

gi 17555782 Ce	1	-----MDSADPOLNRFLO-----QLAETORQKFTBOVHTLT	32GR	CWDVCFADYRPPSRMDGKTQT	CI	ONCVNRMIDASNFMVHLSKUNGGHV-----	83
gi 164425234	1	-MDIPQADL-----DLLNEKDKNELRGFIS-----NETORQRVQGGQTHAL	40DS	CWKRKCVTSPIKTNQLDKTEAV	CM	ADCVRFLLDVNLTIMAHVQKTRGSGK-----	92
Esi_0243_0012	1	-----MDGQASAEQQQAI-----QQLEQVQAKAQELMTQMT	34DQ	CFNRCAKTS--GDRINSSSEQ	CL	AMCMDRYMDTNGFLVNKAMVAKANR-----	82
YJR135W-A	1	MSSLSTSDLASL-----DDTSKKKIAITFL-----GENSKQKQVQMSIQHFT	41NI	CFKRCVBSVN--DSNLSQEEQ	CL	SNVNRFDITNIRIVNGLQNT*-----	87
gi 256773260	1	MRKHSCRKVASLRRRTMAELGEADEAELQRLVA-----AEQOKAQPTAOVHHFM	48EL	CWDKQVE-KP--GNRLDSRTEN	CL	SSCVDRFIDTTLATISREAQIVQKGGQ-----	98
gi 4758152	1	MDSSSSSSAAGL-----GAVDPLOHFLIE-----VETORQRFQQLVHQMT	40EL	CWEKCMD-KP--GPRLDSRAEA	CF	VNCFRFIDTQFLLNRLEQTKSKPVFSELSLD	97
gi 159467707 ref XP_001692033.1	1	-----MADPQQNVSSLEOQFIA-----RESOVNIOIQSMESTLT	33EV	CWDTCVQ-SP--GSYLSSKESH	CL	ENCARRFVETTYTLQRAAHKADNSSGGF-----	85
Vocar20003446	1	-----MAAPNDQAVSAELOQFIA-----RESOVNIOIQSMESTLT	34EV	CWDTCVQ-SP--GSYLSSKESH	CL	ENCARRFVETTYTLQRAAHKADNSSSTF*-----	85
CMI216C CMI216CT	1	-MSFGSSSSSGPGLSDSPSSPAQQEFSNPLIE-----QENOKAAVQAVIAKLT	47EL	CWDKCVQ-KP--GSKLSSSETB	CL	SNCFRFLDASLIFIMORMVKKQ-----	92
GRMZM2G319878	1	-----MDSASNSNPRLMALIE-----BEKRRAMNNEIVAKLT	32FV	CWDKCVTGSV--GSKLSSSETB	CL	SNCFRFLDASLIFIMORMVKKQ-----	80
LOC_Os11g03710	1	-----MDASASNSNPRLOAMLE-----BEKRRAMNNEIVAKLT	32DV	CWDKCTGSI--GSSFSNSSEAS	CL	SNCFRFLDASLIFIMORMVKKQ-----	78
82076 82076	1	-----MDSASNSNPRLOAMLE-----BEKRRAMNNEIVAKLT	16DV	CWEKCTGTP--SGKFSSESIN	CL	NCARFLEASVLTLRKMOR*-----	60
Phpat.018G053300	1	-----MDAANSAELOQFLE-----QEKORAVNNEIVGKLT	30DV	CWDKCTSTP--GSKLSSSES	CL	YCAQRFLETSLTLRRQNLQ*-----	76
Phpat.022G034100	1	-----MDAANSAELOQFLE-----QEKORAVNNEIVGKLT	30DV	CWDKCTSTP--GSKLSSSES	CL	NCARFLETSLTLRRQNLQ*-----	77
LOC_Os08g42380	1	-----MNSAEMQRELEFETADSYLNILO-----QEQOKAMVSEMVGKLT	40SV	CWDKCTSTP--GSKFSSGETT	CL	NCARFLDMSVITAKRFEMO*-----	85
GRMZM2G075003	1	-----MNSAEMQRELEFETADSYLNILO-----QEQOKAMVSEMVGKLT	10SA	CWDKCTSTP--GSKFSSGES	CL	NCARFLDMSVITAKRFEMO*-----	55
