

Supplemental Figure 1. Multiple sequence alignment of CYP51 from different kingdoms in the region of P355 (*T. cruzi* numbering).

Multiple sequence alignment of CYP51 from various species. The alignment shows conserved regions in grey and variable regions in black. An arrow points to a specific residue in the sorghum sequence.

sorghum	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RQ	SH	SDF	TV	TT	KE	GKE	-----	: 375						
cane	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RQ	SH	SDF	TV	TT	KE	GKE	-----	: 338						
corn	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RQ	SH	SDF	TV	TT	KE	GKV	-----	: 375						
wheat	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RQ	SH	SDF	SV	TT	RE	GKE	-----	: 375						
barley	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RQ	SH	SDF	SV	TT	RE	GKE	-----	: 342						
oat	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RQ	SH	TDF	SV	TT	RE	GKE	-----	: 373						
rice	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RQ	SH	NDF	SV	TT	KG	GKE	-----	: 371						
onion	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RH	SH	SDF	SV	RT	KE	GVE	-----	: 372						
A.thaliana	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LM	RASH	SDF	SV	TARD	GKT	-----	: 374								
rapeseed	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LM	RASH	CDF	SV	TARD	GKT	-----	: 372								
potato	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SDF	SV	TT	RE	GKE	-----	: 371							
tomato	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SE	FS	SV	TT	RE	GKE	-----	: 371						
tobacco	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SDF	TV	KT	RE	GKE	-----	: 371							
petunia	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SDF	TV	KT	RE	GKE	-----	: 372							
columbine	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SE	FS	SV	TT	RE	GKE	-----	: 378						
grape	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SDF	SV	TT	KG	GKE	-----	: 370							
cotton	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSP	SDF	SV	KT	RD	GKE	-----	: 380							
poplar	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SDF	SV	TT	RD	GKE	-----	: 363							
ricinus	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SDF	SV	KT	RD	GKE	-----	: 369							
apple	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SDF	SV	QT	RE	GKE	-----	: 373							
orange	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SDF	TV	QT	RE	GKE	-----	: 359							
soybean	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LM	RSSHT	DF	SV	TT	RE	GKE	-----	: 370							
