

Genome			POP			E			
A	B								
--RFRP-- 43	20 A17 B167 E129		--CTRG-- 97	50 A18 B171 E135 EM_FING:	0.30	--PCRN-- 53	9 A10 B14 E121	REPEAT:	0.33
--RFRP-- 43	16 A17 B166 E123 DISULFID:	0.44	--CTRG-- 97	20 A18 B174 E135 METAL:	0.40	--RQRM-- 48	6 A10 B13 E124	REPEAT:	0.33
--RFRP-- 43	2928 A130 B1288 E150 ACT_SITE:	0.42 DOMAIN:	0.26	--CTRG-- 97	28 A11 B184 E129 METAL:	0.19	--RQRM-- 48	8 A10 B14 E115 DOMAIN:	0.38
--RFRP-- 43	1187 A129 B1284 E150 ACT_SITE:	0.33 DOMAIN:	0.32	--CTRG-- 97	22 A16 B178 E124 METAL:	0.44	--RQRM-- 48	9 A10 B12 E117 DOMAIN:	0.44
--RFRP-- 43	1284 A130 B1290 E145 DOMAIN:	0.47	--CTRG-- 97	5 A13 B183 E11		--RQRM-- 48	11 A10 B12 E122 TRANSMEM:	0.36 TOPO_DOM:	0.27
--RFRP-- 43	287 A124 B1240 E143 DOMAIN:	0.41	--CTRG-- 97	15 A10 B187 E11	TRANSMEM:	0.27	--RQRM-- 48	15 A10 B19 E118	
--RFRP-- 43	14 A14 B152 E129 CARBOHYD:	0.21 TOPO_DOM:	0.21	--CTRG-- 97	2 A10 B15 E11		--RQRM-- 48	6 A10 B13 E116 DOMAIN:	0.33
--RFRP-- 43	25 A14 B148 E139			--CTRG-- 97	5 A10 B127 E12		--RQRM-- 48	25 A10 B11 E120 TOPO_DOM:	0.44
--RFRP-- 43	65 A110 B189 E140			--CTRG-- 97	10 A15 B166 E131 EM_FING:	0.27	--RQRM-- 48	108 A10 B10 E129	
--RFRP-- 43	59 A124 B148 E135			--CTRG-- 97	170 A13 B1134 E134 METAL:	0.37	--RQRM-- 48	12 A10 B16 E120 TOPO_DOM:	
--RFRP-- 43	94 A122 B158 E137			--CTRG-- 97	71 A18 B165 E147 EM_FING:	0.21	--RQRM-- 48	8 A10 B13 E119 EM_FING:	0.33
--RFRP-- 43	252 A123 B1144 E143 DISULFID:	0.38		--CTRG-- 97	10 A18 B1118 E114 METAL:	0.40	--RQRM-- 48	13 A10 B10 E120 EM_FING:	0.31
--RFRP-- 43	125 A126 B1106 E133 METAL:	0.22		--CTRG-- 97	155 A118 B185 E140 EM_FING:	0.23	--RQRM-- 48	49 A10 B11 E117 TRANSMEM:	0.49
--RFRP-- 43	75 A117 B169 E140 EM_FING:	0.28 METAL:	0.21	--CTRG-- 97	58 A15 B167 E122 METAL:	0.28	--RQRM-- 48	7 A10 B10 E123	
--RFRP-- 43	80 A127 B146 E138			--CTRG-- 97	34 A13 B175 E132 EM_FING:	0.24	--RQRM-- 48	8 A10 B10 E122 DOMAIN:	0.25
--RFRP-- 43	84 A117 B1233 E149			--CTRG-- 97	75 A13 B173 E122 METAL:	0.48	--RQRM-- 48	4 A10 B10 E118 TOPO_DOM:	0.25
--RFRP-- 43	155 A126 B1200 E147 METAL:	0.42		--CTRG-- 97	59 A17 B179 E140 METAL:	0.24	--RQRM-- 48	12 A10 B10 E122 REPEAT:	0.42
--RFRP-- 43	121 A125 B1116 E128 METAL:	0.44		--CTRG-- 97	63 A17 B181 E129 EM_FING:	0.29 METAL:	0.25	12 A10 B10 E128 REPEAT:	0.42
--RFRP-- 43	239 A123 B1252 E145 DOMAIN:	0.39		--CTRG-- 97	58 A18 B1102 E132 DISULFID:	0.28	--RQRM-- 48	1 A10 B10 E13	
--RFRP-- 43	543 A128 B1263 E143 DOMAIN:	0.46		--CTRG-- 97	24 A11 B161 E134 EM_FING:	0.18	--RQRM-- 48	16 A10 B15 E119 TOPO_DOM:	0.44
--RFRP-- 43	643 A123 B1266 E146 DOMAIN:	0.45		--CTRG-- 97	95 A16 B188 E140 EM_FING:	0.28	--RQRM-- 48	10 A10 B11 E13 TRANSMEM:	0.30 TOPO_DOM:
--RFRP-- 43	1254 A130 B1289 E145 DOMAIN:	0.48		--CTRG-- 97	83 A13 B162 E135 EM_FING:	0.24	--RQRM-- 48	9 A10 B13 E122 CARBOHYD:	0.33
--RFRP-- 43	1406 A127 B1280 E150 HP_BIND:	0.32 DOMAIN:	0.31	--CTRG-- 97	75 A14 B186 E126		--RQRM-- 48	16 A10 B10 E119 EM_FING:	0.44
--RFRP-- 43	563 A125 B1283 E150 HP_BIND:	0.35 DOMAIN:	0.25	--CTRG-- 97	17 A11 B162 E121		--RQRM-- 48	6 A11 B11 E121	
--RFRP-- 43	16 A17 B166 E123 DISULFID:	0.37		--CTRG-- 97	10 A15 B187 E120 METAL:	0.43	--RQRM-- 48	1 A10 B10 E13	
--RFRP-- 43	81 A120 B176 E138 CARBOHYD:	0.21		--CTRG-- 97	3 A10 B122 E113		--RQRM-- 48	5 A10 B14 E121 TOPO_DOM:	0.44
--RFRP-- 43	31 A128 B1182 E140 TOPO_DOM:	0.23		--CTRG-- 97	16 A10 B196 E16 STRAND:	0.25	--RQRM-- 48	33 A10 B14 E114	
--RFRP-- 43	14 A14 B115 E123			--CTRG-- 97	54 A121 B199 E116		--RQRM-- 48	21 A10 B16 E113 DOMAIN:	0.24
--RFRP-- 43	6 A15 B118 E129			--CTRG-- 97	280 A16 B1111 E137 METAL:	0.45 EM_FING:	0.24 REPEAT:	5 A10 B15 E127	
--RFRP-- 43	185 A125 B1180 E131 DOMAIN:	0.45		--CTRG-- 97	99 A12 B166 E138 METAL:	0.28	--RQRM-- 48	8 A10 B14 E117 BINDING:	0.25 TOPO_DOM:
--RFRP-- 43	133 A121 B1152 E138 METAL:	0.36		--CTRG-- 97	137 A10 B175 E133 METAL:	0.12 EM_FING:	0.26	38 A10 B11 E124 TRANSMEM:	0.38
--RFRP-- 43	278 A129 B1178 E145 METAL:	0.27		--CTRG-- 97	89 A11 B181 E135 EM_FING:	0.34 DOMAIN:	0.26	94 A10 B12 E121 DOMAIN:	0.46
