

## Supplementary File 2: Phylogenetic reconstruction of odorant binding proteins

We used the alignment of the OBP gene family published by Vogt et al (2015; their Supplementary File 5), which is based on the OBP gene sequences found in the fly *Drosophila melanogaster*, a number of moth species, and the butterfly species *Danaus plexippus* and *Heliconius melpomene*. We completed Vogt et al (2015) OBP amino acid fasta file with:

- i) our 47 Bany\_OBP contigs, and with the OBP sequences we found in the butterflies
- ii) *Papilio polytes* and
- iii) *Melitaea cinxia*.

To do so, we mined (on May 23<sup>rd</sup> 2015) the genome of *P. polytes* (website: <http://papilio.bio.titech.ac.jp/>) and *M. cinxia* (website: [http://metazoa.ensembl.org/Melitaea\\_cinxia/Search/](http://metazoa.ensembl.org/Melitaea_cinxia/Search/)) using the keywords “odorant binding protein” and found 9 annotated Ppol\_OBP and Mcin\_OBP genes.

We aligned the additional butterfly OBP sequences using Mafft V7 (website: <http://mafft.cbrc.jp/alignment/server/>) using G-INS-i reconstruction method (which gave the same OBP tree as in Vogt et al 2015 when only their OBP sequences were used), leave gappy regions, gap opening penalty of 3.0 and offset value of 1.0.

We failed to improve the alignments, on which the quality of the phylogenetic reconstructions depend, using the tools *Prank* (website: <http://www.ebi.ac.uk/goldman-srv/cgi-bin/>), *Gblocks* (website: <http://molevol.cmima.csic.es/>) or *Guidance* (website: <http://guidance.tau.ac.il/>). Hence, the alignments were manually curated to remove highly divergent regions and we excluded the OBP sequences (DpleOBP22, Bany-CN33, Bany-cn15 and MsexOBP26) because they produced huge gaps in the alignments. Given that large portions of the OBP amino acid matrix still showed gaps in alignments between OBP sequences from different species, we next used *Phyutility* to cutoff amino acid sites without enough information (Smith and Dunn 2008 Bioinformatics). After removing sites where either 30% or 50% or more of the sequences provided no information, 165 and 147 amino acid characters, respectively, remained in our dataset. Having 147 or 165 amino acid positions to sort the relationships between 383 OBP sequences is not statistically sound. We, therefore, removed all OBP sequences from *Drosophila melanogaster* and several moth species present in Vogt et al’s (2015) original OBP dataset. The final dataset used for our phylogenetic reconstructions contained 281 OBP sequences listed in the table below:

Species	Number of OBP ORF	Origin of OBP amino acid sequences
<i>Manduca sexta</i>	49	Vogt 2015 Suppl file 5
<i>Bombyx mori</i>	44	Vogt 2015 Suppl file 5

<i>Other moths</i>	27	Vogt 2015 Suppl file 5
<i>Bicyclus anynana</i>	47	This ms
<i>Heliconius melpomene</i>	51	Vogt 2015 Suppl file 5
<i>Danaus plexippus</i>	32	Vogt 2015 Suppl file 5
<i>Melitea cinxia</i>	32	<a href="http://metazoa.ensembl.org/Melitaea_cinxia/Search/">http://metazoa.ensembl.org/Melitaea_cinxia/Search/</a>
<i>Papilio polytes</i>	9	<a href="http://papilio.bio.titech.ac.jp/">http://papilio.bio.titech.ac.jp/</a>

We ran Phyutility again on this final aligned amino acid dataset of 281 OBP sequences, for a cutoff of 10%, leaving 229 amino acid sites in the dataset. The fasta file is available below.

Phylogenetic reconstructions were carried using maximum likelihood using the “LG+I+G” substitution model and 100 BT. Rate heterogeneity was set at four categories, and the gamma distribution parameter and the proportion of invariable sites were estimated from the data set. Tree reconstruction was performed using PhyML 3.0 (Guindon et al 2010 Syst Biol), with both SPR (Subtree Pruning and Regrafting) and NNI (Nearest Neighbour Interchange) methods for tree topology improvement. Images were created using Evolview (website: <http://www.evolgenius.info/evolview/>).

Fasta OBP aligned amino acid sequences used for phylogenetic reconstructions:

>Msex-GOBP1\_MsexOBP5\_Msex207430\_M73797\_

-----

-----

-----

-----

-----MGQN-----

-----TR--SLV--LV-----VL  
VGLVGA-V-----S---ADVQ-----VMKD-VTLGFGQ  
ALEQCREES-----QLTE-E-----KM----E-EF-FHFWRED--F  
--KFE-----HR-ELGCALQCMSRH--FNLL-----  
-TD---S--S-R-----MHHENTDKFIKSFPNG---A-VLSKT--MVE-LIHNC-  
----ELQ-----HDA---EE-D-----H---CWRILRVA-ECFKISCT  
K---A-----  
-----  
-----GIA---PSMEVMM  
AEFIMETEN-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-K-----  
-----  
-----  
>Msex-GOBP2\_MsexOBP6\_Msex205759\_M73798\_AF323972\_  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----MVNR-----  
-----LI-LVV-----VV

VFITDS-V-----M--GTAE-----VMSH-VTAHFGK  
ALEECREES-----GLPV-E-----VM---D-EF-KHFWRED--F  
--EVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FELL-----  
-QD--D--T-R-----IHHVNMHDYIKSFPNG---Q-VLSEK--MVQ-LIHNC-  
----EKQ-----YDD---IA-D-----D---CDRVVKVA-ACFKKDAK  
K--E-----

-----GIA---PEVAMIE

AVIEKY-----

>Msex-PBP-A\_PBP1\_MsexOBP1\_Msex205761\_M21797\_AF323972\_

-----MK--VA-----

-----V--V---AI-----VV

YLAVGN-V-----D---SSPD-----VMKN-LCLNFGK

ALDECKAEM-----NLSD-S-----IK---D-DF-ANFWVEG--Y

--EVS-----NR-DTGCAILCLSCK--LDMI-----

-DP---D--G-K-----LHHGNAMEFAKKHGAD---E-AMAKQ--LLD-IVHNC-

----ENS-----TPP---ND-D-----A--CLKTLDIA-KCFKKEIH

K--L-----

-----

-----NWA---PNMDLVV

GEVLAE-----

-----

-----V-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-PBP-B\_PBP4\_MsexOBP4\_Msex205762\_

-----

-----

-----

-----

-----MKEA-----

-----GVR--FKI--LL-----FL

IFPVVTGN-----F--KGKQ-----IMRS-VAETFGR

TVFECQNEV-----LMKFGS-----GI---LNDI-FRYWHEG--Q

--PLE-----DR-DLGCIFRCILLK--LELV-----

-ND--N--G-R-----LIDANADGFFQANGAD---E-SMTKH--LIE-LYHSC-

----YQT-----MRF---PQDD-----CMLILEIG-KCCREGVR

N--A-----

-----

-----HWT---PGSK---

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-PBP-C\_PBP3\_MsexOBP3\_Msex205760-RE\_AF117580\_

-----

-----

-----

-----

-----MA--VIP--IF-----

-----T--V---LL-----MM

T-AVKE-I-----A---PSSD-----AMRH-IANGFLK

VLDQCKHEL-----GLTD-Q-----IV---V-DL-YQFWKLQ--Y

--ALL-----NR-DTGCAIICMSKK--LDLL-----

-DG---T--G-R-----MHHGNTQEFAVSHGAT---D-EVASK--VVV-IIRDC-

----EKQ-----QEG---EQ-D-----D--CVRVLEVA-KCFRTAIH

E---L-----

-----

-----NWA---PNMEVVV

DELLTE-----

-----

-----I-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-PBP-D\_PBP2\_MsexOBP2\_Msex205763\_AF117588\_

-----

-----

-----

-----

-----MV-STKW---CF-----

-----L--L---VT-----IA

VLTM EV-V-----S---ASQE-----VLKQ-MSVGFSK

VLQTCKTEL-----SVGD-H-----II---Q-DF-YNWRED--Y

--DLL-----NR-DFGCMVICMAVK--HDLI-----

-ND--Q--L-T-----MHHGNAHAFKTHGAD---D-DTAQQ--LVT-ILREC-

----EAK-----HQS---VE-D-----V--CNRALEMA-KCFRTKIH

E--L-----

-----

-----KWA---PAMEVVL

EEIMTS-----

-----

-----V-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-ABP1\_Msex200462\_AF117591\_

-----

-----

-----

-----

-----MSVI-----

-----SFF--VLC-----F

GVLA VSVG-----A--VSEN-----ERNQ-ISQSILP

HIVKCSQEY-----GVSE-G-----QI---KDAK-ESVN-----

-----PLGLNPCFLGCVLKS--AGII-----

-DK--N--G-L-----FDVEATKEKSKKYISS----EKDVTN--FDK-IHKDC-

----TEV-----NQK---NVSD-----GNKGCDRAKELV-TCFLAKRG



D--F-----

-----

-----SVF----TF-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-ABP2\_Msex200465\_AF393491\_note:samegenelocusasOBP12\_

-----

-----

-----

-----

-----M-----DRKD-----

-----LCL--LII-----AF

IL---AD-----G--VDSM-----SKQQ-LKNSGKM

FKKQCMGKN-----KVTE-D-----EI---GEID-KGRF-----

---VE-----QQ-NVMCYIACIYQM--SQVV-----

-KN-----N-K-----LNYEASLKQIDIMYPP-----ELKDT--AKG-ALEAC-

----KDI-----AKK---NKDL-----CEASFKTA-KCMYEYSP

K--D-----

-----  
-----FLFP-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-ABP3\_Msex209425\_AF393488\_  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MQKQRGAMITA-----

-----TLH--VVF-----A-L

LGFVYGAK-----NKPV-----FSEE-IKEIIQT

VHDECVGKT-----GVSE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

---KE-----DV-KLKCYMFCLEEV--AGLA-----

-DE---D--G-T-----VDYDMLVSLIPE-----EYSER--ASK-MIFAC-

----NHL-----DTP---EKDK-----CQRSFDVH-KCTYEKDP

E---F-----  
-----

-----YFLF-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-ABP4\_Msex200467\_AF393490\_

-----

-----

-----

-----

-----M-----FRYI-----

-----FCA--ICL-----IL

IL---FD-----A--SYAM-----SRQQ-LKNSGKM

MKKSCIPKN-----DVTE-D-----EV---GQIE-QGKF-----

---IE-----DR-RVMCIYACIYTM--TQVV-----

-KN-----N-K-----LSYDAIVKQVDMMFPP-----EMRTA--VKT-AAENC-

----KDI-----AKK---YKDI-----CEASYWTA-KCMYDFDS

K---N-----

-----

-----FVFP-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-ABP5\_Msex207487\_AF393498\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MCKPMYYVVFSI-----  
-----IYL--SIVLAQK-----AD  
NGNTKIAN-----V---QRND-----QGSM-DDVDVED  
IMNQCNETF-----RIEM-A-----YL---Q-AL-NESGSFP---  
---VE-----TDRTPKCFLLCVLDN--TGVM-----  
-TK---D--G-D-----FDPERTAALFAGERAG-----KVMDG--IQD-MAAAC-  
----ADR-----KEK-----C-----K---CEKSYNYL-KCLMTMEI  
E---K-----  
-----  
-----YAN---NN-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-ABPX\_Msex202108\_AF117577\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MISS-----

-----LVH--VLT-----

---LLAA-----GVLA-----LDEE-QAELARM

VRENCVDEI-----GVDE-G-----LL---AKVD-DGADL-----

---MP-----DP-KLKCYLKCTMEM--AGMI-----

-SD-----G-V-----VDVEAVLGLLPD-----DVKLR--TTD-IVRAC-

----DTQ-----KGA-----DD-----CDTAFLTQ-TCWQQANR

A--D-----

-----

-----YIFI-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP8\_Msex213843\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MCKPMYCVVFSI-----

-----IYL--SIVAAQK-----AD

NGNTKIAN-----L--QSND-----QDSM-DNVDVED

IMNQCNETF-----RIEM-A-----YL---Q-AL-NESGSFP---

---DE-----TDRTPKCFLLCVLDN--TGVM-----

-MK--D--G-D-----FDPERTAVLFAGERAG-----KVMDG--IQD-MAAAC-

----ADR-----KEK-----C-----K---CEKSYNYL-KCLMTMEI

E---K-----

-----

-----YAN---NN-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP9\_Msex200460\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MYVL-----

-----KFF--ACI-----V

LIGCIKAK-----TLDD-LKNNYLE

MIVKCTSKY-----PITD-E-----DL---ELLK-TGDM-----

---GD-----KE-STKCLFACVYKK--TGMM-----

-DD---K--G-M-----LDVDQTNKIVQTYFSD---NSEELKK--GLA-YTEAC-

----KSV-----NDA---PVTD-----GDRGCDRAALLF-KCTTENLP

ALGGL-----

-----

-----AVK---YCFFLEL

NDETIMPLA-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP10\_Msex200461\_Mad10HM167934\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MIRA-----

-----VVF--CCC-----MV

ALMPFSAN-----A---MTDE-----QKEK-IHEHFEK

LGLGCLKEN-----TITE-D-----DI---KDLR-AKKV-----

---PS-----GE-NAGCFLACMMKE--IGVL-----

-ND--E--G-M-----LEKGRAMELAKEVFDD----AEELKK--IEE-YMHSC-

----SSV-----NSE---SVGD-----GEKGCERAMLAY-KCMVENAS

K--F-----

-----

-----GFD---IVTNILH

SKLILSYLNINLHSS-----

-----  
-----  
-----  
-----



-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP11\_Msex200464\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MWKI-----

-----SYF-LFV-----FGV

AANLKHAY-----A--VTEE-----ERLM-LDSLMKP

KVLACVEEF-----GLKD-F-----SI---EDIR-KDHE-----

-----IDPCLLQCFLKK--AEVF-----

-VD-----G-M-----INLEKADETLREVIND----EDEVEQ--IME-KGKEC-

---ADEA-----NGS---DVSG-----DDEDCARVAIFH-SCLREKNG

L---F-----

-----

-----MAT---S-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP12\_Msex200465\_note:samegenelocusasABP2\_

-----

-----

-----

-----

-----MPKHD-----

-----VTE--DQVGGIEQGKFLNERNVM

CYIACVYS-----M--SQAM-----SKQQ-LKNSGKM

FKKQCMGKN-----KVTE-D-----EI---GEID-KGRF-----

---VE-----QQ-NVMCIYQIYQM--SQVV-----

-KN-----N-K-----LNYEASLKQIDIMYPP-----ELKDT--AKG-ALEAC-

----KDI-----AKK---NKDL-----CEASFKTA-KCMYEYSP

K---D-----

-----

-----FLFP-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP13\_Msex200468\_

-----M--LFL-----VV  
AKFFILLS-----L---GEAM-----TMKQ-IRNTGKM  
MRKQCQPKN-----NVED-E-----KI---DPLG-KGVF-----  
---IN-----EK-EVKCYMACIMKM--ANTI-----  
-KN-----G-K-----INYEAMKQADLLLPE-----DIKEP--AKE-ALTSC-  
----RKV-----ADS---HKDV-----CDAAFYIS-KCIYEYNP  
D---I-----

-----FYF-----

-----

>Msex-OBP14\_Msex200463\_

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----G---ITEK-----QRLH-IREELIE

IGTECIKN-----PITI-G-----DV---RSFR-NKQF-----

---PN-----GP-NAGCFIACVFNK--AGIMLGLLEINNFTVQTQDALLRAYLIKQEL

FDD---E--G-L-----VSQKTATEKATKVFDD-----ETELKN--YEQ-FIAVC-

----DKV-----NEE---SVSD-----GQKGCERAKLAF-QCLIQNSK

Q---V-----

-----

-----FIP---YNLLLGS

R-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP15\_Msex201454\_

-----

-----

-----

-----

-----MRRK-----

-----LLN-----

-----I--KENP-----FTSV-VRKALIN

TARSCMVHV-----NATQ-E-----DL---E-YL-RKDP-----

---PF-----PE-KASCIVKCLLEK--IGVV-----

-KN-----N-K-----YSKSGFMMVVTPLVFA---NKKKLDH--MKT-VSENC-

----ESE-----IVH---KESS-----P---CDAGNEVT-TCIFKYAP

E---L-----

-----

-----HLR---G-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP23\_Msex203518\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MYA-HDKLSDM

VAEQCLNEM-----YPKS-----KRIE---I-----

-----QESDEPCIIFCVLKK--FGIM-----

-ST---N--G-V-----INLEVFRKRVQNSHQH-----EQRNT--MND-IGSNC-

----LES-----AEA-TQHKQDV-----CKKAKVFN-DCTHLYRI

L---L-----

-----

-----K-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP24\_Msex203519\_

-----

-----  
-----  
-----MLVLKFLLC-----  
-----ALT--SAL--AM-----KQ  
HAPSGTMV-----D--FTDA-----KVQG-HLDALVR  
MAQSCVIKV-----RATP-K-----DV---RAYF-TNSS-----  
---PV-----SR-SGQCFAACMLEQ--SDVV-----  
-NH-----G-K-----INRELLVHLASLVNGK---NSRVVRK--LNS-VSRLC-  
----LDS-----IDG---MSDR-----CQLASTYN-DCLNENMI  
E---F-----  
-----  
-----AFP---LDIAEEA  
VRKMPFHLIQPKNLPQEMRPANY-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP27\_Msex208382\_  
-----  
-----





-----  
-----MMGVDAIHDPQTKIDKDTIITRNL-----  
-----KLE--KKG--QAKTSVQNRKKDI  
EREPDWSY-----Q--PIPP-----EVST-HVEQFKK  
NMTECLKEV-----QAND-K-----RP---VKRL-SPKT-----  
--ES-----PI-HGECLACVLKR--NGVI-----  
-DN-----G-K-----INKNNLLTLVSKFYAK---DTKLMKK--LDK-NLEHC-  
----IEI-----STR---NRDE-----CVLASQLN-ACTNDLMA  
S---N-----

-----  
-----KHK---IIVNY--

-----  
>Msex-OBP\_Y\_Msex200466\_  
-----  
-----  
-----  
-----

-----

-----

-----

----MPKH-----DVTE-D-----QV---GGIE-QGKF-----

---LE-----NR-NVMCYIACVYSM--SQAV-----

-KN-----N-K-----IMYDNMIKQVDMMFPP-----DIKDA--VKD-SIENC-

----RPV-----AKK---YKDV-----CEAAFWTA-KCMYDYNP

A--N-----

-----

-----FVFP-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-ABP6\_Msex203889\_AF393499\_

-----

-----

-----

-----

-----MKVTNGL-----

-----FLV--FLV--SV-----L  
ACGIAASP-----K--KIYR-----IPPQ-SSEKIVE  
EVLKCVQKM-----GLES-T-----VV---NLLK-EGKY-----  
---TE-----DD-RVIETLMCSNQN--LGNV-----  
-NG--D-G-K-----VNIDKVMNEIF-----SNKPE--IRS-ALVAC-  
----EKD-----GGK-----SS-----LETFKNX-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-ABP7\_Msex203892\_AF393500\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----MQAC-----  
-----LFL--TLV-----

-LAVVGLN-----A--HNVH-----LTDG-QKEKANE  
HIAACIKET-----GIKP-E-----VI---AEAK-KGHY-----  
---SE-----DE-AMKKFILCFFHK--AGIV-----  
-NA--D--G-K-----LNLDVAIAKLPPG-----VDKTE--ATK-NLEGC-  
----KDN-----GGK-----DA-----AETAFAIF-KCYKDATK  
T--H-----

-----  
-----VLF-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-ABP8\_Msex201708\_AF393501\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----MKAL-----  
-----LVL--AAC--LV-----  
-----LAQA-----LTDE-QKEKLKK

TIKYCMVKH-----DNDP-K-----II---ELVR-QGSY-----

--GV-----DE-PFKKFIHCAYYK--SGYA-----

-NE---D--G-H-----VLVNKVIKAFPK-----DAN---IEE-VTKKC-

----STI-----KGE-----DA-----EDTTYQFF-KCFELNAP

I--R-----

-----

-----LAL---E-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP16\_Msex201707\_

