alpha_Thermobifida	: MAELITIRPEETRDAT QREVQSYEPDAAARE	IGT <mark>VTYSGDGIA</mark> RVSGIPSAMA	N <mark>ELL</mark> EFEDGTQ <mark>GTA</mark> QNLEIGE TG VV	/VLCDFTN <mark>I</mark> AEGQT <mark>V</mark> RTCQVLSVFV	/CDAYLGRVVDPLCRPIDGKCEIETTERI	RELELQAATVMQRKPVHEPI : 150
alpha Nocardiopsis	: MAELTIRPDETROAT QREVQSYEPDATRAE	/CTVTYSGDGIARVGGIPSAMA	NELIKFEDGTLGLAQNIEVGETGAV	/VLCDFDGIEEGQKVRRTCQLLSVPV	GDDFLGRVVDPLGAPIDGKGEIASTGR	RELELQAATVMERQPVHERL : 150
alpha Kitasatospora		/GTVTDAADGIAHVEGIPSVMA	NELIKFEDGTLGLALNI DTREICVV	/ILCEFGGIEEGQTVRRTGEVLSVPV	GDGYLGRVVDPLGNPIDGLGD <mark>I</mark> ASTGR	RALELQAPGVMARKSVKQPL : 150
subα Streptcmyces	: MAELTIRPEEIRDALENEVQSYRPDAASREE	/CTVTLAGDGIAKVEGLPSAMA	NEILKEEDGTLGLALNLEEREIGOV	/VLGEFSGIEEGQPVSRTGEVLSVAV		
	- MARI HIDDENIA DEL VEGVEDENES	/CYVATAGDGIAHVTGLPGCMA	NELL TEEDGTLGLAFNLDARELGVV			KALELQAPTVMQRKSVHEPM : 150 RILEAQAPDVMHRHPVDEPM : 150
alpha_Bifidobacterium	: MAELTIDPTTIRKALDEEVESYKPSDTPTQE			/ILGDFAG <mark>I</mark> EEGQE <mark>V</mark> RRTGEVLSVPV	GDGYLGRVVDPLGNPIDGLGEIKTEGR	RILEAQAPDVMHRHPVDEPM : 150
alpha_Gardnerella	: MAELSIDPALIRKALDGEVDSYKPTDMPTQE	/GYVVTAGDGIAHVAGLSGCMA		/ILGDFTGIEEGQE <mark>VYRTGEVLSV</mark> PV	/GDAYLGRTVDPLGNPIDGIGAIECSER /GDGYLGRVVDPLGSPIDGIGPIASEGR	RILEAQAPDVIHRHPVDEPI : 150 RILEAQAPDVMHRHPVDQPM : 150
alpha_Scardovia	: MAELTIDPAAIRQALDNEVESYTPTSAPTQE	/GYVKTAGDGIAQVEGIPGOMA	NELL TEEDGTLGLAFNT DARELGVV		/GDGYLGRVVDPLGSPIDGLGPIASEGR	RILEAQAPDVMHRHPVDQPM : 150
alpha Parascardovia	: MPETTIDPAAIRQAINDEVESYKPSSAPTQE	/GY <mark>VKTAGDGIAQVEGI</mark> PGC <mark>M</mark> A	NELL TREDGTLGLAFNI DAREIGVV	/ILGDFIG <mark>I</mark> EEGQE <mark>VRRTGE</mark> VLSVPV	GDGYLGRVVDPLGHPIDGLGEIQSEGR	
alpha Brevibacterium	: MAELTIRPEEIRDALGKEVDSYNPESSVKSEV	/CK <mark>V</mark> VTAG <mark>DGIAHV</mark> SGLPGTMA	NELLRFEDGTLGLAQNIDEREICVV		GDGYLGRVVDPLCHPVDGLCEVETVGR	RELELQAAGVMDRQEVREPL : 150
alpha Actincmyces	: MAELTIRPEEIRSAINEEAESYKPAEVAAEE	/GHVVFAADGIAHVEGLPGVMA		VLGSFDGIDEGQVVRRTGEVLSVPV		RALELQAPGVMSRKSVHEPL : 150
alpha_Cellvibrio		/GRVTLAGDGIAQVEGIPGAMA /GRVTLAADGIAQVEGIPGAMA				
alpha_Cellulcmonas	: MAELTIRPEDIRSALDSEVKSYEPKGPVTED	/GRVTLAADGIAQVEGLPGAMA	NELLKEEDGTLGLALNIDVREICVV			
alpha_Isoptericola	: MAELTIRPEETRAALDSEVKSYEPAGVVSEEV	/crvtlaadgianveglpgama	NELL REEDGTLGLALNI DVRQLCVV	/VLGEFTGIEEGQE <mark>VRRTG</mark> EVLSVPV	/GEGYLGRVVDPLGNPIDGLGEIATEGRI	RALDIQAPGVMQRKSVHDPI : 150 RALDIQAPGVMARKSVHDPI : 150
alpha_Sanguibacter	: MAELTIRPDEIRAALDSEVKSYEPESVVTEE			/ILGEFTG <mark>I</mark> EEGQV <mark>VRRTGE</mark> VLSV <mark>A</mark> V		
alpha_Jonesia	: MAELTIRPEETRAALDSFVKSYEPAQVVTEE	/CRVSLAGDGIAQVEGIPGAMA	NELI QEEDGTLGLALSI DVREIGVV	/ILGEFTGIEEGQEVRRTGEVLSVPV	/CDGYLGRVVDPLGTPIDGLGEVATVGR	RALELQAPGVMQRKSVHEPL : 150
alpha Clavibacter	: MAELSISPDETROALKDEVQSYEPGKASTTE		NELITEADGTLGLAQNLEESEIGVI	VLCEFAGIEEGME <mark>VRRTGEVLSV</mark> PV	GDGYLGRVVDPLGNPIDGQGE <mark>I</mark> ATEGR	RALEIQAPGVNORKSVHEPI : 150 RALEIQAPGVNORKSVHEPN : 150
alpha Leifsonia	: MADISISPDEIRDAIKDEVSKYEPAKAATAEV	/GH <mark>V</mark> LDAS <mark>DGIAHVEGL</mark> PGV <mark>M</mark> A	NELIREADGTLGLAQNIDENEICVV	/VLGEFEG <mark>I</mark> VEGME <mark>VTRTGE</mark> VLSVPV	/GDGYLGRVVDPLGNPIDGLGEIATEGRI /GDAYLGRVVDPLGSPIDGLGEIESSKR	RELELQAPGVMHRKSVHEPL : 150
alpha Aercmicrobium	: MAELTIRPDEIRDAIQKEVADYKPAAAAAE	/CIVAEAGDGIARVEGIPSAMA	NEW EFEDGTLGLALNI DVREIGVV	/ILGEFSGIEEGOKVRRTGEVLSVPV	/GDGYLGRVVDPLGNPIDGLGEIATEGR /GDAYLGRVVDPLGSPIDGLGEIESSKR	RELEIQAPGVMHRKSVHEPI : 150 RALEIQAPNVMQRKSVHEPI : 150
alpha Janibacter		/GRVSDAGDGIAHVEGLPSAMT		/ILGDFSKIEEGQEVKRTGEVLSVPV	GDNFLGRVVDPLGNPIDGLGDIQSDER	RALELQAPNVVQRKSVHEPI : 150
	. WILL CORPORATE TO THE CORPORATE CORP	GRVSDAGDGTAHVEG PSAGT	NEW EDGILGIOLINI DVHNIGVV	THEOFSKIELEGGEVARIGEVISVEV	GDN EL GDUNNDI GERTEGI GET GGGER	RALELQAPNVVQRKSVHEPI : 150
alpha_Kytococcus	: MTELSIRPEETRDAT DSEVASYEPQAAASQE	/GRVSDAGDGIAHVEGIPSAMT /GRVVVAGDGIARVEGIPHAMT	NELLKEADGTLGLALNIDVHEICVV	/VLGDFAG <mark>I</mark> EEGME <mark>V</mark> RRTGEVLSVPV	GDN FLGRVVNPLGEPIDGLGEIQSGER	RALELQAPSVVERKSVHEPM : 150 RALELQAPTVVQRQPVKEPL : 150
alpha_Frankia		/GRVVVAGDGTARVEGTPHANT	NELLE EFHGGVLGLALNLDVGEICOV	/LLCESEHTEEGQEVRRTCEILSVPV		RALELQAPTVVQRQPVKEPL : 150
alpha_Pseudonocardia	: MTELTISSEEIRSAISSYVSSLESDTS-RRE	/GAVSDTGDGIAHVEGLPSAMT		/VLGDYTG <mark>I</mark> EEGQQVTRTGEVLSVPV		RV <mark>LE</mark> LQAASVMERQSVHERI : 149
alpha Saccharopolyspora			'E <mark>ELL</mark> EFPGGIY <mark>GVA</mark> MN <mark>L</mark> EAQE IG AV	/ILGESEKIEEGQEVKRTGKVLSVPV	/GDGFLGRVVDPLGEPIDGLGDIAAEAH	RP <mark>LELQA</mark> ATVVQRKGVHEPL : 149
alpha Mycobacterium	: MAELTISANDIOSAIEEYVGSFTSDTS-REEY	/GTVVDAGDGIAHVEGLPSVMT	QELLEF PGGVLGVALNI DEHSVGAV	/ILGNFEN <mark>I</mark> EEGQQV <mark>KRTGEVLSV</mark> PV	GDAFLGRVINPLGQPIDGRGDIEAETR	RALDIQAPSVVQRQSVKEPI : 149 RALDIQAATVIERQPVEEPI : 149
alpha Rhodococcus	: MAELTISSDEIRSAIENYTASYSPEAS-REE			/VLGDYEHIEEGQEVKRTGDVLSVPV	GDGYLGRVVDPLGRPIDGLGDIETTET	RALELQAATVLERQPVEEPL : 149
alpha Nocardia				/ILGEFAD <mark>I</mark> EEGQQVRRTGDVLSVPV	gdk flgrvvnplg qpidglgeieaderi	RVLELOAATVIEROPVEEDM : 149
alpha Corynebacterium	: MAELTISSDEIRSAIESYTQSYTPETS-IEE : MAELTISSDEIRSAIENYTSSYSPGAT-REE			ATT CDEET RECDEARDECRAT CITA	GDKFLGRVINPLGQPIDALGDIEAEEN	
aipha_corynebacterium	. WALLESSEEINSELENTISSISPGAT-REM	ACCITIONADGITA CASGITES ANS	WEILER BUCATCAS OUR DIDSTEAM	/ILGDFEI <mark>L</mark> KEGDE <mark>VKRTGE</mark> VLSIPV	GDW-FRWATMSTEÖD-TENEFW	RA <mark>LELQA</mark> PS <mark>VIQR</mark> QP VEEPI : 149
alpha_Thermobifida	: QTGIKAIDALTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA		rciyva <mark>vgok</mark> gstiagvraaleeag	SAMEYTTIV <mark>ASPA</mark> SDPAGFKYIAPYT	IGSAIGGHWMYQGKHVLIVFDDLTKQAE	
alpha_Nocardiopsis	: QTGIKAIDTMTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	GIDSIINQKANWESGDPDKQV	RCIYVA <mark>IGQK</mark> GSTIAGVRGALEEAG	SAMEYTTIVASPASDPAGFKYIAPY SAMEYTTIVAAPASDPAGFKYIAPY	IGSALGQHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE	AYRA <mark>VSLLLRRPPG</mark> REA <mark>YPG : 300</mark>