--RFRP-- 43	175 A129 B193 E147 METAL:	0.48 EM_FING:	0.30	--CTRG-- 97	89 A11 B181 E121 METAL:	0.35	--RQRM-- 48	18 A10 B12 E120 TRANSMEM:	0.44
--RFRP-- 43	70 A19 B189 E142 EM_FING:	0.26		--CTRG-- 97	19 A12 B151 E125		--RQRM-- 48	24 A10 B10 E116 TOPO_DOM:	0.21 DISULFID:
--RFRP-- 43	427 A127 B1224 E145 HP_BIND:	0.33		--CTRG-- 97	42 A13 B181 E118 BINDING:	0.33 METAL:	0.31	12 A10 B10 E114	
--RFRP-- 43	128 A128 B1195 E142			--CTRG-- 97	13 A10 B154 E127 BINDING:	0.31	43	43 A10 B12 E125	
--RFRP-- 43	153 A130 B1177 E141			--CTRG-- 97	52 A14 B162 E130 METAL:	0.31	--RQRM-- 48	27 A10 B13 E118 DISULFID:	0.24
--RFRP-- 43	196 A125 B1210 E148			--CTRG-- 97	16 A12 B153 E18 BINDING:	0.25	--RQRM-- 48	9 A10 B14 E119 DOMAIN:	0.44
--RFRP-- 43	186 A130 B1166 E145			--CTRG-- 97	69 A13 B154 E112 METAL:	0.33	--RQRM-- 48	19 A10 B13 E124 TOPO_DOM:	0.47
--RFRP-- 43	188 A125 B1153 E147 EM_FING:	0.24 METAL:	0.22	--CTRG-- 97	17 A12 B150 E122 BINDING:	0.24 METAL:	0.24	2 A10 B16 E127 DOMAIN:	0.35
--RFRP-- 43	115 A123 B1164 E135 METAL:	0.31		--CTRG-- 97	155 A11 B151 E125 METAL:	0.43	0.21	6 A10 B18 E127	
--RFRP-- 43	227 A122 B1171 E141 EM_FING:	0.26		--CTRG-- 97	30 A14 B155 E130		--RQRM-- 48	3 A10 B10 E114 DOMAIN:	0.33
--RFRP-- 43	317 A130 B1217 E148			--CTRG-- 97	105 A10 B186 E122 METAL:	0.38	--RQRM-- 48	4 A10 B14 E115 DOMAIN:	0.25
--RFRP-- 43	158 A123 B1177 E140			--CTRG-- 97	367 A15 B1258 E142 EM_FING:	0.48	--RQRM-- 48	42 A10 B11 E126 DOMAIN:	0.48
--RFRP-- 43	78 A119 B199 E145 METAL:	0.28		--CTRG-- 97	147 A10 B147 E123 EM_FING:	0.44	--RQRM-- 48	16 A10 B11 E120 TOPO_DOM:	0.48
--RFRP-- 43	76 A125 B1145 E134 METAL:	0.47		--CTRG-- 97	4 A15 B177 E19 METAL:	0.46	--RQRM-- 48	25 A10 B16 E118 TRANSMEM:	0.48
--RFRP-- 43	75 A123 B1167 E134 METAL:	0.45		--CTRG-- 97	57 A12 B174 E18 DISULFID:	0.47	--RQRM-- 48	3 A10 B14 E116	
--RFRP-- 43	63 A126 B1159 E148 METAL:	0.44		--CTRG-- 97	15 A12 B168 E126 METAL:	0.40	--RQRM-- 48	2 A10 B10 E127 EM_FING:	0.48
--RFRP-- 43	65 A121 B184 E132			--CTRG-- 97	5 A18 B115 E120		--RQRM-- 48	57 A10 B10 E120 REGION:	0.28 DISULFID:
--RFRP-- 43	233 A122 B1137 E138 METAL:	0.38		--CTRG-- 97	85 A18 B1129 E15 ACT_SITE:	0.49	--RQRM-- 48	7 A10 B16 E124	
--RFRP-- 43	403 A117 B1245 E149			--CTRG-- 97	54 A10 B191 E15		--RQRM-- 48	3 A10 B11 E119 DISULFID:	0.33 TOPO_DOM:
--RFRP-- 43	54 A131 B121 E144			--CTRG-- 97	67 A10 B192 E110		--RQRM-- 48	5 A10 B19 E118	
--RFRP-- 43	115 A123 B1164 E135 METAL:	0.31		--CTRG-- 97	57 A12 B174 E18 DISULFID:	0.47	--RQRM-- 48	10 A10 B11 E124	
--RFRP-- 43	135 A127 B197 E140 EM_FING:	0.22		--CTRG-- 97	19 A119 B158 E126 METAL:	0.32	--RQRM-- 48	5 A10 B10 E122	
--RFRP-- 43	369 A131 B1216 E146			--CTRG-- 97	3 A11 B16 E121		--RQRM-- 48	0 A11 B10 E13	
--RFRP-- 43	89 A119 B189 E141			--CTRG-- 97	83 A11 B153 E122		--RQRM-- 48	12 A10 B16 E118 TOPO_DOM:	0.25
--RFRP-- 43	211 A122 B1179 E142 METAL:	0.46		--CTRG-- 97	39 A10 B185 E110 EM_FING:	0.49	--RQRM-- 48	4 A10 B11 E122 DOMAIN:	0.25
--RFRP-- 43	64 A120 B144 E137 METAL:	0.31		--CTRG-- 97	58 A10 B194 E118 EM_FING:	0.49	--RQRM-- 48	8 A10 B16 E116	
--RFRP-- 43	160 A123 B157 E143 EM_FING:	0.26		--CTRG-- 97	123 A12 B162 E137 METAL:	0.40	--RQRM-- 48	37 A11 B12 E146 TRANSMEM:	0.24 TOPO_DOM:
--RFRP-- 43	95 A124 B147 E144 EM_FING:	0.28		--CTRG-- 97	13 A11 B196 E114 METAL:	0.46	--RQRM-- 48	8 A10 B10 E117 DOMAIN:	0.25
--RFRP-- 43	133 A122 B161 E145 EM_FING:	0.35		--CTRG-- 97	49 A10 B198 E139		--RQRM-- 48	21 A10 B19 E128 METAL:	0.31
--RFRP-- 43	170 A125 B182 E146 EM_FING:	0.24		--CTRG-- 97	20 A10 B189 E14 REGION:	0.40	--RQRM-- 48	4 A10 B12 E119	
--RFRP-- 43	103 A131 B121 E144			--CTRG-- 97	84 A10 B184 E11		--RQRM-- 48	0 A10 B11 E11	
--RFRP-- 43	115 A123 B1164 E135 METAL:	0.31		--CTRG-- 97	33 A12 B190 E132 DISULFID:	0.33 DOMAIN:	0.27	16 A10 B11 E118 DOMAIN:	0.44 TOPO_DOM:
--RFRP-- 43	135 A127 B197 E140 EM_FING:	0.22		--CTRG-- 97	684 A12 B1275 E149 DOMAIN:	0.23 DISULFID:	0.23 ACT_SITE:	0.21 SITE:	0.21
--RFRP-- 43	369 A131 B1216 E146			--CTRG-- 97	10 A11 B166 E17		--RQRM-- 48	0 A10 B10 E11	
