>Dmel\_CG1724

MEEYSREPCPFRIVDDCGGAFTMGCFGGGLFQGLKGFRNAPQGLKRRFAG

GLAAVKSRSPTIGGNFAAWGCVFSIVDCSLVHLRKKEDPWNSIMSGAIAG

GILSSRNGVAAMFGSAIIGGVLLSMIEGVGILFTRISAEQFRNSDPQNDL

ElGRAGAFASGSGMGSGDINSSPGFEFPVVQQANATS

>Dmel\_Tim17b2

MEEYSREPCPHRIVDDCGGAFIMGCVGGGLFQGLKGFRNAPQGLGRRVAG

SVAAIKTKSPVIGGSFAAWGAVFSIVDCSLVHFRQKEDPWNSIVSGAVTG

GILASRNGAAAMAGSAIIGGVLLSMIEGLGIFFTRFAAEQFRNREPHIMP

DANEGYGDFNSSGFGFPGAQQATATS

>Dvir\_XP\_002052164

MEEYSREPCPYRIVDDSGGAFAMGSIGGGIFQALKGFRNAPQGLSRRLMGSMMAVKARSPVIAGNFAAWG

GMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGLASMAGSAIIGGILLSLIEGVGILLTRISAEQ

FRNPAPPIDPQDVGVNAFESDPAKGFGFGTRTANVNS

>Dmel\_Tim17b1

MAEYGREPCPFRIVEDCGGAFAMGALGGGAFQAIKGFRNAPSGLGYRLSG

GLAAVRARSGLVGGNFAVWGATFSAIDCSLVYFRKKEDPWNAIISGATTGGILAARTGLTSMLSSALVGGALLALIEGVGIVVSHYSADSYRQVSPVERQQRYKQELLRQQKGVSPLAATYGEIDSSAL

>Dvir\_XP\_002056569

MEEYTREPCPFRIVEDCGGAFTMGAVGGAIFQAIKGFRNAPCGLPRRLAGGLAAMRARSGLVGGSFAIWG

GTFSAIDCSLVYSRGKEDPWNSIISGAATGGILAARGVTAMLSSALVGGVLLALIEGAGIAMSHYTADNY

RQVSVLERMQHYNERQLRQQQQQQQQQQQTTTTIPSFYTDPNEASLCLV

>Dvir\_XP\_002056572

MVEYTRQPCPIRIVEDCGCAFMMGCIGGSMFQYMRGFRNAPTGILRGLYGGLDSVKMKTPAIAGSFAVWG

ATFSTVDCTMVYYRQREDSWNSIVSGAATGGILAARNGIKAMGNGALVGGLVLAMIEGAGAAVATIYAAQ

PSCTESAHPLRPQWEQMSVAPDNSGQQSSSDALAEIERVLDKCNTYKSPTRRARQKPKYMETEDYIKQSP

SLLELVKLANIFKT

>Amel\_XP\_001120807

MEYNREPCPWRIMDDCGGAFTMGAICGTLFQSIIGFRNAPSGFQRRFYGGIMTVKNRVPQISGNFAIWGCLFSAIECTLIHFRSKEDPWNSILSGALTGGVLAARTGIPSMIGSATVGGIFLALVEGFGIMATRLHADAFAHHMQMYEMENLPEFHGLPPRARLGFTGAPVSTESVTVTRQVNGNGMEVDRISKGR

>Dmel\_Tim17b

MEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPSGLNRRLVG

SIIAIKTRSPVIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGVPAMAGSAIIGGVLLALIEGVGILFTRISADQFKNPIPPAEDPVALGDPGRNFSFESASNRTQYQ

>Dvir\_XP\_002058764

MEEYARDPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPSGLNKRLIGSVAAIKTRSPVIAGNFAIWG

GMFSTIDCTLVHIRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGIPAMAGSAIIGGVLLALIEGVGILFTRISADQ

FKNPSPPTEDPAALGDPVNNFTFGPSNNKHYQ

>Ccap\_XP\_004526337

MEEYAREPCPFRIIDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPSGISKRMIGSLTAVKIRSPVIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGFATGGILAARNGIPAMAGSAIIGGVLLALIEGVGILFTRLSAEQFKNPAPPIEDPAVLGEAAQPFSFGQTSQHPSQYQ