	: QTGIKAIDTMTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIDAMTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	LGIDSIINQKANWESGDPDKQV VAVDTIINQRDNWRSGDPEKQV	rciyvai <mark>gokostiagv</mark> rgaleeag rciyvavgokostiasvrgaleeag	SALEYTTIVAAPASDPAGFKYLAPYT	IGSALGOHWMYECKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGOEWMYDCKHVLIVFDDLSKQAE	AYRAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYRSVSLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis	: QTGIKAIDTMTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIDAMTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	LGIDSIINQKANWESGDPDKQV VAVDTIINQRDNWRSGDPEKQV	/RCIYVAIGOK <mark>G</mark> STIAGVRGALĐEAG /RCIYVAVGOKGSTIASVRGALĐEAG /RCIYVA <mark>I</mark> GOK <mark>G</mark> STIASVRGALĐENG	SALEYTTIVAAPASDPAGFKYLAPYT	IGSALGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGCEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCCWMYEGKHVLIIFDDLSKQAD	AYRA <mark>VSLLLRRPPG</mark> REA <mark>YPG : 300</mark>
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora	: QTGIKAIITMTPIGRGQRQLIIGDRCTGKTA : QTGIKAIIAMTPIGRGQRQLIIGDRCTGKTA : ETGYKAVIAMTPIGRGQRQLIIGDRCTGKTA	LGIDSIINQKANWESGDPDKQV VAVDTIINQRDNWRSGDPEKQV LAVDTIINQRDNWRTGDPNKQV	rciyvaigokostiacyrgalbeag rciyvavgokostiasyrgalbeag rciyvaigokostiasyrgalbeng rciyvaigokostiasykoslbesg	SALEYTTIVAAPASDPAGEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPAGEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSAGEKYLAPY	IGSALGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGCEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCCWMYEGKHVLIIFDDLSKQAD	AYRAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYRSVSLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subî±_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium	: QTGIKAIITMTPIGRGQRQLIIGDRCTGKTA : QTGIKAIIAMTPIGRGQRQLIIGDRCTGKTA : ETGYKAVIAMTPIGRGQRQLIIGDRCTGKTA : STGLKAIIAMTPIGRGQRQLIIGDRCTGKTA	GIDSIINQKANWESGDPDKQV VAVDTIINQRDNWRSGDPEKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV IAIDTIINQKRNWESGDPKKQV	rciyvaigokostiacyrgalbeag rciyvavgokostiasyrgalbeag rciyvaigokostiasyrgalbeng rciyvaigokostiasykoslbesg	SALEYTTIVAAPASDPAGEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPAGEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSAGEKYLAPY	IGSALGOHWMYEGKHYLIVFDDLTKQAE IGSAIGOEWMYDGKHYLIVFDDLSKQAE IGSAIGOOWMYEGKHYLIIFDDLSKQAD IGSAIGOHWMYNGKHYLIVFDDLSKQAE	AYRAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYRSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYRAVSLLLRRPPGPRGYPG : 300 AYRSISLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subî±_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella	: QTGIKAIITATFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIAATFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	GIISIINQKANWESGIPDKQV VAVITIINQRDNWRSGIPEKQV AVITIINQRDNWRTGIPDKQV IAIITIINQKRNWESGIPKKQV IAIITIINQRANWETGIPKKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVKQSLEESG VRCIYVAIGQKGSTIASVKQSLEESG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SANEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SANKYTTIVASPASDSACEKYLAPY	IGSALGOHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGODWYYIGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOOWYEGKHVLIIFDDLSKQAD IGSAIGOHWYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYRSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia	: QTGIKAIITNTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	CIDSIINQKANYESGDPDKQV VAVDTIINQRDNYESGDPEKQV AVDTIINQRDNWETGDPNKQV AUDTIINQKRNWESGDPKKQV BIDTIINQRANYETGPKKQV BIDTIINQKKNWESGDPNKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVKQSLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVKQSLEESG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAVGQKGSTIAAVRASLEDAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMKYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMAYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMAYTTIVASPASDSACEKYLAPY	IGSALGOHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGOEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOEWMYNGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYKGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYESVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia	: QTGIKAIITMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	GIDSIINQKANY ESGDPDKQV VAVDTIINQRDNY RSGDPEKQV VAVDTIINQRDNY ESGDPKQV VALDTIINQKRNY ESGDPKQV VAIDTIINQRANY ESGDPKKQV VAIDTIINQKKNY ESGDPNKQV VAIDTIINQKKNY ETGDPSKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVKQSLEESG VRCIYVAIGQKGSTIASVKQSLEESG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAVGQKGSTIAAVRASLEDAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRASLEDAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SANKYTTIVASPASDSACEKYLAPY SANAYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY	IGSALGOHWMYEGKHVLIVFDDLTKOAE IGSAIGOEWMYDGKHVLIVFDDLSKOAE IGSAIGOEWMYEGKHVLIIFDDLSKOAE IGSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKOAE IGSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKOAE IGSAIGOHWMYKGKHVLIVFDDLSKOAE IGSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKOAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium	: QTGIKAIITMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIAMTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIAMIFVGRGQRQLIVIGDR	GIDSIINQKANWESGDPDKQV PVDTIINQRDNMRSGDPEKQV PVDTIINQRDNWRGGDPNKQV IAIDTIINQKRNWESGDPKKQV IAIDTIINQKNWETGDPKQV IAIDTIINQKKNWETGDPNKQV IAIDTIINQKKNWETGDPSKQV IAIDTIINQKDNWETGDPSKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEENG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEESG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAVGQKGSTIAAVRASLEDAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRRSLEEAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SANKYTTIVASPASDSACEKYLAPY SANAYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVSSPASDSACEKYLAPY	IGSALGOHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGOEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOEWMYEGKEVLIIFDDLSKQAD IGSAIGOEWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOEWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOEWMYKGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOEWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOEWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces	: QTGIKAIITATFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIATTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIAATTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIAATTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIAATTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIAATTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIAATTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIAATTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIAAIFVGRGQRQLVIGDRRTGKTA : QTGYKSIIAAIFVGRGQRQLVIGDRRTGKTA	GIDSIINQKANKESGDPDKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV IAIDTIINQKRNWESGDPNKQV IAIDTIINQKANWETGDPNKQV IAIDTIINQKKNWETGDPNKQV IAIDTIINQKKNWETGDPSKQV IAIDTIINQKNWETGDPSKQV IAIDTIINQKNWETGDPNKQV IAIDTIINQKANWETGDPDKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVKQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRASLEEAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMAYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMAYTTIVASPASDSACEKYLAPY SANEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVSSPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY	IGSALGOHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGOEWMYIGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOEWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Cellvibrio	: QTGIKAIITATPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRGTGKTA : ETGYKAVIANTPIGRGQRQLIIGDRGTGKTA : STGLKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIANIPVGRGQRQLVIGDRKTGKTA : QTGYKSIIANIPVGRGQRQLVIGDRGTGKTA : QTGIKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	CIDSIINQKANKESGDPDKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AIDTIINQKRNWESGDPKKQV AIDTIINQKKNWESGDPNKQV AIDTIINQKKNWETGDPSKQV AIDTIINQKKNWETGDPSKQV AIDTIINQKDNWETGDPKQV AIDTIINQKAWETGDPDKQV AIDTIINQKANWETGDPDKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVKQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRASLEEAG	SALBYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALBYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SANBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMKYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMAYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALBYTTIVASPASDPACEKYLSPY SALBYTTIVASPASDPACEKYLSPY SALBYTTIVASPASDPACEKYLSPY	ICSALGOHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE ICSALGODWYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGODWYGGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYKGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYKGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSUSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAFPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces	: QTGIKAIITATPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRGTGKTA : ETGYKAVIANTPIGRGQRQLIIGDRGTGKTA : STGLKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIANIPVGRGQRQLVIGDRKTGKTA : QTGYKSIIANIPVGRGQRQLVIGDRGTGKTA : QTGIKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	CIDSIINQKANKESGDPDKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AIDTIINQKRNWESGDPKKQV AIDTIINQKKNWESGDPNKQV AIDTIINQKKNWETGDPSKQV AIDTIINQKKNWETGDPSKQV AIDTIINQKDNWETGDPKQV AIDTIINQKAWETGDPDKQV AIDTIINQKANWETGDPDKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVKQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRASLEEAG	SALBYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALBYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SANBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMKYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMAYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALBYTTIVASPASDPACEKYLSPY SALBYTTIVASPASDPACEKYLSPY SALBYTTIVASPASDPACEKYLSPY	ICSALGOHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE ICSALGODWYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGODWYGGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYKGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYKGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Cellvibrio	: QTGIKAIITATPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRGTGKTA : ETGYKAVIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIANIPVGRGQRQLVIGDRGTGKTA : QTGYKSIIANIPVGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	GIDSIINQKANKESGDPDKQV VAVDTIINQRDNKRGSDPEKQV AVDTIINQRDNKRGSDPNKQV AIDTIINQKRNKESGDPKKQV AIDTIINQKKNKESGDPNKQV AIDTIINQKKNKESGDPNKQV AIDTIINQKKNKETGDPSKQV AIDTIINQKDNKETGDPKKQV AIDTIINQKANKETGDPDKQV AIDTIINQKANKETGDPDKQV AIDTIINQKANKETGDPDKQV AIDTIINQKANKESGDPTKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAVGQKGSTIAAVRASLEDAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG	SALBYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALBYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SANBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMKYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMAYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALBYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALBYTTIVASPASDPACEKYLSPY SALBYTTIVASPASDPACEKYLSPY SALBYTTIVASPASDPACEKYLSPY	ICSALGOHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE ICSAIGOEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGOEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGOHWMYKGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGOHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGOHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGOHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSUSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAFPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît Streptomyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellulcmonas alpha_Isoptericola	: QTGIKAIITNTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIPNTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIANIFVGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISNIFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISNIFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISNIFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISNIFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISNIFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	