--RFRP-- 43	89 A119 B189 E141			--CTRG-- 97	11 A11 B174 E111		--RQRM-- 48	14 A10 B12 E129	
--RFRP-- 43	211 A122 B1179 E142 METAL:	0.46		--CTRG-- 97	11 A11 B174 E111		--RQRM-- 48	31 A10 B14 E123 DOMAIN:	0.42
--RFRP-- 43	64 A120 B144 E137 METAL:	0.31		--CTRG-- 97	74 A10 B191 E18		--RQRM-- 48	5 A10 B19 E118	
--RFRP-- 43	160 A123 B157 E143 EM_FING:	0.26		--CTRG-- 97	104 A18 B1243 E17		--RQRM-- 48	0 A10 B14 E116	
--RFRP-- 43	95 A124 B147 E144 EM_FING:	0.28		--CTRG-- 97	104 A18 B1145 E15		--RQRM-- 48	0 A10 B16 E117	
--RFRP-- 43	133 A122 B161 E145 EM_FING:	0.35		--CTRG-- 97	229 A11 B128 E16 METAL:	0.46	--RQRM-- 48	7 A10 B10 E118 TOPO_DOM:	0.43 VAR_SEQ:
--RFRP-- 43	170 A125 B182 E146 EM_FING:	0.24		--CTRG-- 97	229 A11 B130 E18 METAL:	0.46	--RQRM-- 48	7 A10 B10 E116 TOPO_DOM:	0.43 VAR_SEQ:
--RFRP-- 43	103 A131 B121 E144			--CTRG-- 97	693 A12 B1273 E147 REGION:	0.14 ACT_SITE:	0.33	27 A10 B12 E121	
--RFRP-- 43	115 A123 B1164 E135 METAL:	0.31		--CTRG-- 97	18 A12 B111 E114 METAL:	0.22	--RQRM-- 48	5 A14 B119 E19	
--RFRP-- 43	135 A127 B197 E140 EM_FING:	0.22		--CTRG-- 97	10 A12 B110 E110 EM_FING:	0.43	--RQRM-- 48	19 A10 B12 E117	
--RFRP-- 43	369 A131 B1216 E146			--CTRG-- 97	114 A10 B118 E12		--RQRM-- 48	19 A11 B10 E118	
--RFRP-- 43	89 A119 B189 E141			--CTRG-- 97	15 A15 B195 E11		--RQRM-- 48	23 A10 B17 E110 REGION:	0.43
--RFRP-- 43	211 A122 B1179 E142 METAL:	0.46		--CTRG-- 97	47 A10 B191 E130		--RQRM-- 48	115 A10 B16 E123 TRANSMEM:	0.44
--RFRP-- 43	64 A120 B144 E137 METAL:	0.31		--CTRG-- 97	2 A10 B15 E15		--RQRM-- 48	8 A10 B14 E126 TOPO_DOM:	0.25
--RFRP-- 43	160 A123 B157 E143 EM_FING:	0.26		--CTRG-- 97	30 A12 B176 E122 TOPO_DOM:	0.23	--RQRM-- 48	29 A10 B13 E127 DISULFID:	0.43 DOMAIN:
--RFRP-- 43	95 A124 B147 E144 EM_FING:	0.28		--CTRG-- 97	49 A11 B110 E142 METAL:	0.37	--RQRM-- 48	14 A10 B10 E110 DOMAIN:	0.25
--RFRP-- 43	133 A122 B161 E145 EM_FING:	0.35		--CTRG-- 97	21 A10 B170 E116 VAR_SEQ:	0.29	--RQRM-- 48	12 A12 B11 E119	
--RFRP-- 43	170 A125 B182 E146 EM_FING:	0.24		--CTRG-- 97	14 A10 B181 E127		--RQRM-- 48	25 A11 B12 E120 REPEAT:	0.32
--RFRP-- 43	103 A131 B121 E144			--CTRG-- 97	5 A11 B161 E126		--RQRM-- 48	42 A11 B17 E127 METAL:	0.43
--RFRP-- 43	115 A123 B1164 E135 METAL:	0.31		--CTRG-- 97	11 A15 B120 E116		--RQRM-- 48	8 A10 B10 E131 EM_FING:	0.38
--RFRP-- 43	135 A127 B197 E140 EM_FING:	0.22		--CTRG-- 97	36 A10 B1131 E16 DISULFID:	0.31 DOMAIN:	0.22	35 A10 B10 E123 REPEAT:	0.45
--RFRP-- 43	369 A131 B1216 E146			--CTRG-- 97	9 A11 B190 E111 METAL:	0.22	--RQRM-- 48	7 A10 B18 E127	
--RFRP-- 43	89 A119 B189 E								

Genome										
NEP										
A			B			E				
--KMPF--	23	48 B:153 E:136	--KAMP--	29	2 A:0 E:5 TOPO_DOM	0.85	--KCCA--	35	0 A:0 B:1	
--GSLP--	25	115 B:114 E:44	--KAMP--	36	5 A:0 E:11		--KACC--	41	3 A:0 B:4	0.33 REGION
--PSPD--	27	27 B:144 E:40	--KPTC--	33	27 A:0 E:29 REGION	0.22 DISULFID	--KMAH--	35	2 A:2 B:4	
--PPTK--	33	111 B:86 E:44	--QETC--	30	4 A:2 E:21 STRAND	0.25	--KMAK--	36	0 A:1 B:6	
--VBAH--	26	53 B:76 E:30	--QWFF--	34	7 A:0 E:18		--KMGK--	39	3 A:0 B:0 DISULFID	0.33 DOMAIN
--AKAH--	24	64 B:160 E:40	--LQNY--	34	0 A:0 E:13		--KPCN--	38	6 A:0 B:2 DISULFID	0.33
--SEDP--	27	89 B:81 E:43	--WYTY--	36	4 A:0 E:12 DOMAIN	0.90	--KPCN--	45	0 A:0 B:7	
--KSDG--	25	55 B:85 E:28	--KQCY--	30	2 A:1 E:13 TRANSMEM	0.48	--KPTD--	37	1 A:0 B:2	
--KSDP--	25	52 B:57 E:40 PEPTIDE	--IMQP--	36	0 A:0 E:10		--KVEP--	34	0 A:1 B:14	
--KSDP--	25	73 B:104 E:41	--IMHP--	32	8 A:2 E:24		--LWEN--	35	3 A:0 B:3 EX_FING	0.33
--LSDP--	25	104 B:109 E:40	--CITD--	30	4 A:3 E:20 DOMAIN	0.25	--ATWE--	35	0 A:2 B:17	
--AKEP--	23	68 B:181 E:44	--QICL--	36	0 A:1 E:20		--KWCN--	34	6 A:0 B:12 DISULFID	0.60
--VARE--	24	37 B:117 E:34	--IMHA--	30	0 A:2 E:4		--KMGK--	37	2 A:2 B:22	
--VTEI--	24	30 B:147 E:26	--KQWE--	35	1 A:1 E:11		--KMGK--	38	12 A:0 B:40 STRAND	0.22
--FLRN--	23	70 B:114 E:40	--KQCA--	30	22 A:3 E:17 VAR_SEQ	0.23	--IMQT--	33	4 A:0 B:16 REGION	0.25
--KAMN--	25	138 B:174 E:39	--KAPC--	40	4 A:2 E:17 DOMAIN	0.25 REPEAT	--KMGK--	39	1 A:0 B:12	
--KMLV--	28	22 B:77 E:31	--KQMG--	29	2 A:0 E:6 DOMAIN	0.90	--KQFK--	38	1 A:0 B:5 DOMAIN	0.60
