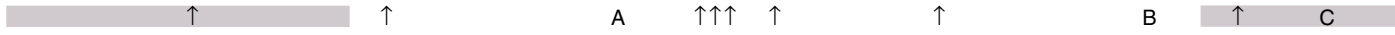


<i>Dre</i>	<i>Cldna</i>	(AF359423)	1---MVSAGLQMGVIALAVIGWIGVIVVCLPMPWQVTAFIGQN--IVTAQVTWEGIWMSCVVQST-GQMCKVYDS-MLALS--SDLQAARALCIISILV91
<i>Dre</i>	<i>Cldnb</i>	(AF359426)	1---MASTGLQMLGIALAIFGWIIVVLCALPMWKVTAFIGAN--IVTSQTSWEGIWMSCVVQST-GQMCKVYDS-MLALS--SDIQAARALTVISIVIG91
<i>Dre</i>	<i>Cldnc</i>	(AF359432)	1---MASFGLLELVGVTLSVLGWILNIVCCALPMWRVTAFIGTN--IVTAQVYWEGIWMSCVVQST-GQMCKVYDS-MLALP--ADLQAARALVVVAIVIG91
<i>Dre</i>	<i>Cldnd</i>	(CAA09777)	1---MASVGLQLLATVLAIIIGWLGEIVICALPMWKVTAFIGNN--IVTAQIFWEGIWMNCVQST-GQMCKVYDS-MLALP--QDLQAARALVVISIVIT91
<i>Dre</i>	<i>Cldne</i>	(AF359425)	1---MVSMCREILGMCLAIIGFLGAIICALPMWKVTAFIGAN--IVTAQTIWEGIWMNCVMQST-GQMCKIYDS-LLALP--QDLQAARALVVIAIVIS91
<i>Dre</i>	<i>Cldnf</i>	(AF359424)	1---MGRIAKEVAGQTLCFIGFVGICCCGIPMWRVTTYIGAN--IVTQIVVDGLWMNCVMQST-GQMCKIQDS-IMNLT--QDLQVARALVIISILIG91
<i>Dre</i>	<i>Cldng</i>	(CAA09778)	1---MSTGLQLLGTTLGTLGWLGIIISCAIPLWRVTAFIGNN--IVTAQTMWEGIWMSCVVQST-GQMCKVYDS-MLALA--QDLQASRAILVISIVIG90
<i>Hsa</i>	<i>CLDN6</i>	(CAB56533)	1---MASAGMQLIGVVLTLGLGWVNLVSCALPMWKVTAFIGNS--IVVAQVVWEGIWMSCVVQST-GQMCKVYDS-LLALP--QDLQAARALCVIALLLVA91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN9</i>	(CAA10254)	1---MASTGLLELLGMLTAVLGLWGLTIVSCALPLWKVTAFIGNS--IVVAQVVWEGIWMSCVVQST-GQMCKVYDS-LLALP--QDLQAARALCVIALLLA91
<i>Dre</i>	<i>Cldnh</i>	(AF359434)	1---MSMGLEIGGIALGIIGWIIISIVACALPMWRVSAFVGAN--IVTAQVIWEGIWMNCVQST-GQMCKVYDS-MLALG--QDLQASRAMTVIAIILA90
<i>Dre</i>	<i>Cldni</i>	(AF359428)	1---MGSAGVQIVCVALGILGLIATVVTIAIPQWKTSAFIQGN--IITAQVSEEGIWMQCVVQST-GQQCKSYDS-LLILS--SDLQAARAMTIIISCMLS91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN3</i>	(NP_001297)	1---MSMGLEITGTALAVLGLWGLTIVCCALPMWRVTAFIGSN--IITSQNIWEGIWMNCVQST-GQMCKVYDS-LLALP--QDLQAARALVVAILLA90
<i>Hsa</i>	<i>CLDN4</i>	(NP_001296)	1---MASMGLQVMGIALAVLGLAVMLCCALPMWRVTAFIGSN--IVTSQTIWEGIWMNCVQST-GQMCKVYDS-LLALP--QDLQAARALVIISIVIA91
<i>Dre</i>	<i>Cldnj</i>	(AF359430)	1-----MALQVLGITLSMIGFAGTIIICALPMWKVTAFIGTN--IVVAQVFWEGIWMTCVYERI-GQMCKLYDA-LLDLD--PFLQASRLIVTTMALA88