-----

-----

-----

-----

-----METF-----

-----QFA--VFC-----V

AFYTFFVVS-----S---PIKE-----FYPKRDVATLKK

YQMECVEDT-----KVDP-D-----LV---IRFK-AGDWR-----

--SE-----QP-SLKNWVLCILNK--MGLM-----

-TM--D--G-V-----YRLDEAMARVGT-----KDKDM--AEK-LIDQC-

----LST-----TAL-----PA-----PDIWKYV-HCLHVNDP

L--G-----

-----

-----NYS---SISILTP

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP17\_Msex203890\_

-----

-----

-----

-----

-----MQSC-----

-----LFL--TLL-----

-VAVVGIN-----A---DTVL-----LTDI-HKEKSNA

NIAACIKES-----GVKP-E-----IL---AEAK-KGNY-----

---SE-----DE-AMKKFLLCFFNK--SGIM-----

-NA--D--G-K-----LNLDVALANLPPG-----VDKNE--ATK-ALEEC-

----QHK-----NGK-----DA-----PDTAFTIF-KCYRAATK

T--Q-----

-----

-----VLF-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP18\_Msex202300\_

-----

-----

-----

-----

-----MYQY-----

-----

-NGYRSSH-----Q--SPRR-----YKRE-RRVDNTG

QRSQYNPNT-----QRNSGY-----ED---TYRN-EEKNSSE---

--NNT-----NTDNKACALQCFLN--LQMT-----

-AQ--D--G-M-----PDKYLVTHAITKNVKN----DDLQDF--LQE-SIDEC-

----FQI-----LEN--EDSDD-----K--CEFSKNLL-LCLSEKGK



A-----

-----

-----NCD---DWKDDMH

F-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP21\_Msex202698\_

-----

-----

-----

-----

-----MIKQ-----

-----MCA--FLF-----ALSVI

CSVNLAAS-----K---SIYV-----FPPE-KAEMILE

NAIKCITES-----GLQT-F-----VG---QEIK-QGKY-----

---TD-----DE-RTL GALVCANEK--IGYS-----

-NE---S--G-R-----LNIDKIMIDLF-----PLKPE--IRS-DLEAC-

----NKD-----YGL-----DP-----VGTFKSFL-ICFRKRVP

F---R-----

-----  
-----VVL-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP22\_Msex203248\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MSWL-----

-----HAV-VAL--AL-----AAS

AAPATTSC-----K--NCIA-----LGKE-EKAMFRA

HSDACLPQS-----GVEP-K-----VV---ESML-NGQL-----

---VE-----SA-ALRRHVYCVLMK--CKLV-----

-SK---E-G-K-----LMKNAMLGKMAMR-----SDGKN--ATK-VLEGC-

----ADQ-----TGD-----TP-----EDLAWNLF-RCGYDKKT

M--L-----

-----

-----FDYMPTSGASSGDI

DNISK-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP30\_Msex213730\_

-----

-----

-----

-----

--MYINMDFRVKLVTRCLTLKRHSYCKMKIT-----

-----ASL--VFV--LL-----N

VVSIYGES-----K--EIYF-----FPKE-AAVTFLE

ATLKCIADS-----NYDS-S-----VI---DQIM-QGKY-----

---IE-----DD-KTVNALICACVA--TGFG-----

-YP---D--G-K-----VNVEKIMKESV-----PTRQD--LRP-FIEDC-

----NRE-----SGK-----TP-----AQTFRGIV-KCYREKLP

V---Q-----

-----

-----LRFSN-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP31\_Msex214143\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MQEV-----

-----EYA--DERRNVT-----DI

LKETDVPN-----S---TSFN-----DEGF-TTRNLED

AALDSTKIQ-----IIRK-Y-----ND---TDTI-SRRKKRS--E

PLFDK-----PD-TNQCLSQC VFAN--LQVV-----

-DS---R--G-I-----PRETELWNLVQSAVTS-----QQSRAA--LRD-QIRAC-

----FQE-----LQS--EAEDN-----G---CSYSNKLE-RCLMLRFA

D---R-----

-----

-----KMD---EGNANEK

KADQ-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP32\_Msex203893\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MLCMHHCKLTIFVTTINMQSY-----

-----LFL--TLV-----

-LAVVGIN-----A---DIVL-----LTDV-QKEQSNA

NIAACIKES-----GVKP-E-----IL---AEAK-KGNY-----

---SE-----DE-AMKEFLLCFFNK--TGIM-----

-NA---D--G-K-----LNLDVALANLPPG-----VDKNE--ATK-ALEEC-

----QHK-----NGK-----DA-----ADTAFTIF-KCYSAATK

T--Q-----

-----

-----VLF-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP33\_Msex203891\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MCAA-----

-----QNL--FGI--IL-----FSVF

AAVIAAST-----K--KIFH-----LSPE-SGEKLVE

GIIKCIAKL-----NFDP-S-----LI---NLIK-EGKY-----

---LE-----DE-RLIKAIICMNVD--SGVG-----

-TA---D--G-R-----LNVDAVMERIF-----SNNAE--IRK-GLICC-

----EKE-----YDG-----TP-----VGNLRGTL-TCLKETLP

F---K-----

-----

-----IRM-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP35\_Msex214323\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MRTA-----

-----IFL--LLV-----SV

ISCYAAEE-----K--DTYY-----YPKA-PSEIFLN

AAKKCVEDL-----SYNS-S-----IM---DQIM-QGKY-----

---IE-----ED-KTLNVLICA AVN--TGYG-----

-NA---D--G-K-----LNVEKVVKELY-----PERQD--VWP-IIEKC-

----NLE-----QVT---STP-----LETFKGIV-VCLKNNLP

F---K-----

-----

-----IRFPM-----

-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP36\_Msex214586\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MKVT-----

-----ILV--ILI-----IG

VSCDAAFT-----K---PIYR-----FPPK-QSEMYVE

AVVKCVAKL-----GYDL-A-----IL---DQIR-QGKY-----

---TD-----DD-KSVEALVCANND--IGYG-----

-LP---N--G-Q-----LDADKTIQDLF-----PTKPE--IKS-VFDKC-

----DKD-----YGV-----DP-----AGNFKAFL-LCFKDEIP

F---K-----

-----

-----VII-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----



-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP40\_Msex214420\_

-----

-----

-----

-----

-----MRAA-----

-----IFL--LLV-----SV

ISCYAAEE-----K---DTYY-----YPKA-PSEIFLN

AAKKCVEDL-----GYTS-S-----IM---DQIM-QGKY-----

---IE-----ED-KTLNVLICA AVN--TGYG-----

-NA--D--G-K-----LNVEKVVKELY-----PEKQD--VWP-IIIEKC-

----NLD-----QKT----STP-----SETFKGIV-VCLKTNLP

F---I-----

-----

-----IRFPM-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP19\_Msex202657\_

>Msex-OBP20\_Msex202656\_

-----MATD-----

-----KEGINADL-----

-----LRQD-RSKATLK

PISACCDIP-----ELGDAK-----PL---SECS-NP-----

-----KLPGPCKDVQCAFEK--SGFL-----

-TD--N--L-T-----LKKEVYKKHLRQWAKN---HDGWSDA--VEK-AISDC-

----VDK-----DLR---QYLD-----IPCKAYDVFTCTGIAML

---K-----

-----KCP-----DAAWK

C-----

-----  
>Msex-OBP25\_Msex207317\_  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----MQTLRETRPRCTAERFLIMFKI-----  
-----VLI-CAF-GI-----AA  
SNADAPGD-----PPKV-YCGEIPY  
KIFECLGSP-----RIIK-P-----ES---SMKC-D-----  
-----KSISECDKMRCIFRE--EGWM-----  
-VN-----N-V-----VDKSKVGASFDQFGKD---NPDWAAA--IGA-AKTEC-  
----LAQ-----ELP---AQGV-----F---IGCPAYDILHCTLTTLI  
---R-----  
-----  
-----NANPA--KWSSEE  
CKYPRQYAGACPICPSNCFVPAIPTGSCNACLSLP RTP-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Msex-OBP28\_Msex210958\_

-----

-----

-----

-----

-----MYRL-----

-----ALL--LVL--SC-----VL

LVQAD-----D--EWMD-----FMQK-CGQLIHP

AGIRCCKKK-----YVST-----DL---TEDL-KECMQLP---

-----GKPPSCEIEICVAKK--RGFA-----

-SD--D--G-T-----INKAAFKALLSKMDDK-----DL--QAS-IVEDC-

----VDG-----DIS---EYGP-----D--DLCDLKRLHTCVALHLV

---V-----

-----

-----DCP---EWSNEGA

CSGSADVAADCIKSMQ-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Msex-OBP34\_Msex214192\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

EQRCRNPP-----T---APQK-----IERV-ITLCQDE  
IKLSILREALDVIKEEHTMFLITEALDVIKEE-----HT---MPAQ-RKRNKRE--V  
PFTHD-----EKRIAGCLLQCVYRK--VKAV-----  
-DG---F--G-F-----PTLEGLVGLYSDGVNE-----RGYFMA--VLE-ASREC-  
LMKNHDKF-----SRT---TPMD-----NGRNCDISFDIF-ECISDRIG  
E---Y-----

-----  
-----CGN-----AGL  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-GOBP1\_OBP1\_NM\_001044031\_  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----MW--KLV--VV-----LT  
VNLLQG-A-----L--TDVY-----VMKD-VTLGFGQ  
ALEQCREES-----QLTE-E-----KM---E-EF-FHFWNDD--F  
--KFE-----HR-ELGCAIQCMSRH--FNLL-----  
-TD---S--S-R-----MHHENTDKFIKSFPNG---E-ILSQK--MID-MIHTC-  
----EKK-----FDS---EP-D-----H--CWRILRVA-ECFKDACN  
K--S-----  
-----  
-----GLA---PSMELIL  
AEFIMESEAD-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----K-----  
-----  
-----  
>Bmor-GOBP2\_OBP2\_NM\_001044033\_  
-----  
-----

-----  
-----MFSF-----  
-----LI--LVF-----V  
ASVADS-V-----I--GTAE-----VMSH-VTAHFGK  
TLEECREES-----GLSV-D-----IL---D-EF-KHFWSDD--F  
--DVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FSLM-----  
-DD---D--V-R-----MHNVNMDEYIKGF PNG---Q-VLA EK--MV K-LIHNC-  
----EKQ----FDT---ET-D-----D---CTRVVKVA-ACFKKDSR  
K---E-----  
-----  
-----GIA---PEVAMIE  
AVIEKY-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-PBP-A1\_PBP1\_OBP3\_NM\_001044029\_  
-----  
-----  
-----



-----MS-IQG---QI-----

-----A-L---AL-----MV

YMAVGS-V-----D---ASQE-----VMKN-LSLNFGK

ALDECKKEM-----TLTD-A-----IN---E-DF-YNFWKEG--Y

--EIK-----NR-ETGCAIMCLSTK--LNML-----

-DP---E-G-N-----LHHGNAMEFAKKHGAD---E-TMAQQ--LID-IVHGC-

-----EKS-----TPA---ND-D-----K---CIWTLGVA-TCFKAEIH

K--L-----

-----

-----NWA---PSMDVAV

GEILAE-----

-----

-----V-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-PBP-A2\_PBP2\_OBP4\_AM403100\_

-----

-----

-----

-----

-----

-----MKQR-----

CILQTVLS-----E---SGVD-----VVKV-LSLSEAR  
FFLECDEER-----HFQP-----EV---RLKV-MTFWYSE--  
--SST----WDRDVGCALCIFKK--MEID-----  
-NP----Q-D-----PSYRTHLELLSFANSE---DNKIANQ--MVE-IFYAC-  
----GEN----TET----DP-----CLWALEQV-KCYKNRIN

Q--L-----

-----GLT---PTF---

>Bmor-PBP-C\_PBP3\_OBP6\_NM\_001083626\_

MA-RYN-

I-V---VA-----VL

VLGVVG-A-----R--GSSE-----AMRH-IATGFIR  
VLDECKQEL-----GLTD-H-----IL----T-DM-YHFWKLD--Y  
--SMM-----TR-ETGCAIICMSKK--LDLI-----  
-DG--D--G-K-----LHHGNAQAYALKHGAA---T-EVAAK--LVE-VIHGC-  
----EKL-----HES---ID-D-----Q--CSRVLEVA-KCFRTGVH  
E--L-----

-----HWA---PKLDVIV

GEVMTE-----

-----I-----

>Bmor-OBP7

-----AV-----TEEE-LKIEFTK

LVMKCTKDH-----PVDM-S-----EL---MQLQ-QLIA-----  
---PK-----KT-ESKCLLACAYKL--NGVM-----  
-TS---Q--G-L-----YNLEHAYKIAEMSKNG---DEKRLN--GKK-VADIC-  
----VKV-----NDV---EVSD-----GEKGCERAALIF-KCTLENAP  
KVFKF-----

-----GSS---EYNCQ--

>Bmor-OBP8\_BAI44701\_

-----MLRV-----

-----VVI--CVC-----

-FLVIAPY-----G--INAS-----SLDD-LKMVYKN

VIKECVGDY-----PITA-A-----DL---KLIK-ARQI-----

--PN-----D-DIKCVFACAYKK--TGMM-----  
-TE--E--G-M-----LSVEGIKDMSQKYLSD---NPEQLRK--SKE-FAEAC-  
----SSV-----NDQ---QVSD-----GTKGCERAALIF-KCSTEKIT  
N--F-----

-----  
-----GFE---L-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP9

-----  
-----  
-----  
-----  
-----MLRV-----  
-----VVI-CVC-----FL  
VVAPYGIN-----A--VSYE-----QKIK-IRDQLDR  
AGFECFKDH-----KITE-D-----DI---KNLR-ANKP-----  
--AT-----GE-NVPCFIACVMKK--TGVM-----

-ND--Q-G-V-----IRKGPVLELAKKVLAD-----DKDIKK--LQD-YIHSC-

----SHV-----NSE---TVHD-----KGKGCEFAMQAY-TCMSANAS

K--F-----

-----

-----GFN---I-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP10

-----

-----

-----

-----

-----MLRV-----

-----VVI-CVC-----FL

VIAPYGIN-----A--VSDE-----QKIK-IREQIDK

SGFECFKDH-----KITE-D-----DI---KNLR-ARKP-----

---AT-----GE-NVPCFIACVMKK--TGVM-----

-ND--Q-G-V-----IHTEPVLQLAKKVLTD-----DKDIKK--LQD-YIHSC-

----SHV-----NSK---TVHD-----KGQGCEFAIQTY-TCMSANAS

K--F-----

-----

-----GFD---V-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP11\_BAH36759\_

-----

-----

-----

-----

-----MSAN-----

-----SFV--VLA-----F

CALAVGVN-----A--LTEE-----QKAE-ITKSSLP

LIAECSKEF-----SVNQ-G-----DI---DAAK-KLGD-----

-----PSGLNSCFVGCFMKK--AGII-----

-NA--S--G-L-----FDVAATIEKSKKYLTS----EEDLKA--FEK-LTETC-

----APE-----NDK---PVSD-----SDKGCERAKLLL-DCFVANKG



S---F-----

-----

-----SVF---SL-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP12\_NP\_001153664\_

-----

-----

-----

-----

-----MTSF-----

-----MVF--FVL-----S

VLTLKYSD-----A---LTDE-----QKNK-IQSKFIE

IGAECIVEH-----PISI-D-----DI---NSFK-NKKF-----

---PS-----GV-NAGCFVACIFNK--IGLF-----

-DD--K--G-N-----LSHNSALEKAKGIFNA----DEEVKN--LEE-FLNRC-

----AKV-----NGE---AVGD-----GVKGCERAKLAY-NCLIENSL

E---F-----

-----  
-----GFN----IDF----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP13

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MLKI-----

-----HVL--LCF--GM-----A

ILYFGSAK-----A---VTPE-----ESKA-FEAF AKP

VIEQCQKDF-----GMDK-E-----SF---AQKN-L-----

-----DE-IDECLIACVVEK--FGIT-----

-ND---E---K-----IDGDALKALVTKFVGN-----EEERNK--INK-IVEEC-

----TED-----ANK---SGDG-----T---CNTSTILF-LCLLKNGK

D---L-----

-----

-----WGF-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP14\_NP\_001140185\_

-----

-----

-----

-----

-----M-----ERKD-----

-----FYL--LIV-----VV

AL---TS-----G---VSSM-----SRQQ-LKNSGKM

LKKQCMGKN-----DVTE-E-----EI---GDIE-KGKF-----

---IE-----QK-NVMCIYACIYQM--TQII-----

-KN-----N-K-----ISYEASIKQIDLMYPP-----ELKES--AKA-SAGRC-

----KDV-----SKK---YKDI-----CEASYWTA-KCMYEDNP

K---D-----

-----

-----FIFA-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP15

-----  
-----  
-----  
-----

-----M-----FLKN-----

-----IFI-ECV-----LL

YFVMLNTS-----F--VNTM-----TKQQ-IKNSGKI

LKKACISKN-----DVTE-D-----QI---SDID-KGKF-----

---IE-----DK-NVMCYIACVYSM--SQVV-----

-KN-----N-K-----FVHDAMVKQVDMMFPT-----EMRDA--VKA-SIANC-

----RGV-----AKN---YKDI-----CEASFWTA-KCMYEFDP

A---N-----

-----

-----FVFA-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP16

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----M-----

-----RIS--FLF-----LI

SVTIITFD-----S---VFAM-----TRAQ-VKKTMTI

MKNQCMCKN-----GVTE-D-----QV---GKIE-EGIF-----

---LE-----NH-NVMCYIACVYKT--IQVV-----

-KN-----D-R-----LDKDLISKQIDVLYPQ-----EIRES--TKK-AVGDC-

-----INL-----QEK---YDDW-----CEGIFRST-KCLYEKDP

A--N-----

-----  
-----FIFP-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP17

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----M-----TRQQ-LKNSGKI  
MKKTCMPKN-----DVTE-E-----EI---GQIE-QGKF-----  
---LE-----QR-NVMCYIACIYTV--TQVV-----  
-KN-----N-K-----LSYDAVIKQVDVMFPA-----EMRPA--VKA-AAENC-  
----KDI-----SKT---FKDI-----CEASYWTA-KCMYDFDP  
K---N-----

-----  
-----FVFP-----  
-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP18

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----M--ILI-----VI

AKFLILIS-----L---CETM-----TMKQ-IKNTGKM

MRKSCQPKN-----NVDD-E-----KI---NPIN-DGVF-----

---IE-----EN-EVKCYIACIMKM--ANTM-----

-KN-----G-K-----LNFEAAMKQADLLLPD-----EMKEP--TKE-AIVAC-

----RKV-----ADS---YKDV-----CDASFHVT-KCIYNHNP

S---V-----

-----

-----FFFP-----

-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP19\_NP\_001140188\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----M---TSAK-----TDVE-IKAWFLG  
QAVECSKDH-----PVTT-E-----EL---RMHK--HEL-----  
---PD-----SK-NAKCLMKCVFRK--CNWL-----  
-DS---K--G-M-----YDINAAYASSTKDFSD---DKTKQEN--ANK-LFDTC-  
----KSV-----NEE---NVGD-----GEEGCDRSLLLA-KCLTKAAP  
Q---V-----

-----  
-----SIY---YS-----  
-----  
-----  
-----  
-----



-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP20\_ABPX\_NP\_001037500\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MAVH-----

-----IFL--ILA-----

--SYMALA-----AHGQ-----LDDE-IAELAAM

VRENCADDES-----SVDL-N-----LV---EKNV-AGTDLAT---

--IT-----DG-KLKCYIKCTMET--AGMM-----

-SD-----G-V-----VDVEAVLSLLPD-----SLKTK--NEA-SLKKC-

----DTQ-----KGS-----DD-----CDTAYLTQ-ICWQAANK

A--D-----

-----

-----YFLI-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP21

-----

-----

-----

-----

-----MITA-----

-----SLH--VIF-----A-L

LAFVYGGK-----DKPV-----LSEE-IKEIIQT

VHDECVGKT-----GVSE-E-----DI---TNCE-SGIF-----

---KE-----DV-KLKCYSMFCLLEE--AGLV-----

-ND---D--G-T-----VDYEMFTSLIPE-----EYFDR--ATK-MIFSC-

----KEL-----DTP---DKDK-----CERAFEVH-KCSYEKDP

D---F-----

-----

-----YFLF-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP32

-----MYSHKYLNDFTNIPEI-----  
-----LII--LLS--SVALMSYGYNTKL  
FSHSLGSE-----PSLS-----ILYA-RDKKSDK  
VTNECLMEM-----YPKN-----LYKY-PLRI-----  
-----DRNDIPCIHCVLKK--FGII-----  
-SN--D--G-F-----INIKNYYRRVQAIHRY-----DPRIL--ISD-VGETC-  
----AQN-----ING-MNLDHDV-----CKKAKVFN-DCTQLYAI  
SYREP-----  
-----EDW-----

-----  
>Bmor-OBP33

-----MYA-HDKLSDM

IADQCLNEM-----YPRS-----KRLE---I-----

-----EESDEPCIIFCVLKK--FGIM-----

-SP---T--G-V-----INLEAYRKRVQLPEQL-----AQRNS--IND-FGSAC-

----LES-----AEA-TQHKQDV-----CKKAKVFN-ECTHLYKI

L---L-----

-----K-----

>Bmor-OBP34

-----  
-----  
-----  
-----  
-----MEKMILLNVFAV-----  
-----VLP--CVL--AS-----RT  
RGSSGTLV-----D--FTDP-----KVQG-HLDALVR  
MAQSCVIKV-----RATP-K-----DV---RAYF-TNSS-----  
---PV-----SR-SGQCFATCMLEQ--SDII-----  
-NH-----G-K-----VNRDLLVHLAGLVNGK---NSRVVRK--LNS-VSRLC-  
----LDS-----ISG---MTDR-----CQLASTYN-DCLNENMI  
E---F-----  
-----  
-----AFP---LDIAEEA  
VRKMPFHLLIQPK-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP35