--AGAN--	24	14 B:96 E:34	--KQFP--	29	7 A:0 E:21 VAR_SEQ	0.29	--KCEP--	33	0 A:0 B:1	
--GMBD--	24	43 B:96 E:44	--KQSP--	29	1 A:1 E:23		--KQEP--	34	0 A:0 B:0	
--GANT--	22	60 B:128 E:44	--IQGC--	29	4 A:2 E:19		--KQEK--	34	6 A:0 B:5 DOMAIN	0.33
--GAKK--	27	124 B:139 E:45	--VLWG--	36	7 A:1 E:21 DOMAIN	0.43	--KQCF--	38	9 A:0 B:4 DOMAIN	0.44
--AYEN--	22	24 B:65 E:43	--ALWG--	37	1 A:3 E:4		--KQPK--	34	0 A:0 B:1	
--AIFP--	22	231 B:55 E:27 TRANSMEM	--LWMD--	29	3 A:0 E:13 DOMAIN	0.33	--KQAP--	33	3 A:0 B:12	
--IIFP--	24	19 B:57 E:40	--KLLN--	35	8 A:2 E:13 DISULFID	0.90 TOPO_DOM	--KQAR--	35	10 A:2 B:22	
--AKEL--	24	105 B:121 E:45	--LWEP--	38	16 A:0 E:17 TRANSMEM	0.38	--KQEP--	38	9 A:0 B:17	
--KAPT--	24	79 B:151 E:42	--KESK--	30	11 A:0 E:25 DISULFID	0.27	--KQCC--	36	1 A:0 B:6	
--AIQV--	24	110 B:114 E:40	--KQKL--	35	16 A:0 E:35		--KQWT--	37	1 A:1 B:17	
--AIQV--	24	89 B:172 E:44	--KQNK--	30	2 A:0 E:22		--KQWC--	35	2 A:0 B:14 DOMAIN	0.60
--NEEG--	26	37 B:106 E:49	--KQSM--	37	3 A:1 E:12 REPEAT	0.33	--KQIC--	36	2 A:0 B:1	
--NEEG--	26	37 B:81 E:43	--KQMP--	31	8 A:2 E:16		--KQML--	33	1 A:0 B:3	
--KQSD--	22	24 B:89 E:46	--KQTC--	33	4 A:0 E:17		--KQCL--	33	1 A:0 B:3	
--KQSD--	22	85 B:104 E:40 TOPO_DOM	--KQLM--	29	1 A:2 E:11	0.26 TOPO_DOM	--KQCL--	34	1 A:0 B:6	
--KQSD--	22	70 B:126 E:41	--KQMT--	36	14 A:2 E:19 DOMAIN	0.36	--KQDM--	39	1 A:0 B:6	
--KQSD--	22	85 B:92 E:41	--KQER--	40	7 A:2 E:31		--KQFE--	36	0 A:0 B:3	
--KQSD--	22	78 B:64 E:42	--KQWR--	30	4 A:0 E:7 DOMAIN	0.25 TRANSMEM	--KQFE--	38	5 A:2 B:15	0.60
--KQSD--	22	65 B:80 E:45	--KQEL--	29	23 A:1 E:29 TOPO_DOM	0.26	--KQFE--	38	2 A:0 B:2	
--KQSD--	22	19 B:48 E:27 TRANSMEM	--KQER--	32	13 A:1 E:26		--KQFE--	35	4 A:1 B:16 DOMAIN	0.25
--KQSD--	22	49 B:87 E:40	--KQCK--	31	0 A:0 E:6		--KQFE--	40	1 A:1 B:22	
--KQSD--	22	54 B:115 E:41	--KQVF--	38	5 A:1 E:21		--KQFE--	36	0 A:0 B:1	
--KQSD--	22	84 B:148 E:44	--KQVQ--	30	3 A:0 E:20		--KQFE--	40	0 A:0 B:3	
--KQSD--	22	49 B:122 E:43	--KQNY--	39	1 A:1 E:22		--KQFE--	33	3 A:1 B:2	
--KQSD--	22	65 B:157 E:43	--KQCY--	29	15 A:1 E:19 TRANSMEM	0.38	--KQFE--	40	2 A:0 B:2	
--KQSD--	22	39 B:107 E:43	--KQVF--	33	12 A:1 E:23 DISULFID	0.47 DOMAIN	--KQFE--	37	1 A:1 B:15	
--KQSD--	22	47 B:59 E:41	--KQFM--	35	6 A:3 E:18		--KQFE--	35	1 A:0 B:16	
--KQSD--	22	58 B:94 E:41	--KQFP--	35	14 A:2 E:33 REPEAT	0.29	--KQFE--	35	14 A:0 B:18	
--KQSD--	22	12 B:42 E:21	--KQFP--	35	3 A:1 E:11 COMPRAS	0.33	--KQFE--	35	6 A:0 B:19	
--KQSD--	22	35 B:40 E:38	--KQEK--	31	20 A:0 E:28 DISULFID	0.30	--KQFE--	35	2 A:1 B:24 PROPEP	0.60
--KQSD--	22	62 B:89 E:46	--KQEL--	33	13 A:0 E:24		--KQFE--	38	2 A:0 B:29 TRANSMEM	0.60
--KQSD--	22	106 B:93 E:40 TRANSMEM	--KQCY--	29	2 A:1 E:19	0.31 DISULFID	--KQFE--	34	9 A:2 B:52 TRANSMEM	0.22
--KQSD--	22	67 B:153 E:47	--KQFP--	48	1 A:0 E:15 TOPO_DOM	0.90	--KQFE--	48	0 A:1 B:13	
--KQSD--	22	142 B:144 E:44	--KQFP--	47	1 A:0 E:17		--KQFE--	48	3 A:0 B:11 STRAND	0.33
--KQSD--	22	95 B:92 E:48	--KQFP--	31	10 A:0 E:26		--KQFE--	39	1 A:1 B:29	
--KQSD--	22	126 B:49 E:40	--KQFP--	35	9 A:1 E:25 TOPO_DOM	0.33 REPEAT	--KQFE--	45	1 A:0 B:1	
--KQSD--	22	42 B:89 E:46	--KQFE--	24	10 A:1 E:25		--KQFE--	34	0 A:0 B:4	
--KQSD--	22	46 B:106 E:47	--KQFE--	30	4 A:1 E:24 VAR_SEQ	0.25	--KQFE--	34	4 A:1 B:15 TRANSMEM	0.60
--KQSD--	22	50 B:70 E:33	--KQFE--	30	3 A:1 E:9		--KQFE--	37	15 A:0 B:2 REGION	0.47
--KQSD--	22	31 B:91 E:45	--KQFE--	39	0 A:1 E:15		--KQFE--	34	0 A:0 B:2	
--KQSD--	22	29 B:87 E:41	--KQFE--	30	3 A:0 E:14		--KQFE--	37	2 A:0 B:11	
--KQSD--	22	65 B:133 E:46	--KQFE--	33	5 A:0 E:13	0.36	--KQFE--	38	4 A:2 B:18 DOMAIN	0.25 TOPO_DOM
--KQSD--	22	46 B:90 E:42	--KQFE--	31	20 A:0 E:22		--KQFE--	47	1 A:0 B:18	
--KQSD--	22	113 B:107 E:36 TRANSMEM	--KQFE--	35	5 A:2 E:26 REGION	0.40 EX_FING	--KQFE--	38	23 A:0 B:7	
--KQSD--	22	33 B:83 E:31	--KQFE--	33	4 A:1 E:27 EX_FING	0.25 VAR_SEQ	--KQFE--	39	0 A:0 B:12	
--KQSD--	22	34 B:86 E:42	--KQFE--	42	37 A:0 E:27	0.46	--KQFE--	34	17 A:0 B:4 DOMAIN	0.24
--KQSD--	22	60 B:135 E:40	--KQFE--	35	15 A:0 E:28		--KQFE--	34	2 A:0 B:7	