clover	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SDF	SV	TT	RE	GKE	-----	: 372							
M.truncatu	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SDF	SV	TT	RE	GKE	-----	: 410							
lotus	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IM	LL	RSSH	SDF	SV	TT	RE	GKE	-----	: 358							
pine	: RC	IK	EA	LR	LP	PL	IV	LL	RSNH	RDF	TV	TAK	DG	KD	-----	: 371							
clementine	: QC	IK	ET	LK	TP	PL	IM	LL	RAKAD	VEL	GG	-----	: 337										
spruce	: NC	IR	EA	LR	MY	PP	LI	LM	RRLV	LKD	VE	YK	G	-----	: 359								
moss	: RA	MK	EA	LR	LP	PL	LIL	LL	RQ	NHT	DF	SV	TT	RE	GKS	-----	: 363						
O.lucimari	: FA	VK	EA	LR	MH	PP	LI	ML	RA	QVP	FE	VE	TST	GK	K	-----	: 358						
O.tauri	: FA	VK	EA	LR	MH	PP	LI	ML	RYA	QSA	FE	VE	TTE	GK	K	-----	: 386						
C.reinhard	: RN	IT	EA	LR	MH	PP	LL	VM	RYAK	KPF	SV	TT	ST	GK	S	-----	: 385						
r.algae	: LC	IK	ET	LR	MY	PP	LIL	LM	RK	-----	VL	KPK	FY	KE	-----	: 389							
A.euteiche	: AC	IK	ET	LR	LT	PP	LIL	LM	RKVM	KDIE	CGD	-----	: 374										
D.discoide	: TV	IR	EV	LR	LP	PL	I	FL	MR	KVM	TP	ME	YK	G	-----	: 359							
Rhodococcu	: AV	LK	ET	LR	LP	PL	I	IL	LR	VAR	GE	FE	V	GG	YR	-----	: 338						
M.capsulat	: NV	IK	EV	LR	LP	PL	LIL	LM	RKVM	KDFE	V	QG	MR	-----	: 339								
P.pacifica	: AT	IK	EV	LR	MY	PP	I	IV	VM	RKV	VND	FE	FG	GY	R	-----	: 353						
V.inaequal	: QI	IK	ET	LR	MH	SP	I	HS	I	RA	VK	Q	P	M	VE	G	T	P	-----	: 387			
V.nashicol	: QI	IK	ET	LR	MH	SP	I	HS	I	RA	VK	Q	P	M	PI	E	G	T	P	-----	: 388		
N.fischi-B	: KV	IK	ET	LR	LH	AP	I	HS	I	RA	V	KN	P	MA	V	D	G	T	S	-----	: 390		
A.lentul-B	: KV	IK	ET	LR	LH	AP	I	HS	I	RA	V	KN	P	M	V	D	G	T	S	-----	: 390		
A.fumiga-B	: KV	IK	ET	LR	LH	AP	I	HS	I	RA	V	KN	P	MA	V	D	G	T	S	-----	: 390		
A.clavat-B	: KV	IK	ET	LR	LH	AP	I	HS	I	RA	V	KN	P	M	P	VE	G	T	P	-----	: 390		
A.flavus-B	: KV	IK	ET	LR	I	H	AP	I	HS	I	RA	V	KN	P	M	P	VE	G	T	P	-----	: 288	
A.oryzae	: KV	IK	ET	LR	I	H	AP	I	HS	I	RA	V	KN	P	M	P	VE	G	T	P	-----	: 390	
A.terreus	: KV	IK	ET	LR	I	H	AP	I	HS	I	M	RA	V	KN	P	M	P	VE	G	T	P	-----	: 390
A.niger-B	: KV	IK	ET	LR	I	H	AP	I	HS	I	RA	V	KN	P	M	P	V	D	G	T	P	-----	: 390
A.niger-C	: KV	IK	ET	LR	I	H	AP	I	HS	I	RA	V	KN	P	M	P	V	D	G	T	P	-----	: 390
C.posadasi	: NV	IK	ET	LR	LH	AP	I	HS	I	RA	V	K	S	P	M	P	V	D	G	T	K	-----	: 390

T.tonsur-B : NVIKETLRLHAPIHSILRAVKSPMPVEGTN----- : 391
Aj.capsu-B : HVIRETLRIHAPIHSILRAVKSPMPVDGTR----- : 390
Aj.derma-B : HVIRETLRLHAPIHSILRAVKSPMPVDGTR----- : 390
U.necator : NVLKEVLRRLHAPIHSIMRKVKNPMPVPGTK----- : 393
B.graminis : NVLKEVLRRLHAPIHSILRKVKNPMPVPGTS----- : 391
M.acuformi : NVLKEVLRRLHTPIHSIMRKVKTPMPVTGTK----- : 390
M.yallunda : NVLKEVLRRLHTPIHSIMRKVKTPMPVAGTK----- : 390