<i>Hsa</i>	<i>CLDN5</i>	(NP_003268)	1---MGSAALEILGLVLCVWGGGLILACGLPMLPQVTAFLDHN--IVTAQTTWKLGLWMSCVVQST-GHMCKVYDS-VLALS--TEVQAARALTVSAILLA91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN17</i>	(NP_036263)	1---MAFYPLQIAGLVLGFLGMVGTLLATLLPQWRVSAFVGSN--IIVFERLWEGIWMNCIRQAR-VRLQCKFYSS-LLALP--PALETARALMCAVALS91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN8</i>	(NP_036264)	1---MATHALEIAGLFLGGVGMVGTAVTVMPQWRVSAFIENN--IVVFNFWEGIWMNCVRQAN-IRMCKIYDS-LLALS--PDLQAARGLMCAASVMS91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN12</i>	(NP_036261)	1MGC RDVHAATVLSFLCGIASVAGLFAGTLLPNWRKRLRLITFNR-NEKNLTVYTG LWVKCARYD--GSSDCLMYDTTWYSSVDQLDLRVLQFALPLSMLIA97
<i>Dre</i>	<i>Cldn12</i>	(AF359433)	1MSCRDIHATNAFAFVIAMLSVGGTLVATLIPQWRMRLLTFRN-NAKNVTVYDGLWTKVRRD--GSSGCYYFSDWYAKVDQLDLRLQFCLPTGLLFS97
<i>Hsa</i>	<i>CLDN20</i>	(P56880)	1---MASAGLQLLAFILALS GVSGLTATLLPNWKVNVVDVDSN--IITAIVQLHGLWMDCTWYST-GMFSCALKHS-ILSLP--THVQAARATMVLACVLS91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN2</i>	(NP_065117)	1---MASLGLQLVGYILGLLGLLGLTAVMLLPSSWKTSYV GAS--IVTAVGFSKGLWMECATHST-GITQCDIYST-LLGLP--ADIQAAQAMMVTSAIS91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN14</i>	(NP_036262)	1---MASTAVQLLGFLLSFLGMVGTLLITLILHWRRTAHVGTN--ILLTAVSYLKLGLWMECVWHST-GIYQCQIYRS-LLALP--QDLQAARALMVISCLLS91
<i>Dre</i>	<i>Cldn19</i>	(AF359436)	1---MAHAGLQMLGYCLGFLGLLGLIASTAMA EWKMSYAGDN--IITAQAQYEGIWLQSCVQSST-GQLQCKKYDS-LLKLP--GEIQARGLMLTGIFLC91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN19</i>	(AL136383.3)	1---MANSGLQLLGFLLALGGWVGI IASTALPQWKQSSYAGDA--IITAVGLYEGIWMSCVQSST-GQVQCKLYDS-LLALD--GHIQSARALMVAVLLG91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN7</i>	(CAA09626)	1---MANSGLQLLGFSMALLGWVGLVACTAIPQWQMSYAGDN--IITAQAMYKGLWMDCVTQST-GMMSCKMYDS-VLALS--AALQATRALMVVSLVIG91
<i>Dre</i>	<i>Cldn7</i>	(CAA09776)	1---MAHKGLQLLGFLLSLLGLIIGLIIGTIMPQWKMSAYVGDN--IITAIAMYQGLWMSCAVQST-GQQCKVYDS-VLQLD--SALQATRALMVVAILLT91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN1</i>	(AAD16433)	1---MANAGLQLLGFILAFGLWIGAVVSTALPQWRRIYSYAGDN--IVTAQAMYEGIWMSCVQSST-GQIQCKVYDS-LLNLS--STLQATRALMVVIGILG91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN10</i>	(NP_008915)	1---MASTASEIIAFMVSISGWVLSSTLPTDYKVVSTIDGT--VITTATYWANLWKACVTDST-GVSNCKDFPS-MLALD--GYIQACRGLMIAAVSILG90
