

	10	20	30	40	50	
GapA	K	LKVAINGFGR	IGRNFLRCWH	GRKDSPLDVVVI	NDTGGVKQA	SHLLKYDSIL
GapB	-	-----	-----	-----V	--S---S-	T-----
	60	70	80	90	100	
GapA	GTFDADVKTA	GDSAISVDGKV	IKVVS DRNPV	NLPWGD MGID	LVIEGTGVFV	
GapB	---K---II	DNETF-I---P	-----N-D-L	K---AEL---	I-----	
			A			
	110	120	130	140	150	
GapA	DRDGAGKHLQ	AGAKKVLITA	PGKG-DIPT YVV	GVNEEGYTHA	DT-IISNASCT	
GapB	-GP-----I-	-----I---	-A--S-----	---KD-G-D	AN-----	
	160	170	180	190	200	
GapA	TNCLAPFVKV	LDQKFGI IKG	TMTTTHSYTG	DQRLLDAS-H	RDLRRARAAC	
GapB	-----	--EEL--V--	-----	-----	-----A	
			A	A		
	210	220	230	240	250	
GapA	<u>LNIVPTSTGA</u>	AKAVALVLPN	LKGKLN GIAL	RVPTPNVSVV	DLVVQVSKK-T	
GapB	<u>-----</u>	----S----Q	-----	-----	----NIE-VGV	
	260	270	280	290	300	
GapA	FAEEVNAAFR	ESADNELKGI	LSVCDEPLVS	IDFRCTDVSST	IDSSLTMVM	
GapB	T--D--N---	KA-AGP---V	-D---I-----	V----S-F---	-----	
	310	320	330	340	350	
GapA	GDDMVKVI AW	YDNEWGY SQR	VVDLADIVAN	KWQA		
GapB	-G-----V--	-----	-----L---	--PG LEGSVA	SGDPLEDFCK	
	360					
GapB	DNPADEE CKL	YE				
	N	QQ	Q			