B.jaapii : NVLKEVLRRLHTPIHSIMRKVKSPMPVPGTK----- : 390
B.fuckelia : NVLKETLRLHTPIHSIMRKVTTMPISGTK----- : 391
B.calthae : NVLKETLRLHTPIHSIMRKVTTMPISGTK----- : 370
M.fruticol : NILKETLRLHTPIHSIMRKVTTMPVSGTK----- : 391
S.scleroti : NILKETLRIHTPIHSIMRKVTTMPISGTK----- : 331
N.crassa : AIVKETLRLHAPIHSIMRAVKTPMPVPGTK----- : 389
C.globosum : AVIKETLRLNAPIHSIMRAVKQMPVPGTK----- : 389
P.anserina : AIVKETLRLHAPIHSIMRAVKSPMPVPGTK----- : 389
F.verticil : AIIKETLRLHAPIHSIMRAVKSPMPVPGTK----- : 340
F.gramin-B : AIVKETLRLHAPIHSIMRAVKSPMPVPGTK----- : 391
O.sinens-B : AIVKETLRLHAPIHSIMRAVKQPMVPGTK----- : 393
P.tritici : QVVKETLRIHAPIHSIMRKVKQPLVVDGTN----- : 390
L.maculans : QVVKETLRIHAPIHSIMRRVKQPLVVDGTN----- : 389
P.nodorum : QVVKETLRIHAPIHSIMRTVKSPIVVEGTN----- : 398
M.graminic : QVVKETLCIHAPIHSILRKVKSPMPIEGTA----- : 394
F.lancelet : QVVKETLRIHAPIHSILRKVKSPMPIEGTA----- : 398
P.digitatu : NVIKETLRLHSSIHTLMRKVKNPMPVPGTD----- : 388
P.italicum : NVIKETLRLHSSIHTLMRKVKNPMPVPGTD----- : 387
N.fische-A : HVVRETLLRHSSIHSLMRKVKSPPLVPGTP----- : 381
A.lentul-A : QVVRETLLRHSSIHSLMRKVKSPPLVPGTP----- : 381
A.fumiga-A : HVIRETLRIHSSIHSLMRKVKSPPLVPGTP----- : 381
A.clavat-A : HVIRETLRLHSSIHSLMRKVKNTLSVPGTS----- : 381
A.flavus-A : NLIKETLRLHLSIHSLMRKVKNPMPVPGTP----- : 375
A.niger-A : SVIKETLRIHSSIHSLMRKVKNPMPVPGTS----- : 375
Aj.capsu-A : NVIKETLRLHTSIHSLLRKVMNPMPVAGTP----- : 382
Aj.derma-A : NVIKETLRLHTSIHSLLRKVKNPMPVAGTP----- : 382
T.tonsur-A : NVIRETLRLNSSIHSLMRKVKNPMPVPGTS----- : 381
M.grisea : NVVKETLRLVHSSIHSLMRKVKRPMRIPGSD----- : 384
O.sinens-A : NVIKETLRLVHSSIHSLMRKVMRPMQVPNSD----- : 386
F.gramin-A : NVVKETLRLVHSSIHSLMRKVKRPMQVPNSP----- : 376
C.immitis : MVIKETLRLHAPIHSIMRKAKNTMAVPGTN----- : 379
S.pombe : YVIQETLRLHPPHSHIMRKVKRDLVPGSK----- : 370
P.carinii : YVIKETLRLHPPHSLIRKVKSPILIENTSP----- : 384
C.albicans : NTIKETLRMHMPLHSIFRKVTNPLRIPETN----- : 393
C.dublinie : NTIKETLRMHMPLHSIFRKVKNPPLRIPETN----- : 393
C.tropical : NTIKETLRMHMPLHSIFRKVMNPLRVPNTK----- : 393
L.elongisp : NTIKETLRMHMPLHSIFRKVMSPMPVPGTT----- : 393
D.hansenii : NIIKETLRMHMPLHSIFRKVKNPPLVPNTQ----- : 393
P.farinosa : NVIKETLRMHMPLHSIFRKVKKPLLVPGTK----- : 392
P.stipitis : NVIKETLRLHMPHLSIFRKVSKSLLVPNTN----- : 394
C.krusei : ATIKETLRLHMPHLSIFRKVTRDLPVPNTS----- : 393
C.glabrata : QMIKETLRLHHPHLSIFRKVMRDVAIPNTS----- : 398
N.delphens : QMIKETLRLHHPHLSIFRKVMRDVPIPNTS----- : 398
S.cerevisi : QTIKETLRMHHPHLSIFRKVMKDMHPNTS----- : 397
V.polyspor : QCIKETLRLHHPHLSIFRKVMKDMKVNTS----- : 396
K.lactis : QTIKETLRLHHPHLSIFRKVMNDMPVPNSS----- : 398
E.gossypii : QVIKETLRMHHPHLSIFRKVTRDMPVPNTS----- : 395