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----GMST-HVLDFKR

NMTECLKEV-----QNND-K-----RP----IKRL-SPKQ-----

--ES-----PI-HGECLACVLKK--NGVI-----

-QN-----G-K-----VNKDNLMALVSKFHAK----ETKLMKK--LEK-NLDRC-

----INI-----SVK---NHDE-----CSLASQLN-DCTNDIMA

S---S-----

-----

-----KQK---ILFNY--

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP36\_NP\_001140186\_

-----

-----  
-----  
-----MAVSEI-----  
-----SRI--LTF--LTIVSFIYIVYSF  
KPLTKDEH-----I--ERYN-----KMNE-DIEPFRK  
NLTECARQV-----KASM-A-----DV---EKFL-KRIP-----  
--QS-----NM-EGKCFVACILKR--NSLI-----  
-KN-----N-K-----LSQENLLEVNRNAVYGD---DSEVMSR--LKT-AILEC-  
----SKI-----VED---IFEI-----CEYASVFN-DCMHMKME  
H--I-----  
-----  
-----LDK---ITMERRM  
EALGQMSSNPDEWSEEEDEMPLKLVKDEL-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP37\_NP\_001140187\_  
-----  
-----

-----  
-----MFYP-----  
-----FRF--TLLFYGL-----FV  
IYLVRAEP-----E--KENH-----FTLA-LKKTLFS  
TARSCMSHV-----NANE-T-----DL---E-YL-RKDP-----  
--PF-----PD-KAACIIKC LLEK--IGVV-----  
-KN-----N-K-----YSKM GFLTAVSPLVFT---NKKKL DH--YKS-VSENC-  
----EKE-----INH---DQTT-----E--CELGNEVV-SCIFKYAP  
E--L-----  
-----  
-----HFK---T-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP38\_CAS90131\_NP\_001140191\_  
-----  
-----



-----  
-----MANLVLLLTFL-----  
-----MTL--SMARLKS-----TE  
APKSKTAL-----F--NDQD-----NMGY-EELDMEE  
IMSACNESF-----RIEY-A-----YL---E-SL-NDSGSFP---  
---DE-----TDKTPKCYIRCVLEK--TEIL-----  
-SE--N--G-V-----LNPATAALVFAGERNG-----KPMSD--LEE-MAVAC-  
----ADR-----HEK-----C-----K---CEKAYNFV-KCLMYMEI  
D--K-----

-----  
-----YEK---KN-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP39

-----  
-----  
-----  
-----

[illegible]

-----FVV--VVC--TL-----GASQ  
LCAALYTQ-----K--VAVS-----FPKD-KTTIVVE  
AMKSCIAKT-----GANP-N-----VI---EVIS-SGKV-----  
--SE-----DE-KFKEFFYCACND--IGVV-----  
-NP--D--G-H-----IKVKECIELFPK-----ETQPL--VEP-VIKNC-  
----DK-----EGV-----NK-----YDTLFKYL-KCFQETSP  
V--R-----

-----  
-----VTL---A-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP23\_NP\_001153665\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----MTSK-----  
-----VLL--SCV--VL-----AVLA

TTVLAEDS-----R--KLVS-----FAPE-VAKKLKV  
LIQECLNEN-----GLGE-D-----AI---EVIR-AGEY-----  
---RE-----DE-PFQNLVYCAYKK--FGAL-----  
-DE--N--N-R-----IISQVAAASFPK-----DID---VVT-VIESC-  
----GKE-----DGN-----TP-----VEQVFKYF-KCFQKNSP  
V---R-----

-----  
-----MQL---Y-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP25

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----MKS-----  
-----VLI-CLA-----

-FAVFNCG-----A---DNVH-----LNED-EREKANW

YTAECGVET-----GVST-E-----VI---NAAK-IGKY-----

---SK-----DK-AFKKFVLCFFKK--SAIL-----

-NS---D--G-T-----LNMVVALAKLPSG-----V NKSE--AQS-VLEQC-

----KNK-----TGQ-----DA-----ADKAFAIL-QCFHKGTK

T---H-----

-----

-----ILF-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP26\_NP\_001159622\_

-----

-----

-----

-----

-----MKS-----

-----VLI-CLA-----

-FAVFNCG-----A--DNVH-----LAET-QKEKAKQ

YTSECVRES-----GVST-E-----AI---NAAK-IGKY-----

--SK-----DK-AFKNFVLCFFNK--SAIF-----

-NS---D--G-T-----LNMDVALAKLPPG-----V NKSE--AQS-VLKQC-

----KNK-----TGQ-----GA-----ADKAFEIF-RCYYKGTK

T--H-----

-----

-----ILF-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP27\_NP\_001106744\_

-----

-----

-----

-----

-----MKS-----

-----VLI-CLA-----

-FAVFNCG-----A---DNVH-----LTET-QKEKAKQ

YTSECVKES-----GVST-E-----VI---NAAK-TGQY-----

--SE-----DK-AFKKFVLCFFNK--SAIL-----

-NS---D--G-T-----LNMDVALAKLPPG-----VNKSE--AQS-VLEQC-

----KDK-----TGQ-----DA-----ADKAFEIF-QCYYKGTK

T---H-----

-----

-----ILF-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP28

-----

-----

-----

-----

-----MLKV-----

-----FIV--TFF--AF-----Q

LSAIARLQ-----ANGCVAVP-----FPKD-KTIIIVE

AMKSCIAKT-----GANP-N-----FI---DVIR-SGKV-----

--SE-----DE-KFKEFYCYCTCND--TGFV-----

-NP---D--G-H-----IKVKECIELFPK-----ETQPL--VEP-VIKNC-

----DKE-----EGV-----NK-----YDTLKFKL-KCFQETSP

V--R-----

-----

-----VAL---A-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP29

-----

-----

-----

-----

-----MTGP-----

-----AAA--AVL---LA-----LLAA

AGQATTGC-----K--NCVI-----LGKE-ERAMFRS

HSDACLAQS-----RVEP-R-----LL---ESMM-NGEL-----

---ID-----DA-ALRKHVYCVLLS--CKMI-----

-GK--D--G-K-----LLKAAILGKLAAR-----PAGRD--VTK-VLEAC-

----AEQ-----PGA-----SP-----EDVAWNIF-RCGYNRKA



V--L-----

-----

-----FDYMPAGGASSGNT

ENHP-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP30

-----

-----

-----

-----

-----MRSF-----

-----VIL--LNYGLLCCGQFMAEDYYY

DIVTRDPD-----DLMR-----EKEN-EVRALRA

FQADCAEDV-----QVKP-D-----LV---VNLK-SGDWQ-----

---TE-----DV-SLKKWALCVLMK--LGLM-----

-TA---Q--G-V-----FKMNEAMSKIPDM-----NDKII--AEK-LIDDC-

----LSL-----QAT-----TP-----HDAAWNYI-KCHHQKDP

E--G-----

-----  
-----NFS----SLNIF--  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP31\_NP\_001040212\_  
-----

-----  
-----  
-----  
-----

-----MKTf-----

-----IVF--VVC---VV-----

-----LAQA-----LTDE-QKENLKK

HRADCLSET-----KADE-Q-----LV---NKLK-TGDFK-----

---TE-----NE-PLKKYALCMLIK--SQLM-----

-TK---D--G-K-----FKKDVALAKVPNA-----EDKlK--VEK-LIDAC-

----LAN-----KGN-----SP-----HQTAWNYV-KCYHEKDP

K---H-----  
-----

-----ALF---L-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP40

-----

-----

-----

-----

-----MSEF-----

-----IQP--SWR-----TQ

CNFRLNWD-----NRNR-LSIDISH

GAATTQTPV-----PTTKPK-----AL---RDFM-----

-----VVPQSCDKTTCVFKK--LNIV-----

-SD---K--G-V-----VDVKSFIKLLDKFTNS---YPVWNSA--KAR-VITTC-

----LRK-----SLI---AYD-----GGCELNNILACTFDVLS

E-----

-----

-----NCP---LNGNNQT

C-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bmor-OBP41

-----

-----

-----

-----

-----MLTI-----

-----LFL--LPI--VV-----GV

LSGNIPE-----QPRV-YCGELPN

TIYSCLGNP-----KIIQ-P-----EV---SEKC-N-----

-----KPISECDKTRCIFKE--SGWA-----

-KN-----N-V-----IDKKKVSDYFEQFAKD---NPDWSAA--VQN-FKTTC-

---LSD-----SLK---PQGV-----D--TNCPAYDIIHCALISFI

---K-----

-----

-----FASPS--QWSTSEQ

CVYPRQYAGACPVCPERCFAPSVPNGSCNACLALLRTP-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP42\_NP\_001159621\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MMGY-----

-----ACV--FVI--LA-----VL

QAISAEDP-----P---GLPPFLKDA---PEKC-KSPPRVK

NPNECCISE-----PFFKEA-----DF---IECG-IEKPGSE---

-----RGPPDCSKQNCLLKK--YNLL-----

-KN---D--E-T-----PDIEAIKSLLDKYIEK---NPSFKSS--VEK--AKEC-

----LRE-----DLP---GPP-----QICLANRMTLCIGTVLL

---M-----

-----

-----ECPDE--KWNTTDD

CKAFKDHMTECQKYFPK-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP43

-----  
-----  
-----  
-----

-----MKVC-----

-----VLF--AIF-----

-----TVAQ-AAKATLK

PISACCNIP-----ELGNPE-----PL---AECS-NP-----

-----KLPGPCKDIQCVFEK--SGFL-----

-TE---N--K-T-----LIKEAYKTHLRQWAKE---HEGWSVA--VEK-AISDC-

----VDK-----DLR---QYLE-----FPCSAYDVFTCTGIAML

---K-----

-----

-----KCP-----NEHWT

C-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bmor-OBP44

-----  
-----  
-----  
-----

-----MSRL-----

-----VLF--FTI--LV-----

-----V--LQEF-----IINL-YFNFITE

IDSCCVKKY-----PKLFDSE-----FI---TECY-NTQR-----

-----KANDKCERDMCVARK--LNLL-----

-TE---E--D-S-----INKDALLRFVEEGFKT---EIDLVNA-----IKKKC-

---FEE-----DIS---NIGK-----P---EMCEVAKYKICITSRMA

---E-----

-----

-----DCP---KWDSKGI

CSSAQKKVENFMKMLS-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Apol-PBP1\_X17559\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----ML--RKI--SL-----

-----L---LL-----PV

FVAINL-V-----H--SSPE-----IMKN-LSNNFGK

AMDQCKDEL-----SLPD-S-----VV---A-DL-YNFWKDD--Y

--VMT-----DR-LAGCAINCLATK--LDVV-----

-DP---D--G-N-----LHHGNAKDFAMKHGAD----E-TMAQQ--LVD-IIHGC-

----EKS-----APP---ND-D-----K---CMKTIDVA-MCFKKEIH

K--L-----

-----

-----NWV----PNMDLVI

GEVLAE-----

-----

-----V-----

-----

-----



-----  
-----  
-----  
-----

>Apol-PBP2\_AJ277266\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----M-----SL-----

-----S-L---FL-----AM

LVTINL-V-----Q--ASPE-----IMKN-LCMNYGK

TMDQCKQEL-----GLPD-S-----VI---N-DL-YNFWKDD--Y

--VMT-----DR-LAGCAINCLSTK--LDIV-----

-DP---D--G-N-----LHHGNAKEFAMKHGAD---D-GMAQQ--LVD-IIHRC-

----EKS-----TPP---ND-D-----K---CTKTMDIA-MCFKKEIH

K---L-----

-----

-----NWV----PNMDLVV

CEVLAV-----

-----

-----V-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Apol-PBP3\_AJ277267\_

-----

-----

-----

-----

-----MI--AKT--FN-----

-----L--L---VI-----VY

LSTNTG-V-----D--ASQE-----IMKT-MTLTFTK

GLDACKKEM-----DLPD-T-----VD---V-DF-NNFWKED--Y

--VVT-----NR-DAGCAIVCLASK--INLV-----

-DS--M-G-I-----LIHGS AHEFAKQHGAD---D-NMAKQ--LSD-TLHTC-

----ETI-----IGT---GN-D-----E--CTRALHVA-NCFKVEMH

K--L-----

-----

-----DWA---PSMDLII

GELLAE-----

-----

-----I-----

-----

-----

-----

-----

>Aper-GOBP1\_Y10970\_

-----MAHT-----

-----LQ-TVV--LL-----LG

TSILHP-I-----L---ADV-----VMKD-VTLGFGQ

ALEKCREES-----QLTE-E-----KM---E-EF-FHFWSED--F

--KFE-----HR-ELGCAILCMSRH--FNLL-----

-TD---S--S-R-----MHHENTDKFIKSFPNN---E-VLSKH--MVN-LIHSC-

----EQQ-----HDA---DL-D-----H--CWRILRVA-ECFKRSCQ

E---A-----

-----GVA---PSMELLM

AEFIMESEI-----

-N-----

-----

>Aper-GOBP2\_X96772\_

-----

-----

-----

-----

-----MGYK-----

-----LL-LMY-----I

AIVIDS-V-----I--GTAE-----VMSH-VTAHFGK

ALEECRDES-----GLSP-E-----IL---N-EF-KHFWSED--F

--DVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FSSL-----

-KD---D--T-R-----IHHVNMHDYVKSFPNG---E-VLSAK--MVN-LIHNC-

----EKQ-----YDD---IT-D-----E--CDRVVKVA-ACFKVDAK

K--E-----

-----

-----GIA---PEVAMIE

AVIEKY-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Aper-PBP1\_X96773\_

-----

-----

-----

-----

-----ML--GKI--SL-----

-----L---LL-----PV

FVAINL-V-----H--SSPE-----IIKN-LSQNFCK

AMDQCKQEL-----NIPD-S-----VI---A-DL-YNFWKDD--Y

--VMT-----DR-LAGCAINCMATK--LDVV-----

-DP--D--G-N-----LHHGNAKEFAMKHGAD---A-SMAQQ--LVD-IIHGC-

----EKS-----APP---ND-D-----K---CMKTIDVA-MCFKKEIH

K---L-----

-----

-----NWV---PDMDVVL

GEVLAE-----

-----

-----V-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Aper-PBP2\_X96860\_



-----  
-----  
  
-----MI-AKT--FN-----  
  
-----L-L---VI-----VY  
  
LSTNTA-V-----D--SSQD-----VMKS-MTLTFTK  
GLDACKKEM-----DLPD-T-----ID---V-DF-NNFWKED--Y  
  
--VVT-----NR-NAGCAIMCLASK--VDLV-----  
  
-DS--M-G-I-----LIHGSSHEFAKQHGAD---D-NMAKQ--LSD-TLHSC-  
  
----EKT-----IGT---LN-D-----E---CLRALNVA-NCFKVEIH  
  
K---L-----  
  
-----  
  
-----DWA---PSMDLII  
  
GEILAE-----  
  
-----  
  
-----I-----  
  
-----  
  
-----  
  
-----  
  
-----  
  
-----

>Hvir-GOBP1\_X96862\_

-----  
-----  
-----M-----  
-----PG--VLR--AL-----LL  
LAAAAP-L-----L---ADV-----VMKD-VTLGFGQ  
ALDKCREES-----QLTE-E-----KM---E-EF-FHFWRDD--F  
--KFE-----HR-ELGCAIQCMSRH--FNLL-----  
-TD---S--S-R-----MHHDNTEKFIQSFPNG---E-VLARQ--MVE-LIHSC-  
----EKQ-----FDH---EE-D-----H---CWRISHLA-DCFKSSCV  
Q---R-----  
-----  
-----GIA---PSMELMM  
TEFIMEAEA-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----R-----  
-----  
-----  
>Hvir-GOBP2\_X96863\_  
-----  
-----  
-----



-----MTSK-----

-----SC-LLL-----VAM

VTLTTS-V-----M--GTAE-----VMSH-VTAHFGK

ALEECREES-----GLSA-E-----VL---E-EF-QHFWRED--F

--EVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FSL-----

-QD---D--S-R-----MHHVNMHDYVKSFPNG---H-VLSEK--LVE-LIHNC-

---EKK-----YDT---MT-D-----D--CDRVVKVA-ACFKVDAK

A--A-----

-----

-----GIA---PEVTMIE

AVMEKY-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hvir-PBP1\_X96861\_

-----

-----

-----

-----

-----MM--SVR-----  
-----L--M---LV-----VA  
VWLCLR-V-----D---ASQD-----VMKN-LSMNFAK  
PLEDCKKEM-----DLPD-S-----VT---T-DF-YNFWKEG--Y  
--EFT-----NR-HTGCAILCLSSK--LELL-----  
-DQ--E--M-K-----LHHGKAQEFAKKHGAD---D-AMAKQ--LVD-MIHGC-  
----SQS-----TPD---ATDD-----P---CMKALNVA-KCFKAKIH  
E--L-----  
-----  
-----NWA----PSMELVV  
GEVLAE-----  
-----  
-----V-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
>Hvir-PBP2\_AM403491\_  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----PKW---VF-----

-----ML--LLL--AL-----PL

LAAVLP-L-----R---ADV-----VMKD-VTLGFGQ  
ALDKCRQES-----QLTE-E-----KM---E-EF-FHFWRDD--F  
--KFE-----HR-ELGCAIQCMSRH--FNLL-----  
-TD--S--S-R-----MHHENTEQFIQSFPNG---E-VLARQ--MVE-LIHAC-  
----EKQ-----HDH---ED-D-----H--CWRILHVA-ECFKQACV

Q--R-----  
-----  
-----GIA---PSMEMMI

TEFIMEAEA-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-R-----  
-----  
-----

>Slit-GOBP2  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----M

ATVTSS-V-----M---GTAE-----VMSH-VTAHFGK

ALEECREES-----GLSA-E-----VL---E-EF-QHFWRDD--F  
--EVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FSLL-----  
-QD--D-S-R-----MHHVNMHDYVKSPNG---H-VLSEK--LVG-LIHNC-  
----EKQ-----FDS---MT-D-----D---CERVVKVA-ACFKVDAK  
A---A-----  
-----  
-----GIA---PEVAMIE  
AVMEKY-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
  
>Slit-PBP1\_EF396284\_  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
  
-----MA-NARW---RF-----  
-----V-F---VV-----YA  
LYLTSA-V-----L---GSQD-----LMAK-MTKGFTR  
VVDDCKTEL-----NVGD-H-----IM---Q-DM-YNYWRED--Y

--QLI-----NR-DMGCMLLCMAKK--LDLM-----

-DD--Q---T-----MHHGKTEDFAKSHGAD---D-DVAKK--LVS-VIHEC-

----EQQ-----HTG---IA-D-----D---CMRVLEVA-KCFRTKIH

E--L-----

-----

-----KWA---PSMEVIM

EEVMTA-----

-----

-----V-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Slit-PBP2

-----

-----

-----

-----

-----M--SLR-----

-----V--A---LV-----VA

ASLLVV-V-----Q--ASQD-----VMKN-LAINFAK

PLDDCKKEM-----DLPD-S-----VT---T-DF-YNFWKEG--Y

--ELT-----NR-QTGCAILCLSSK--LEIL-----

-DQ--E--L-N-----LHHGRAQEFAMKHGAD---E-AMAKQ--IVD-MIHTC-

----AQS-----TPD---VAAD-----P---CMKTLNVA-KCFKLKVH

E---L-----

-----

-----NWA---PSVELIV

GEVLAE-----

-----

-----V-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Slit-PBP3

-----

-----

-----

-----

-----MG--SRN---VF-----

-----V--A---LV-----VL

TVAMRE-T-----E--PSKD-----PMKY-IASGFVK

VLEECKHEL-----NMND-H-----LI---A-DL-FHYWKLE--Y

--TLL-----NR-DTGCAIICMGKK--LDLL-----

-DA--N--G-R-----MHHGNAQEFAKKHGAG---D-EVASQ--IVQ-IIHEC-

----EKK-----HER---DD-D-----E--CLRVLEVA-KCFRTGIH

E--L-----

-----

-----NWQ---PNVEVIV

SEVLTE-----

-----

-----I-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Asel-PBP\_AB285328\_

-----

-----

-----

-----

-----MQ--RSW--CFYCR-----

-----LLV--V---LG-----VF

LALVQE-R-----E--CSQE-----VMHN-LSKGFAE

VLEDCKKQE-----NVGD-H-----IM---Q-DF-YNFWHEE--Y

--SLV-----NR-EMGCIILCMAGK--LDLL-----

--D--G--D-T-----MHHGNAHEFAKKHGAD---D-ALAKQ--LVG-LVHEC-

----EQA-----SAS---VE-E-----R--CARALETT-KCFRGKIH



G--L-----

-----

-----KWA----PSMRVVM

EEVMAD-----

-----

-----M-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Asel-PBP2\_AB327273\_

-----

-----

-----

-----

-----MR--TNK-----

-----V--V---LI-----LL

MSMIAI-V-----T--PSQD-----VMKT-LTINFGK

PMEICKKEL-----DLPE-A-----VT---K-EF-LNFWRDG--Y

--EVT-----NR-LTGCAIMCISEK--LELL-----

-DE--G--Y-K-----LHHGNAKDFAMKHGAD----A-GMAQQ--LVD-IIHGC-

----NES-----TPD---NT-D-----H--CLKTVAVA-MCFKHKIH

E--L-----

-----  
-----DWA---PNADLII

AEVLAE-----

-----  
-----V-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----  
>Eobl-GOBP1\_FJ156732\_  
-----

