```
1   ----------MVGYYQMK------QITNSTTMSVKNEISTVEPVDPVKSLVCSPDLS----  A. mellifera
1   ----------LVSLG-GS------ALPGTYTGPISPAGDRGASSSPEQSTYHPVQ------  A. gambiae
1   MVYYSANQLLIKTEQSSQAQFCLQVPPPLTATTTSVGLGVPPSGGQQEHFELLQTPQQRQ  D. melanogaster

42  ----------------------------------------VFTSPACGSET---------PLTN-  A. mellifera
39  ----------------------------------------S--GGGGASAT---------PVG--  A. gambiae
61  MQLQLQDQHQQEQQQFVSYQLAIQQHQKQQQQQQHESITNAAPTAAPSAQRIKTEPVGGF  D. melanogaster

57  ----------------IEEKTYQCLLCQKAFDQKNLYQSHLRSHGKE----------------  A. mellifera
51  ------------------SKFRCNQCNISFGSKSAHTSHMKSHAKQQQASEKLTAAAKLGE  A. gambiae
121 PASAAVVSQVRKPSASKPQFKCDQCGMTFGSKSAHTSHTKSHSKNQDLSLNGASGAGVAA  D. melanogaster

88  ----------------------GE--------------DPYRCNICGKTFAVPARLTRHYRTHT  A. mellifera
94  TTITAS---GGSGGGTGSPAGP---------QP--DPYQCDVCKKTFAVPARLVRHYRTHT  A. gambiae
181 PVSTAAIELNDAGLPVGIPKSPTIKPLANVAAGADPYQCNVCQKTFAVPARLIRHYRTHT  D. melanogaster

116 GEKPYQCEYCSKSFSVKENLSVHRRIHTKERPYKCDVCERAFEHSGKLHRHMRIHTGERP  A. mellifera
141 GERPFECEFCHKMFSVKENLQVHRRIHTKERPYKCEICGRAFEHSGKLHRHMRIHTGERP  A. gambiae
241 GERPFECEFCHKLFSVKENLQVHRRIHTKERPYKCDVCGRAFEHSGKLHRHMRIHTGERP  D. melanogaster

176 HKCTVCSKTFIQSGQLVIHMRTHTGEKPYVCK--ACGKGFTCSKQLKVHTRTHTGEKPYT  A. mellifera
201 HKCNVCGKTFIQSGQLVIHMRTHTGEKPYKCPVEGCGKGFTCSKQLKVHSRTHTGEKPYH  A. gambiae
301 HKCSVCEKTFIQSGQLVIHMRTHTGEKPYKCPEPGCGKGFTCSKQLKVHSRTHTGEKPYH  D. melanogaster

234 CDICGKSFGYNHVLKLHQVAHYGEKVYKCTLCHETFGSKKTMELHIKTHS-----D----  A. mellifera
261 CDICFRDFGYNHVLKLHRVQHYGAKCYKCTICDETFKSKKEMEAHIKGHANELPDD--EE  A. gambiae
361 CDICFRDFGYNHVLKLHRVQHYGSKCYKCTICDETFKNKKEMEAHIKGHANEVPDDEAEA  D. melanogaster

285 --SSVVGSPRD----------SP-IEPEIEISQ----------------------N  A. mellifera
319 AAAAAAASDAG----GACKLEDVSTSGTEGSIKLSSSALEG-----GG---------SGSN  A. gambiae
421 AAASAAASTSAGSSAGSPSLQGVSSNSESSNHSPPSSPPATKKPRQARQPRVSKTVAATL  D. melanogaster

306 SVSTGS-DKENHKTEEPNDEVATYDNTPRDFPYYMYSREQYSQSHLISNENRDFQTTPTV  A. mellifera
362 SNSSSSFDYSSSMSHTEGTEQSGGPSSDEPSGHFAIRKSGSSSPSFAVGANEAGQQRAYG  A. gambiae
481 SIPTSSPLSPSSLSSTYSPSASSMASPPPTSAHYLPVQMEADALSRDSGVSSAQPAHSTY  D. melanogaster

365 SVEQPHLFLYPEVSSTYTG----------------------------------------  A. mellifera
422 GGVAPALLAAASIAAAVENGCTEVKYCP----ELKQQRS---ISPVQPSALSITRNTPPP  A. gambiae
541 ADEEPTDLSMQQVQGQLPESTVDYYQAPPSLLELQPQPAGLTINPALLEAASIARRHDDN  D. melanogaster

384 -FGIQSTDFVGDCSSLLNLP--GNDARRRVEAALEAVEEER-------------------  A. mellifera
475 SSGSSSSSSSSSTSSVLSMTPSGGTSSTLLEPAGSSAPSGPS------AG----------  A. gambiae
601 DDQVQDEDVHAAAWQMMQLCRGHGSLPPTEQPAPSHQPQVPTLHVSDLAANYDDTHEATV  D. melanogaster

422 ----------------QREYGIRVERDPILTPP-------------------SSNPVSP-  A. mellifera
519 ---QFVYEPMAIMKHHGYFAPASQITEFRSSSDIVRQVEAAIAGTENLLTPPRSSPESPD  A. gambiae
661 LIEHFKRGDLARHGLHKGYAPVPKYESALPNPDVVRRVEAAIG---------LRSSTESPE  D. melanogaster

446 -VPSPDPLDLAIPVRETLILPPRKRCKMILESMEIERNG-LIAS----------------  A. mellifera
576 RSSSPESDSVLMADRDNNTLPPRKRKLYFKDSQHTVSASPKMASLEVTAPQHYGVTVVQQ  A. gambiae
713 RSSSPESDSLMMADRNVMTLPLRKRKHYMNKGDDGQVDS-EKASGDGTSAAGGAASVGAG  D. melanogaster

488 -------QRQNSVIQFAKAS.                                          A. mellifera
636 QQPPTPQHHLQQQPPLDAHSGHQQLFHPHQKQQQ                             A. gambiae
772 DGPGSKVMRMSSVIQFAKAS                                           D. melanogaster
```