<i>Hsa</i>	<i>CLDN15</i>	(NP_055158)	1---MSMAVETFGFFMATVGLLMLGVTLPNSYWRVSTVHGN--VITNTNIFENLWFS CATDSL-GVYNCWEFPS-MLALS--GYIQACRALMITAILLG89
<i>Dre</i>	<i>Cldn10</i>	(AF359427)	1---MSTALEVTGYFMCLIGWVLTGLAVANDYWKISSIQGN--IVIVSNRLYENLWHACGEDST-GKANCFDQFS-MLALP--VHIQACRALVIAIALLG89
<i>Hsa</i>	<i>CLDN16</i>	(NP_006571)	71----MRDLLQYIACFFAFFSAGFLIVATWTD CWMVNADD--SLEVSTKCRGLWWE CVTNAFDGI RCTDEYDSILA EHP--LKL VVTRALMITADILA159
<i>Hsa</i>	<i>CLDN11</i>	(CAB55487)	1---MVATCLQVVG FVTSFVGIIVVTTSTNDWVVTGTYTPTCRKLDDELGSKGLWADCVMAT--GLYHCKPLVD-ILILP--GYVQACRALMIAASVIG92
<i>Dre</i>	<i>Cldn11</i>	(AF359429)	1---MSNSCRLLCGFLMSFVGI I IATSTNDWVLSCTYGS HSCRNMDDELTKGLWTECVIST--ALYHCIPLNQ-VRRIP--AYIQACRVLMSASLLG91
<i>Hsa</i>	<i>CLDN18</i>	(NP_057453)	1---MSTTTCQVVAFLLSILGLAGCIAATGMDMWSTQDLYDN--PVTSVFQYEGIWRSCVRRQSS-GFTECRPYFT-ILGLP--AMLQAVRALMIVGIVIG90
<i>Hro</i>	<i>HrCldna</i>	(CAB96130)	1---MVNEVLQVFGFLLTVLGWLLSVTCSISSWKRS DVKGE--VIESITRTTGLWIRCTQQAT-GHWTCNDYDSYFLGLP--VPLQGARATLLSLLIG91
<i>Mmu</i>	<i>Cldn13</i>	(NP_065250)	1---MVSQKEAISFSVTSLSGWVGAIVSCVLPVWRVTFP DDE--TDPDATIWEGLWHICQVREN-RWIQCTLYDT-RILVA--QDIKVS RVMVICTIGT90
<i>Cel</i>	<i>F53B3.5</i>	(AAA81409)	1-----MGSPCIWSNEFMVPE--SKKEHFSNNELYRHYAAK-----ATTIAYVVGIVFV46



<i>Dre</i>	Cldna	92	VVGILLAAAGGKCTTCIEEBER	--AKAKVCVIS	--GAIFIVAGVLC	LPVCWTANNIIRDFYNPMTNSAQK	-----RELGASLFI	GWGASALLIIGGSLLC	182...206
<i>Dre</i>	Cldnb	92	VMGIMLSMAGGKCTNCIEEES	--SKAKVGITA	--GVIFIISGVLC	LPVCWTANAIIQDFYNPLVVOAQK	-----REIGASLYI	GWGASALLIIGGSLLC	182...215
<i>Dre</i>	Cldnc	92	VLALFVAIVGAKCTNCIEEEA	--AKARVMISS	--GAAFITASV	LQLIPVCWSAHTVILEFYSP	-----MEIGASLYL	GWAAASMLLVGGSILC	182...218
<i>Dre</i>	Cldnd	92	FMGVFLTIAAGKCTNCIEDQD	--AKAKVVVAA	--GVFFLVGGI	LCLIPVCWSANSVIKDFYNP	-----RELGASLFI	GWGASGLLLLGGALLC	182...208
<i>Dre</i>	Cldne	92	FFALILGIAGGKCTNFVERED	--AKAKVSIAS	--GVIFIAGV	LVLPVCWSANTIIRDFYNPL	-----REMGASLYI	GWVAALLIIGGGILC	182...209