-----  
-----  
-----  
-----

-----MAR-----

-----LA--SSV--LA-----VV

AVAAAA-V-----V---ADVQ-----VMKD-VTLGFGQ

ALEVCREES-----QLSQ-D-----VM---E-EF-FHFWRED--F

--KFE-----SR-AVGICALQCMSRH--FNLL-----

-TD---S--S-R-----MHHENTHRLFIESFPNG---S-VLAKQ--MVS-LIHGC-

----EQQ-----HEA---EP-D-----H---CWRILRVA-ECFKRRCQ

E---A-----

-----

-----GIA---PSMEIIM

AEFIMETEA-----

-----

-----

-----

-----

-----

-K-----

-----

-----

>Eobl-GOBP2\_FJ156733\_

-----

-----

-----

-----

-----MKSV-----

-----LV--ATV-----V

LSVVGL-A-----M--GTAE-----VMSH-VTAHFGK

ALSECREES-----GLTP-E-----VL---E-EF-QHFWRED--F

--EVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FSSL-----

-QE--D--S-R-----IHHVNMHDYVKGFPNG---Q-VLSAK--MVE-LIHNC-

----EQQ-----YDD---IT-D-----D---CARVVKVA-ACFKRDAK

K--E-----

-----

-----GIA---PEVTMIE

AVMEKY-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Pxyl-GOBP1\_EU368114\_OBP1\_JN088193\_

-----

-----

-----

-----

-----MERR-----

-----WC--LLV--LA-----AA

AAGLPGVV-----R--GTVE-----VMKD-VTLGFGE

ALEQCREQS-----QLTE-E-----MM---E-EF-YHFWRED--F

--KFE-----AR-AVGCAIHCMSRY--FNLL-----

-GE---Q--Q-R-----MHHDNTHKFIQSFPNG---E-VLSHQ--MVG-IIHTC-

----EQQ-----HDA---ET-D-----H--CWRILRVA-ECFKRESQ

A---Q-----

-----

-----GLA---PSMEMLM

AEFIMEADV-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Pxyl-GOBP2\_EU368115\_OBP2\_JN088194\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----MASV-----

-----WS-LVV-CG-----LM

MAALPA-A-----R--GTAE-----VMSH-VTAHFGK

TLEECREES-----GLSG-E-----IM---E-EF-HHFWRED--F

--EVV-----HR-ELGCAIICMSNK--FQLM-----

-QD--D--A-R-----MHHENMHDYIKSFPKG---D-LLSET--MVR-LIHNC-

----EKK-----YDD---ID-D-----E---CSRVVKTA-ACFKKDAQ

A--E-----

-----  
-----GIA---PELTMIE

AVLEKY-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Pxyl-PBP2\_AB263118\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MV--KMITKKPA-----

-----C--L---MM-----VL

MCALKK-V-----E--SSAD-----VMKG-LSENFGK

ALGDCKKEL-----DLPD-S-----IM----T-EF-YNFWKDD--Y

--VLS-----DR-STGCAIICLSSK--LDLL-----

-DP--D--G-N-----LHHGNAKDFALKHGAD---E-GMAGQ--LVG-MIHEC-

----EKA-----APD---NP-D-----A---CLKVLDIA-NCFKKKIH

E---L-----

-----

-----KWA---PSMDVVV

AEVLAD-----

-----

-----V-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Pxyl-PBP1\_FJ201994\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MW--FPV---RL-----

-----S--A---VL-----LI

TLAVMD-T-----Q--GSKE-----TMKD-ITSGFFK

VLNECKHEL-----NLPD-H-----LV---G-DF-YHYWRQE--Y

--ALL-----DR-DLGCAILCMSRK--LELI-----

-DA---S--G-K-----LHHGNTQEFAEKHGAD---N-SMASK--LVE-VLHSC-

----EKQ-----HEA---VS-D-----E--CQRALEVA-KCFRSSVH

E---L-----

-----

-----GWA---PTIDVII

EEVLTD-----

-----

-----M-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Pxyl-OBP3\_JN088195\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

IAMNCTKKY-----PLEV-H-----EI---LDLQ-KSKV-----

---PT-----KK-TAKCLLACAYRL--EGSM-----

-NE--K--G-L-----LDYEHMMKTADLLADG---DEKRL-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----



-----  
-----  
-----  
-----

>Pxyl-OBP4\_JN088196\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----EEFIQ

LGMECAKQH-----QVTP-E-----EV---QLMH-QHVI-----

---PD-----GR-GARCLVACVFKK--KDLI-----

-ND--K-G-M-----LDIDAAHSMADKEHLD---DPTMIE-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----

-----

-----

>Dple-GOBP1\_DPOGS210500\_mod\_EHJ71301\_AB\_DpOBP1\_DPGLEAN01448\_

-----

-----

-----

-----

-----MTSR-----

-----SGR--RLL--LL-----LL

VQLAVQ-L-----K--ANVD-----VMKD-VTLGFGE

ALKLCREES-----QLTE-E-----KM---E-EF-FHFWRDD--F

--KFD-----DR-AVGCAIKCMSSH--FDLL-----

-TD--S--H-R-----MHHRNMDNFIKSFPNG---E-VLSQQ--MVT-LIHEC-

----EQQ-----HDS---EE-D-----H--CWRILRVA-ECFKSSCK

K--H-----

-----

-----GIA---PTMELLM

AEFVMESEA-----

-----

-----

-----

-----

-----

-N-----

>Dple-GOBP2\_DPOGS210512\_mod\_EHJ71306\_AB\_DpOBP2\_DPGLEAN01461\_

-----MAVR-----

-----GL--LLL--SA-----VL

AATSVT-V-----D---GTAE-----VMSH-VTAHYGK

SLEECRKET-----GLSK-E-----IL---E-EF-KHFWSDD--F

--EIV-----HR-PFGCTLICMSNK--FALL-----

-QD---D--A-R-----MHHINMNDYVKGFPPEG---D-VLADK--LVQ-MIHKC-

----EKE-----YDD---IK-D-----D---CDRVVKVA-ACFRADAK

K---E-----

-----GIA---PEVAMIE

AVMEQY-----

-----  
>Dple-PBP-B\_DPOGS210513\_EHJ71307\_AB\_DpOBP5\_DPGLEAN01462\_  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MAI--MMF--AI-----FI  
LSIFIPSV-----N--LNQD-----VMKS-LSYKFGT  
KLFECGERT-----NYTR-----AM----ARDI-LHIWEES--Y  
--DLN-----HD-ETGCLVLCAMVR--LELL-----  
-DQ--Q--G-N-----MIVENTEGFIRANGGD---D-SMVSF--LIQ-LYSMC-  
----REK-----TSS---ISNG-----CKAAIELS-KCFRAAIQ  
Q--I-----

-----  
-----GWV---PDTTSL  
VISYD-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Dple-PBP-C\_DPOGS210514\_EHJ71308\_AB\_DpOBP6\_DPGLEAN01463\_

-----

-----

-----

-----

-----MN--KSC-----

-----V--F---VF-----AL

IFVNVQ-K-----V---QSNE-----VMKG-ITSSFFK

VLDECKREL-----GLTD-N-----VL----T-DL-YYFWKQD--H

--PLM-----HR-DTGCAIVCMSQK--LNLL-----

-DT--I--G-K-----LHHGNAQEFAINHGAG---E-QMAKK--LVT-MVHEC-

----EQQ-----FME---QE-D-----S---CLRALDVA-KCFRTAMH

D---V-----

-----

-----NWA---PKFDIIV

TEVLTEVK-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Dple-PBP-D\_DPOGS210497\_EHJ71309\_AB\_DpOBP3\_DPGLEAN01445\_

-----

-----

-----

-----

-----MALFC-W---RL-----

-----L-F---AA-----GV

LSLAQG-T-----L--ASQE-----IMKK-LTTGFVK

AMEECKAEL-----NLGD-H-----II---Q-DF-MNYWREE--Y

--ELL-----NR-DTGCAIMCMASK--HDLI-----

-TE---D--M-K-----IHHENAHEFAKSHGAD---D-DLAKQ--LVQ-MIHDC-

----EKQ-----FTD---IT-D-----D--CSKTLEIS-KCFRTKIH

E---L-----

-----

-----KWA---PSMETIL

EELMTE-----

-----

-----T-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Dple-OBP2\_DPOGS207887\_EHJ65656\_AB\_DpOBP19\_DPGLEAN06529\_

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MKKWFLE

LTVECSKEH-----PVTKE-----EI---QMLK-DHKI-----

---PD-----NK-NVKCLMGCVFRK--IGWL-----

-DD---N--G-M-----FSFNNAKYKTSEEEYPD---DKTKLEK--AKN-LYSLC-

----EKV-----NTA---EVSD-----GKEGCERSLLA-KCLIENSS

K--M-----

-----

-----GFV---VQ-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----

>Dple-OBP3\_DPOGS207885\_EHJ67765\_AB\_DpOBP9\_DPGLEAN10496\_

-----  
-----

-----  
-----  
-----  
  
-----MTAE-----QKQM-VHQHFEQ  
VGMECIKTH-----EITA-E-----DV---TNLR-TRKI-----  
--PT-----GE-NASCFLSCIFKH--VGIM-----  
-DD---N-G-L-----LQKESAIELAKKVFD--EEELKL--IED-YLHSC-  
----SSV-----NTA---TVSD-----GEKGCERSLLAY-KCMIENAS  
Q--F-----  
  
-----GID---L-----  
  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Dple-OBP4\_DPOGS207878\_EHJ67766\_AB\_DpOBP11\_DPGLEAN10492



-----  
-----MMSL-----  
-----KYL--FVF--GV-----L  
AVSLRSAR-----A--ISDE-----DRNK-IHTAVLP  
HVAECSANF-----GVTE-D-----DI---KAAK-EAGT-----  
-----LGTFNPCLMGCVLKK--IQVI-----  
-DD---K--G-L-----FDADKAVELSNKYFSD----EADKKK--AEE-IITTC-  
----KAV-----NDK---EVGD-----GEKGCERAGLLF-QCFLPFKD  
A---F-----  
-----  
-----IN-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Dple-OBP5\_DPOGS207877\_EHJ65653\_AB\_DpOBP14\_DPGLEAN06527\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----M-----TRQQ-IKNSSKM  
LKKNCMGKN-----DVTE-D-----MV---GEID-KGKF-----  
--IE-----DK-NVMCYIACIYQM--SQLV-----  
-KN-----N-K-----LNYEASIKQVDLMFPP-----DMKEA--MKA-SIENC-  
----KDI-----SKK----YKDI-----CEASYWTA-KCIYDDNP  
K--N-----

-----  
-----FIFA-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Dple-OBP6\_DPOGS207886\_EHJ65655\_AB\_DpOBP18\_DPGLEAN06528\_  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----M--YIL-----AV  
VKFLAALT-----I--CEAM-----TMKQ-IKSTGKM  
MRKTCQPKN-----NVAD-D-----KI---DDIG-TGVF-----  
--IE-----ER-EVMCYVACIMKM--ANAI-----  
-KN-----N-K-----LNYEAAIKQADLLLPD-----EIKEP--TKE-AITAC-  
----RKV-----ADS---YKDI-----CEASFHVT-KCIYNHNP

S---I-----

-----  
-----FFFP-----

-----  
>Dple-OBP7\_DPOGS207876\_EHJ65654\_AB\_DpOBP16\_DPGLEAN06526\_

-----M-----TRAQ-LKKTMTI  
MKNQCMPKH-----NVNN-D-----KV---GQIE-QGVF-----  
---IE-----DH-DVMCYIACIYKT--IQVV-----  
-KN-----N-R-----LDKDLISKQIDALYPP-----ELKES--TKE-AVSKC-  
----IKE-----QAK---YEDP-----CAGIFYAC-KCLYEDNP  
A--N-----

-----FIFP-----

>Dple-OBP8\_DPOGS208192\_ABPX\_EHJ75781\_AB\_DpOBP20\_DPGLEAN20037\_

-----MAELAKM

LRDNCLEET-----GADV-A-----LI---DKVN-QGATL-----

---MP-----DG-KLKCYIKCVMET--AGMM-----

-SG-----G-E-----VDVEAVVAVLPE-----ELQRH---AD-TMRAC-

----GTK-----RGL-----DD-----CDTAFLTQ-ACWQAGCP

K--D-----

-----

-----YILI-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Dple-

OBP14\_DPOGS205435\_combinedwithDPOGS205437\_EHJ74349\_AB\_DpOBP32\_DPGLEAN2  
2247\_

-----

-----

-----

-----

-----MNTWSI-----LFTL-----

-----TII--LLG--TI--NCYKHSKY

LTKSLDSE-----PSLS-----ILYA-RDKKSDT

ITNECLMEM-----YPRN-----LYKY-PLHI-----

-----DRNDIPCIHCVLKK--FGIM-----

-SN---D--G-I-----INIRNYRVRVQAIHRY-----DPRVL--ISD-VGETC-

----AQN-----ING-MNLDHDV-----CKKAKVFN-DCTQLYVI

SYKDL-----

-----

-----ED-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Dple-

OBP15\_DPOGS205438\_sameasDPOGS205436\_EHJ74350\_AB\_DpOBP33\_DPGLEAN22248\_

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----MYA-HEKISDM

VAQQCLTEM-----YPKG-----KKIE---L-----

-----QESDESCIIYCVLKK--FGII-----  
-NG---N--G-Q-----FNLDIYRKRVQMAHQL-----DSRNL--MND-KGGAC-  
----VES-----AEA-TQHKQDV-----CKKAKVFN-DCTHLYRM  
I--F-----  
  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
  
-----  
  
>Dple-OBP16\_DPOGS205439\_EHJ74351\_AB\_DpOBP34\_DPGLEAN22249\_  
-----  
-----  
-----  
-----  
  
-----MQLYVFLC-----  
-----LIG--HVL--AS-----KS  
HGYSGLTV-----D--FTDP-----KVQG-HLDALVR  
MAQSCVIKV-----RASP-K-----DV---RAYF-TNSP-----  
--PI-----TR-SGQCFAACMMEQ--SDVI-----

-NH-----G-K-----VNRELLIHLASLVNGK---NSGVVRK--LHS-ISRLC-

----LDS-----IEG---MSDR-----CQLASTYN-DCLNENMI

E---F-----

-----

-----AFP---LDIAEEA

VRKMPFHLIQPK-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Dple-OBP17\_DPOGS200530\_EHJ67147\_AB\_DpOBP36\_DPGLEAN02358\_

-----

-----

-----

-----

-----

-----

--MTKEEQ-----I---DRFN-----KMNE-EVEPFRQ

NLTDCARQV-----KASM-I-----DV---EHFL-KRIP-----

---QS-----SM-QGKCFVACILKR--NSII-----

-VN-----N-K-----ISRENLEANRAVYGQ---DSEVMTR--LNT-AIVEC-



----SDV-----VEG---IFEV-----CEYSSVFN-DCMHMKME

H--I-----

-----

-----LDK---VTMERRM

EALGQMTSDPDVWTDDEDEILKLIKDEL-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Dple-OBP18\_DPOGS216124\_EHJ64212\_AB\_DpOBP35\_DPGLEAN1205\_

-----

-----

-----

-----MFLRFLFPLMFFVYVE

TDQAVENNRMVGVDTVHDIKIDKDTIITRNM-----

-----NLK--KKNEKSS---EAQIEQK

NVSPDWSY-----S---SFPE-----DVKK-HVDQFKR

NMSECLKEV-----HASD-K-----RP---VKRL-SPKK-----

---ES-----PV-HGDCLIACVLKR--NSVI-----

-EN-----G-K-----IHKENLIALVKKFYEK---DEKLMKK--LER-NLDRC-

----IET-----SAR---DKDD-----CAIAARLN-ECTNDIMT

S---N-----

-----

-----KHK----IVVNY--

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Dple-OBP19\_DPOGS203084\_EHJ68962\_AB\_DpOBP37\_DPGLEAN13103\_

-----

-----

-----

-----

-----MNLY-----

-----GVH--PYV-----K

LSPERFYL-----W---TDSP-----IYAV-VHKTLSM

TARSCMVSA-----NASE-V-----DL---E-PL-REDP-----

---PF-----PE-KSACILNCLLEK--INIV-----

-KS-----G-K-----FSKSGFMTTISPLVFT---NKKKMDH--MKT-VSENC-

----DKE-----VNH---DVSS-----CELANEIT-SCIYKYAP

E---L-----

-----  
-----HFK---N-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Dple-OBP20\_DPOGS212737\_EHJ78968\_AB\_DpOBP38\_DPGLEAN10161\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MRVLVVAAVTL-----

-----ITI--TLT--RCVPRTDKMQNNV

KDLTSTTP-----N---SMEE-----QMDK-ISNDLRP

VMAECNETF-----RIEM-Y-----YL----E-TL-NTTGSFP---

---EE-----LDRTPKCFLRCVLEK--AEVA-----

-SA---D--S-Q-----FDVSRTADVFDQIRVL-----PHDD--LVK-MATTC-

----SDR-----AET-----C-----K--CERAYQYL-KCLMGMI

N---K-----

-----

-----YDT---T-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Dple-

OBP1\_DPOGS207879\_DUPLEX\_EHJ67764\_EHJ67763\_AB\_DpOBP7\_DPGLEAN10494\_AB  
\_DpOBP8\_DPGLEAN10493\_

-----

-----

-----

-----MECSKDYPLTDEDIAQLKDK

QFPDKDDVRCLFACAYKKTGMMDDQGKLSVD-----

-----GVNNLAKKYFSDDQDKLQKSQKF

TEACAGVNDEAVTDGEKGCERAALIYKCSIEQA---SQGL-----TDEE-VKKEFIK

EVMTCTKDI-----TVDM-F-----DL---MELE-QLKV-----

---PT-----KT-NVKCVLACAYKR--VGTM-----

-NK---E--G-K-----YDIKEAYKISSETMMKG---DDKRIEN--GKK-LADLC-

----SKV-----NEA---DVRD-----GNKGCERAALLF-KCVIENAP

K---L-----

-----

-----GFK---V-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Dple-OBP9\_DPOGS203667\_EHJ74653\_AB\_DpOBP21\_DPGLEAN11049\_

-----

-----

-----

-----

-----MPSL-----

-----SLL--LYL-----AM

LTLCYGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH

VHNECVGKT-----GVAE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

---KE-----DM-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DD--D--G-N-----VDYDMMVSLIPD-----QYTDR--VLN-MINGC-

----KHLVLSISCDDS---ETSG-----MQVPLEAP-KPSSSPSA

P---H-----

-----

-----PRRGLDSDIGPVEN

TPRIFA-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Dple-OBP10\_DPOGS201921\_EHJ66992\_AB\_DpOBP5\_DPGLEAN08164\_

-----

-----

-----

-----

-----MKFL-----

-----VLI-CVC-----

AIFISRSN-----A--QNAH-----LTSA-QKEKVKQ

YTAECIRES-----GVKH-E-----VL---ADAK-KGNL-----

---NE-----DE-GLKRFIFCFFQK--SGIV-----

-TA---D--A-K-----LNMEVALSKLPKD-----IDKVA--AGK-VLSEC-

----KNK-----NGK-----NH-----ADTAFQIF-KCYHKATK

Q---H-----

-----

-----VLF---E-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Dple-OBP11\_DPOGS214842\_EHJ69393\_AB\_DpOBP30\_DPGLEAN14493\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MSTK-----

-----FYC--ILA-----IV

LFFFVQVR-----NTAS-----ITNY-KSPLIAE

YVEHCLRES-----RANP-E-----HI---IFLK-NGVIH-----

---SP-----NY-ALKNWLLCYLSR--TGVM-----

-SP--E--G-V-----LKQHVVMKKVAK-----QDKDL--VEK-IIDKC-

----LFK-----TPH-----EP-----VDTAWKYL-TCFRKRQP

Q--Y-----

-----

-----ARE---INHI---

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Dple-OBP12\_DPOGS214841\_EHJ69392\_AB\_DpOBP31\_DPGLEAN14492\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MKT-----

-----IVL-AAI-LV-----

-----AAQA-----LTDE-QKQKLNK

HKSECLAEF-----KPDE-Q-----LV---EKLK-AGDFK-----

---TE-----NE-PLKKYVLCMLMK--SELM-----

-TK---E-G-K-----FKKDVALAKVNP-----EDKPA--VEK-LIDAC-

----LAN-----KGN-----TP-----QQTAWNYA-KCYHEKDP

N---H-----

-----

-----SIF---Q-----

-----

-----

-----



-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Dple-OBP13\_DPOGS209054\_EHJ75212\_AB\_DpOBP29\_DPGLEAN13901\_