--KQSD--	22	41 B:86 E:41	--KQFE--	31	0 A:1 E:7		--KQFE--	39	6 A:2 B:18	
--KQSD--	22	20 B:76 E:32	--KQFE--	33	6 A:0 E:19		--KQFE--	36	3 A:0 B:45	
--KQSD--	22	64 B:131 E:39	--KQFE--	31	6 A:1 E:21 COMPRAS	0.33	--KQFE--	33	1 A:0 B:11	
--KQSD--	22	80 B:136 E:43 DOMAIN	--KQFE--	30	15 A:0 E:27		--KQFE--	37	3 A:0 B:11	
--KQSD--	22	53 B:112 E:31	--KQFE--	35	18 A:4 E:30 DISULFID	0.22	--KQFE--	36	1 A:0 B:7	
--KQSD--	22	15 B:51 E:39	--KQFE--	30	5 A:1 E:27 VAR_SEQ	0.90 DOMAIN	--KQFE--	41	1 A:0 B:13	
--KQSD--	22	64 B:83 E:47	--KQFE--	32	16 A:0 E:24		--KQFE--	39	4 A:0 B:13 DISULFID	0.25 DOMAIN
--KQSD--	22	73 B:141 E:39	--KQFE--	30	14 A:5 E:19 TOPO_DOM	0.29	--KQFE--	33	8 A:1 B:20	
--KQSD--	22	131 B:96 E:47	--KQFE--	32	9 A:2 E:21		--KQFE--	36	1 A:1 B:23	
--KQSD--	22	27 B:67 E:33	--KQFE--	37	9 A:1 E:21		--KQFE--	34	1 A:0 B:0 TOPO_DOM	0.60
--KQSD--	22	74 B:131 E:45	--KQFE--	39	6 A:0 E:21 COMPRAS	0.33	--KQFE--	34	2 A:3 B:14	
--KQSD--	22	37 B:56 E:35 REGION	--KQFE--	30	2 A:1 E:8		--KQFE--	33	1 A:0 B:6	
--KQSD--	22	210 B:80 E:48	--KQFE--	33	7 A:2 E:11 TRANSMEM	0.43	--KQFE--	48	1 A:0 B:11	
--KQSD--	22	76 B:66 E:44	--KQFE--	30	3 A:2 E:17 TRANSMEM	0.33	--KQFE--	33	0 A:0 B:5	
--KQSD--	22	54 B:119 E:32	--KQFE--	29	3 A:2 E:16 DOMAIN	0.33 VARIANT	--KQFE--	44	0 A:0 B:2	
--KQSD--	22	52 B:53 E:43	--KQFE--	30	3 A:2 E:17 TOPO_DOM	0.33	--KQFE--	36	0 A:0 B:5	
--KQSD--	22	63 B:42 E:43	--KQFE--	29	0 A:1 E:10		--KQFE--	37	4 A:0 B:19	
--KQSD--	22	77 B:121 E:49	--KQFE--	30	0 A:0 E:8		--KQFE--	33	3 A:0 B:14 DOMAIN	0.33
--KQSD--	22	16 B:48 E:24	--KQFE--	31	0 A:0 E:5		--KQFE--	36	2 A:2 B:18	
--KQSD--	22	35 B:69 E:40	--KQFE--	30	20 A:0 E:26 DISULFID	0.45 TOPO_DOM	--KQFE--	33	0 A:0 B:8	
--KQSD--	22	53 B:73 E:43 DOMAIN	--KQFE--	32	1 A:0 E:10 HoFeature	0.90	--KQFE--	38	6 A:3 B:23	
--KQSD--	22	22 B:33 E:38 DOMAIN	--KQFE--	29	3 A:0 E:15 DOMAIN	0.33 DISULFID	--KQFE--	34	1 A:1 B:4	
--KQSD--	22	21 B:87 E:36 TOPO_DOM	--KQFE--	29	0 A:1 E:6		--KQFE--	35	7 A:0 B:16	
--KQSD--	22	40 B:145 E:45	--KQFE--	31	2 A:0 E:19		--KQFE--	33	0 A:0 B:9	
--KQSD--	22	70 B:78 E:39 DOMAIN	--KQFE--	30	0 A:0 E:6		--KQFE--	35	2 A:0 B:10 TRANSMEM	0.60
--KQSD--	22	36 B:128 E:41	--KQFE--	29	10 A:1 E:21 METAL	0.30	--KQFE--	34	2 A:2 B:7	
--KQSD--	22	14 B:38 E:36 TOPO_DOM	--KQFE--	30	14 A:0 E:29 VAR_SEQ	0.29 TOPO_DOM	--KQFE--	49	5 A:0 B:8 TOPO_DOM	0.40
--KQSD--	22	89 B:130 E:43	--KQFE--	33	7 A:1 E:17 REPEAT	0.29 TOPO_DOM	--KQFE--	34	0 A:0 B:5	
--KQSD--	22	65 B:122 E:42	--KQFE--	30	16 A:1 E:23		--KQFE--	37	1 A:0 B:4 TOPO_DOM	0.60
--KQSD--	22	48 B:128 E:40	--KQFE--	30	15 A:1 E:25 DOMAIN	0.27	--KQFE--	40	1 A:1 B:9 REGION	0.60
--KQSD--	22	27 B:97 E:34	--KQFE--	31	4 A:0 E:24 DOMAIN	0.25 DISULFID	--KQFE--	41	3 A:1 B:30	
--KQSD--	22	33 B:111 E:39	--KQFE--	30	3 A:1 E:8 DOMAIN	0.33	--KQFE--	49	6 A:5 B:16 STRAND	0.33
--KQSD--	22	75 B:76 E:49	--KQFE--	36	7 A:1 E:21 REPEAT	0.29	--KQFE--	35	0 A:0 B:29	
--KQSD--	22	80 B:40 E:47	--KQFE--	33	3 A:2 E:8		--KQFE--	35	2 A:0 B:3	
--KQSD--	22	39 B:60 E:36	--KQFE--	30	19 A:0 E:12 METAL	0.49	--KQFE--	37	9 A:2 B:16	
--KQSD--	22	34 B:102 E:36	--KQFE--	28	2 A:0 E:18 TOPO_DOM	0.70	--KQFE--	34	0 A:0 B:6	

Genome									
ORF									
A		B				E			
HCCHY	18	46	3 B:35			CFREY	130	0 B:6	
HCCCH	18	75	0 B:52			CFYFA	366	10 B:14	IM_FING: 0.38
CCCHY	18	46	0 B:34			HKESC	371	0 B:5	
HKREN	10	55	12 B:47			HNFYF	898	3 B:4	HELIX: 0.33
HCPHA	18	114	114 B:138			CCNPF	470	6 B:15	TRANSEM: 0.35
CCYCY	11	57	34 B:57			HDOCK	465	0 B:8	
						EMFBC	394	1 B:11	
						HKQCP	558	4 B:9	DOMAIN: 0.25 COMBES: 0.25
						HKQCC	570	176 B:34	IM_FING: 0.31
						HFKCO	796	12 B:28	IM_FING: 0.33
						HFKCE	527	14 B:20	IM_FING: 0.35
						HQMDQ	457	2 B:10	
						HMCCT	467	6 B:8	PROPEP: 0.67
						HQDQC	445	1 B:5	
						HCCDN	379	2 B:7	TOPO_DOM: 0.35
						HCPNK	405	39 B:22	LIPID: 0.36 COMBES: 0.26
						HCCNY	470	9 B:20	TOPO_DOM: 0.44
						HKQCK	952	0 B:9	
						HKQCK	695	23 B:24	IM_FING: 0.33
						HKQCK	468	72 B:32	IM_FING: 0.31
						HKQCK	461	209 B:30	IM_FING: 0.32
						HKQCK	461	218 B:36	IM_FING: 0.48
