOMMOOdorantbindingprotein

-----MLYF-----

-----VVV--LSL-----MS

MVALGEGS-----K--PSIQ-----LPAI-VVNVAKE

AASTCLTET-----GASQ-E-----VS---DNFF-KLKF-----

--GT-----DP-DSKSFLYCVARK--TNYA-----

-DE---D--G-----HLNEALLTLFEGS-----EHKDG--VAK-VMETC-

----NKN-----QES-----NK-----IDTMHKTV-ECFYKNTP

V---H-----

-----LAV-----

>Ppol-OBP_Gene0010513_D4AHN1_9MUSCOdorantbindingprotein1

-----MYA-HDKASDV

VADQCLSEM-----YPKG-----KRVE----F-----

-----QESDEACIIYCVLKK--FGIM-----

-NA---N--G-V-----INLEAYRKRVLLAHQL-----DQRKL--MSDSSGSSC-

----AES-----AEG-VQHKQDV-----CKKAKIFN-DCTHLYKI

L---L-----

>Ppol-OBP_Gene0006369_C0SQ80_BOMMOOdorantbindingprotein

-----MSPL-----

-----HSV--FLL--LG-----L

AVSLRHVR-----A---LSQE-----EIAA-IKTGLRP

LIAECGKEF-----GVEE-A-----DI---KKAK-ESGK-----

-----IESLDPCLFACIGKK--MGMI-----

-ND---K--G-E-----FDVEKSSETVKKFVTD----KDEQKK--ILE-IIEKC-

----ASV-----NDE---AVSD-----DKGCDRAILLH-KCMAPYKD

Q---F-----

-----DFS---K-----

>Ppol-OBP_Gene0005282_OBP2_BOMMOGeneralodorant-bindingprotein2

-----MGLL-----

-----HWL--SCV--LV-----VL

ALGASP-A-----A---ATAE-----AMSH-VTAHFGQ

MLEDCREES-----GLTV-D-----MM----A-AF-AHYWSDE--F

PTSSV-----QR-EFGCALICMAHK--FSSL-----

-KD---D--V-R-----MHRVNMDDYIRSFPDG---E-LLSDK--MID-MIHEC-

----ERQ-----HDA---ME-D-----D---CDRIMNIS-LCFRRAAL

R---D-----

-----GIA---PSLAMVE

AVLDQYT-----

>Ppol-OBP_Gene0002871_B8ZWK2_BOMMOOdorant-bindingprotein2_Precursor_

-----MRILRKKSVPSPNRIKMNQNTNF-----

-----VTV--MMF--LTFISVFYLVVTF

KPLTKEEH-----I--EKIN-----KMDS-EVEPFRR

NISECARQV-----KAGK-G-----DV---ENFL-KRIP-----

---QA-----TM-EGKCFVACILKR--NSII-----

-KK-----N-K-----IDHNSLLEANKAVYGE----DREVMTR--LKA-AIVEC-

----NRA-----VEG---IFEI-----CEYASVFN-DCMHIKME

H--I-----

-----LDK---LTMERRM

EALGQMSNSPDEWTDEEDEMLKLVKDEL-----

>Ppol-OBP_Gene0005278_OBP1_BOMMOGeneralodorant-bindingprotein1

-----MRC-----

-----AA--ALA--AL-----AM

LATAPA-G-----L--ATSD-----IMKD-VTLGFGE

ALQHCREES-----QLTE-D-----KM---E-EF-FHFWRED--F

--RFD-----ER-ALGCAIQCMSRH--FDLL-----

-TD---A--H-R-----MHRENTDRFIKSFPNG---E-ALSQQ--MVD-MIHAC-

----EAQ-----HDA---EP-D-----H---CWRILRVA-ECFKASCQ

Q---R-----

-----GIA---PTMEQIM

AELIMEAAD-----

-R-----

>Ppol-OBP_Gene0010531_B8ZWK3_BOMMOOdorant-bindingprotein3_Precursor_

-----MVA

TAKSCVNHV-----NATQ-E-----DL---E-YL-RNDP-----

---PY-----PE-KSSCIIMCLLEK--VGVV-----

-KN-----N-K-----YSKTGFMMMAVSPLVLA---KKSKLEH--MKT-VSENC-

----DKE-----VNH---HDIV-----P---CQLGNEII-TCVYKYAP

E---L-----

-----HLK---S-----

>Mcin-OBP_gene1_MCINX010046-RA_ABP5

-----MLKF-----
-----TVY--SCL-----GA
PKIVSS-----DVAS-QCNSSLP
EVYSCLGAP-----KIVS-P----DV---ASQC-N-----
-----SSLPECERMTCIFRK--SGWM-----
-DG-----E-K-----VDKAKLSAHFDQLAKN---NPEWAAG--VEN-AKITC-
----LTT-----DLP---AQGI-----H---LNCPAYDSTVCTFASFI
---K-----