GIDSIINQKANKESGDPDKQV VAVDTIINQRDNMRSGDPEKQV AVDTIINQRDNMRSGDPKKQV AVDTIINQRNMESGDPKKQV IAIDTIINQRNMESGDPKKQV IAIDTIINQKKNMETGDPSKQV IAIDTIINQKKNMETGDPSKQV IAIDTIINQKANMETGDPKKQV IAIDTIINQKANMETGDPTKQV IAIDTIINQKANMETGDPTKQV IAIDTIINQKANMESGDPTKQV IAIDTIINQKANMESGDPTKQV IAIDTIINQKANMESGDPKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRSALEEAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY GANKYTTIVASPASDSACEKYLAPY GANAYTTIVASPASDSACEKYLAPY GANEYTTIVASPASDSACEKYLAPY GALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY GALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY GALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY	IGSALGOHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGOEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOEWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGOHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Cellulcmonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter	: QTGIKAIITATPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIATTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIAATTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIAATTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIAATTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIAATTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIAATTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIAATTPIGRGQRQLVIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIAATPIGRGQRQLVIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISAIIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISAIIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISAIIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISAIIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISAIIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISAIIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	GIDSIINQKANN ESGIPDKQV AVUTIINQRDNWRTGDPNKQV AVUTIINQRDNWRTGDPNKQV AIDTIINQRANN ETGIPNKQV AIDTIINQRANN ETGIPNKQV AIDTIINQKKNWETGIPNKQV AIDTIINQKKNWETGIPNKQV AIDTIINQKKNWETGIPSKQV AIDTIINQKANNETGIPSKQV AIDTIINQKANNETGIPTKQV AIDTIINQKANNETGIPTKQV AIDTIINQKANNETGIPTKQV AIDTIINQKANNETGIPTKQV AIDTIINQKANNETGIPTKQV AIDTIINQKANNETGIPTKQV AIDTIINQKANNETGIPTKQV AIDTIINQKANNETGIPTKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRSALEEAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY GAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY GAMKYTTIVASPASDSACEKYLAPY GAMAYTTIVASPASDSACEKYLAPY GAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY GALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY GALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY GALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY GALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY	IGSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGCEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCEWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actinomyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellulcmonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia	: QTGIKAIITATPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIATTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIANIPIGRGQRQLVIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIPIGRGQRQLVIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	GIDSIINQKANKESGDPDKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AIDTIINQKNWESGDPKKQV AIDTIINQKNWESGDPNKQV AIDTIINQKNWETGDPNKQV AIDTIINQKNWETGDPKKQV AIDTIINQKDNWETGDPKKQV AIDTIINQKDNWETGDPTKQV AIDTIINQKANWETGDPTKQV AIDTIINQKANWETGDPTKQV AIDTIINQKANWETGDPTKQV AIDTIINQKANWETGDPTKQV AIDTIINQKANWETGDPTKQV AIDTIINQKANWETGDPKQV AIDTIINQKANWETGDPTKQV AIDTIINQKANWETGDPTKQV AIDTIINQKANWETGDPSKQV IAUDTIINQKANWETGDPSKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALE EAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLE EAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRASLE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAVGGKGSTIASVRGALE EAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMKYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMAYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY	ICSALGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE ICSALGCEWYYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCEWYYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYGGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYGGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGCHWYYGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellulcmonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Clavibacter	: QTGIKAIITATPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIANIPVGRGQRQLVIGDRQTGKTA : QTGYKSIIANIPVGRGQRQLVIGDRQTGKTA : QTGIKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	GIDSIINQKANKESGDPDKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AIDTIINQKRNWESGDPKKQV AIDTIINQKKNWESGDPNKQV AIDTIINQKKNWESGDPNKQV AIDTIINQKKNWETGDPSKQV AIDTIINQKDNWETGDPSKQV AIDTIINQKDNWETGDPDKQV IAIDTIINQKANWETGDPTKQV IAIDTIINQKANWETGDPTKQV IAIDTIINQKANWETGDPTKQV IAIDTIINQKANWETGDPSKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALE EAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLE EAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRASLE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAVGGKGSTIASVRGALE EAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAKKYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAKAYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAKEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY	ICSALGO HWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE ICSAIGO DWYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO DWYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYKGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYKGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGO HWMYGKHVLIFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellulcmonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Clavibacter