<i>Dre</i>	Cldnf	92	FMGMLLTFIQQSSCLKNES	--SMAKVLILG	--GILCTIVAG	VLLLPVCWSAAYTISDYVS	-----RELGASIYV	GWGASAPLLFFGGIILC	182...237
<i>Dre</i>	Cldng	91	LIAMFASFAGGKCTNCLADNS	--AKALVATTG	--GVAFIIAGI	LGLVPPSWTANTIIIRDFYN	-----REFGAALFI	CWGAALLVIGGGLLC	181...209
<i>Hsa</i>	CLDN6	92	LFGLLVYLAGAKCTTCVVEEKD	--SKARLVLTS	--GIVFVISG	VLTLPVCWTAHAVIRDFYN	-----RELGASLYL	GWAAASGLLLLGGGLLC	182...220
<i>Hsa</i>	CLDN9	92	LLGLLVAITGAQCTTCVEDEG	--AKARIVLTA	--GVILLLAGI	LVLPVCWTAHAIIQDFYN	-----RELGASLYL	GWAAAAALLMLGGGLLC	182...217
<i>Dre</i>	Cldnh	91	VLGVMI SVMGAKCTNCIEDEG	--AKAKVMIVS	--GIMFIIAGI	LDLIPSAWANQIIIRDFYN	-----REFGASIIY	IGFAAALLIIGGAMLC	181...214
<i>Dre</i>	Cldni	92	VLSLLILCGADFTTCIENED	--VKPKVTLVS	--AIGLILAG	LGLVLPVSWAANNVVRDFNN	-----RELGPCIIY	IGWASGVLLILAGGLC	182...211
<i>Hsa</i>	CLDN3	91	AFGLLVALVGAQCTNCVQDDT	--AKAKITIVA	--GVLFLLA	AALLTLVPVWSANTIIRDFYN	-----REMGAGLYV	GWAAAAQLLGGALLC	181...220
<i>Hsa</i>	CLDN4	92	ALGVLLSVVGGKCTNCLADES	--AKAKTMIVA	--GVVFLLAG	LVMIVPWSATHNIIRDFYN	-----REMGASLYV	GWAAASGLLLLGGGLLC	182...209
<i>Dre</i>	Cldnj	89	SLAFLIFLIGADCTNCLSNPR	--AKGRIVVVS	--GITFMLS	GTLTVVPSWTADSIIRDFHN	-----REMGAAALY	VGWLTAGFLFVGGAILC	179...210
<i>Hsa</i>	CLDN5	92	FVALFVTLAGAQCTTCVAPGP	--AKARVALTG	--GVLFLFC	GLLALVPCWFANIVVREFYD	-----YELGAALY	IGWAAATALLMVGGCLLC	182...218
<i>Hsa</i>	CLDN17	92	LIALLIGICGMKQVQCTGSNER	--AKAYLLGTS	--GVLFIILT	GIFVLPVSWTANIIIRDFYN	-----RELGAALFL	GWASAAVLFVGGGLC	183...224
<i>Hsa</i>	CLDN8	92	FLAFMMAILGMKCTRCTGDNEK	--VKAHILLTA	--GIFFIIT	GMVVLIPVSWANAIIRDFYN	-----RELGEALYL	GWTTALVIVGGALFC	183...225
<i>Hsa</i>	CLDN12	98	MGALLLCLIGMCNTAFRSSVPI	--IKLAKCLVN	SAGCHLVAGL	LFFLAGTVLSPSIWFIFYNI	-----VFSFDYAV	YVTIASAGGLFMTSLILF	193...244
<i>Dre</i>	Cldn12	98	SLALLLCLTGMCKTACCSKTPDDI	--KNSRCLVN	SSGCHLVAGM	LLFLGGAIAMPPSVWFLFH	-----LFAVEFGV	YVAIGSAGGLILAALLMF	194...341
<i>Hsa</i>	CLDN20	92	ALGICTSTVGMKCTRRLGGDRE	--TKSHASFAG	--GVCFMSA	GISSLISTVWYTKELIANFL	-----HEPGGAIY	IGFISAMLLFISGMIFC	182...219
<i>Hsa</i>	CLDN2	92	SLACIISVVGMRCTVFCQESR	--AKDRVAVAG	--GVFFILG	GLLGFIPVAWNHLGILRDFYS	-----FEIGEALYL	GIISSLFSLIAGIILC	182...230