-----NTQPS--QWKSNNPK
CSRARQFAASCPICPNDCFAPLVPGVGSNAACLSLPRSP-----

>Mcin-OBP_gene3_MCINX014308-RA_OBP

-----MFRL-----
-----FTS--VTL-----FI
LCVNGDIL-----AQER-SRGATLK
PISACCDIP-----ELGEPK-----HL----AECS-NP-----
-----KLQGPCGDVQCVFEK--SGFL-----
-ID--K--N-T-----LNKETYKAHLRKWLEG---HKGWEDA--IDK-AIKDC-
----VDK-----DLR---QYLD-----YPCRAYDVFTCTGIAML
---K-----

-----KCP-----NESWN
C-----

>Mcin-OBP_gene4_MCINX016480-RA_GOBP2

-----MAVW-----
-----YL--ILT--AV-----VL
SAIPKP-V-----K--STAE-----VMSH-VTAHFGK
SLDECREES-----GLSP-E-----VL---D-QF-QHFWSED--F
--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----
-QD---D--A-R-----MHHVNMHDYVKSFPQ-----

>Mcin-OBP_gene5_MCINX014306-RA_OBPLOC100307012precursor

IVIAEPTP-----PQCR-GPPPGMT

HPEKCCNFP-----SLFKDE-----DF----EECG-IERFSDD---

EDHSK-----RGPLDCSQEKCLLNK--YKMM-----

-KD---D--E-E-----IDKDATIEFLDKWAGD---NQDYKDS--VEK-AKEKC-

----LKT-----EIL---DAK-----LPCRPTTLFRCIKYAIF

---V-----

-----ECTQHM-QWEDTDN

CKKLKDLIEECKPYITQP-----

>Mcin-OBP_gene6_MCINX017046-RA_GOBP19a

-----M-----TRQQ-LKNSGKL
MKKSCMPKN-----DVTE-E-----QV---GKIE-QGHF-----
--LE-----ER-NVMCYIACIYTM--TQVV-----
-KN-----N-K-----LSYEAVIKQVDLMFPP-----DMKDA--VKA-TADKC-
----KDI-----GKK---YKDI-----CEASYWTA-KCMYEQDP
K---N-----

-----FLFP-----

>Mcin-OBP_gene7_MCINX015625-RA_OBP3

-----KTLKA
TARSCMVS-----NATE-A-----DL---E-YL-RDDP-----
--PF-----PH-KSACVITCLEK--VGIA-----
-KN-----G-K-----YSKTGFMVTVSPLVLH---NMKKLEH--MKN-VSENC-
----EKE-----IKP---NEDP-----CQLGNEIT-ICVFKYAP
E---L-----

-----HFK---S-----

>Mcin-OBP_gene8_MCINX017047-RA_GOBPLush

-----MM-----TRAQ-LKKTMTI

MKNQCMPKH-----GVTN-D-----KV---GKIE-QGVF-----
---IE-----DH-DVMCYILCVYKT--IQVV-----
-KN-----N-R-----LDKDLISKQVNALYPP-----EIKEP--VSK-SIEKC-
----IIV-----QDK---YEDP-----CEGVFYST-KCLYEDNP

A---N-----

-----FIFP-----

>Mcin-OBP_gene9_MCINX016478-RA_GOBP1

-----MAWNSKW---RS-----

-----A--V---FI-----CL

LLHVNW-A-----S---PSQE-----IMKN-LTAGFGK

ALETCKQEL-----NLGD-H-----II---Q-DF-YNYWREE--Y

--DLV-----NA-DTGCAIMCMASK--LDLI-----
-TD---D--R-K-----LHHGNAHEFAKSHGAD---D-DMAKQ--LVV-MIHEC-
----EKT-----HAE---VS-D-----D---CARTLEIA-KCFRTKIH
V---L-----