Y.lipolyti : NTIKETLRLHMPHLSIFRQVMRDLPVPGTS----- : 387

C.cinerea : SVIRETLRMHPP IHSIMRYVRDDVAVPGSLSAPSK-----D : 421
L.bicolor : TVIRETLRLHPP IHSIMRHVRDDVAVPATISAPSK-----D : 361
P.chrysosp : SVIRETLRIHPP IHSIMRAVREDVVVPPTLAAPSE-----D : 408
A.cinnamom : AVIRETLRMHTPIHSIMRQVRSDITVPPTLGAPSE-----D : 411
C.neoforma : SIIRETLRMHAPIHSIYRKVLSDIPVPPSLSAPSE-----N : 409
U.maydis : AVVKETLRLHPP LHSIMRYVKSDLAVPPTLSSPTSTKSEPD : 423
M.globosa : AVIRETLRLHPP IHSIMRKVKSDMVVPPTLAAPISSKGSRD : 401
C.elegans : AAIRETLRLHPP IFQMMRRVVADKIVYEKNG----- : 381
chimpanzee : RCIKETLRLRPP IMIMMRMARTPQTVAG----- : 398
macaca : RCIKETLRLRPP IMIMMRMARTPQTVAG----- : 398
human : RCIKETLRLRPP IMIMMRMARTPQTVAG----- : 392
orangutan : RCIKETLRLRPP IMIMMRMARTPQTVAG----- : 398
pig : RCIKETLRLRPP IMTMMRMAKTPQTVAG----- : 392
dog : RCIKETLRLRPP IMTMMRMAKTPQTIAG----- : 392
horse : RCIKETLRLRPP IMTMMRLAKTPQTVAG----- : 392
bull : RCIKETLRLRPP IMTMMRLAKTPLTVAG----- : 391
sheep : RCIKETLRLRPP IMTMMRLAKTPQTVAG----- : 393
rat : RCIKETLRLRPP IMTMMRMAKTPQTVAG----- : 392
mouse : RCIKETLRLRPP IMTMMRMAKTPQTVAG----- : 375
opossum : RCLKETLRLRPP IMTMMRLAKTPQMVGAG----- : 357
chicken : RCLKETLRLRPP IMTMMRLAKTPQTVAG----- : 384
finch : RCLKETLRLRPP IMTMMRMARTPQSVAG----- : 311
killifish : RCLKETLRLRPP IMTMMRMARTPQTAAG----- : 388
s.major : RCLKETLRLRPP IMTMMRMARSPQXAAG----- : 386
salmon : RCLKETLRLRPP IMTMMRMARSPQTAAG----- : 334
medaka : RCLKETLRLRPP IMTMMRMARTPQTAAG----- : 331
frog : RCIKETLRLRPP IMTMMRMARTPQSVAG----- : 388
X.tropical : RCIKETLRLRPP IMTMMRMARTPQSVAG----- : 388
zebrafish : RCLKETLRLRPP IMTMMRMAKTPQKVGE----- : 384
P.promelas : RCLKETLRLRPP IMTMMRMARTPQRVGE----- : 384
catfish : RCLKETLRLRPP IMTMMRMARTPQKVGD----- : 315
sea_urchin : HCVKEALRLRPP IMTMMRVAKSPLTYKD----- : 382
T.adhaeren : RTLKETLRLRPP IMTMMRMAKTPQKVKG----- : 334
M.brevicol : ACIRETLRLRPP IMSIMRRAREDYKVTVNGVE----- : 399
M.ovata : AAIRETLRLRPP LLTLMRNCRPMEVKVGEKT----- : 393
T.br.bruce : RCARESIRRDPP LLMLMRKVMADVKGVS----- : 371
T.br.gambi : RCARESIRRDPP LLMLMRKVMADVKGVS----- : 371
T.congolen : RCARESIRRDPP LLMLMRKVMSDVKGVP----- : 371
T.vivax : RCARESIRRDPP LIMLMRKVLADVKGVS----- : 371
T.cruzi : RCVRESIRRDPP LLVMRMVKAEVKGVS----- : 371
L.infantum : QCARESIRRDPP LVMLMRKVLKPQVVGK----- : 370
L.amazonen : QCARESIRRDPP LVMLMRKVLKPQVVGK----- : 370
L.major : QCARESIRRDPP LIMLMRKVLKPQVVGK----- : 370
L.brazilie : KCARESIRRDPP LVMLMRKVLKPQVVGK----- : 370

Supplemental Figure 2. Amino acid sequence alignment of human and dog CYP51

```

                *           20           *           40           *           60