-----  
-----  
-----

-----MCYWISTTGRDSEDDVVRILPSDVYKTND  
EYRHIWSPVHGDAVV FVRPLL FHRLVVVLLQ-----

-----VSL--QLS---QDDMLTLLVLL

LHQVTTES-----K--SFMP-----LGKA-ERAMFLS

HSEACLEQS-----GAER-A-----QV---ERLV-GGAP-----

---ED-----SP-ALRRHVLCVLR--CKLL-----

-RK--D--G-R-----LDKHALRDRISA-----SN--DTK-ILEGC-

----SDQ-----SGD-----TP-----EDLAWHLF-RCGLNKKV

---L-----

-----

-----FEHMTAAAPNEA--

-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Dple-OBP27\_DPOGS208339\_EHJ75008\_AB\_DpOBP26\_DPGLEAN03483\_

-----  
-----  
-----

-----MEEEISNALQDCSQLNDKLNK  
VNIEKRQRRHNDFRYYAFRIDANSKQEINQY-----

-----NHE--RRN--TS-----TE

NDKNINGN-----D---SGIN-----FSRY-PYGGIEE

DLINSGNRQ-----TIDDDR-----KS---NLKQ-QSRFKRN--E

PLVSK-----DD-VDKCLSQC VFAN--LQVV-----

-DS---K--G-I-----PREAMLWNKIQSSVTS-----EQSETL--MRE-QIRSC-

----FQE-----LQS--ESEDN-----G--CVYSNRLE-RCLMLHIS

D--R-----

-----

-----NRN-----STQ

TYTTSIK-----

-----  
-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----

>Dple-  
OBP21\_DPOGS210117\_sameasDPOGS210118\_EHJ65319\_AB\_DpOBP39\_DPGLEAN12415\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MVSKISVLL-----

-----CCI--YVF--GISLSDSAISADS

ESRCRNPP-----T---APQK-----IERV-ITLCQDE

IKLSILREA-----LDVIKEE-----HT---MPAQ-RRRNKRE--V

PFTHD-----EKRIAGCLLQCVYRK--VKAV-----

-DG---Y--G-F-----PTLEGLVGLYSDGVNE-----RGYFMA--VLE-ASREC-

LMKNHDLF-----SRT---VPMD-----NGRNCVSVFNIF-ECISDRIG

E---Y-----

-----

-----CGN-----SGL

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----

-----

-----

>Dple-OBP23\_DPOGS209968\_EHJ77172\_AB\_DpOBP41\_DPGLEAN05855\_

-----

-----

-----

-----

-----MMKY-----

-----LFV--LIC--LS-----IA

TCEADDI-----ASPV-LCGVTPN

AIYQCLGTP-----KVVK-K-----EA---SSQC-D-----

-----SDLGECEKMSCIFSK--SGWM-----

-KD-----N-K-----VDKEEFAAHFDQFAKE---NPDWKVA--VEH-MKSNC-

---LSS-----DLP---PQGV-----H---LNCPAYDVMICAFANFI

---K-----

-----

-----GAPAS--QWSSSSH

CEYPRRFAASCPVCPTACFASAIPIGSCNACLSLPRSP-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Dple-OBP24\_DPOGS201299\_EHJ67714\_

-----MAEM-----

-----THL--LTL--FV-----LF

LMSTVSTA-----D---EVDE-----SCFE-LFDPEEP

EQECCETDF-----ETDD-----EV---EYEE-DFSDCPT---

--DFS-----TDEGKCDTIKCYYPKH--DGVW-----

-KD-----D-D-----IDDEAVKTKLQSIDSK---NPPAQRA--AER-ILKHC-

----LNG-----KYM---KYGT-----D---DACPAMKYFLCSYINTV

---V-----

-----ECD---SWNKTET

CAKHSEYASKCKVSLG-----



>HmelGOBP1\_HMEL004625\_AB\_HmOBP1\_

-----

-----

-----

-----

-----M-----

-----IS--LLT--LS-----LA

CGVLTG-L-----D---ATME-----VMKD-VTLGFGE

ALQSCREES-----QLTE-D-----KM---E-EF-FHFWRDD--F

--KFE-----DR-EVGCAMKCMSSH--FNLL-----

-TD---S--H-R-----MHHENTDKFIKSFPNG---E-VLSKR--MIS-IIHTC-

----EQQ-----FDA---LE-D-----H---CWRILRIA-ECFKVACK

K---E-----

-----

-----GIA---PTMELLM

AEFIMEADP-----

-----

-----

-----

-----

-----

-S-----

-----

-----

>HmelGOBP2\_HMEL022500\_mod\_AB\_HmOBP2\_





[illegible]

-----  
-----  
-----MA-VQKW---QL-----  
-----I-L---VM-----CV  
LMQACK-V-----S---PSQE-----IMHK-LTKGFAT  
AFEQCKQEL-----NLGD-N-----IM---Q-DF-LNYWREE--Y  
--ELL-----NR-DTGCAIMCMAQK--HDLL-----  
-TE---D---G-----IHHEKVHGFTKSHGAD---D-ELAKQ--LVT-MIHEC-  
----EKS-----NAG---VS-D-----E---CMKTLEVA-KCFRTKIH  
E---L-----  
-----  
-----KWA---PDMETIL  
EEIMTD-----  
-----  
-----I-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
>Hmel-OBP3\_HMEL005621\_AB\_HmOBP35\_  
-----  
-----  
-----

-----  
-----MVGLKALHDIQINKDTIITRNM-----  
-----NLK--TDN--KI-----SH  
NHDPDWSY-----S--SFPK-----EVKS-HVEQFKR  
NMSECLKEV-----QLND-K-----RQ---VRRL-SPKK-----  
---ES-----PV-HGECLIACVLKR--NGVI-----  
-EN-----G-K-----IYKDNLLSLVRKFYGK---DEKLMKK--LEK-NVDRC-  
----IEA-----SVK---NKDD-----CTVASYLN-ECTNDLMA  
N---N-----

-----  
-----KHK---IIVNY--

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----

>Hmel-OBP6\_HMEL007173\_sameasHMEL022532\_AB\_HmOBP32\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MENISYKG--KLFL-----  
-----LFI--AFA--HVTLVDSYSH-KF  
FSQNLDTE-----PSLS-----IQYA-RDKKSDM  
ITNECLTEM-----YPKN-----IYRY-PLHI-----  
-----DRNDVPCIIHCVLKK--FGIM-----  
-SN--D--G-V-----INTRNYRRVRAIHRY-----DPRVL--ISD-VGETC-  
----AQN-----ING-MNLDHDV-----CKKAKVFN-DCTQLYAI  
SYRES-----

-----  
-----DD-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP7\_HMEL007174\_AB\_HmOBP33\_  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----



RSFSGTMV-----D---LSDP-----KVQG-HLDALVR  
MAQSCVIKV-----RASP-K-----DV---RAYF-TNSP-----  
--PI-----TR-SGQCFAACMLEQ--SDVI-----  
-NH-----G-K-----VNRELLVHLAGLVNGK---NSRVVRK-LYG-ISRLC-  
----LDS-----IEG---MSDR-----CQLASTYN-DCLNENMI  
E---F-----  
  
-----AFP---LDIAEEA  
VRKMPFHLIQPK-----  
  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP12\_HMEL008322\_AB\_HmOBP38\_  
  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MKIIIIIITLAL-----  
-----LTF--SVA-QCGSSVGNNRMSTD  
DITTTTMA-----T---TMED-----DDAR-SNFDVMS

VMVDCNDTF-----RVEM-S-----YL---E-SL-NKSGSFP---  
---DE-----TDKTPKCFVRCVLEK--SDIV-----  
-SG---D--S-Q-----FNVTRTAEVFSQIRDT-----SQND--IIK-MATAC-  
----SDR-----PEK-----C-----K--CERSYQYL-KCLLETTI  
E---I-----

-----NEM---KSSK---

>Hmel-OBP13\_HMEL008689\_ABPX\_AB\_HmOBP20\_

-----MQGF-----

-----IVH--CSI-----

--VAILVV-----GASA-----LEGE-MAELAKM

LRDSCIEET-----GADI-A-----LI---DKVN-DGADL-----

--MP-----DP-KLKCYIKCVMET--AGMM-----  
-SQ-----G-A-----VDVEAVVAVLPP-----ELQRH---AD-KLRAC-  
----GTK-----AGA-----ND-----CDTAFLTQ-ACWQGGCK  
E--D-----

-----YILI-----

>Hmel-OBP14\_HMEL010224\_AB\_HmOBP7\_  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MKTL-----

-----KLL--ILL-----

--FVFFFG-----D---SQGM-----TDDE-MREEFMR

ITMICKSKDY-----KVDM-K-----DL---LSLQ-QLNI-----

--PT-----KK-DVKCLLACAYKK--TGSM-----



-NK--E--G-L-----YDIEASYRIAEMTKNG---DPKRLEN--AKK-LVDIC-

----AKV-----NDE---TVSD-----GEAGCDRAGLIF-KCVVENAP

K--V-----

-----

-----KNN-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP15\_HMEL010226\_AB\_HmOBP9\_

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----A--ITDE-----QKAM-IHSHFEM

LGKECIKDN-----LISA-D-----DI---KNLR-AKKI-----

--PS-----GE-NAPCFLACMFKK--LGIM-----

-DD--A--G-L-----LQKETVLDLARKVFND-----EDEIKL--IGD-YLHSC-

----SHI-----NTE---SVGD-----GDKGCDRSMMAY-KCMIENAS

Q--V-----

-----

-----LFT---FN-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP16\_HMEL010227\_AB\_HmOBP12\_

-----

-----

-----

-----

-----MFLI-----

-----VLI-F-----

----Q-----G--YSDE-----ERTK-IYATMLP

HILQCSTEY-----GITE-D-----EL---KASK-ENEK-----

-----FGSINPCFMGCIFKK--IHVI-----

-NK--E--G-I-----FNVEKAEKLSENFLVH----DEDKKK--ASA-VIKAC-

----ATI-----NDE---DVSD-----GEKGCDRAKLLF-ECLLPFRQ

Q--V-----

-----

-----ILK---LIMCIEK

ATKT-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP17\_HMEL010228\_AB\_HmOBP11\_

-----

-----

-----

-----

-----MTSL-----

-----QLV--FLV--FG-----VV

AVSLGSVS-----A--FSDE-----ERNK-IYAGMLP

LVLECSKDY-----GLTE-D-----DL---KAAK-ESGS-----

-----IGSINPCLMACVFKK--INVI-----

-ND--K--G-L-----FDVDKAGELSQKFLTE----TDDQQK--ATE-IIKTC-

----ASV-----NEK---DVSD-----AEKGCDRSKLLF-DCLLPFKG

Q--V-----

-----  
-----KYN---IVIIILII

YSSR-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP18\_HMEL010229\_AB\_HmOBP14\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----M-----TRQQ-LKNSSKL

LKKNCMAKN-----DVTE-D-----LV----GDIE-KGKF-----

--IE-----DQ-KVMCIYACIYQM--SQLV-----

-KN-----N-K-----LNVEASIKQVDMMFPP-----EMKDA--TKA-SIENC-

----KDV-----SKK---YKDL-----CEASFWTA-KCLYEDNP

K--N-----

-----

-----FFFA-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP19\_HMEL010230\_AB\_HmOBP16\_

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----M-----TRPQ-LKKTLTI

MKNQCMPPKH-----RVTN-E-----KV---GQIE-QGVF-----

---VE-----DH-DVMCYIACVYKT--AQVV-----

-KN-----K-R-----LDKDLVSKQIDILYPA-----EIREA--VKL-STVKC-

----IPV-----QYN---YEDE-----CEGIFYSV-KCLYEDNP

A---N-----

-----

-----FIFP-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP20\_HMEL010231\_AB\_HmOBP17\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----M-----TRQQ-LKNSGKL  
MKKSCMPKN-----DVTE-D-----QI---GQIE-QGKF-----  
---LE-----ER-NVMCYIACVYTM--TQVV-----  
-KN-----N-K-----LNYEATIKQVDLMFPP-----DMKDA--VKA-AVEHC-  
----KDI----SKK---YKDI-----CEVSYWTA-KCMYDFDP  
N---N-----

-----  
-----FVFP-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP21\_HMEL010232\_AB\_HmOBP18\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----M-----TMKQ-IKNTGKM  
MRKTCQPKN-----NVAD-E-----KI---DPLN-KGEF-----  
--IE-----EK-EVMCYVACIMKM--ANTI-----  
-KN-----N-K-----LNYEAAIKQADMLFPD-----EIKEP--AKE-AITAC-  
----RKV-----VDD---YKDL-----CESSFYTT-KCIYNYNP  
S---I-----

-----  
-----FFFP-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP22\_HMEL012883\_AB\_HmOBP36\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MGNSIKKDEEQHAMFRIKF-----

-----YYI--VIF--LIIFTAFILVMAF

TPLTKDEQ-----I--DKFN-----KMNE-GVEPFRR

NLTECARQV-----KASM-V-----DV---ENFL-KRIP-----

---QT-----SL-QGKCFVACILKR--NSII-----

-KN-----N-K-----ILKENLLEANKAVYGE---DSEVLSR--LKL-AINEC-

----SDV-----VAN---IFEI-----CEFSSVFN-DCMHMKME

H---I-----

-----

-----LDK---VIMERRM

EALGQMTGDPDVWTDEEDELKLKVKDEL-----

-----

-----



-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP23\_HMEL013351\_AB\_HmOBP21\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MQSA-----

-----ALLAAVFL-----A-L

ITFGFGQK-----EKPE-----FSEE-IKEIIQH

VHNECVAKT-----EVTE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

---KE-----DI-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DE--N--D-N-----VDYDMMISLIPE-----QYTDR--VSK-MITAC-

----KHL-----DTP---DKNK-----CQRAFDVH-KCSYDSDP

K---V-----

-----

-----NF-----

-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP36\_HMEL006421\_sameasHMEL017002\_AB\_HmOBP37\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MSSVVKPHLRLESP-----

-----FIQINCYPLLTI RRPRNWIRQLA

VNNWQDIC-----NERVLENP-----IAAM-IHKS LTA

VAHSCMEKI-----NGTE-E-----DL---E-YL-RKDP-----

---PF-----PE-KSACIIVCLLKK--IGVV-----

-KD-----D-N-----FSKTGFVTA V TPLVFH---NRKKLEH--MKN-VSEKC-

----DKE-----ITT---PEDT-----CQLGNSIT-ACIFKYAP

E--L-----

-----

-----HYK---T-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP39\_HMEL022521\_AB\_HmOBP19\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----AR-----SETE-IKKWFIQ

QAVECSKEH-----PVTG-E-----EL----QQMKTCHKI-----

--PE-----SM-SAKCLVACIFKR--IEWI-----

-DE--K--G-M-----FVKEKAYKTSEKDYLN---DQVKLDK--AKE-LYESC-

----SKV-----NSE---TVTD-----GEKGCERSNLLA-ICLTESAA

Q--V-----

-----

-----RLV---KS-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP43\_HMEL022602\_AB\_HmOBP8\_

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----KYAE

IIMTCAKDY-----PITP-E-----DI---EQLK-NSKL-----

---PD-----NAKCLFACAYKT--SGMM-----

-DD---Q-G-K-----LSVEGVNKL AHTFLAD---DPERLKK--AEQ-FTDAC-

----KSV-----NEE---EVSD-----GDKGCERAALIF-KCSIEKAP

QVINN-----

-----

-----KIE---M-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----



[illegible]

-----  
-----  
-----  
-----MLVF-----  
-----ILF--SAH-----  
---NMEN-----KCDE-----DVSP-TCVPSVD  
PIEECIEKL-----HVNRA-----LV---EKLK-SGNSK-----  
--LF-----DK-NLKRWLLCFFEK--TCVM-----  
-TP---D--G-V-----LRQDVVLKDIPD-----QDKSK--IEK-ITSIC-  
----LYQ-----KLH-----FA-----VDTAWNYL-NCFREKDP  
K--Y-----

-----  
-----SVI---ANKI---

-----  
>Hmel-OBP10\_HMEL007612\_  
-----  
-----

-----  
-----MKT-----  
-----IVL--AIC---FV-----  
-----AAQA-----LTDE-QDKDLKK  
HKSECLAET-----KVDE-K-----LV---DKLK-TGDFE-----  
--IE-----NE-PLKNYTLCLMLVK--SGLM-----  
-SM---D-G-E-----FKKDVALAKVPNA-----ADKQL--VGQ-LIDL-  
----LAN-----KGA-----AP-----EETAWNYS-KCYHQKDA  
K--H-----  
-----  
-----SIF---Q-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP11\_HMEL007613\_AB\_HmOBP31\_  
-----  
-----



-----  
-----MKT-----  
-----IVL--AIC--FV-----  
-----AAQA-----LSDE-QKDKLKK  
HRSECLAET-----KADE-Q-----LV---NKLK-TGDFK-----  
---TE-----NE-PLKKYSLCMLIK--SELM-----  
-TK---D--G-K-----FKKDVALAKVPNA-----ADKPA--VEK-LIDL-  
----LAN-----KGN-----TP-----HQTAWNYS-KCYHEKDP  
K---H-----

-----  
-----SIF---Q-----

-----  
>Hmel-OBP24\_HMEL015914\_AB\_HmOBP25\_  
-----  
-----  
-----  
-----



-----  
-----TII-----LPPA-RAFDIVQ  
ASSKCIEEL-----NLEK-N-----IL----QKYL-AWEL-----  
---SD-----CE-STRKMYCLGTQ--SGYI-----  
-AN--D-G-S-----IVKNKAFEVVG-----SHRNR--VNG-IIDEC-  
----HEF-----KHN-----DK-----YEAVYRNV-MCFNKKSR  
L--H-----

-----  
-----FKV-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP26\_HMEL015917\_AB\_HmOBP22\_  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----IVI-----LPPA-RVPGIAQ  
ASSKCI EEL-----NLEK-D-----TL---QKFL-AWEL-----  
---SD-----SE-STRKYVYCLGTE--SGYM-----  
-AK---D--G-S-----IHKNEVLEVVG-----NHRNR--VDG-VIDEC-  
----NER-----KYN-----DK-----YEAVFHNV-ICFNEKSG  
L--H-----

-----FKF-----

>Hmel-OBP27\_HMEL015918\_AB\_HmOBP23\_

-----MDTGKMRAV-----

-----WCL--FLV-----

TLATVYAG-----NVKVEYVD-----IPKD-YIPAVEK

ASFECIKKL-----KLEEEQI-----SL---QGFL-NWEL-----

---SE-----SD-NTKKYIFCLANG--SGFF-----

-AD---D--G-S-----ILKDKVLAIMG-----KYRDR--VDK-VIDEC-

----SKV-----KYD-----NK-----YEEVYRME-VCFRDLSG

L---Y-----

-----

-----FRM-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP28\_HMEL015920\_AB\_HmOBP27\_

-----

-----

-----

-----

-----MNTL-----

-----WFF--LFL-----

SIALVKGK-----ALFH-----VPPE-YAGEILK

AAADCIDST-----GAGV-D-----AV---QKVI-SANL-----

--EN-----TE-PFKKFLYCFSSK--SGYV-----

-DS---D--G-H-----FIVDQMTKLIGNH-----KDKAK--FID-NLNLC-

----NKS-----EGG-----NT-----IDTIYQIA-VCFKDNSP

I--Y-----

-----

-----FTV-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP29\_HMEL015921\_

-----

-----

-----

-----

-----MKTF-----

-----WCF--LFL-----

SIALVSGR-----AIVN-----VSQE-FTGDILK

TAVDCTDSS-----GAGV-D-----AL---QKMA-SANF-----

--ED-----TE-PFKKFLYCFASN--SGYV-----

-DS---D--G-H-----FIMDKMTKLIGNH-----KDKAK--YVD-AINLC-

----NKR-----KGG-----RT-----IDTIYELA-NCFKDHSP

I---Y-----

-----

-----FTL-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP30\_HMEL015922\_

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----MFD-----IPKE-FVPDIK

ASAECADKL-----GLDTLN-----IL---SKFF-SGEL-----

---KD-----SE-SVRQYMYCLGTT--SGYV-----

-ND---D--G-R-----LNKDRLGKVVG-----EHKSK--VES-VVDEC-

----NKA-----KAS-----DK-----YETVYKAV-VCFRENSG

L--Q-----

-----

-----FKI-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP31\_HMEL015923\_

-----

-----

-----

-----

-----MLMR-----

-----KNP--ICI-----YI

SIIYLGVQ-----YVLVEYIK-----VPKE-FIDDAIN

GSGQCAEEL-----GLPG-D-----TL---NKLL-SNNF-----

---ED-----SQ-AMRKYIYCLGIA--LDVG-----

-DG---T--G-----SLKHSLSKYASND-----RRKAE--ITK-TIDEC-

----NKE-----KAS-----DK-----YEKAYKVS-TCYLNTSS



V--Q-----

-----

-----FKV-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP32\_HMEL015924\_AB\_HmOBP10\_

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----TYFK-----IPKE-FIEDAIK

GSVHCTEEL-----GLPV-D-----TL----NMFL-SDNF-----

---ED-----SP-TMRKYIYCLGLA--VDVS-----

-EE---D--G-----SLKHSLSKYANND-----KRKAE--VIQ-RVDEC-

---NKQ-----EAN-----DK-----YEKVYKVS-TCYLNTSS

V--Q-----

-----  
-----FKV-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP33\_HMEL015925\_AB\_HmOBP23\_HMEL015918\_  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----AYIK-----VGKE-FTEDAIK  
GSVHCTDEL-----KLPV-E-----TL----QTFL-TSKY-----  
--ED-----SL-PMRKYYICLGIM--LDVG-----  
-DE--N--G-----NLKHSLSKYAGNN-----KRKAE--ILE-TIDEC-  
----NKL-----EAS-----DK-----YEKALKVS-TCYLNKSS  
L--L-----  
-----