						HKQCK	931	0 B:4	
						HKQCK	388	1 B:7	
						HKQCK	695	3 B:8	TOPO_DOM: 0.33
						HKQCK	839	3 B:23	
						HKQCK	554	2 B:29	
						HKQCK	430	3 B:10	DIULFID: 0.33 DOMAIN: 0.33
						HKQCK	461	8 B:18	IM_FING: 0.35
						HKQCK	430	43 B:18	IM_FING: 0.35
						HKQCK	381	9 B:13	IM_FING: 0.44
						HKQCK	844	57 B:26	IM_FING: 0.31
						HKQCK	643	10 B:20	
						HKQCK	384	121 B:30	DOMAIN: 0.36 TOPO_DOM: 0.21
						HKQCK	387	107 B:28	REPEAT: 0.32 REGION: 0.24
						HKQCK	379	2 B:23	DOMAIN: 0.38
						HKQCK	423	7 B:19	
						HKQCK	378	0 B:9	
						HKQCK	460	8 B:12	IM_FING: 0.25
						HKQCK	451	60 B:31	IM_FING: 0.35
						HKQCK	524	124 B:32	IM_FING: 0.47
						HKQCK	524	0 B:3	
						HKQCK	788	1 B:8	
						HKQCK	796	1 B:4	
						HKQCK	427	3 B:4	
						HKQCK	433	4 B:12	REPEAT: 0.35
						HKQCK	520	15 B:24	
						HKQCK	430	0 B:8	
						HKQCK	470	1 B:14	TOPO_DOM: 0.35
						HKQCK	464	1 B:8	
						HKQCK	933	133 B:29	IM_FING: 0.35
						HKQCK	721	122 B:31	IM_FING: 0.27
						HKQCK	399	0 B:3	
						HKQCK	391	0 B:3	
						HKQCK	435	6 B:15	DOMAIN: 0.35
						HKQCK	411	2 B:4	REGION: 0.55
						HKQCK	400	0 B:11	
						HKQCK	438	3 B:3	REGION: 0.33 CARBOHYD: 0.33
						HKQCK	585	10 B:23	DOMAIN: 0.30 TOPO_DOM: 0.30
						HKQCK	396	0 B:9	
						HKQCK	500	0 B:12	
						HKQCK	788	2 B:3	REGION: 0.35
						HKQCK	710	0 B:5	
						HKQCK	414	21 B:23	
						HKQCK	545	1 B:10	
						HKQCK	370	92 B:33	DOMAIN: 0.37
						HKQCK	766	0 B:5	
						HKQCK	569	0 B:3	
						HKQCK	598	0 B:10	
						HKQCK	370	7 B:24	IM_FING: 0.29
						HKQCK	444	22 B:17	CARBOHYD: 0.32
						HKQCK	379	8 B:10	IM_FING: 0.38
						HKQCK	500	2 B:5	
						HKQCK	441	0 B:8	
						HKQCK	439	0 B:2	
						HKQCK	535	222 B:48	IM_FING: 0.37
						HKQCK	571	2 B:12	IM_FING: 0.35
						HKQCK	428	2 B:5	DOMAIN: 0.35
						HKQCK	462	70 B:32	DIULFID: 0.44
						HKQCK	537	0 B:1	
						HKQCK	377	10 B:18	
						HKQCK	382	111 B:27	DIULFID: 0.32
						HKQCK	798	2 B:6	
						HKQCK	802	2 B:5	DOMAIN: 0.35
						HKQCK	561	0 B:6	
						HKQCK	814	87 B:33	DIULFID: 0.46
						HKQCK	373	11 B:28	IM_FING: 0.45
						HKQCK	445	6 B:16	
						HKQCK	381	13 B:12	
						HKQCK	633	15 B:23	COLLED: 0.27
						HKQCK	390	34 B:44	
						HKQCK	414	8 B:12	TOPO_DOM: 0.38 DIULFID: 0.25
						HKQCK	468	2 B:18	DOMAIN: 0.38 TOPO_DOM: 0.38
						HKQCK	763	1 B:4	
						HKQCK	428	1 B:2	
						HKQCK	449	0 B:10	
						HKQCK	379	50 B:41	REGION: 0.48
						HKQCK	519	49 B:10	
						HKQCK	445	9 B:13	TRANSEM: 0.44
						HKQCK	451	15 B:32	IM_FING: 0.47

Genome																				
URP																				
A			B			E														
--NRBP--	3470	0.18	720 R:72 E:40 DOMAIN	0.44	TOPO_DOM	0.44	--CFAN--	1230	0.09	9 E:13 TRANSMEM	0.44	--PRYM--	47	0	4 A:0 B:9 E:0 REGION	0.25	TRANSMEM	0.25		
--NRBP--	3481	0.48	491 R:43 E:14 DOMAIN	0.44	TOPO_DOM	0.44	--CFAN--	1231	0.09	1 E:7	0.44	--PRYM--	48	0.01	10 A:0 B:9 E:1	0.25	TRANSMEM	0.25		
--NRBP--	5241	0.77	529 R:34 E:10 EM_FING	0.42			--NRBP--	1232	0.24	5 E:12 EM_FING	0.25	--NRBP--	49	0.01	6 A:1 B:40 E:1	0.25	TRANSMEM	0.25		
--NRBP--	5242	0.97	1142 R:18 E:10 EM_FING	0.72			--NRBP--	1233	0.09	0 E:8	0.25	--NRBP--	50	0.17	9 A:0 B:43 E:0 HELIX	0.22	TRANSMEM	0.22		
--NRBP--	7400	0.98	717 R:13 E:13 EM_FING	0.49			--NRBP--	1234	0.02	4 E:9 COMPRIAS	0.25	DOMAIN	0.25	--NRBP--	51	0	1 A:1 B:12 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	4777	0.91	295 R:33 E:13 EM_FING	0.63			--NRBP--	1235	0.02	10 E:22	0.25	DOMAIN	0.25	--NRBP--	52	0.12	18 A:0 B:9 E:0 DOMAIN	0.44	TRANSMEM	0.44
--NRBP--	5887	0.43	206 R:40 E:12 EM_FING	0.39			--NRBP--	1236	0.02	15 E:27 DOMAIN	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	53	0.14	8 A:0 B:84 E:1	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	3379	0.44	244 R:57 E:16 EM_FING	0.54			--NRBP--	1237	0.02	23 E:24 EM_FING	0.41	TRANSMEM	0.41	--NRBP--	54	0.02	12 A:0 B:100 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	3058	0.50	187 R:22 E:13 EM_FING	0.47			--NRBP--	1238	0.04	60 E:11 EM_FING	0.42	TRANSMEM	0.42	--NRBP--	55	0.18	2 A:0 B:5 E:1	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2262	0.50	244 R:27 E:41 EM_FING	0.59			--NRBP--	1239	0.01	124 E:12 EM_FING	0.47	TRANSMEM	0.47	--NRBP--	56	0	7 A:0 B:43 E:2 REGION	0.29	TRANSMEM	0.29