-----KWA---PSMETII
EELMTE-----

-----V-----

>Mcin-OBP_gene10_MCINX002679-RA_GOBP1

-----M-----
-----AR--RMV--VL-----ML
VSKLLV-V-----R--GNVE-----VMKD-VTLGFGE
ALQHCREES-----QLTE-D-----KM---E-EF-FHFWRDD--F
--RFE-----DR-ELGCAIKCMSTH--FNLL-----

-TD---S--H-R-----MHHENTDKFIKSF PNG----E-ALSQL--MVE-VIHAC-

----EQQ-----HDA----EA-D-----H---CWRILRVA-ECFKSSCQ

A---R-----

-----GIA----PTMELLM

AEFIMETEA-----

-R-----

>Mcin-OBP_gene11_MCINX002972-RA_GOBP56dlike

-----MSKI-----

-----VVF--WIF-----

-CLSFYLM-----IAGS-----NAGG-ITKSVDY

HLEECIAES-----KADR-D-----SI---KKLR-AGNWR-----

---KS-----DK-ALKKWALCYLSK--HDVM-----

-ST---N--G-V-----LNQDVVLKNIPI-----KDKPH--VEK-IINKC-

----LYK-----QAH-----DP-----IETAWNYL-TCFIKNER

K---Y-----

-----AKL---ANLI---

>Mcin-OBP_gene12_MCINX014307-RA_LOC100307012precursor

-----MLRI-----

-----ASS--CLL--II-----LQ

VVIAELPP-----PQCR-GPPPGVT

HPEKCCNFP-----RMIKDE-----DL---EDCG-IEKYSDD---

EDHSK-----RGPLDCSKQKCLLNK--YNLM-----

-KD---D--E-E-----IDKDAAIEFLDKWAGD---NQDYKDV--AEK-AKEQC-

----LTT-----ELP----GPK-----LPCGPTKILFCVKAVMF

---M-----

-----ECSQRM-QWEDTDN

CKKLKDHIEECKPYFTRT-----

>Mcin-OBP_gene13_MCINX008882-RA_GOBP56a

-----MYPI-----

-----LCL--VLL-----

TTSMVYGK-----T---TYVS-----IPQD-QLPNLLN

SSMACMANS-----GIDS-E-----TM---QRIL-AWKF-----

---DN-----TE-GVRKFIYCFATT--SGYG-----

-DE---N--G-H-----LIKEKMMKLVTNN-----KRKNE--YGN-VIDEC-

----NKT-----KGD-----NK-----YDTMYKTT-TCFYNNSP

I---L-----

-----LKL-----

>Mcin-OBP_gene14_MCINX001051-RA_GOBP19a

-----MI--VFI-----AI

VKILVFLN-----F---CDAM-----TMKQ-IKSTGKM

MRKTCQPKN-----NVAD-E-----KI---DPMV-KGEF-----

---IE-----EK-EVMCYVACIMKM--ANAI-----

-KN-----G-K-----LNYEAAMKQADLLLPD-----EIKEP--AKE-ALTAC-

----RKV-----ADS---YKDV-----CESSFFLT-KCIYNHNP

S---V-----

-----FYFP-----

>Mcin-OBP_gene15_MCINX002973-RA_GOBP56like

-----MKTF-----

-----IVL--AVC--LV-----

-----AAQA-----LTDE-QKEKLKK

HRSECLTET-----KADE-Q-----LV---NKLK-TGDFK-----

---TE-----NE-PLKKYALCMLIK--SELM-----

-TK---D--G-K-----FKKDVALAKVPNE-----ADKPA--VEK-LIDTC-

----LAN-----KGN-----TP-----HQTAWNYA-KCYHEKDA

K---H-----

-----SVF---Q-----

>Mcin-OBP_gene16_MCINX017048-RA_GOBP19a

-----M-----DRRD-----

-----FSL--LII-----VT

VL---AS-----G---ADSM-----TRQQ-LKNSSKM

LKKNCMGKN-----DVTE-D-----MV---GNIE-KGKF-----

---IE-----DR-KVMCYIACIYQM--SQIV-----

-KN-----N-K-----LNYEASIKQVDMMFPA-----EMKDS--MKA-SIDNC-

----KDI-----SKN---YKDI-----CEASYWTA-KCIYDDNP

K---N-----

-----FIFA-----

>Mcin-OBP_gene16b_MCINX017048-RB_GOBP19a

-----M-----TRQQ-LKNSSKM
LKKNCMGKN-----DVTE-D-----MV----GNIE-KGKF-----
--IE-----DR-KVMCYIACIYQM--SQIV-----
-KN-----N-K-----LNYEASIKQVDMMFPA-----EMKDS--MKA-SIDNC-
----KDI-----SKN---YKDI-----CEASYWTA-KCIYDDNP
K--N-----