human : MLLLGLLQAGGSVLGQAMEKVTGGNLLSMLLIACAFTLSLVYLIRLAAGHLVQLPAGVKSPPY : 63
dog : MLLLGLLQAGGSVLGQAMERVTGGNLLSMLLIACAFTLGLVYLIRLAVGHLAPLPAGAKSPPY : 63
      MLLLGLLQAGGSVLGQAME4VTGGNLLSMLLIACAFTL LVYLIRLA GHL LPAG KSPPY

                *           80           *           100           *           120
human : IFSPIPFLGHAIAFGKSPIEFLENAYEKYGPVFSFTMVGKTFITYLLGSDAAALLFNSKNEDLN : 126
dog : IFSPIPFLGHAIAFGKSPIEFLENAYEKYGPVFSFTMVGKTFITYLLGSDAAALLFNSKNEDLN : 126
      IFSPIPFLGHAIAFGKSPIEFLENAYEKYGPVFSFTMVGKTFITYLLGSDAAALLFNSKNEDLN

                *           140           *           160           *           180
human : AEDVYSRLTTPVFGKGVAYDVPNPVFLEQKMKLKSGLNIAHFQHVSIIEKETKEYFESWGES : 189
dog : AEDVYSRLTTPVFGKGVAYDVPNPVFLEQKMKLKSGLNIAHFQHVSIIEKETKEYFQSWGES : 189
      AEDVYSRLTTPVFGKGVAYDVPNPVFLEQKMKLKSGLNIAHF4QHVSIIEKETKEYF2SWGES

                *           200           *           220           *           240           *
human : GEKNVFEALSELIILTASHCLHGKEIRSQ LNEKVAQLYADLDGGF SHAAWLLPGWLP LPSFRR : 252
dog : GEKNLFEALSELIILTASHCLHGKEIRSQ LNEKVAQLYADLDGGF SHAAWLLPGWLP LPSFRR : 252
      GEKN6FEALSELIILTASHCLHGKEIRSQ LNEKVAQLYADLDGGF SHAAWLLPGWLP LPSFRR

                260           *           280           *           300           *
human : RDRAHREIKDIFYKAIQKRRQS QEKIDDILQ TLLDASTYK DGRPLTDDEVAGMLIGLLLAGQHT : 315
dog : RDRAHREIKNIFYKAIQKRRQSE EKIDDILQ TLLDASTYK DGRPLTDDEVAGMLIGLLLAGQHT : 315
      RDRAHREIK1IFYKAIQKRRQS2EKIDDILQ TLLD TYK DGRPLTDDEVAGMLIGLLLAGQHT

                320           *           340           *           360           *           3
human : SSTTSAWMGFFLARDKTLQK KCYLEQKTVC GENLPPLTYDQLKDLNLLDRCIKETLRLRPPIM : 378
dog : SSTTSAWMGFFLARDITLQDKCYLEQKTVC GEDLPPLTYDQLKDLNLLDRCIKETLRLRPPIM : 378
      SSTTSAWMGFFLARD TLQ KCYLEQKTVCGE1LPPLTYDQLKDLNLLDRCIKETLRLRPPIM

                80           *           400           *           420           *           440
human : IMMRMARTPQTVAGYTIPP GHQVCV SPTVNQRLKDSWVERLDFNPDRYLQDNPASGEKFAYVP : 441
dog : TMMRMAKTPQTIAGYTIPP GHQVCV SPTVNQRLKDSWVERLDFNPDRYLQDNPASGEKFAYVP : 441
      MMRMA4TPQT6AGYTIPP GHQVCV SPTVNQRLKDSWVERLDFNPDRYLQDNPASGEKFAYVP

                *           460           *           480           *           500
human : FGAGRHCIGENFAYVQIKTIWSTMLRLYEFDLIDGYFPTVNYTTMIHTPENPVIRYKRRSK : 503
dog : FGAGRHCIGENFAYVQIKTIWSTMLRLYEFDLIDGYFPTVNYTTMIHTPENPVIRYKRRSK : 503
      FGAGRHCIGENFAYVQIKTIWSTMLRLYEFDLIDGYFPTVNYTTMIHTPENPVIRYKRRSK

```

Supplemental Figure 3. Amino acid sequence alignment of *T. cruzi* Marinkellei-CYP51 and Y-CYP51A.