--NRBP--	3113	0.58	326 R:15 E:40 EM_FING	0.67			--NRBP--	1240	0.02	92 E:18 EM_FING	0.37	TRANSMEM	0.37	--NRBP--	57	0.01	36 A:0 B:52 E:1	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2316	0.39	211 R:41 E:19 EM_FING	0.51			--NRBP--	1241	0.04	218 E:16 EM_FING	0.49	TRANSMEM	0.49	--NRBP--	58	0	4 A:3 B:16 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2953	0.83	16 E:59 E:41 TOPO_DOM	0.22			--NRBP--	1242	0.04	113 E:29 EM_FING	0.56	TRANSMEM	0.56	--NRBP--	59	0	1 A:0 B:19 E:1 REGION	0.33	TRANSMEM	0.33
--NRBP--	3225	0.61	60 R:48 E:42 HELIX	0.23			--NRBP--	1243	0.02	122 E:11 EM_FING	0.57	TRANSMEM	0.57	--NRBP--	60	0	6 A:0 B:47 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	3226	0.78	1644 R:63 E:44 EM_FING	0.62			--NRBP--	1244	0.06	57 E:26 EM_FING	0.52	TRANSMEM	0.52	--NRBP--	61	0	3 A:1 B:41 E:2 HELIX	0.33	TRANSMEM	0.33
--NRBP--	9181	0.80	335 R:14 E:11 EM_FING	0.43			--NRBP--	1245	0.02	76 E:25 EM_FING	0.49	TRANSMEM	0.49	--NRBP--	62	0	10 A:0 B:85 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	1246	0.73	230 R:18 E:12 EM_FING	0.48			--NRBP--	1246	0.03	72 E:12 EM_FING	0.51	TRANSMEM	0.51	--NRBP--	63	0	14 A:1 B:32 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	4460	0.93	199 R:18 E:12 EM_FING	0.59			--NRBP--	1247	0.01	209 E:10 EM_FING	0.47	TRANSMEM	0.47	--NRBP--	64	0.01	0 A:0 B:28 E:0	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2311	1.00	186 R:8 E:16 EM_FING	0.25			--NRBP--	1248	0.24	5 E:11 HELIX	0.46	TRANSMEM	0.46	--NRBP--	65	0	7 A:1 B:46 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	3534	1.00	84 R:5 E:26 EM_FING	0.74			--NRBP--	1249	0.11	25 E:23	0.46	TRANSMEM	0.46	--NRBP--	66	0	13 A:0 B:19 E:2 DOMAIN	0.31	TRANSMEM	0.31
--NRBP--	3071	1.00	176 R:2 E:134 EM_FING	0.71			--NRBP--	1250	0.02	10 E:14 DISULFID	0.30	DOMAIN	0.30	--NRBP--	67	0	13 A:1 B:64 E:2 TOPO_DOM	0.31	TRANSMEM	0.31
--NRBP--	4240	1.00	249 R:24 E:18 EM_FING	0.64			--NRBP--	1251	0.02	8 E:14 HELIX	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	68	0.01	14 A:0 B:47 E:1 TRANSMEM	0.29	TRANSMEM	0.29
--NRBP--	2244	0.06	21 R:41 E:25	0.23			--NRBP--	1252	0.16	2 E:10	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	69	0	7 A:0 B:52 E:2 STRAND	0.29	TRANSMEM	0.29
--NRBP--	2230	0.15	7 R:31 E:26	0.22			--NRBP--	1253	0.35	6 E:8 PROPEP	0.47	TRANSMEM	0.47	--NRBP--	70	0.11	0 A:0 B:1 E:1	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2241	0.48	98 R:55 E:19	0.48			--NRBP--	1254	0.48	43 E:18 TOPO_DOM	0.46	TRANSMEM	0.46	--NRBP--	71	0.08	15 A:0 B:44 E:2 METAL	0.35	COXII	0.35
--NRBP--	2472	0.98	530 R:68 E:47 COMPRIAS	0.44			--NRBP--	1255	0.41	0 E:6	0.48	TRANSMEM	0.48	--NRBP--	72	0.24	21 A:1 B:90 E:1 TRANSMEM	0.48	TRANSMEM	0.48
--NRBP--	2214	0.83	105 R:116 E:47	0.44			--NRBP--	1256	0.06	3 E:10 DISULFID	0.33	DOMAIN	0.33	--NRBP--	73	0	16 A:0 B:76 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2505	0.87	221 R:50 E:16 EM_FING	0.54			--NRBP--	1257	0.04	6 E:15 TRANSMEM	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	74	0.10	8 A:0 B:60 E:2 TRANSMEM	0.33	TRANSMEM	0.33
--NRBP--	2660	0.68	272 R:43 E:19 EM_FING	0.59			--NRBP--	1258	0.03	8 E:9	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	75	0.01	0 A:1 B:9 E:1	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2837	1.00	488 R:48 E:47 COMPRIAS	0.44			--NRBP--	1259	0.35	49 E:10	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	76	0	4 A:0 B:46 E:1	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2623	1.00	438 R:55 E:18 COMPRIAS	0.44			--NRBP--	1260	0.16	6 E:15	0.48	TRANSMEM	0.48	--NRBP--	77	0	10 A:0 B:37 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	3019	1.00	451 R:68 E:47 COMPRIAS	0.44			--NRBP--	1261	0.31	8 E:20 TOPO_DOM	0.44	TRANSMEM	0.44	--NRBP--	78	0.09	6 A:0 B:88 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	3128	1.00	383 R:9 E:10 EM_FING	0.63			--NRBP--	1262	0.93	1 E:8	0.44	TRANSMEM	0.44	--NRBP--	79	0.02	5 A:0 B:46 E:1	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2264	0.73	337 R:11 E:17 EM_FING	0.59			--NRBP--	1263	0.20	39 E:22 LIPID	0.36	COMPRIAS	0.36	--NRBP--	80	0.15	8 A:0 B:61 E:1 TRANSMEM	0.33	TRANSMEM	0.33