-----FEIKKD-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP34\_HMEL015927\_AB\_HmOBP15\_

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----AYIK-----VGKE-FTEDAIK

GSVHCTDEL-----GLPV-D-----TL----QTFL-TSKY-----

---ED-----SP-LMRKYIYCLGIM--LDVG-----

-EE--D--G-----SLKHSLSKYAGND-----KRKVE--VLK-TIDEC-

----NKL-----EAS-----DK-----YEKAIKVS-TCYLNKSP

L---L-----

-----

-----FEIKKD-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP35\_HMEL015928\_AB\_HmOBP5\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MKVL-----

-----IIC--VGL-----

---FALIE-----A---HNIH-----LSHG-QKEKVKE

YAAECMKES-----GAKP-E-----VL---ADAK-KGHL-----

---VD-----DE-GLKKFILCFFQK--TGVLE-----

-SS---D--A-K-----LNTDVALSKLPAG-----IDKVT--AAK-VLNDC-

----KNK-----KGA-----TH-----ADTAFEIF-KCYYTHTK

Q---H-----

-----

-----ILF---EK-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP37\_HMEL018118\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----IIA-----MPPA-RISRIVM  
ASSKCIEEL-----NLEK-D-----TM---QKFF-AWQL-----  
--SD-----SE-STRKYTYCLGTG--SGYI-----  
-DS---D--G-S-----IIKNEVLDIVG-----SHRDR--VNA-IIDEC-  
----NKS-----KYN-----DK-----YETAFRSV-MCFNEKSG  
L--Q-----

-----  
-----FKV-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP41\_HMEL022561\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

---YLKES-----AAKS-K-----IL---ANTN-KRHL-----

---ID-----YEEL-----

-SS--D--D-K-----LNTDIALCLKPA-----KVT--AAK-VFND-

----ENK-----QGA-----TR-----AYTAFEIC-NVTTLHN

QLLYL-----

-----

-----KNK-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP42\_HMEL022573\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----YAGVILK

AAADCIEST-----GVGA-D-----AV---QKVI-AANL-----

---EN-----TE-PFKKFLYCFSSK--SGYV-----

-DG---D--G-H-----LIVDQMIKLVGNH-----KDKAK--FID-VINLC-

----NKS-----KGG-----NT-----LDTMFQTT-VCFKQNSP

I--Y-----

-----

-----LTL-----

-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP1\_HMEL003176\_AB\_HmOBP41\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MSVR-----

-----VLF--IFI--IV-----TA

CQANIQV-----SPPV-TCGYLPR

AIHECIGSP-----HIVK-P-----EI---SAQC-S-----

-----KSISECERMTCVFQK--SGWM-----

-SG-----N-A-----VDKDKVKSYFDQFSTD---NPQWALA--VNH-VKAAC-

---LNM-----DLP---SQGV-----Y---LNCPAYDILTCVFSGFI

---K-----

-----

-----NAQPD--QWSSSES

CSYPRQFASACPYCPSDCFAAQVPIGSCNACLALPRSP-----

-----  
-----  
-----  
-----



-----  
-----  
-----  
-----

>Hmel-OBP5\_HMEL006666\_AB\_HmOBP43\_

-----  
-----  
-----  
-----

-----MLRI-----

-----PLV--AIF-----

-----ILK

PISACCDIP-----EMGDVG-----PL---SECS-NP-----

-----RLPGPCNEVQCVFEK--SGFL-----

-ID--K--Q-T-----LNKEAYRAHLRQWVEG---HKGWEDA--VEK-AIKDC-

----VDR-----DLR---QYLD-----NPCKAYDVFTCTGIAML

---K-----

-----

-----VRK-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Hmel-OBP38\_HMEL022514\_AB\_HmOBP40\_

-----

-----

-----

-----

-----EF-----

-----IQP--KWR-----TD

CGFKLKWD-----DINR-LSIFNES

DVTTTTTEA-----TSLRNK-----DV---K-----

-----IVPLPCDKQNCIFSK--LNIT-----

-ND-----G-V-----IDKDAFSRLDTHMTHR---HTQWTS--KAK-VVTQC-

----LNK-----PLL---GYE-----EDCEINRILACTYDILT

---E-----

-----

-----VCY-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
>Hmel-OBP40\_HMEL022553\_AB\_HmOBP42\_  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MHQT-----

-----VVF--CLL--IF-----QV

VTAEP PPP-----QCRG-PPAGLQK

NPKECCKFP-----KVFKEE-----DF---KECG-IEKPSEE--D

GSFHH-----RGPPDCDKQICLLQI--NNLM-----

-KD---D--T-T-----IDKDAVTA FMQKWGDA----NGDFKDA--VDV-AIDRC-

---VKG-----DLP---GPP-----ELCEATKMIFCIGSTMF

---M-----

-----NCP---KWEDTDD

CKKVKEHIEECKPYFN-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----



>Bany-OBP\_CN1\_GW3I2KR01B64MG\_35Frame3

-----  
-----  
-----  
-----

-----DRRTGV-----

-----RMF--RNV--FL-----ML

CSVSVG-L-----Y---ADVE-----VMKD-VTLGFGE

ALQHCREES-----QLSE-D-----KM---E-EF-FHFWRDD--F

--KFE-----DR-ELGCAIKCMSAH--YDLL-----

-TD---S--H-R-----MHENTDRFIKSFPNG---E-VLSQQ--MVQ-LIHEC-

----EQQ-----HDA---EE-D-----H--CWRILRVA-ECFKGACQ

R---H-----

-----

-----GIA---PTMEMLM

AEFIMEAESRTSTALVD--FTSLRNIIYTSILYKAEFVCLFERANLINYWSDLKNYFS

ARPIYRGRLAIYPSIPTGPRTRVKPRGVSYYHKLTNGLDTKAGRIHPFFVFGILMRNF

DLEFRTLRFSSSGMHIVSSARIRYVREEFVQFENKNVFAGGSPPYRQRRTTKRFRVPYDV

VWIFIPLLTSPAFILDCIT-----

----IRDCSQGL-----TC-----

-----KEK

RK-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN2\_GZKG99Z02D6PVR\_35Frame1

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----CAIMCMAS---IRPI-----

-AD---D--M-S-----LHHQNAHEFAKTHGAD---D-DMAKQ--LVN-MLHDC-

----EKV-----HDS---IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH

E---L-----

-----

-----KWA---PSMEEIL

EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFANRQMVLGNHNIVRGHSRFIVFKITV--LNTKG

RRKQKYNI-----DSLHNLVVNISNLNTGQSSGNLLQ

-----KKTRKT-TSKALITKWLDYITRNNTNDIILYL-----

-----VEYNP-----YIISHNNFIEVV-----

-----

-----ASYFR-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN3\_GE679317\_35Frame2

-----

-----  
-----  
-----  
-----SSGQRRVAITAGDRYNNMATRARWR-----  
-----FLA--V---VV-----FV  
VTHGHR-A-----I---ASQE-----IMKK-LTTGFSK  
ALEECKQEM-----GFGE-H-----IM---K-DF-YNWYWKED--Y  
--ELL-----NR-ETGCAIMCMASK--FDLI-----  
-AD---D--M-S-----LHHQNAHEFAKTHGAD---D-DMAKQ--LVN-MLHDC-  
-----EKV-----HDS---IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH  
E---L-----  
-----  
-----KWA----PSMEEIL  
EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFAN-QMVLGNHNIARGHSRFSFILSFLRHLYLIQ  
KADASRNIIILLRHLYLIQKADASRNIIILSFFFLLNLICYPNVLVDSLTFGSQILNRYR  
ITLVRVVVTCKKTRKTLTSLKALTTLKILYCTYLVEYNPVMHLRITQLYRGGRFVFQFVS  
TVMLIWFRDGSVKLLESYKTKLYFP-----YYVPHYGLTNIISLKICLCVLDILF  
IFNELEIIVKHIAIELQRILLEKTPLITTAFRSTAAMSLHFTLASCLTMLSETTYLLCLWR  
LRSFGRENGAAYFNMRGLNCLSAAAKTVGLRAPAVYDNIFCFGQHLYVF-----LV  
KVFDTRSNSMIIC-----LLNVFHCNLMIACLLNVFHCNSMITCTLSLQLPNNTTNCLMF  
YGFKYLTLLPATCQIAFRLFNPHVLCVFFVWNVNQTSIWCTDKKKTLLIPLSLPLSYRNH  
STVGKYLDITLPLQFHHFKRNIIYL

>Bany-OBP\_CN4\_GE686547\_53Frame2

-----  
-----

-----  
-----  
-----QTNNRTNEDYGRTTYLR-----  
-----LVG--R---YF-----TF  
VNNMGT-S-----Y---SFPR-----NHEE-TNHRVSK  
ALEECKQEM-----GFGE-H-----IM---K-DF-YNWYWKED--Y  
--ELL-----NR-ETGCAIMCMASK--FDLI-----  
-AD--D--M-S-----LHHQNAHEFAKTHGAD---D-DMAKQ--LVN-MLHDC-  
----EKV-----HDS---IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH  
E---L-----  
-----  
-----KWA---PSMEEIL  
EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFPN----ISSLDVGTKSYCRSIFIYRF--DNCSY  
KRPTQAEIY-----FLVTFGSQLINRYRIILGRVVVTC  
-----CKKHAKPLLKPLLNDLYYIVPSIPLHLTFTYH-----K  
LIISRWSLRISVCLLNGYANMVMRW-----VSIMIRKLQNIIFSILCSSLWPHY  
PVKDLFMCFRYSFHIVEDYRKAYLSHRVTTSTREDTTHHYLPINCG-----DIAT  
LHISFVLAYYVERNVIYGAYEVLVAKTALHILIVEDLTNVLVLQKILKSACVELSVCDML  
FVLDSISSTYFLVTQFKLVLSRTYLILVVTQFKFVFSRTYFIVTQFKLVLYNNPSS----  
----YQITRRPACFMDFRNIRFSQQLVRHLGYLILMYCVYFKWCGMLTNKQVFGIQKKKI  
ITKKK-----

>Bany-OBP\_CN5\_GE680338\_53Frame3

-----  
-----  
-----



```
-----XLRPGV  
KRHCGHYGRGSPSLSNM-----IVPN-----  
-----YCG--GFL-----VL  
VLYFIHF-----S---NYAM-----TRQQ-LKNSGKL  
MKKSCMPKN-----EVTE-E----QI---GQIE-QGKF-----  
--IE-----ER-NVMCYVACVYSM--TQVV-----  
-KN-----N-K-----LNHEAIIKQVDMMFPP-----DMRDA--VKV-AVENC-  
----KDI----GKK---YKDI-----CEASYWTA-KCMYDYDP  
  
K---N-----  
-----  
-----FVFPNCNNTYFKKE  
  
KKEKK-----  
  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----
```

>Bany-OBP\_CN6\_GS8R7LM03EULY6\_53Frame1

```
-----  
-----  
-----  
-----XXXX
```

LRPGIHFFSERFRVCKM-----DRID-----

-----FSL--LII-----VT

VL---AS-----G---IDSM-----TRQQ-LKNSSKM

LKKSCMGKN-----DVTE-D-----LV---GDIE-KGKF-----

---IE-----ER-NVMCIYACIYQM--SQII-----

-KN-----N-K-----LNYEASVKQVDMMFPP-----EMKDA--MKA-SIEKC-

----KDI-----SKK----YKDI-----CEASYWTA-KCIYEDNP

K--N-----

-----

-----FIFAFDFYNKRYLS

IKNLLKNTKKKKE-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN7\_GE682000\_35Frame2

-----

-----

-----

-----

-----YQRRVAITAGEIDTENTE-----

---



LKNRNNKRS-----KTYEA-CK-----AN---K-LI-LGYLLKY--F

FKVIF-----WNSRLLFIYILFFES--FVRF-----

-PS---Y--M-S-----TNLLNVLSILKVFFLI---L-IKDGQ--LMS-TNQGA-

----RAI-----ADV---DQ-S-----R---PTNWGKRS-VGGARRLR

S---S-----

-----

-----RAS---FEILELL

KSVIKLRKVNKICYCAKRKFYFHTGLNLTPLFNFFINNFYFCYFMFIVVLSYFYPRKTNW

D-----

-----

-----TVVIPCLFHINNITVSYCIFTLITYCSYIRVCI

VCCNGRASWNRILN-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN10\_GW3I2KR01E2YNH\_53Frame3

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

----NDSF-----RVEM-S-----YL---A-SF-NKSGSFP---

--DE-----TDKTPKCFMRCVLEK--SGVA-----

-SP--A--S-Q-----FNVKRTAEIFPQIRDI-----AEED--IVK-IATEC-

----TDR-----PET-----C-----K--CERSYQYL-KCLMETVI

E--I-----

-----

-----YDV---KNNFPIF

GFPNKHTYPLL-----LLFFHGKIYKTLLKIKK--ICYYNRFIINFFILMCTYSNV

KSIKRK-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN11\_GE680903\_35Frame3

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

----YDSL-----RRGG-N-----VT---AGSF-NKSGSFP---

--DE-----TDKTPKCFMRCVLEK--SGVA-----

-SP--A--S-Q-----FNVKRTAEIFPQIRDI-----AEED--IVK-IATEC-

----TDR-----PET-----C-----K--CERSYQYL-KCLMETVI

E--I-----

-----

-----YDV---KIKPFPS

LVPICILITASAFVFFPIYLFVLFNFKQKIYKTLLKFIKKNVTIHALFSIFDLYCNVHI

KAMFKNIKKKNFSINKYTGRYFKNYLFYVMSFLYNLYRLGNKHCNSLKSPLINKSLLNH-

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN12\_GS8R7LM03EMD3J\_53Frame2

-----

-----

-----

-----

-----AITAGERPLRPGEE-----

-----AMS--ILI-----AV

VKFLALT-----L--CDAM-----TMKQ-IKSTGKM

MRKTCQPKI-----NVAD-E-----KI---DPLN-EGVF-----

--IE-----EK-EVMCYIACIMKM--ANAV-----

-KN-----N-K-----LNYEAAMKQADILFPE-----EIKQP--AKD-AITAC-

----RKV-----ADS---YKDI-----CEASFFVT-KCIYNHNP

A--I-----

-----

-----FYFPLLNLWHKGKK

K-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----PLRPGSYK

-----WFF--AFL-----

SVALVNGK-----K---ATVT-----IPPE-YAGELIT

ASVDCVRDT-----GVDP-D-----ML---NQIV-QWKL-----

---QE-----ND-NVKKFIFCVATA--TGYG-----

-DS--D--G-H-----VVVDKAEKLLSNSH-----KKKEE--FKN-ILKEC-

----NKI-----SGS-----DK-----YDTLYKTA-KCNREKQP



I--V-----

-----

-----FSLKKLRVAYEGIN

KMKTQGCLLTSKFSLNKGLCLREINI-KILRKE-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN14\_GS8R7LM02B1WGH\_53Frame1

-----

-----

-----

-----LRPGRSHYGYLVSKLL

SSIVLNYIKHKINKINKINKINKYKTMSNTF-----

-----WLF--AFL-----

SVVTVYGK-----R---ATVT-----IPPE-YAAELVT

ASVGCVRNT-----GVDP-N-----IL---DQIV-QWNF-----

---QE-----TD-NVKKFIYCMSLA--SGFG-----

-DS---D--G-H-----LIIDKVARLVSDSN-----KKKDE--LIN-ALKEC-

----NTL-----SGS-----DK-----YDTLFKTV-KCNREKQP

I--V-----

-----  
-----FSFIYLKHIAMNT  
TGGFCCLLRRYYQNQVSSYLKGCVWKT KIKGSKKK-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bany-OBP\_CN15\_GE680950\_35Frame2

YGRGNGFGLRAEKQRNIDAAMTSAALLVFLFLVSFGHGAKESRNLARKSKEIIQHVHNE  
C

VDKSSVSTQSGHYGRGRNKGITPLHLRRLCLFCSSFRLVTERKKSRNLARKSKKYNMFT  
T

SVSIKPPRRTRIAKTAYLRRTHYLRLRGGETKEYRRRYDICGAACVSVPRFVWSRSEKA  
GTRGNQRNNTTCSQRVCRNRSNRGGHSELKRKHIGGHKIEVLHVLFTGRRESCCWQCFY  
S

TNASLWEKSSSNKYLLRGEKQRNIDAAMTSA-----

-----ALL--VFL-----F-L

VSFGHGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH

VHNECVDKT-----GVTE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

---KE-----DT-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DD---D-G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-

----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP

N---F-----

-----  
-----YFLFYSTNASLWEK  
SSSNKYVLNIFAWFKKKKKKKKLCVNCFKCCINRVYCIYYIKCNNNRNLVKKEK-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bany-OBP\_CN16\_GS8R7LM03C9PJO\_35Frame1

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----HDS---IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH  
E--L-----  
-----

-----KWA---PSMEEIL  
EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFANRQMV LGNHNIARGHSRFSFILYFL--VNI--  
-----IWESINKILNLNTGRSSDNLLQ  
-----KTRKT-TCKALITK-LDYITRNNTNDIILYLVEYNPYIISHNNYFKVV  
ASYFSLSPKRLCYGLDEMQLNYDKVTKLNYIFHIMFLT MASLILLASERFVYVFIFFSY  
LMSRLSSIFRPLSYNVYRRHHSSLLPSDKLWRYRYTSHFRASLLCTKR-----NLWR  
LRNFGRENGAAYFN SMRGLNCLSAAAKTVSLRAPAVYDNIFCFGQHLYVFLSNSMIACL  
V  
NVFDTRSNSMIVC-----LLNVFHCNLMIACLLDVFHCNSMIACTLSLQLPNNTTTYLMF  
YGFKYLTLLPATCQIAFRLFNPHVLCVFVWNVNQTSVWYTKKKNYKYGK-----  
-----  
>Bany-OBP\_CN17\_GS8R7LM02B5M46\_35Frame1  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----ITAGVSTQSGHYGRDCEKARGTMASC-----  
-----WY--VMV--VV-----VM  
SMVSRP-V-----A--GTAE-----VMSH-VTAHFGK  
SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F  
--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----  
-ED---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-  
-----EQE-----YDD---IK-D-----D---CSR VVKVA-ACFKVSAK  
D---E-----  
-----  
-----GIA---PEVAMIE

AVLEKYVHGIKSRTLIFYFSFSH--VTRATDLQFFFYSLQVSSLQSHLMVSDDAIDESRQT  
CVEDENLYPFRFLHDIVLERIAWRYVVFVGRVVVTSHGQSLPPARPGPIKKTSISPAGNRTQ  
DLRLNSPRTPLRYGGRQKCNCVLSNRNFNQNHKNCTIKTVKNCRSVGYITYYFEITII  
RITNFLFNRSFRRIEKKCTQLYYNNHFPFLCYCYLLRLVSKLTDVIITIVIDFENELDFH  
KNNL-----VFIFSLQNEKFTIHYLVHLYCKLWTKGLNN---IVLSNLYVKIDY  
RINFVRNRDYGESLRENGHFGILIKKQFKIKKKKKEKLCV-----

-D-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN18\_GE654902\_53Frame2

-----

-----

-----

-----

-----VSTQSGHYAAITAGGEKARGTMASC-----

-----WY--IMV--VV-----VM

SLVSRP-V-----A---GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F

--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----

-ED---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-

----EQE-----YDD---IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK

D---E-----

-----

-----GIA---PEVAMIE

AVLEKYVHGIKSRTLIFYFSFFKYNLQTFSFNCAVLIVQFSSLSELESPPRRMRGVRPIVHH

AGPMRIGKHAENENSLVCRFPHDIFLHRLRHVIFFLKMHTTEKLECMRTEFEPTPFGI-  
-----GGRGHIHWAITARYSLILSKFQSKSLEKLYSNCKKLPVCKLHNLLKQLFVSLN  
FCNLI-----KVFEDSNAPNKCNTTMIIFHSFVIAIY--DLVNQRSELLSI  
LNKMNWTSTKIISYNLANIYFQPFKKLRKVYNLSLSSALNL-LIMDRPEYCAKYMQKIIDD  
RISLYETETMANHCMKT-DTDLVYRSNLKIKKEKKKLCVD-----

-T-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN19\_GS8R7LM02B0493\_53Frame1