>Dant\_Unigene1466

MEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGIFQAIKGFRNAPSGMSRRMIGSLSAIKTRSPVIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGFTTGGILAARNGIPAMAGSAIIGGVLLALIEGVGILFTRLSSEQFRNPLPPTE

>Tdal\_Td\_comp142682

MEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGIFQAIKGFRNAPSGISKRMIGSLSAIKTRSPVIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHYRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGIPAMAGSAIIGGVLLALIEGVGILFTRLSAEQFRTPGPPSE

>Aaeg\_AAEL015575

MEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPSGFSRRLVGSLTAIKSRSP

VIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGVGAMAGSAIIGG

VLLALIEGVGILFTRISAEQFRSQPIVEDPSALGDPSQNAGAAAPSSSMPFGFGQSGQNY

Q

>Gmor\_GMOY012330

MEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPSGMNRRLLGSLSAIKTRSPVIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGFATGGILAARNGVPAMAGSAIIGGVLLALIEGVGILFTRLSAEQFRNPLPPSEDPSALGDPSKPFGFGQPHSNQGQYQ

>Mdom\_MDOA012163

MEEYAREPCPFRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPSGMSRRMLGSLSAIKTRSP

VIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGVPAMAGSAIIGG

VLLALIEGVGILFTRLSSEQFRNPLPPTEDPSVLGAAGFGQPQGSQGQYQ

>Agam\_AGAP004657

MEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPSGFNRRLLGSLTAIKSRSP

IIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGVPAMIGSAVIGG

VLLALIEGVGIMFTRISAEQFRNPTPPSDDPSVLGDPNQQQMSSSAPSTFAFGQSGQNYQ

>Cpip\_CPIJ003898

MEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPSGFSRRMVGSLTAIKARSP

IIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGVGAMAGSAIIGG

VLLALIEGVGILFTRLSAEQFRSQPIVEDPSALGDPTQNAASSSGASSTMPFGFGKDKGI

G

>Tcas\_XP\_971201

MEEYTREPCPWRIVDDCGGAFTMGLIGGGVFQSIKGFRNAPSGFNRRFVGSLAAIKQRSPIIAGNFAVWGGMFSTIDCALIHIRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGLPAMAGSAFIGGVLLALIEGVGILFTRLSAEQFQPQMPPMEDPSQLRGQQNGGYSFQ

>Amel\_XP\_003249498

MEEYAREPCPWRIIDDCGGAFTMGAIGGAVFQTIKGFRNAPSGINKRVLGSLTAIKQKSPIIAGNFALWGGMFSTIDCTLVHLRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGLPAMAGSAIIGGVLLALIEGVGIFITRLSAEQFKPPSFTEDANPLRQQGHPS

>Pcoq\_MNCL01000012.1

MEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPAGFSKR----MARIKSDSSMEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPAGFSKR----MARIKSDSSXGSLSAIKTRSPIIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHIRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNXVLLALIEGVGILFTRLSAEQFRNPMPPTEDPSVLGDANQGF

>Mdes\_AEGA01006707.1

MEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPSGFSRRMVGXXXGSLAAIKQRSPIIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGXXXGVPAMAGSAVIGGVLLALIEGVGILFTRLSAEQFKNPMPPTEXXXGVPAMAGSAVIGGVLLALIEGVGILFTRLSAEQFKNPMPPTE

>Cnas\_XP\_031623587

MEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPSGFSRRMLGSLLAVKHRSPIIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGVPAMAGSALIGGVLLALIEGVGILFTRLSADQFRNPLPPTEDPSVLGDATQNNNNSNSAGSFFGLGQSTQYQ

>Cnas\_VYII01000687\_2

MEENECETCPYRIVGDCCAAFTTGCIGGGIYQMMKGFRNAPSGFQRRMVXAIKHRSPTIAGNFAIWGCLFSATECTLVHYRRKEDQWNSTISGATTLGILSARNGMKIYQXSQNISGVPAMVGSAVFGGVLLASIECIEMWFVR

>Smos\_VUAH01000010.1

MEEYAREPCPYRIVDDCGGAFAMGCIGGGVFQAIKGFRNAPSGFSRRMVXFTPSQLGSLSAIKQRSPIIAGNFAVWGGMFSTIDCTLVHFRKKEDPWNSIISGAATGGILAARNGIPAMAGSAVIGGVLLALIEGVGILFTRLSADQFKNPLPPTEDPAALGDPSQQQNSSNSGAGFFGLSQPTQYQ