```

Marinkelle : MFIEAILLGLTALILYSVYSVKSFNTRPTDPPVYPLTVPFLGHIVQFGKDPLCFMQRCKR : 61
Y-A        : MFIEAIVLGLTALILYSVYSVKSFNTRPTDPPVYPVTVPFLGHIVQFGKNPLCFMQRCKR : 61
           MFIEAI6LGLTALILYSVYSVKSFNTRPTDPPVYP6TVPFLGHIVQFGK1PL FMQRCKR

           *           80           *           100           *           120
Marinkelle : ELKSGVFTINIGGKRVTVIVGDPHEHSRFFSPRNEILSPREVYTIMTPVFGEGVAYSAPYPR : 122
Y-A        : DLKSGVFTISIGGQRVTVIVGDPHEHSRFFSPRNEILSPREVYTIMTPVFGEGVAYAAPYPR : 122
           LKSGVFTI IGG RVTIVGDPHEHSRFFSPRNEILSPREVYTIMTPVFGEGVAY APYPR

           *           140           *           160           *           180
Marinkelle : MREQLNFLAEELTIKQNFVPAIQHEVRKFMAENWNKDEGVINILEDGAMIINTACQCL : 183
Y-A        : MREQLNFLAEELTIKQNFVPAIQHEVRKFMAENWKEDEGVINLLEDGAMIINTACQCL : 183
           MREQLNFLAEELTI KQNFVPAIQHEVRKFMAENW DEGVIN6LEDGAMIINTACQCL

           *           200           *           220           *           240
Marinkelle : FGEDLRKRLNARIFAQLLSKMEGSLIPAAVFMFWLLRPLPQSARCREARAELQILGEII : 244
Y-A        : FGEDLRKRLNARIFAQLLSKMESSLIPAAVFMFWLLRPLPQSARCREARAELQKILGEII : 244
           FGEDLRKRLNAR FAQLLSKME SLIPAAVFMFWLLRPLPQSARCREARAELQ4ILGEII

           *           260           *           280           *           300
Marinkelle : IAREKEEASKDNNTSDLLGGLLKAVYRDGTRMSLHEVCGMIVAAMFAGQHTSTITTSWSML : 305
Y-A        : VAREKEEASKDNNTSDLLGGLLKAVYRDGTRMSLHEVCGMIVAAMFAGQHTSTITTSWSML : 305
           6AREKEEASKDNNTSDLLGGLLKAVYRDGTRMSLHEVCGMIVAAMFAGQHTSTITTSWSML

           *           320           *           340           *           360
Marinkelle : HLMHPKNKKYLDKFKYKEIDFPAQLNYDNVMDMPFIERCVRESIRRDPLLMVMRMVKAD : 366
Y-A        : HLMHPKNKKWLDKFKHKEIDFPAQLNYDNVMDMPFAERCVRRESIRRDPSLLMVMRMVKA : 366
           HLMHPKNKK5LDK KEIDFPAQLNYDNVMDMPF ERCVRESIRRDPLLMVMRMVKA

           *           380           *           400           *           420
Marinkelle : VKIGSYVVPKGDIIACSPLLSHHDEEAFPNRLWDPERDEKIDGAFIIFGAGVHKCIGQKF : 427
Y-A        : VKVGSYVVPKGDIIACSPLLSHHDEEAFPNRLWDPERDEKVDGAFIIFGAGVHKCIGQKF : 427
           VK6GSYVVPKGDIIACSPLLSHHDEEAFPNRLWDPERDEK6DGAFI FGAGVHKCIGQKF

           *           440           *           460           *           480
Marinkelle : ALLQVKTILATAFREYDFQLLRDEVPDPDYHTMVVGPTLNQCLVKYTRKKKLPS : 481
Y-A        : ALLQVKTILATAFREYDFQLLRDEVPDPDYHTMVVGPTLNQCLVKYTRKKKLPS : 481
           ALLQVKTILATAFREYDFQLLRDEVPDPDYHTMVVGPTLNQCLVKYTRKKKLPS

```