-----

-----

-----

-----

-----

-----GH--YGR-----

-----G-----R---ESAR-----YHGV-VLVHYGG

DGDVYGVQT-----SGRY-S-----GD---E-PC-YCAFREI--F

--RRV-----SR-RVGSLTRDSGRV--PTFL-----

-ER---G--L-RGGAPAGLCPHLHVNMHDYIKSFPKG----E-LLSAK--MVE-LIHNC-

----EQE-----YDD----IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK

D---E-----

-----

-----GIA----PEVAMIE

AVLEKYVHGIKSRTLFIYFSFFKYNLQTFSFNCAVLIVQFSSLSELESPLRMRKVRPIVHH

AGPMRIGRLYTRRELRLKLSGFLTIFSFTVDTYFNFLKCTQLKSWRCMPRTGFETTPSGI-

-----GGRGHIHWDITARYSLILSKFQSKSLEKLYSNKKLPVCRLQP  
ITITHCITSFRRIEKKCTQLYDNNHFPFLCYFYLLRLVSKLTEVITIVIDFDYYELVFH  
KNNL-----VQFSKHLFSAFYKTKENLQFICTFIVNYVLKAILCVTYMQKYIID  
DRISLETETTANHCMKT-DTDLVYRSNLKLKKKKKKKICVY-----  
-H-----  
-----  
-----  
>Bany-OBP\_CN20\_GE680902\_53Frame3  
-----  
-----  
-----  
FFFVTTSPCREWVICAPAAFLGCGSRFSGSLSGIEPFPVTRDNHGSRRNYHRKLIRQTFE  
RCVERRVAITAGGISTMNRNMNFVYAITFAL-----  
-----ITF--SVT--ECATKEKDKNNA  
KVETTTAS-----V--SVEE-----RDKS-EEFNLME  
VMVECNDSF-----RVEM-S-----YL----A-SF-NKSGSFP---  
---DE-----TDKTPKCFMRCVLEK--SGVA-----  
-SP--A--S-Q-----FNVKRTAEIFPQIRDI-----AEED--IVK-IATEC-  
----TDR-----PET-----C-----K--CERSYQYL-KCLMETVI  
E--I-----  
-----  
-----YDV---KNTFAIF  
GFPNKHIYPPLLFSLIYLFVLFNFKQKIYKTLLKFKKKIVILIALFSIFDFILMCAYSNV  
KSKKEK-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bany-OBP\_CN21\_GE660702\_53Frame2

-----  
-----  
-----  
-----

-----AITAGDTISDIQ-----

-----EDT--RVFYKMFIKKLFFYNFVI

LITFCNFN-----N--IHAK-----NADD-LKQNFMH

ILMECAKDY-----PITG-D-----DV---EQFK-NKQV-----

---PD-----NE-NMRCLLACAYKK--TGMM-----

-DD---Q--G-M-----LSVEGVNKYTQEYLGD---DSNKLEK--AHD-FTDVC-

----KSV-----NDV---SVSD-----GSKGCDRAALMF-KCSVDKAA

E---F-----

-----

-----GFD---IVLYNPI

REEKELAHLERRIYAEPKTQIVIKLDIVCNVLYLLLRLSCIHLLLLQLYQIDHLDGKLNW

QMRIIEPLKLIIFYIAFKNTAFYIIDFIFDAFLMLSCQLFSLLYKSMLGIVSIQFLLLLN

IFKGKNIKIQR LAVCISLFYLV TLLVCFFKLIMAISSCVLKISTRNPFNTTGTVNSFFNY

YYVFVVGIKTNIEVVKKKEKRK-----



-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bany-OBP\_CN22\_GS8R7LM03DK2TO\_35Frame1

-----  
-----  
-----  
-----

-----YLRSGVFVVVKSSVTYWSFV-----

-----VWY--VMV--VV-----VM

SMVSRP-V-----A--GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F

--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----

-ED---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-

----EQE-----YDD---IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK

D---E-----

-----

-----GIA----PEVAMIE

AVLEKY-IHQIGNSIPDLILLFSSCNPGYRPSVFFTLYKLALDYNLTWSVMTQSRWKRAN

LLGGGNPYPPFRFQHDIVLERIAWRYVFVDRVVTSHGQRPTSQTWTNNLNRPSWGSNPGP  
-

-----PSHTTAPRRPSKVLRSFNTVLSNRIFIKIFRKTQVQFKLKKTAGLVVPITITIIC

ITKFLYFNRSFRRIEKKCTQLYNNNHFPSPCYCYLLRLVSKLTEVI--IVINFENELEFH

KNNL-----IHLANIYFQAFYKTKKSLQFICTFIVNYVLKAILCVTYMQKYIID

DRISLETETTANHCIEN-GT-----TRIVITKKKDXXX-----

-X-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN23\_GS8R7LM03D9HP1\_53Frame2

-----

-----

-----

-----

-----

-----EKD--TEL--TPEQRREEQSKYG

IFFDDDDYN-----Y---LQHL-----KDTR-EEFNLME

VMVECNDSF-----RVEM-S-----YL----A-SF-NKSGSFP---

---DE-----TDKTPKCFMRCVLEK--SGVA-----

-SP--A--S-Q-----FNVKRTAEIFPQIRDI-----AEED--IVK-IATEC-

----TDR-----PET-----C-----K--CERSYQYL-KCLMETVI

E---I-----

-----

-----YDV----KIKPFQS

LVVPICILTLPFPLLLLFSSNFFLILKVLKNIQNTVKIYKKKLLLSSLYFQFLIYT----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN24\_GW3I2KR01A0OH8\_53Frame3

-----

-----

-----

-----

-----TAGGHCQSRTGRKLCDRRTGV-----

-----RMF--RNV--FL-----ML

CSVSVG-L-----Y---ADVE-----VMKD-VTLGFGE

ALQHCREES-----QLSE-D-----KM---E-EF-FHFWRDD--F

--KFE-----DR-ELGCAIKCMSAH--YDLL-----

-TD--S--H-R-----MHHENTDRFIKSFPNG---E-VLSQQ--MVQ-LIHEC-

----EQQ-----HDA---EE-D-----H--CWRILRVA-ECFKGACQ

R---H-----

-----

-----GIA---PTMEMLM

AEFIMEAESRTTTALVSLHFTSKYHLYFYTNISRVLNALISGTTGPIKIISVLDSPFIEG

YYP-----TGARTTRVKPRGVSYHKLTNGLDTKAGRIHPFFVFVILMRNF

DLEFRTLRFSSSGMYIVSSARIRYVREEFVQFENKNVLAGGSPPYRQRRTTKQFRVPYDV

VWIFIPLLTSPAFILDCIITDYQVRLRANLRKRKKNVHVRHLMVFYIDFMHSVFRTLKTD

SENVGIRKYVKGVYAAGLNVNLLRTSGRPHHLREKLKNTCMFIMETDAWSTHYSHNPG  
LI

YLKYVAIQTRLPEPVVYTSLLMHGTVSGTTTKYTTSKYFYTYAAPIVCNVHIKAMFKNI

KE-----

>Bany-OBP\_CN25\_GW3I2KR01AJ48K\_53Frame3

-----XXXITAGDCEKARGTMASC-----

-----WY--VMV--VV-----VM

SMVSRP-V-----A---GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHALYQE--L

SQRAV-----ISKDGRNTTLARVRH--QGLQ-----

-PR---GEGGGV-----LQSERQGRRNRSSGYD---RSGLRKV--LSS-LVGNIP

DLILLFFV-----PSDLQFLRSFN-----CTVFIIARVSSQNERG

A---N-----

-----SPPRWPNADWQTLH

TQRIKETLWCAGFHTIFSFTVDTYFNFLKCTQLKSWSVCRGPDSNLRPPESEAEVIFTG-

-----LSRLGTVLSNRNFNQNHKNCTVKIEKKLPVCRLHNLLLNNNY

SYHFFVISKFSKNRMKKCTQLYNNHFPFLCYCYLLRQVSKTEVIIVINFEN-----

-----

>Bany-OBP\_CN26\_GW3I2KR01BW94F\_53Frame1

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----M---E-EF-FHFWRDD--F

--KFE-----DR-ELGCAIKCMSAH--YDLL-----

-TD---S--H-R-----MHHENTDRFIKSFPNG---E-VLSHT--FF-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN27\_GZKG99Z02C1ZKR\_53Frame3

XXXT-----

-----

-----

-----

-----IYGPGVNRLLV RPSMTSA-----

-----ALL--VFL-----F-L

VSFGHGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH

VHNECVDKT-----GVTE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

---KE-----DT-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DD---D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-

----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP

K---F-----

-----

-----YLLF-STLLMLADW

EKSYKILF-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN28\_GE681934\_35Frame2

-----



-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----M---V-E-----LIHNC-

----EQE-----YDD---IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK

D---E-----

-----

-----GIA---PEVAMIE

AVLEKY-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----

>Bany-OBP\_CN30\_GE679318\_35Frame1

-----



-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----LED--Y

--ELL-----NR-ETGCAIMCMASK--FDLI-----

-AD--D--M-S-----LHHQNAHEFAKTHGAD---D-DMAKQ--LVN-MLHDC-

----EKV-----HDS---IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH

E--L-----

-----

-----KWA---PSMEEIL

EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFANRQMVLGNHNIARGHSRFSFILYFL--VNI--

-----IWESINKILNLNTGRSSDNLLQ

-----KTRKT-TCKALITK-LDYIT-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN31\_GW3I2KR01B8IJW\_53Frame2

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----ESTPPECAVAKTHGAD---D-DMAKQ--LVN-MLHDC-

----EKV-----HDS----IV-D-----N---CSKTLEIS-KCFRTKIH

E---L-----

-----

-----KWA----PSMEEIL

EEVMTEVMIENWLEITRLNDVFLYSRFAN-QMVLGNHNIARGHSRFIVFKIPVLNTKGRR

KQKYNI-----DSLTFGSQLINRYRIILVRLVVTC

-----CKTRKTLTSKALTTKLILYCTLNITLTFNIYV-----SHNNYIEVV

ASYFSLSPKRLCYGLDEMGQLNYDKVTKLNYIFHIMFLTMA SLILLACERFVLLCFYYFF

FYIVGDYREAYLGHVTTSTREEHHSSLLPSVQ-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN32\_GE680582\_35Frame1

-----

-----

-----

-----HHRHHHHHHNVP  
TRRHGTFALSRPGPIYLRSGAREREGTMASC-----  
-----WY--IMV--VM-----VM  
SMVSRP-V-----A--GTAE-----VMSH-VTAHFGK  
SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F  
--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----  
-ED--D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-  
----EQE-----YDD---IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK  
D---E-----  
-----  
-----GIA---PEVAMIE  
AVLEKYVHKQVGNSIPDLILLFFSCNLGYRPSVFFYSLQVSPLQSHLMDSVITGTCHDEE  
TRFLMSIFPGCMDRGHDGIEVASKTRGCKKK-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
>Bany-OBP\_CN33\_GS8R7LM03DRG7F\_53Frame1  
-----  
-----FFFFQLNNILVAIIFLKSIRHNDLQL  
LFYIAQTVVCIHQTVDNFWASKGGIFSKDSMSTSFKLLYSSLSLFSLFFSKSFSCLKGFFF  
FLALLDFGSLPPRAGSGFARLLPSLDVVAVSQAPSPESNPDSPLPVTTMVVAENYHRKVD

KADIKMRRRYQRRVAITAGDCEKARGTMASC-----

-----WY--VMV--VV-----VM

SMVSRP-V-----A---GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F

--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----

-RT-----ISRAFPKV-----SCYQQ--RWNITVSK-

----SMT-----TSRMTAAA-WRWRRASK

A-----

-----

-----PRTKESL

LKWL-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_\_CN3435\_GW3I2KR01CVXZX

-----

-----

-----

-----

-----TAGGEKARGTMAPC-----

-----WY--IMV--VV-----VM  
SMVSRP-V-----A---GTAE-----VMSH-VTAHFGK  
SLEECRE-----E-----IL----E-EF-QHFWSED--F  
--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----  
-ED---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-  
----EQE-----YDD---IKDD-----CSRVVKVA-ACFKVSAK  
D--E-----  
-----  
-----GIA----PEVAMIE  
AVLEKYVHGIKSRTLFFYSFLSITFRPSVKTVKNCRSVSYITYYLNNNYSYHIFVISKFS  
KIRMHLTNVIQQFSIPLLLLFIKTSINRGLNNYCNRFIKIGLPQNNL-----  
-----  
-----  
-----VQFSKHLFSAFKTKESLTITLICTFIVNYGLK-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
>Bany-ABPX\_CN36\_GW3I2KR01AZ1VU1\_53Frame2  
-----  
-----  
-----  
-----XXXYGRGDIIALVNQS  
ALPRGITSMAITAGEVTFNWFNFYSNKMASK-----  
-----LVL--WMV-----

--LSCLVL-----GAFG-----MDAE-MAELAKM  
LRESCVDET-----GVDV-G-----LI---DKVN-AGADL-----  
---MQ-----DN-KLKCYIKCVMET--AGMM-----  
-SG-----G-D-----VDVEAVIAVLPE-----ELKKH--AN-TMRSC-  
----GTQ-----KGT-----DD-----CDTAFKTQ-ECWQKGNK  
Q--D-----

-----  
-----FFLILSNTYY----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bany-OBP\_CN37\_GE680035\_53Frame1

-----  
-----  
-----  
-----

-----GHLRPGEKQRNIDAAMTSA-----  
-----ALL--VFL-----F-L  
VSFGHGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH

VHNECVDKT-----GVT--E-----DI---ANCE-NGIF-----  
---KE-----DT-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----  
-DD---D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-  
----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP  
N---F-----

-----YFLFYSTNASLWEK  
SSSNKYVLNIFAWYVKKEK-----KKRK-----

>Bany-OBP\_CN38\_GZKG99Z02C7YYH\_35Frame2

YLRSGGS-----

-----KLKVIISTSVLLYYSCRSS-----

-----CLC--CFL-----VSS

FVLGHGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH

VHNECVDKT-----GVTE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

--KE-----DT-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DD---D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-

----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP

N--F-----

-----

-----YFLFYSTNASLWEK

SSSNKKVLEIKIITTIGF-----KKEK-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN39\_GZKG99Z02CZ4PM\_53Frame3

-----

-----

-----

-----

-----TAGDCEKARGTMASC-----

-----WY--IMV--VM-----VM

SMVSRP-V-----A---GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F

--EVV-----HR-ELGCALICMTIS--RAFP-----



-KV-----SCY-----QQRWNYITVSKSM TTS---RMTAAAW--RWR-RASKAP

RTKESHLK-----WRK---RSWK-----SIKFTSRELNPG-PYFTLVFL

S---I-----

-----

-----TFR---PSVKTVK

NCRSVSYITYYLNNNYLYHFSKNRMKEMHLTNVVQQSFLLLLFIKTSINRGLNNYCNRF

LIGFP-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN40\_GZXD38A01B7FTS1\_53Frame3

-----

-----

-----

-----

-----TAGGEKARGTMASC-----

-----WY--VMV--VV-----VM

SMVSRP-V-----A--GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECQEL-----SQRA-V-----IS---KDGR-TNTLARV--R

HQGLQ-----PRGEGGGVLQSERQG--RRNR-----

-TS-----G-----YDRSGLGKVLSSLVGNIPDLILLFFKY--NLQTFSFNC-

----AVL-----IVQFSSLSELE-----S---PRRMRGVRPIVHHAGPM

R---I-----

-----

-----GKH---AENEKLL

LGNSRFPHDIFLH-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN41\_GZXD38A01B7FTS2\_53Frame1

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----LRPGARK

REVPWRRVG-----TL-----WWW-----

-----CLWCPDQWLVLQ--RAML-----

-----LRISGNLKSFKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-

----EQE-----YDD---IKDD-----CSRVVKVA-ACFKVSAK

D--E-----

-----

-----GIA---PEVAMIE

AVLEKYVHGIKSRTLFIYFSFLSITFRPSVLTAQFLYSFHHYLSSSLAEGLGQSTTLAQ

CGLANTQRIKKNYVIAGFLTIFS-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-OBP\_CN42\_GZXD38A01BULAD\_53Frame2

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----IT-----AGERIGHVHSYS

GRKISVSTY-----TLRR-E-----KI---DPLN-EGVF-----

---IE-----EK-EVMCYIACIMKM--ANAV-----

-KN-----N-K-----LNYEAAMKQADILFPE-----EIKQP--AKD-AITAC-

----RKV-----ADS---YKDI-----CEASFFVT-KCIYNHNP

A---I-----

-----  
-----FYFPLLNLW-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bany-OBP\_CN43\_GZXD38A01B8Y5N\_35Frame1

-----  
-----  
-----  
-----

-----LFTVRGSRRLPIGRSLF-----

-----GYG--LLVGCIG-----LF

LLVSRP-V-----A---GTAE-----VMSH-VTAHFGK

SLEECREES-----GLSP-E-----IL---E-EF-QHFWSED--F

--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----

-ED---D--A-R-----MHHVNMHDYIKSFPKG---E-LLSAK--MVE-LIHNC-

----EQE-----YDD---IK-D-----D---CSRVVKVA-ACFKVSAK

E---R-----

-----

-----RKSNRSGTRKAMIE  
AVLEKLQLSRELNPGPYFTLVF-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bany-OBP\_CN44\_GZKG99Z02C6VHV\_35Frame1  
LFTVRGK-----

-----  
-----  
-----

-----KLKVIISTSVLLYYSCRSS-----

-----ALL--VFL-----F-L

VSFGHGAK-----EKPE-----LSEE-IKEIIQH

VHNECVDKT-----GVTE-E-----DI---ANCE-NGIF-----

---KE-----DT-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DD--D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-

----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP

N---F-----

-----

-----YFLFYSTNASLWEK

SSSYKICFRNNNYDVVK-----KEKR-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Bany-ABPX\_CN45\_GE680205\_53Frame2

-----

-----

-----

-----

-----RPLRPGHVTFNWFNFYSNKMASK-----

-----LVL--WMV-----

--LSCLVL-----GAFG-----MDAE-MAELAKM

LRESCVDET-----GVDV-G-----LI---DKVN-AGADL-----

---MQ-----DD-KLKCYIKCMET--AGMM-----

-SG-----G-D-----VDVEAVIAVLPE-----ELKKH---AN-TMRSC-

----GTQ-----KGT-----DD-----CDTAFKTQ-ECWQKGNK

Q---D-----

-----

-----FFLILQYILCVCIIY

KTLYFKKKK-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bany-OBP\_CN46\_GZKG99Z02D3ZH1\_53Frame1

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----GHYGRGK

QRNIDAAMT-----SAAL-----LV-----

-----FLFLVSFGHGAK--EKPV-----

-DD---D--G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-

----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP

N-----

-----

-----FLLFYSTNASLWEE

VVKICFELNIRIGLKEK-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Bany-OBP\_CN47\_GZKG99Z02DM7MM\_35Frame2

-----  
-----  
-----  
-----

-----AACV-----

-----SVP-----

RSFGHGAK-----KKTG-----TARK-IKEIIQQ

VHNECVDKT-----GVTE-E-----DI---ANCG-NGIF-----

---KE-----DT-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----

-DD--D-G-N-----VDYDMMISLIPE-----KYTDR--VGK-MINAC-

----KHL-----DTP---DKDS-----CQRAFDVH-KCSYAADP

N---F-----

-----

-----YFLFLVLYCLTMGE

VVKICFELNIRIGLKKKKEKRK-----

-----

-----



-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Ppol-OBP\_Gene0006371\_D2SNQ6\_HELVIOdorantbindingprotein

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MS--ILT-----VL

VKFLVTVT-----I--CEAM-----TMKQ-IKSTGKM

MRKSCQPKN-----NVED-E-----KI---DPLN-DGVF-----

---IE-----EK-DM-----

-KN-----G-K-----LNYEAAIKQADMLLPD-----EIKEP--TKA-AITAC-

----RKV-----ADS---YKDV-----CEASFYVT-KCIYKENP

D---I-----

-----

-----FFFP-----

-----

-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Ppol-OBP\_Gene0006368\_C0SQ83\_BOMMOOdorantbindingprotein

-----  
-----  
-----  
-----

-----MYKL-----

-----YLY--VNL-----CLI

ALMPFKSH-----A---MTAE-----QKAA-IHEHFEE

LGTECMKDY-----PITE-E-----DV---NNLR-AKKI-----

---GT-----GE-NVPCFLSCLLK--VGIM-----

-DD--K--G-M-----LQKETALEYAKKVFND-----AEELKL--IEG-YLHSC-

----SHI-----NGE---TVTD-----GEKGCDRALLSF-QCMLLENAS

Q--F-----

-----

-----GFD---V-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----

>Ppol-OBP\_Gene0006898\_C0SQ81\_BOMMOOdorantbindingprotein

-----  
-----  
-----  
-----

-----MLYF-----

-----VVV--LSL-----MS

MVALGEGS-----K--PSIQ-----LPAI-VVNVAKE

AASTCLTET-----GASQ-E-----VS---DNFF-KLKF-----

--GT-----DP-DSKSFLYCVARK--TNYA-----

-DE--D-G-----HLNEALLTLFEGS-----EHKDG--VAK-VMETC-

----NKN-----QES-----NK-----IDTMHKTV-ECFYKNTP

V--H-----

-----

-----LAV-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----

-----

-----

>Ppol-OBP\_Gene0010513\_D4AHN1\_9MUSCOdorantbindingprotein1

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----MYA-HDKASDV

VADQCLSEM-----YPKG-----KRVE---F-----

-----QESDEACIIYCVLKK--FGIM-----

-NA--N--G-V-----INLEAYRKRVL LAHQL-----DQRKL--MSDSSGSSC-

----AES-----AEG-VQHKQDV-----CKKAKIFN-DCTHLYKI

L---L-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Ppol-OBP\_Gene0006369\_C0SQ80\_BOMMOOdorantbindingprotein