GRMZM5G801241	1	-----MDNPEMQR-----FLOOKAMNEMVVKLT	24SV	CWDKCTSTP--GSKFSSGES	CL	NCARFLDMSVITAKRFEMK*-----	69
Bra013855	1	-----MDPSAANSPELLRFLN-----BEQORVMNEMVAKLT	32SV	CWDKCTSTP--GSKFSSSES	CL	HCARFVADMVITRSTOSKK*-----	78
Glyma05g38370	1	-----MDFSOHNSSEMDOFYT-----QEQORAMNEMVAKLT	32ST	SWDKCTGTP--GSKFSSSES	CL	NCARFLDMSVITAKRFEMK*-----	78
Bra022760	1	-----MDPNLANNPOLIOFLS-----QEKERAMNEMVAKLT	32SS	CWDKQVD-KP--GSKFSSSETB	CL	NCARFLDMSVITAKRFEMO*-----	76
Medtr3g098820	1	-----MDLSDLNSAEMORFYF-----EQORAMNEMVAKLT	32SQ	CWDKCTGTP--GNKFSSGETN	CL	HCARFVEMSMILMKRFQSMQ*-----	78
Glyma04g37570	1	-----MDLSDLNSAEMORFYF-----EQORAMNEMVAKLT	32SE	CWDKCTGTP--GNKFSSSES	CL	NCARFVLEMSMLMKRFQSMQ*-----	78
Glyma06g17490	1	-----MDLSDLNSADLQRFYS-----EQORAMNEMVAKLT	32SE	CWDKCTGTP--GNKFSSSES	CL	NCARFVLEMSMLMKRFQGMQ*-----	78
AT5G50810	1	-----MDPSMANNPELLQFLA-----QEKERAMNEMVSKMT	32SV	CWDKCTSTP--GSKFSSSES	CL	HCARFVMDMSLIMKRFNSO*-----	77
Carubv10027424	1	-----MDPNLVNNPPELLQFLN-----DQEKERAMNEMVAKLT	33SV	CWDKCVTSAP--GSKFSSSES	CL	SHCARFVMDMSLIMKRFQSO*-----	78
GSVIVG01033034001	1	-----MDSNHLNSAELOFLS-----QEKKRAMNEMVAKLT	32NV	CWDKCTGTP--GSKFSSSES	CL	SCARFVMDMSLITMKRFQSMQ*-----	78
Cucsa.157100	1	-----MDSNHLNSAELOFLS-----QEKKRAMNEMVAKLT	32SV	CWDKCTGTP--GSKFSSSES	CL	NCARFVMDMSLITMKRFQNS*-----	77
PGSC0003DMG400027040 PGSC0003DMT40006956	1	-----MDPSALNSPELQFLN-----QEKERAMNEMVAKLT	32SA	CWDKCTGTP--GSKFSSSES	CL	NCARFVMDMSLITMKRFQSMQ*-----	78
Eucgr.B00077	1	-----MDASSLNSAELORLIS-----QEKERAMNEMVAKLT	32SA	CWDKCTGTP--GSKFSSSES	CL	NCARFVMDMSLITMKRFQSMQ*-----	78
GSVIVG01008600001	1	-----MDSSLSAELOHFLIS-----QEKERAMNEMVAKLT	31TV	CWDKCTSTP--GSKFSSSES	CL	NCARFVMDMSLITMKRFQSMQ*-----	77
30147.t000713 30147.m014442	1	-----MDPSALNSAEMORFLN-----QEKERAMNEMVAKLT	32SA	CWDKCTSTP--GSKFSSSES	CL	NCARFVMDMSLITMKRFQSMH*-----	78
Potri.012G103400	1	-----MDPSALNSPELERFLT-----QEKERAMNEMVAKLT	32SA	CWDKCTGTP--GSKLSSSES	CL	NCARFVMDMSLITMKRFQSMN*-----	78
Potri.015G102000	1	-----MDPSVNSAELERFLN-----QEKERAMNEMVAKLT	32SA	CWDKCTSTP--GSKFSSSES	CL	NCARFVMDMSLITMKRFQSMN*-----	78