-----FIFA-----

>Mcin-OBP_gene17_MCINX000396-RA_PutativeOBPA10

-----M--QFVT-----IVLS-LLMTLVL

GYDEKYDKI-----DVDK-----IL-----

--GD-----DA-LLTSYLNCFLDK--GPCN-----

-EE--Y--A-S-----EYKEMLPEVISDGCAKC---TKKQKQA--FRK-VLKEL-

----SKN-----KLD---VLLE-----VQKKYDPS-GQYKDNIK

---K-----

-----VME---ED-----

>Mcin-OBP_gene18_MCINX017054-RA_PutativeOBPA10

-----MKSI-----

-----ILL--FCF-----

-----A-AFVIAEE

TYDTSSDNI-----NLDE-----LL---GNER-----

-----LITSYSKCLINQ--GPCT-----

-PE-----V-K-----KLKDVLPVLETRCAKC---SEKQKQK--GKQ-LISEI-

----KKK-----NPE---IWKQ-----LVSFYDPQ-GKYQEAFQ

D---F-----

-----LKS-----

>Mcin-OBP_gene19_MCINX014913-RA_PutativeOBPA10

-----MKFF-----

-----IHW--CFQ-----

-----F---TLVI-----CFAY-QYNCENS

TYTTMYDGI-----DLDE-----IL---TNR-----

-----LLAGYVNCLEK--GPCT-----

-PD-----G-K-----ELKNNLPDAIENDCSKC--TERQREG--ADK-VMHYI-

----IDH-----KPE---EWEE-----LEKKYHSD-GSYKLNLYL

L---S-----

-----KQK---LSLDSQE

NKNVSNGDNGDDDDDDNDKDHQGGQQLK-----

>Mcin-OBP_gene20_MCINX014305-RA_noname_PblastOBP

-----MLTN-----

-----EQF--LFK--KK-----

-----PEKC-YGTDELM

ERKCCIFPP-----FFKR-----DL---ARAC-GAIFALV---

---FT-----DKDSNCDHWKCVLNK--YGIL-----

-DT--D--D-T-----VNNEKYYSHLDKWVNL---NPEFSNV--MTK-AKVYC-

---KEQ-----NRL---AIPL-----NVCEFFDFQSCIRNYVL

---L-----

-----DCP---KIINNQK

CLEWKEFYDECREFFI-----

>Mcin-OBP_gene21_MCINX001722-RA_PBP1-like

-----AK-----TDHE-LKEEFTK
IVMACMKDS-----PVDI-L-----DL---MPLQ-QLIV-----
---PT-----KK-EVKCLLACAYKK--LGTM-----
-NS---Q--G-L-----YDIEKAYEYAELVKNGSPTEDEKRLKN--ARK-LVDIC-
----SKV-----NDE---SVSD-----GQKGCRAALIF-KCGVENAP
K---L-----

-----GFK---LQ-----

>Mcin-OBP_gene22_MCINX001052-RA_PBP2-partial

-----AR-----TDIE-IKKWFIQ

QALDCTKEH-----SATS-E-----EI---QMIK-EHKI-----

---PS-----SN-NAKCLMACMFKK--LNWI-----

-DE---K--G-M-----FSDKNAYKWSENEYPS----DHAKLEN--AKK-LYELC-

----MK-----

>Mcin-OBP_gene23_MCINX012604-RA_noname_PblastOBP

-----MPFL-----

-----FQI-----

---RADC-----K---NCVV-----LGKA-EKAMFRA

HSEACLAQS-----QVEP-K-----LV---DGLL-RGEL-----

---VE-----DP-RLKRHVYCVLLK--CKMI-----

-SK---D--G-K-----LQKAAVLGKLATR-----GEGKN--VTK-VLENC-

----ANQ-----QGE-----SP-----EDLAWNIF-RCGYDKKA

V---L-----

-----FDYMPAAPSGTEDN

DTK-----

>Mcin-OBP_gene24_MCINX006010-RA_noname_PblastOBP

-----MEIL-----
-----RIL--AVL--SLGISVNTYQHKF
FSQSLDTE-----PSLS-----IQYA-RDKTSDV
ITQECLMEM-----YPRN-----LYKY-PLRI-----
-----DRNDIPCIHCVLKK--FGIM-----
-SN---D--G-I-----INIRNYYKRVQAIHRY-----DPRIL--ISD-VGDTC-
----AQN-----ING-MNLDHDV-----CKKAKVFN-DCTQLYVI
SYRDP-----