alpha_Leifsonia	: QTGIKAIITNTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIANIPVGRGQRQLVIGDRRTGKTA : QTGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	GIDSIINQKANK ESGDPDKQV AVDTIINQRDNWRSGDPEKQV AVDTIINQRDNWRSGDPKQV AVDTIINQKRNWESGDPKKQV AIDTIINQKKNWESGDPKKQV AIDTIINQKKNWESGDPKQV AIDTIINQKKNWETGDPSKQV AIDTIINQKNWETGDPKKQV AIDTIINQKANWETGDPTKQV AIDTIINQKANWETGDPTKQV AIDTIINQKANWETGPTKQV AIDTIINQKANWETGPTKQV AIDTIINQKANWETGPSKQV AIDTIINQKANWETGPSKQV AIDTIINQKANWETGPSKQV AIDTIINQKANWETGPSKQV AIDTIINQKANWETGPSKQV AIDTIINQKANWETGPSKQV AIDTIINQKANWETGPSKQV AIDTIINQKANWETGPSKQV AIDTIINQKANWETGPSKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SAMEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY	ICSALGO HWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE ICSALGO HWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGO HWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGO HWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGO HWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGO HWMYKGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGO HWMYKGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGO HWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSALGO HWMYGKHVLIFDDLSKQAE ICSALGO HWMYGKHVLIFDDLSKQAE ICSALGO HWMYGKHVLIFDDLSKQAE ICSALGO HWMYGKHVLIFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYESVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYESVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYESISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYESISLLRRPPGREAYPG : 300 AYESISLLRRPPGREAYPG : 300 AYESISLLRRPPGREAYPG : 300 AYESVSLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellulcmonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Clavibacter	: QTGIKAIITNTFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIANTFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : CTGYKSIIANIFVGRGORQLVIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIANIFVGRGORQLVIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISNIFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIFIGRGORQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANIFVGRGORQLIIGDRQTGKTA	GIDSIINQKANK BSGDPDKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AVDTIINQRNWBSGDPKQV AIDTIINQKNWBSGDPNKQV AIDTIINQKKNWBSGDPNKQV AIDTIINQKKNWBTGDPSKQV AIDTIINQKKNWBTGDPSKQV AIDTIINQKNWBTGDPTKQV IAIDTIINQKANWBTGDPTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVRASLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIAAVRASLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVRGALEDAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVRGALEDAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVKGALEDAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVKGALEDAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVKGALEDAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVKGALEDAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVKGALEDAG	SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY GALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY GALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY GAM EYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY GAM EYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY GAM EYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY GALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY GALEYTTIVAS PASDPAC FKYLAPY GALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY GAN EYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY GAN EYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY GAN EYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY	IGSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGCEWMYDGKEVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCEWMYGGKEVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellulcmonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Clavibacter alpha_Leifsonia	: QTGIKAILTNTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAILANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVUANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAILANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAILANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAILANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAILANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSILANIPVGRGQRQLVIGDRQTGKTA : QTGYKSILANIPVGRGQRQLVIGDRQTGKTA : QTGIKAILSNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAILANIPVGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAILANIPVGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAILANIPVGRGQRQLIIGDRQTGKTA : MTGLKSILSTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : MTGLKSILSTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	GIDSIINQKANK BSGDPDKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AVDTIINQRNWBSGDPKQV AIDTIINQKNWBSGDPNKQV AIDTIINQKKNWBSGDPNKQV AIDTIINQKKNWBTGDPSKQV AIDTIINQKKNWBTGDPSKQV AIDTIINQKNWBTGDPTKQV IAIDTIINQKANWBTGDPTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV IAIDTIINQKANWBTGDTTKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLE EAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGALE EAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SAMEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY	IGSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGCEWMYDGKEVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCEWMYGGKEVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIIFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYESVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYESVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYESISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYESISLLRRPPGREAYPG : 300 AYESISLLRRPPGREAYPG : 300 AYESISLLRRPPGREAYPG : 300 AYESVSLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actinomyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellulemonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Leifsonia alpha_Leifsonia alpha_Aercmicrobium alpha_Janibacter	: QTGIKAILTNTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAILANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVUANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAILANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAILANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGLKAILANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAILANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSILANIPVGRGQRQLVIGDRQTGKTA : QTGYKSILANIPVGRGQRQLVIGDRQTGKTA : QTGIKAILSNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAILANIPVGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAILANIPVGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAILANIPVGRGQRQLIIGDRQTGKTA : MTGLKSILSTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : MTGLKSILSTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA	GIDSIINQKANK ESGDPDKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AVDTIINQRDNWRTGDPNKQV AVDTIINQRNWBSGDPKKQV AIDTIINQKNWBSGDPNKQV AIDTIINQKNWBSGDPNKQV AIDTIINQKNWBTGDPSKQV AIDTIINQKNWBTGDPSKQV AIDTIINQKANWBTGDPTKQV AIDTIINQKANWBTGDPTKQV AIDTIINQKANWBTGDPTKQV AIDTIINQKANWBTGDPTKQV AIDTIINQKANWBTGDPTKQV AIDTIINQKANWBTGDPTKQV AIDTIINQKANWBTGDPTKQV AIDTIINQKANWBTGDPTKQV AVDTIINQKANWBTGDPTKQV AVDTIINQKANWBTGDPTKQV AVDTIINQKANWBTGDPTKQV AVDTIINQKANWBTGDPTKQV AUDTIINQKANWBTGDPTKQV AUDTIINQKANWBTGDPTKQV AVDTIINQKANWBTGDPTKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLE EAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGALE EAG	SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKYLAPY	GSALGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE GSALGCEWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCEWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE GSALGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG: 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG: 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellvibrio alpha_Isoptericola alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Leifsonia alpha_Leifsonia alpha_Aercmicrobium alpha_Janibacter alpha_Janibacter alpha_Janibacter	CTGIKAILTNTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA ETGYKAVLANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA STGLKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA STGLKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA ETGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGYKSILANIPIGRGGRQLVIGDRCTGKTA CTGYKSILANIPIGRGGRQLVIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA	GIDSIINQKANK ESGDPDKQV AVITIINQRDNWRTGDPKKQV AVITIINQRDNWRTGDPKKQV AVITIINQRNWETGDPKKQV AIDTIINQKNWETGDPKKQV AIDTIINQKKNWETGDPKKQV AIDTIINQKKNWETGDPKKQV AIDTIINQKNWETGDPKKQV IAIDTIINQKANWETGDPKKQV IAIDTIINQKANWETGDPTKQV IAIDTIINQKANWETGDPTKQV IAIDTIINQKANWETGDPTKQV IAIDTIINQKANWETGDPKKQV IAIDTIINQKANWETGDPKQV IAIDTIINQKANWETGDPKQV IAIDTIINQKANWETGDPKQV IAIDTIINQKANWETGDPKQV IAIDTIINQKANWETGDPKQV IAIDTIINQKANWETGDPKQV IAIDTIINQKANWETGDPKQV IAIDTIINQKANWETGDPKQV IAIDTIINQKANWETGDPKQV IAIDTIINQKAFWETGDESKQV VAVDTIINQKAFWETGDESKQV VAVDTIINQKAFWETGDESKQV VAVDTIINQKAFWETGDESKQV VAVDTIINQKAFWETGDESKQV VAVDTIINQKAFWETGDESKQV VAVDTIINQKAFWETGDESKQV VAVDTIINQKAFWETGDESKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALE EAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVKGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE EAG	SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKYLAPY	ICSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE ICSAIGCDWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Celluibrio alpha_Celluibrio alpha_Celluicmonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Clavibacter alpha_Leifsonia alpha_Aercmicrobium alpha_Janibacter alpha_Janibacter alpha_Janibacter alpha_Janibacter alpha_Janibacter alpha_Kytococcus alpha_Frankia	CTGIKAIITATPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRGTGKTA ETGYKAVIANTPIGRGQRQLIIGDRGTGKTA STGLKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRGTGKTA STGLKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA ETGIKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGKAIIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGYKSIIANIPVGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIISNIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAIIANIPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAVIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGLKAVIANTPIGRGQRQLIIGDRQTGKTA CTGIKAVISNVPIGRGQRQLIIGDRQTGKTT	GIDSIINQKANK ESGDPDKQV AVDTIINQRDNWRSGDPEKQV AVDTIINQRDNWRSGDPKQV AUDTIINQRNWESGDPKKQV AIDTIINQKNWESGDPKKQV AIDTIINQKKNWESGDPKKQV AIDTIINQKKNWESGDPKKQV AIDTIINQKKNWETGDPKQV AIDTIINQKANWETGDPKQV AIDTIINQKANWETGDPTKQV AIDTIINQKANWETGDPTKQV AIDTIINQKANWESGDPKKQV AIDTIINQKANWESGDPKKQV AIDTIINQKANWESGDPTKQV AIDTIINQKANWESGDPTKQV IAIDTIINQKANWESGDPTKQV IAIDTIINQKANWESGDTNKQV IAIDTIINQKEFWETGDPNKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRTLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRTLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRTLEEAG	SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SANKYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMAYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SANEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKYLAPY	ICSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE ICSAIGCEWNYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCEWNYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYMGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Actincmyces alpha_Actincmyces alpha_Cellulcmonas alpha_Cellulcmonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Clavibacter alpha_Leifsonia alpha_Aercmicrobium alpha_Janibacter alpha_Janibacter alpha_Janibacter alpha_Frankia alpha_Frankia	: QTGIKAIITNTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGYKAVIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : STGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : ETGIKAIIANTFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIANIFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGYKSIIANIFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAIISNIFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : MTGIKSIISITFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : MTGIKSIISITFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAVISNVFIGRGQRQLIIGDRQTGKTA : QTGIKAVISNVFIGRGQRQLIIGDRQTGKTT	GIDSIINQKANY ESGIPDKOV AVUTIINQRDNW RTGIPNKOV AVUTIINQRDNW RTGIPNKOV IMITIINQRNW ETGIPNKOV IMITIINQRANW ETGIPNKOV IMITIINQRANW ETGIPNKOV IMITIINQKKNW ETGIPNKOV IMITIINQKKNW ETGIPNKOV IMITIINQKKNW ETGIPNKOV IMITIINQKANW ETGIPNKOV IMITIINQKENW ETGIPNENCOV IMITIINQKENCOV IMITIINQKENW ETGIPNENCOV IMITIINQKENW ETGIPNENCOV IMITIINQKENCOV IMITIINQKENCOV IMITIINQKENCOV IMITIINQKENCOV IMITIINQKENCOV IMITIINQKENCOV IMITIINQKENCOV	VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVRASLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIAAVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGTLEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGTLEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGTLEEAG VRCIYVAYGGKGSTIASVRGTLEEAG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDSACEKYLAPY	IGSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGCEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 300
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actinomyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellvibrio alpha_Isoptericola alpha_Isoptericola alpha_Jonesia alpha_Leifsonia alpha_Leifsonia alpha_Aercmicrobium alpha_Janibacter alpha_Janibacter alpha_Janibacter alpha_Frankia alpha_Fsacdnaropolyspora	CTGIKAILTNTFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTFIGRGORQLIIGDRCTGKTA ETGYKAVIANTFIGRGORQLIIGDRCTGKTA STGLKAILANTFIGRGORQLIIGDRCTGKTA STGLKAILANTFIGRGORQLIIGDRCTGKTA ETGIKAILANTFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGYKSILANIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGYKSILANIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIFIGRGORQLIIGDRCTGKTA CTGIKAVIANTFIGRGORQLIIGDRCTGKTT CTGIKAVIANTAIGRGORQLIIGDRCTGKTT CTGIKAVIANTAIGRGORQLIIGDRCTGKTT CTGIKAVIANTAIGRGORQLIIGDRCTGKTT CTGIKAVIANTAIGRGORQLIIGDRCTGKTS CTGIKAVIANTAIGRGORGRCIVIGDRCTGKTS CTGIKAVIANTAIGRGORGRCIVIGDRCTGKTS CTGIKAVIANTAIGRGORGRCIVIGDRCTGKTT	GIDSIINQKANK ESGIPDKQV AVUTIINQRDNWRTGDPKKQV AVUTIINQRDNWRTGDPKKQV BIDTIINQRANWETGDPKKQV BIDTIINQKANWETGDPKKQV BIDTIINQKANWETGDPKKQV BIDTIINQKKNWETGDPKKQV ALDTIINQKANWETGDPKKQV ALDTIINQKANWETGDPKKQV ALDTIINQKANWETGDPKKQV BIDTIINQKANWETGDPKKQV BIDTIINQKANWETGDPKKQV BIDTIINQKANWETGDPKKQV BIDTIINQKANWETGDPKKQV BIDTIINQKANWETGDPKKQV BIDTIINQKANWETGDPKKQV BIDTIINQKANWETGDPKKQV BIDTIINQKANWETGDPKQV BIDTIINQKANWETGDPKQV BIDTIINQKANWETGDPKQV BIDTIINQKANWETGDPKQV BIDTIINQKANWETGDPKQV BIDTIINQKANWETGDPKQV BIDTIINQKANWETGDPKQV BIDTIINQKANWETGDPKQV BUDTIINQKETWETGDPKQV BUDTIINQKENWETGDPKQV BUDTIINQKENWATGDPKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALE DAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE DAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRCAULTHE ENG VRCIYVAIGCKGSTIAGVRCAULTHE ENG	SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SAMEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDSACEKYLAPY SALEYTTIVASPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDPACEKYLAPY SALEYTTIVAAPASDSACEKYLAPY	IGSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGCEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCEWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 299 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 299
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actinomyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellvibrio alpha_Cellulemonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Leifsonia alpha_Leifsonia alpha_Leremicrobium alpha_Aercmicrobium alpha_Arytococcus alpha_Frankia alpha_Frseudonocardia alpha_Saccharopolyspora alpha_Mycobacterium	CTGIKAILTNTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA ETGYKAVUANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA STGLKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA STGLKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA ETGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGYKSILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGYKSILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLUIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLUIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLUIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLUIGDRCTGKKTA	GIDSIINQKANK ESGDPDKQV AVDTIINQRDNWRTGDPKQV AVDTIINQRDNWRTGDPKQV AVDTIINQRNWBSGDPKQV AIDTIINQKNWBSGDPKQV AIDTIINQKKNWBSGDPKQV AIDTIINQKKNWBTGDPKQV AIDTIINQKKNWBTGDPKQV AIDTIINQKANWBTGDPKQV AIDTIINQKANWBTGDPKQV AIDTIINQKANWBTGDPTKQV IAIDTIINQKANWBTGDPTKQV IAIDTIINQKAFWBTGDPTKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLE EAG VRCIYVAVGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRASLE DAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIAVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIAVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIAVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIAVRGALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRRALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRRALE EAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRRSLE DAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRRALE EGG	SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SAMEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SAMEYTTIVAA PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKWLAPY	ICSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE ICSAIGCEWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 299 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 299 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 299