-----MSPL-----

-----HSV--FLL--LG-----L

AVSLRHVR-----A---LSQE-----EIAA-IKTGLRP

LIAECGKEF-----GVEE-A-----DI---KKAK-ESGK-----

-----IESLDPCLFACIGKK--MGMI-----

-ND--K--G-E-----FDVEKSSETVKKFVTD----KDEQKK--ILE-IIEKC-

----ASV-----NDE---AVSD-----DKGCDRAILLH-KCMAPYKD

Q--F-----

-----DFS---K-----

-----

>Ppol-OBP\_Gene0005282\_OBP2\_BOMMOGeneralodorant-bindingprotein2

-----

-----

-----

-----

-----MGLL-----

-----HWL--SCV--LV-----VL

ALGASP-A-----A---ATAE-----AMSH-VTAHFGQ

MLEDCREES-----GLTV-D-----MM----A-AF-AHYWSDE--F

PTSSV-----QR-EFGCALICMAHK--FSL-----

-KD---D--V-R-----MHRVNMDDYIRSFPDG---E-LLSDK--MID-MIHEC-

----ERQ-----HDA---ME-D-----D---CDRIMNIS-LCFRRAAL

R---D-----

-----

-----GIA---PSLAMVE

AVLDQYT-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Ppol-OBP\_Gene0002871\_B8ZWK2\_BOMMOOdorant-bindingprotein2\_Precursor\_

-----  
-----  
-----  
-----  
-----MRILRKKSVP SNRIKMNQNTNF-----  
-----VTV--MMF--LTFISVFYLVVTF  
KPLTKEEH-----I--EKIN-----KMDS-EVEPFRR  
NISECARQV-----KAGK-G-----DV---ENFL-KRIP-----  
---QA-----TM-EGKCFVACILKR--NSII-----  
-KK-----N-K-----IDHNSLLEANKAVYGE---DREVMTR--LKA-AIVEC-  
----NRA-----VEG---IFEI-----CEYASVFN-DCMHIKME  
H---I-----  
-----  
-----LDK---LTMERRM  
EALGQMSNSPDEWTDEEDEMLKLVKDEL-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Ppol-OBP\_Gene0005278\_OBP1\_BOMMOGeneralodorant-bindingprotein1

-----  
-----  
-----  
-----  
-----MRC-----  
-----AA--ALA--AL-----AM  
LATAPA-G-----L---ATSD-----IMKD-VTLGFGE  
ALQHCREES-----QLTE-D-----KM---E-EF-FHFWRED--F  
--RFD-----ER-ALGCAIQCMSRH--FDLL-----  
-TD---A--H-R-----MHRENTDRFIKSFPNG---E-ALSQQ--MVD-MIHAC-  
----EAQ-----HDA---EP-D-----H--CWRILRVA-ECFKASCQ  
Q--R-----  
-----  
-----GIA---PTMEQIM  
AELIMEAAD-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----R-----  
-----  
-----  
>Ppol-OBP\_Gene0010531\_B8ZWK3\_BOMMOOdorant-bindingprotein3\_Precursor\_  
-----



-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MVA

TAKSCVNHV-----NATQ-E-----DL---E-YL-RNDP-----

---PY-----PE-KSSCIIMCLEK--VGVV-----

-KN-----N-K-----YSKTGFMMMAVSPLVLA---KKSKLEH--MKT-VSENC-

----DKE-----VNH---HDIV-----P---CQLGNEII-TCVYKYAP

E---L-----

-----

-----HLK---S-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----

>Mcin-OBP\_gene1\_MCINX010046-RA\_ABP5

-----  
-----



-----  
-----MLKF-----  
-----TVY--SCL-----GA  
PKIVSS-----DVAS-QCNSSLP  
EVYSCLGAP-----KIVS-P-----DV---ASQC-N-----  
-----SSLPECERMTCIFRK--SGWM-----  
-DG-----E-K-----VDKAKLSAHFDQLAKN---NPEWAAG--VEN-AKITC-  
----LTT-----DLP---AQGI-----H---LNCPAYDSTVCTFASFI  
---K-----  
-----  
-----NTQPS--QWKSNNPK  
CSRARQFAASCPICPNDCFAPLVPVGSCNACLSLPRSP-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Mcin-OBP\_gene3\_MCINX014308-RA\_OBP

-----  
-----  
-----  
-----

-----MFRL-----

-----FTS--VTL-----FI

LCVNGDIL-----AQER-SRGATLK

PISACCDIP-----ELGEPK-----HL---AECS-NP-----

-----KLQGPCGDVQC VF EK--SGFL-----

-ID--K--N-T-----LNKET YKAH LR KWLEG---HKGWEDA--IDK-AIKDC-

----VDK-----DLR---QYLD-----YPCRAYDVFTCTGIAML

---K-----

-----

-----KCP-----NESWN

C-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Mcin-OBP\_gene4\_MCINX016480-RA\_GOBP2

-----

-----

-----

-----

-----MAVW-----

-----YL--ILT--AV-----VL  
SAIPKP-V-----K---STAE-----VMSH-VTAHFGK  
SLDECREES-----GLSP-E-----VL---D-QF-QHFWSED--F  
--EVV-----HR-ELGCALICMSNK--FSLM-----  
-QD--D--A-R-----MHHVNMHDYVKSFPQ-----

>Mcin-OBP\_gene5\_MCINX014306-RA\_OBPLOC100307012precursor

IVIAEPTP-----PQCR-GPPPGMT

HPEKCCNFP-----SLFKDE-----DF----EECG-IERFSDD---

EDHSK-----RGPLDCSQEKCLLNK--YKMM-----

-KD--D--E-E-----IDKDATIEFLDKWAGD---NQDYKDS--VEK-AKEKC-

----LKT-----EIL---DAK-----LPCRPTTLFRCIKYAIF

---V-----

-----

-----ECTQHM-QWEDTDN

CKKLKDLIEECKPYITQP-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Mcin-OBP\_gene6\_MCINX017046-RA\_GOBP19a

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----M-----TRQQ-LKNSGKL

MKKSCMPKN-----DVTE-E-----QV---GKIE-QGHF-----  
---LE-----ER-NVMCIYACIYTM--TQVV-----  
-KN-----N-K-----LSYEAVIKQVDLMFPP-----DMKDA--VKA-TADKC-  
----KDI-----GKK---YKDI-----CEASYWTA-KCMYEQDP  
K--N-----

-----  
-----FLFP-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Mcin-OBP\_gene7\_MCINX015625-RA\_OBP3  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----KTLKA  
TARSCMVS-----NATE-A-----DL---E-YL-RDDP-----

--PF-----PH-KSACVITCLEK--VGIA-----

-KN-----G-K-----YSKTGFMVTVSPLVLH---NMKKLEH--MKN-VSENC-

----EKE-----IKP---NEDP-----CQLGNEIT-ICVFKYAP

E--L-----

-----

-----HFK---S-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Mcin-OBP\_gene8\_MCINX017047-RA\_GOBPLush

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----MM-----TRAQ-LKKTMTI

MKNQCMPKH-----GVTN-D-----KV---GKIE-QGVF-----

--IE-----DH-DVMCYILCVYKT--IQVV-----



-KN-----N-R-----LDKDLISKQVNALYPP-----EIKEP--VSK-SIEKC-

-----IIV-----QDK---YEDP-----CEGVFYST-KCLYEDNP

A---N-----

-----

-----FIFP-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Mcin-OBP\_gene9\_MCINX016478-RA\_GOBP1

-----

-----

-----

-----

-----MAWNSKW---RS-----

-----A--V---FI-----CL

LLHVNW-A-----S---PSQE-----IMKN-LTAGFGK

ALETCKQEL-----NLGD-H-----II---Q-DF-YNYWREE--Y

--DLV-----NA-DTGCAIMCMASK--LDLI-----

-TD---D--R-K-----LHHGNAHEFAKSHGAD---D-DMAKQ--LVV-MIHEC-

----EKT-----HAE---VS-D-----D---CARTLEIA-KCFRTKIH

V--L-----

-----

-----KWA---PSMETII

EELMTE-----

-----

-----V-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Mcin-OBP\_gene10\_MCINX002679-RA\_GOBP1

-----

-----

-----

-----

-----M-----

-----AR--RMV--VL-----ML

VSKLLV-V-----R--GNVE-----VMKD-VTLGFGE

ALQHCREES-----QLTE-D-----KM---E-EF-FHFWRDD--F

--RFE-----DR-ELGCAIKCMSTH--FNLL-----

-TD--S--H-R-----MHHENTDKFIKSFPNG---E-ALSQL--MVE-VIHAC-

----EQQ-----HDA---EA-D-----H--CWRILRVA-ECFKSSCQ

A--R-----

-----

-----GIA---PTMELLM

AEFIMETEA-----

-----

-----

-----

-----

-----

-R-----

-----

-----

>Mcin-OBP\_gene11\_MCINX002972-RA\_GOBP56dlike

-----

-----

-----

-----

-----MSKI-----

-----VVF--WIF-----

-CLSFYLM-----IAGS-----NAGG-ITKSVDY

HLEECIAES-----KADR-D-----SI---KKLR-AGNWR-----

---KS-----DK-ALKKWALCYLSK--HDVM-----

-ST---N--G-V-----LNQDVVLKNIPI-----KDKPH--VEK-IINKC-

---LYK-----QAH-----DP-----IETAWNYL-TCFIKNER

K---Y-----

-----  
-----AKL---ANLI---  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----  
>Mcin-OBP\_gene12\_MCINX014307-RA\_LOC100307012precursor  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MLRI-----

-----ASS--CLL--II-----LQ

VVIAELPP-----PQCR-GPPPGVT

HPEKCCNFP-----RMIKDE-----DL---EDCG-IEKYSDD---

EDHSK-----RGPLDCSKQKCLLNK--YNLM-----

-KD---D--E-E-----IDKDAAIEFLDKWAGD---NQDYKDV--AEK-AKEQC-

----LTT-----ELP---GPK-----LPCGPTKILFCVKAVMF

---M-----  
-----

-----ECSQRM-QWEDTDN

CKKLKDHIEECKPYFTRT-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

>Mcin-OBP\_gene13\_MCINX008882-RA\_GOBP56a

-----

-----

-----

-----

-----MYPI-----

-----LCL--VLL-----

TTSMVYGK-----T--TYVS-----IPQD-QLPNLLN

SSMACMANS-----GIDS-E-----TM---QRIL-AWKF-----

---DN-----TE-GVRKFIYCFATT--SGYG-----

-DE--N--G-H-----LIKEKMMKLVTTN-----KRKNE--YGN-VIDEC-

----NKT-----KGD-----NK-----YDTMYKTT-TCFYNNSP

I--L-----

-----

-----LKL-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Mcin-OBP\_gene14\_MCINX001051-RA\_GOBP19a

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MI--VFI-----AI  
VKILVFLN-----F--CDAM-----TMKQ-IKSTGKM  
MRKTCQPKN-----NVAD-E-----KI---DPMV-KGEF-----  
---IE-----EK-EVMCYVACIMKM--ANAI-----  
-KN-----G-K-----LNYEAAMKQADLLLPD-----EIKP--AKE-ALTAC-  
----RKV-----ADS---YKDV-----CESSFILT-KCIYNHNP  
S---V-----  
-----  
-----FYFP-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Mcin-OBP\_gene15\_MCINX002973-RA\_GOBP56like

-----  
-----  
-----  
-----

-----MKT-----

-----IVL-AVC-LV-----

-----AAQA-----LTDE-QKEKLKK

HRSECLTET-----KADE-Q-----LV---NKLK-TGDFK-----

---TE-----NE-PLKKYALCMLIK--SELM-----

-TK---D--G-K-----FKKDVALAKVPNE-----ADKPA--VEK-LIDTC-

----LAN-----KGN-----TP-----HQTAWNYA-KCYHEKDA

K--H-----

-----

-----SVF---Q-----

-----

-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Mcin-OBP\_gene16\_MCINX017048-RA\_GOBP19a

-----  
-----  
-----  
-----

-----M-----DRRD-----

-----FSL--LII-----VT

VL---AS-----G---ADSM-----TRQQ-LKNSSKM

LKKNCMGKN-----DVTE-D-----MV---GNIE-KGKF-----

---IE-----DR-KVMCIYACIYQM--SQIV-----

-KN-----N-K-----LNYEASIKQVDMMFPA-----EMKDS--MKA-SIDNC-

----KDI-----SKN---YKDI-----CEASYWTA-KCIYDDNP

K---N-----

-----

-----FIFA-----

-----

-----

-----



-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Mcin-OBP\_gene16b\_MCINX017048-RB\_GOBP19a

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----M-----TRQQ-LKNSSKM  
LKKNCMGKN-----DVTE-D-----MV---GNIE-KGKF-----  
---IE-----DR-KVMCIYACIYQM--SQIV-----  
-KN-----N-K-----LNYEASIKQVDMMFPA-----EMKDS--MKA-SIDNC-  
----KDI-----SKN---YKDI-----CEASYWTA-KCIYDDNP  
K---N-----

-----  
-----FIFA-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Mcin-OBP\_gene17\_MCINX000396-RA\_PutativeOBPA10

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----M---QFVT-----IVLS-LLMTLVL  
GYDEKYDKI-----DVDK-----IL-----  
--GD-----DA-LLTSYLNCFSDK-GPCN-----  
-EE---Y--A-S-----EYKEMLPEVISDGCAC---TKKQKQA--FRK-VLKEL-  
----SKN-----KLD---VLLE-----VQKKYDPS-GQYKDNIK  
---K-----  
-----  
-----VME---ED-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----

>Mcin-OBP\_gene18\_MCINX017054-RA\_PutativeOBPA10

-----  
-----  
-----  
-----

-----MKSI-----

-----ILL--FCF-----

-----A-AFVIAEE

TYDTSSDNI-----NLDE-----LL---GNER-----

-----LITSYSKCLINQ--GPCT-----

-PE-----V-K-----KLKDVLPVLETRCAKC---SEKQKQK--GKQ-LISEI-

----KKK-----NPE---IWKQ-----LVSFYDPQ-GKYQEAFQ

D--F-----

-----

-----LKS-----

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----  
>Mcin-OBP\_gene19\_MCINX014913-RA\_PutativeOBPA10  
-----  
-----  
-----  
-----

-----MKFF-----  
-----IHW--CFQ-----  
-----F--TLVI-----CFAY-QYNCENS  
TYTTMYDGI-----DLDE-----IL---TNRD-----  
-----LLAGYVNCLEK--GPCT-----  
-PD-----G-K-----ELKNNLPDAIENDCSKC--TERQREG--ADK-VMHYI-  
----IDH-----KPE---EWEE-----LEKKYHSD-GSYKLNYL  
L---S-----  
-----  
-----KQK---LSLDSQE  
NKNVSNGDNGDDDDDDNDKDHQGGQQLK-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----  
-----  
>Mcin-OBP\_gene20\_MCINX014305-RA\_noname\_PblastOBP

-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----MLTN-----

-----EQF--LFK--KK-----

-----PEKC-YGTDELM

ERKCCIFPP-----FFKR-----DL---ARAC-GAIFALV---

---FT-----DKDSNCDHWKCVLNK--YGIL-----

-DT--D--D-T-----VNNEKYYSHLDKQVNL----NPEFSNV--MTK-AKVYC-

---KEQ-----NRL---AIPL-----NVCEFFDFQSCIRNYVL

---L-----

-----DCP---KIINNQK

CLEWKEFYDECREFFI-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

-----

>Mcin-OBP\_gene21\_MCINX001722-RA\_PBP1-like

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----AK-----TDHE-LKEEFTK

IVMACMKDS-----PVDI-L-----DL---MPLQ-QLIV-----

--PT-----KK-EVKCLLACAYKK--LGTM-----

-NS---Q--G-L-----YDIEKAYEYAELVKNGSPTEDEKRLKN--ARK-LVDIC-

----SKV-----NDE---SVSD-----GQKGCDDRAALIF-KCGVENAP

K--L-----

-----

-----GFK---LQ-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

This image shows a blank sheet of white paper with ten horizontal dashed lines, typical of primary-ruled notebook paper. The lines are evenly spaced and run across the width of the page. There are no margins, text, or other markings on the paper.

[illegible]

>Mcin-OBP\_gene23\_MCINX012604-RA\_noname\_PblastOBP

-----  
-----  
-----  
-----MPFL-----  
-----FQI-----  
---RADC-----K--NCVV-----LGKA-EKAMFRA  
HSEACLAQS-----QVEP-K-----LV---DGLL-RGEL-----  
---VE-----DP-RLKRHVYCVLLK--CKMI-----  
-SK---D-G-K-----LQKAAVLGKLATR-----GEGKN--VTK-VLENC-  
----ANQ-----QGE-----SP-----EDLAWNIF-RCGYDKKA  
V---L-----  
-----  
-----FDYMPAAPSGTEDN  
DTK-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Mcin-OBP\_gene24\_MCINX006010-RA\_noname\_PblastOBP





-----  
-----  
-----MEGY-----  
-----FGL--CVV-----  
--LMSLTV-----RTLA-----LDGE-MAELAKM  
LRDNCVDET-----GVDA-A-----LI---DKVN-AGADL-----  
---MG-----DG-KLKCYIKCVMET--AGMM-----  
-SE-----G-A-----VDVEAVIAVLPP-----ELLKH---AD-QLRTC-  
----GTQ-----KGS-----DD-----CDTAFLTQ-SCWQKASK  
S---D-----

-----  
-----YILI-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Mcin-OBP\_gene25b\_MCINX005697-RB\_PBP1

-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----  
-----MAELAKM  
LRDNCVDET-----GVDA-A-----LI---DKVN-AGADL-----  
---MG-----DG-KLKCYIKVMET--AGMM-----  
-SE-----G-A-----VDVEAVIAVLPP-----ELLKH---AD-QLRTC-  
----GTQ-----KGS-----DD-----CDTAFLTQ-SCWQKASK  
S---D-----

-----YILI-----

-----  
>Mcin-OBP\_gene26\_MCINX011317-RA\_PBP3  
-----  
-----  
-----  
-----

-----  
-----  
-----E-----LSEE-IKEIIQH  
VHNECVGKT-----GVAE-E-----DI---ANCE-NGIF-----  
---KE-----DV-KLKCYMFCLLEE--GSLV-----  
-DD--D--G-F-----VDYDMMVSLIPE-----QYTDR--VAK-MINAC-  
----KHV-----DTL---DKDK-----CQRAFDHF-KCSYSQDP  
N--F-----

-----YFLF-----

-----  
>Mcin-OBP\_gene27\_MCINX001721-RA\_PBP5like

-----MLKS-----

-----SIK--FLF-----  
CFVVLLKF-----C--ALAE-----ISED-LKQTFSE  
MIMQCAKDV-----PLAE-A-----DI---EQLK-NRQM-----  
---PD-----SE-DAKCFLPAPIKQ--QEWM-----  
-DD--E--G-M-----LSVEGVNSIAQKYYAD---DPERLEK--AKM-FTEAC-  
----KEV-----NDV---NVSD-----GNRGCERAALIF-KCSIEKGP  
K---Y-----

-----  
-----DFH---F-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----  
-----

>Mcin-OBP\_gene28\_MCINX001718-RA\_PBP5like

-----  
-----  
-----  
-----  
-----MKSL-----  
-----CLL--VFV--VA-----L

AINLDNTR-----A---LSDD-----EKNT-IHSEILP  
FIAECSKEY-----GVTE-E-----QL---KEAK-ESGK-----  
-----VEAINPCLMGCIFKK--INVI-----  
-DD---K--G-L-----FNPDKAEEITKKFLTQ----EEEQKK--ALD-IIKSC-  
---TASV-----NEK---DVSD-----GAEGCERAKLLY-DCFIPFKG  
Q--F-----

>Mcin-OBP\_gene29\_MCINX001719-RA\_PBP5like

-----MTSL-----  
-----SLV--LFV--VG-----L  
AINLRNVQ-----S--LSDE-----DKEN-IHAGIIP

YVAECSKEF-----GVTE-E-----QI---NEAK-KSGQ-----  
-----VDGIDPCLMGCIFKK--VGII-----  
-DD--K--G-L-----FNPEKSEEITKKFLPN-----EDDQKK--ALE-VINSC-  
----KSV-----NDE---DVSD-----GEKGC DRAKLLH-ECFAPIRD  
E--F-----

-----VKA---G-----

>Mcin-OBP\_gene30\_MCINX001720-RA\_PBP2like

-----MYKT-----

-----LSL--TCL-----FVM

NFVFFEIA-----A--MTAD-----QKAM-IHQHFEE

LGIECIKVH-----SITE-D-----DI---NNLR-TKKI-----

---PS-----GE-NAPCFLACMFKK--LGLL-----

-DD--G-G-L-----LQKENALELAKKVFND-----DEELKL--IED-YLHSC-

----SHI-----NSE---SVSD-----GNKGCERSMLAY-KCMIENAS

Q--F-----

-----

-----GFD---L-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----

-----