

YGL219C 1 MSFRFNEA-VFGDNSFNERIREKLS TALNSPSK KLDILKSGIKVQKVDFTI-POLEIL 58DLDIIT
gi|164429025|ref|XP_957828.2| 1 MAENFNWSPLTADAGFYERARDLLTTALNKSPPPI--IVDDIFVTELNLSVPPDLEIL 58EIGDLA

YGL219C 76 IS-CKDAMLRIQT VIESNLLLINEQDT PSFTMPQLI-NNGSFT 116IPITMTFSSIELEAIT-NIFVK
gi|164429025|ref|XP_957828.2| 74 MCVSGDAFLTLATRVAQNPINITYISAKPSFTSPEPLTASSSLT 116IPLQITLSEIKLSAFITLVFSK

YGL219C 149 DPDF-----KFDC---SVKILQSTIER 167RLKESMHVVFKDVLPSLIFNTS-ONWFTNRGESTSTI-
gi|164429025|ref|XP_957828.2| 150 PLESIKVSSTFDSIQFVRDYLOKTIEM 176KL----RDLIMDELPAIHRSLQLWCPDQVPKEDEEA

YGL219C 204 -----PGKREH 209HQQ-TTMSRNVI LDC-SDFQELS-PINMLRLSSIVS SRSTLSLHS-TVMN-SL
gi|164429025|ref|XP_957828.2| 222 ATPPLDAVDAH 232GHRLDPAEISSLSLDGCPETQSLFSQKNLEKMDALASAHRTSSLTNPINILEVVF

YGL219C 266 ERQ-----NLVRFISRMPSLNNYYSQSFPQPKSSTVSSKQIVKPFYCSHNL LP 314KTVLDS
gi|164429025|ref|XP_957828.2| 294 DKPDATATPASTPNLHRTSSYQGSVHTYTFSDN-----SSQASGHALSREPTLVSMGS-- 345-----

YGL219C 332 QSRIFDRSNSNDDNAKPRRRKIKCKKTRTP-----SNLQSQ 367GEQAVDDSTAIETVISTFVQTP
gi|164429025|ref|XP_957828.2| 347 TTGSLGSG--GRHSKAGRKKKMRVVNLRSKTAVSEPVSEIGST 387SSQAGDSH--TEASTRTFMSEP

YGL219C 396 QSPPYLKTIVSIRD----- 409---KYVIEPEKISLNLDKSKDTSK-----KKPFYFIGL
gi|164429025|ref|XP_957828.2| 419 DDLAASQSKVRF RPTDATT SARASES 445SGPRAAVPS-VPVTAQPSRATSSQEHVYTRQPSMFPSS

YGL219C 439 ----- 438-----NSQEPSNNWKK
gi|164429025|ref|XP_957828.2| 494 PSYSSRVSEKA 504ESTASIIYADAKGQQQQFQQ

YGL219C 457 PYH*----- 459
gi|164429025|ref|XP_957828.2| 566 DMSVILEQAWITKIAGEIARRV 588