

dCE2

SKRNKPGKATGKGKPVGDKWLDDAGKDSGAPIPDRIADKLRDKEFKNFDD
FRKKFWEEVSKDPDLKQFKGSNKTNIQKGKAPFARKKDQVGGRRERFELN
HDKPISQDGGVYDMNNIRVTTPKRNIDIERGK

dCE7

SKRNKPGKATGKGKPVNNKWLNNAGKDLGSPVPDRIANKLRDKEFKSFDD
FRKKFWEEVSKDPELSKQFSRNNNDRMKVGKAPKTRTQDVSGKRTSFELN
HEKPISQNGGVYDMDNISVVTPKRNIDIERGK

dCE8

SKRNKPGKATGKGKPVGDKWLDDAGKDSGAPIPDRIADKLRDKEFKNFDD
FRRKFWEVSKDPELSKQFNPNGNKKRLSQGLAPRARNKDTVGGRRSFELN
HDKPISQDGGVYDMDNLRITTPKRNIDIERGQ

dCE9

SKRNKPGKATGKGKPVGDKWLDDAGKDSGAPIPDRIADKLRDKEFKSFDD
FRKAVWEEVSKDPELSKNLNPSNKSSVSKGYSPFTPKNQQVGGGRKVYELN
HDKPISQGGEVYDMDNIRVTTPKRNIDIERGK

TrapA

MERYESLFAQLKERKEGAFVPFVTLGDPGIEQSLKIIDTLIEAGADALELGIPFS
DPLADGPTIQNATLRAFAAGVTPAQCFEMLALIRQKHPTIPIGLLMYANLVFNK
GIDEFYAQCEKVGVDVSVLVADVPVEESAPFRQAALRHNVAPIFICPPNADDDL
RQIASYGRGYTYLLSRAGVTGAENRAALPLNHLVAKLKEYNAAPPLQGFGIS
APDQVKAIDAGAAGAISGSAIVKIIIEQHINEPEKMLAALKVFVQPMKAATRS

TrapB

TTLLNPYFGEFGGMYVPQILMPALRQLEEFVSAQKDPEFQAQFNDLLKNYA
GRPTALTKCQNITAGTNTTLYLKREDLLHGGAHKTNQVLGQALLAKRMGKTE
IIAETGAGQHGVASALASALLGLKCRIYMGAKDVERQSPNVFRMLMGAEVI
PVHSGSATLKDACNEALRDWSGSYETAHYMLGTAAGPHPYPTIVREFQRMIG
EETKAQILEREGRLPDAVIACVGGGSNAIGMFADFINETNVGLIGVEPGGHGIE
TGEHGAPLKHGRVGIYFGMKAPMMQTEDGQIEESYSISAGLDFPSVGPQHAY
LNSTGRADYVSITDDEALEAFKTLCLHEGIIPALESSHALAHALKMMRENPK
EQLLVVNLSGRGDKDIFTVHDILKARGEI