--NRBP--	3551	0.55	3341 R:9 E:41 EM_FING	0.72			--NRBP--	1264	0.11	8 E:18 EM_FING	0.59	TRANSMEM	0.59	--NRBP--	81	0.02	11 A:0 B:49 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	4837	0.66	329 R:15 E:17 EM_FING	0.58			--NRBP--	1265	0.29	43 E:18 EM_FING	0.56	TRANSMEM	0.56	--NRBP--	82	0.04	15 A:0 B:49 E:2 TRANSMEM	0.27	TOPO_DOM	0.27
--NRBP--	4258	0.60	471 R:4 E:45 EM_FING	0.51			--NRBP--	1266	0.03	14 E:10 TOPO_DOM	0.33	DISULFID	0.33	--NRBP--	83	0	1 A:0 B:48 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2458	0.19	417 R:51 E:45 REGION	0.40			--NRBP--	1267	0.05	95 E:25 EM_FING	0.51	TRANSMEM	0.51	--NRBP--	84	0	3 A:0 B:45 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	3421	0.61	407 R:138 E:42 REGION	0.43			--NRBP--	1268	0.02	14 E:20 EM_FING	0.50	TRANSMEM	0.50	--NRBP--	85	0	16 A:0 B:87 E:1 TRANSMEM	0.27	TRANSMEM	0.27
--NRBP--	2889	0.46	351 R:19 E:19 EM_FING	0.52			--NRBP--	1269	0.08	176 E:14 EM_FING	0.51	TRANSMEM	0.51	--NRBP--	86	0.21	9 A:0 B:82 E:2 TOPO_DOM	0.44	TRANSMEM	0.44
--NRBP--	2304	0.92	271 R:11 E:16 EM_FING	0.63			--NRBP--	1270	0.23	22 E:10	0.41	TRANSMEM	0.41	--NRBP--	87	0.02	6 A:0 B:42 E:0 STRAND	0.33	TRANSMEM	0.33
--NRBP--	4242	0.60	654 R:20 E:12 EM_FING	0.68			--NRBP--	1271	0.03	15 E:24	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	88	0	7 A:0 B:45 E:1 STRAND	0.29	TRANSMEM	0.29
--NRBP--	8630	0.80	133 R:27 E:13 EM_FING	0.32			--NRBP--	1272	0.02	3 E:19 METAL	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	89	0.05	8 A:0 B:49 E:1 TRANSMEM	0.38	TRANSMEM	0.38
--NRBP--	5170	0.25	476 R:23 E:16 EM_FING	0.54			--NRBP--	1273	0.01	3 E:19	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	90	0.12	4 A:1 B:53 E:1 TRANSMEM	0.33	TRANSMEM	0.33
--NRBP--	3859	0.29	422 R:13 E:13 EM_FING	0.71			--NRBP--	1274	0.26	0 E:3	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	91	0.07	8 A:1 B:64 E:1 TRANSMEM	0.33	TRANSMEM	0.33
--NRBP--	3964	0.52	291 R:7 E:28 EM_FING	0.57			--NRBP--	1275	0.77	0 E:10	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	92	0.02	114 A:0 B:138 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2687	0.29	400 R:13 E:12 EM_FING	0.57			--NRBP--	1276	0.28	0 E:9	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	93	0.08	34 A:0 B:57 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	4651	0.09	442 R:54 E:18 COMPRIAS	0.51			--NRBP--	1277	0.03	6 E:15 DOMAIN	0.44	TRANSMEM	0.44	--NRBP--	94	0.06	10 A:0 B:36 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	3595	1.00	697 R:69 E:46 COMPRIAS	0.52			--NRBP--	1278	0.04	2 E:4 REGION	0.44	TRANSMEM	0.44	--NRBP--	95	0.06	11 A:0 B:53 E:1 TOPO_DOM	0.27	TRANSMEM	0.27
--NRBP--	2697	0	459 R:115 E:50 COMPRIAS	0.32			--NRBP--	1279	0.04	3 E:8	0.44	TRANSMEM	0.44	--NRBP--	96	0	61 A:1 B:47 E:1	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	6485	0.35	1041 R:132 E:48 COMPRIAS	0.45			--NRBP--	1280	0.12	1 E:4	0.44	TRANSMEM	0.44	--NRBP--	97	0.24	0 A:0 B:65 E:0	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2322	0.66	52 R:52 E:44	0.45			--NRBP--	1281	0.24	3 E:4	0.44	TRANSMEM	0.44	--NRBP--	98	0.02	20 A:0 B:64 E:2	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2640	0.32	727 R:16 E:17 DOMAIN	0.37	DISULFID	0.36	--NRBP--	1282	0.43	4 E:12 REPEAT	0.46	TRANSMEM	0.46	--NRBP--	99	0	4 A:0 B:41 E:1 DOMAIN	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	2880	0.33	548 R:18 E:18 COMPRIAS	0.36	DISULFID	0.36	--NRBP--	1283	0.03	14 E:20 TOPO_DOM	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	100	0	10 A:0 B:40 E:2 STRAND	0.29	TRANSMEM	0.29
--NRBP--	3072	0.71	308 R:12 E:13 EM_FING	0.41			--NRBP--	1284	0.03	0 E:8	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--	101	0.02	1 A:0 B:12 E:1	0.25	TRANSMEM	0.25
--NRBP--	7922	0.91	405 R:5 E:10 EM_FING	0.60			--NRBP--	1285	0.18	3 E:9 TOPO_DOM	0.33	TRANSMEM	0.33	--NRBP--						