

A

wt	1	MAAASSSDSDACGAESNEANSKWLDAHYDPMANIHTFSACLALADLHGDGEYKLVVGDLG	60
mut	1	MAAASSSDSDACGAESNEANSKWLDAHYDPMANIHTFSACLALADLHGDGEYKLVVGDLG	
wt	61	PGGQQPRLKVLKGPLVMTESPLPALPAAAATFLMEQHEPRTPALALASGPCVYVYKNLRP	120
mut	61	PGGQQPRLKVLKGPLVMTESPLPALPAAAATFLMEQHEPRTPALALASGPCVYVYKNLRP	
wt	121	YFKFSLPQLPPNPLEQDLWNQAKEDRIDPLTLKEMLESIRETAEPLSIQSLRFLQLELS	180
mut	121	YFKFSLPQLPPNPLEQDLWNQAKEDRIDPLTLKEMLESIRETAEPLSIQSLRFLQLELS	
wt	181	EMAEFVNQHKSNSIKRQTVITMTTLKKNLADEDAVSVLGTENKELLVLDPEAFTILA	240
mut	181	EMAEFVNQHKSNSIKRQTVITMTTLKKNLADEDAVSVLGTENKELLVLDPEAFTILA	
wt	241	KMSLPSVPVFLVSGQFDVEFRLAAACRNGNIYILRRDSKHPKYCIELSAQPVGLIRVHK	300
mut	241	KMSLPSVPVFLVSGQFDVEFRLAAACRNGNIYILRRDSKHPKYCIELSAQPVGLIRVHK	
wt	301	VLVVGSTQDSLHGFTHKGKKLWTVQMPAAILTMNLEQHSRGLQAVMAGLANGEVRIYRD	360
mut	301	VLVVGSTQDSLHGFTHKGKKLWTVQMPAAILTMNLEQHSRGLQAVMAGLANGEVRIYRD	360
wt	361	KALLNVIHTPDAVTSLCFGRYGREDNTLIMTTRGGGLIKILKRTAVFVEGGSEVGPPPA	420
mut	361	KALLNVIHTPDAVTSLCFGRYGREDNTLIMTTRGGGLIKILKRTQCSMVPRLCESGVIS	420
wt	421	QAMKLNVPKTRLYVDQTLREREAGTAMHRAFQTDLYLLRLRAARAYLQALESSLSPLST	480
mut	421	AHYNLHLPAACLGLPKCRDCSLCPAATPSGK-----	451
wt	481	TAREPLKLHAVVQGLGPTFKLTLHLQNTSTTRPVLGLLVCFLYNEALYSLPRAFFKVPLL	540
mut	481	-----	
wt	541	VPGLNYPLETFVESLSNKGISDIKVLVLRREGQSAPLLSAHVNMPPGSEGLAAA-----	593
mut	541	-----	

B