<i>Hsa</i>	CLDN14	92	GIACACAVIGMKCTRCAKGTTP	--AKTTFAILG	--GTLFILAG	LLCMVAVSWTNDVVQNFYN	-----FEIQALYL	GFISSLSLIGGTLLC	182...239
<i>Dre</i>	Cldn19	92	GLSTLVSVFVGMKCTTCLSEAPQ	--VKSQVALAG	--GVLFITG	GGLFALIATSWYGEKIRQK	-----YEFGKALY	VGWGSSALSIIIGGSLLC	183...210
<i>Hsa</i>	CLDN19	92	FVAMVLSVGMKCTRVGDSNPI	--AKGRVAIAG	--GALFILAG	LCTLTAVSWYATLVQEFFN	-----YFPGPALF	VGWASAGLAVLGGSFCLC	183...211
<i>Hsa</i>	CLDN7	92	FLAMFVATMGKCTRCCGDDKV	--KKARIAMGG	--GIIFIVAG	LAALVACSWYGHQIVTDFYN	-----YFPGPAIF	IGWAGSALVILGGALLS	183...211
<i>Dre</i>	Cldn7	92	VAGLGVASMGKCTNCGDDKV	--KKSRIAMTG	--GIILSVG	ALCSIVACGWFTSQIIRDFYN	-----YFPGAAFI	IAWAGAFDIMGGMLA	183...215
<i>Hsa</i>	CLDN1	92	VIAIFVATVGMKCMKCLEDDDEV	--QKMRMAVIG	--GAIFLLA	GLAILVATAWYGNRIQEFYD	-----YFPGQALF	TGWAAASLCLLGGALLC	183...211
<i>Hsa</i>	CLDN10	91	FFGSIFALFGMKCTKVGGSDK	--AKAKIACLA	--GIVFILS	GGLCSMTGCSLYANKITTEFFD	-----YELGAALF	IGWAGASLCIIGGVIFC	180...228
<i>Hsa</i>	CLDN15	90	FLGLLLGIAGLRCTNIGGLELS	--RKAKLAATA	--GALHILAGI	CGMVAISWYAFNITRDFFD	-----YELGPALY	LGWASLISILGGLCLC	180...228
<i>Dre</i>	Cldn10	90	LVGLVLTSTMGLNCIKIGSKTEE	--SKGKNMFIG	--GIYLYIG	GGLCTMVGVSWYAAVVQEFND	-----FELGSGLY	IGWAGAAALCMLGGGFQC	180...219
<i>Hsa</i>	CLDN16	160	GFGFLTLGLDCKVFLPDEPY	--IKVVICFVA	--GATLLIAG	TPGIIGSVWYAVDVYVERST	-----IQYKFGW	SCWLGMAAGSLGCFLAGAVLT	254...305
<i>Hsa</i>	CLDN11	93	LPAILLLLTVLPCIRMGQEPGV	--AKYRRAQLA	--GVLILLAL	CALVATIWFVCAHRETT	-----IVSFGYS	SLYAGWIGAVLCLVGGCVIL	176...207
<i>Dre</i>	Cldn11	93	LPALALLLLAMPCKVKSQETEG	--TKHRRAVQG	--GLIILVI	SLCGMVSTVWFPIGKLDGL	-----MSFGFS	LYAGWVGSALCFFAGSVMV	174...256
<i>Hsa</i>	CLDN18	91	AIGLLVSI FALKCIRIGSMEDS	--AKANMTLTS	--GIMFIVS	GLCAIAGVSVFANMLVTNFW	-----RYTFGAAL	VGVVAGGLTLIGGVMMC	193...261
<i>Hro</i>	HrCldna	92	FFGILLAI FGLSCTTIAAENAR	--LKARMVVAS	--GMLHVAG	GVSLGTGVCWFAATVLQDYQ	-----RYVYGEAL	FVWAAAMVVGILGGIAMC	184...224
<i>Mmu</i>	Cldn13	91	WLGLLLCVLGDWRINCFMNFPI	--EENLLKVAG	--GMFLSV	-GLLMLVPLSVWTHNIHGFFN	-----VQMGSSL	SLSLAWTSSLLLLLGGIILC	181...211
<i>Cel</i>	F53B3.5	47	VLSFIVGLIGCWNR	-----SKKFIMST	--GILLILAG	LSDMSVAMLLWYVYASERYT	-----IYKSWEP	ILKLTSRHNYGWSYIVSWIGIGFIVIGS	140...167