-----DE-----

>Mcin-OBP_gene25a_MCINX005697-RA_PBP1

-----MEGY-----
-----FGL--CVV-----
--LMSLTV-----RTLA-----LDGE-MAELAKM
LRDNCVDET-----GVDA-A-----LI---DKVN-AGADL-----
--MG-----DG-KLKCYIKCMET--AGMM-----
-SE-----G-A-----VDVEAVIAVLPP-----ELLKH---AD-QLRTC-
----GTQ-----KGS-----DD-----CDTAFLTQ-SCWQKASK
S--D-----

-----YILI-----

>Mcin-OBP_gene25b_MCINX005697-RB_PBP1

-----MAELAKM

LRDNCVDET-----GVDA-A-----LI---DKVN-AGADL-----

---MG-----DG-KLKCYIKCVMET--AGMM-----

-SE-----G-A-----VDVEAVIAVLPP-----ELLKH---AD-QLRTC-

---GTQ-----KGS-----DD-----CDTAFLTQ-SCWQKASK

S---D-----

-----YILI-----

>Mcin-OBP_gene26_MCINX011317-RA_PBP3

-----E-----LSEE-IKEIIQH
VHNECVGKT-----GVAE-E-----DI---ANCE-NGIF-----
---KE-----DV-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----
-DD---D--G-F-----VDYDMMVSLIPE-----QYTDR--VAK-MINAC-
----KHV-----DTL---DKDK-----CQRAFDHF-KCSYSQDP
N---F-----

-----YFLF-----

>Mcin-OBP_gene27_MCINX001721-RA_PBP5like

-----MLKS-----
-----SIK--FLF-----
CFVVLLKF-----C--ALAE-----ISED-LKQTFSE
MIMQCAKDV-----PLAE-A-----DI---EQLK-NRQM-----
---PD-----SE-DAKCFLPAPIKQ--QEWM-----
-DD---E--G-M-----LSVEGVNSIAQKYYAD---DPERLEK--AKM-FTEAC-
----KEV-----NDV---NVSD-----GNRGCERAALIF-KCSIEKGP
K---Y-----

-----DFH---F-----

>Mcin-OBP_gene28_MCINX001718-RA_PBP5like

-----MKSL-----
-----CLL--VFV--VA-----L
AINLDNTR-----A--LSDD-----EKNT-IHSEILP
FIAECSKEY-----GVTE-E-----QL---KEAK-ESGK-----
-----VEAINPCLMGCIFKK--INVI-----
-DD---K--G-L-----FNPDKAEEITKKFLTQ----EEEQKK--ALD-IIKSC-
---TASV-----NEK---DVSD-----GAEGCERAKLLY-DCFIPFKG
Q---F-----

-----A-----

>Mcin-OBP_gene29_MCINX001719-RA_PBP5like

-----MTSL-----

-----SLV--LFV--VG-----L
AINLRNVQ-----S---LSDE-----DKEN-IHAGIIP
YVAECSKEF-----GVTE-E-----QI---NEAK-KSGQ-----
-----VDGIDPCLMGCIFKK--VGII-----
-DD---K--G-L-----FNPEKSEEITKKFLPN----EDDQKK--ALE-VINSC-
----KSV-----NDE---DVSD-----GEKGC DRAKLLH-ECFAPIRD
E---F-----

-----VKA---G-----

>Mcin-OBP_gene30_MCINX001720-RA_PBP2like

-----MYKT-----
-----LSL--TCL-----FVM

NFVFFEIA-----A---MTAD-----QKAM-IHQHFEE

LGIECIKVH-----SITE-D-----DI---NNLR-TKKI-----

---PS-----GE-NAPCFLACMFKK--LGLL-----

-DD---G--G-L-----LQKENALELAKKVFND-----DEELKL--IED-YLHSC-

-----SHI-----NSE---SVSD-----GNKGCERSMLAY-KCMIENAS

Q---F-----

-----GFD-----L-----