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellulcmonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Leifsonia alpha_Leifsonia alpha_Leromicrobium alpha_Janibacter alpha_Frankia alpha_Frankia alpha_Pseudonocardia alpha_Saccharopolyspora alpha_Mycobacterium alpha_Mycobacterium alpha_Rhodococcus	CTGIKAIITNTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA ETGYKAVIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA STGLKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA STGLKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIISNIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIISNIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIISNIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIISNIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIISNIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIISNIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIISNIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAVISNUFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAVISNUFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAVISNUFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAVISNUFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAVISNUFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAVISNUFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAVISNUFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA	GIDSIINQKANWESGIPDKQV AVUTIINQRDNWRTGDPKKQV AVUTIINQRDNWRTGDPKKQV AUDTIINQRNWESGIPKRQV AIDTIINQRNWESGIPKRQV AIDTIINQRNWESGIPKRQV AIDTIINQKKNWESGIPKRQV AIDTIINQKKNWETGDPKQV AIDTIINQKKNWETGDPKRQV AIDTIINQKANWETGIPTKQV AIDTIINQKANWETGIPTKQV AIDTIINQKANWETGIPTKQV AIDTIINQKANWESGIPKRQV AIDTIINQKANWESGIPKRQV AIDTIINQKANWESGIPKQV AIDTIINQKANWESGIPKRQV AVUTIINQKANWESGITNKQV AVUTIINQKANWESGITKQV AUDTIINQKANWESGIVKQV AUDTIINQKAWESGIVKQV AUDTIINQRAWESGIVKQV AUDTIINQRAWESGIVKQV AUDTIINQREWESGIPKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEEAG	SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKWLAPY SANEYTTIVAA PASDSAC FKWLAPY	IGSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE IGSAIGCEWMYDGKEVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCEWMYDGKEVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYDGKHVLIVFDDLSKQAE IGSAIGCHWMYGGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 299
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actinomyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellvibrio alpha_Cellulemonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Leifsonia alpha_Leifsonia alpha_Leremicrobium alpha_Aercmicrobium alpha_Arytococcus alpha_Frankia alpha_Frseudonocardia alpha_Saccharopolyspora alpha_Mycobacterium	CTGIKAILTNTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA ETGYKAVUANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA STGLKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA STGLKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA ETGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGYKSILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGYKSILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILSNIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANIPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLIIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLUIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLUIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLUIGDRCTGKKTA CTGIKAILANTPIGRGGRQLUIGDRCTGKKTA	GIDSIINQKANWESGIPDKQV AVUTIINQRDNWRTGDPKKQV AVUTIINQRDNWRTGDPKKQV AUDTIINQRNWESGIPKRQV AIDTIINQRNWESGIPKRQV AIDTIINQRNWESGIPKRQV AIDTIINQKKNWESGIPKRQV AIDTIINQKKNWETGDPKQV AIDTIINQKKNWETGDPKRQV AIDTIINQKANWETGIPTKQV AIDTIINQKANWETGIPTKQV AIDTIINQKANWETGIPTKQV AIDTIINQKANWESGIPKRQV AIDTIINQKANWESGIPKRQV AIDTIINQKANWESGIPKQV AIDTIINQKANWESGIPKRQV AVUTIINQKANWESGITNKQV AVUTIINQKANWESGITKQV AUDTIINQKANWESGIVKQV AUDTIINQKAWESGIVKQV AUDTIINQRAWESGIVKQV AUDTIINQRAWESGIVKQV AUDTIINQREWESGIPKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEEAG	SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SAMEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SAMEYTTIVAA PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKWLAPY	ICSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE ICSAIGCEWNYDGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGCHWMYGKHVLIVFDDLSKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 299 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 299 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 299
alpha_Nocardiopsis alpha_Kitasatospora subît_Streptcmyces alpha_Bifidobacterium alpha_Gardnerella alpha_Scardovia alpha_Parascardovia alpha_Brevibacterium alpha_Actincmyces alpha_Cellvibrio alpha_Cellulcmonas alpha_Isoptericola alpha_Sanguibacter alpha_Jonesia alpha_Leifsonia alpha_Leifsonia alpha_Leromicrobium alpha_Janibacter alpha_Frankia alpha_Frankia alpha_Pseudonocardia alpha_Saccharopolyspora alpha_Mycobacterium alpha_Mycobacterium alpha_Rhodococcus	CTGIKAIITNTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA ETGYKAVIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA STGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA STGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGYKSIIANIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGYKSIIANIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIISNIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANIFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAVISNVFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAVISNVFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLIIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLUIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLUIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLUIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLUIGDROTGKTA CTGIKAIIANTFIGRGORQLUIGDROTGKTA	GIDSIINQKANN ESGIPDKQV AVUTIINQRDNW RTGIPNKQV AVUTIINQRDNW RTGIPNKQV AVUTIINQRNW ETGIPNKQV AVUTIINQRANW ETGIPNKQV AIDTIINQKKNW ETGIPNKQV AIDTIINQKKNW ETGIPNKQV AIDTIINQKKNW ETGIPNKQV AIDTIINQKANW ETGIPNKQV AVUTIINQKANW ETGIPNKQV	VRCIYVAIGQKGSTIAGVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRQSLEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRASLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRAALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAYGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIASVRGALEEAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEDAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEEAG VRCIYVAIGQKGSTIAGVRQSLEEAG	SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SAMEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDSAC FKYLAPY SALEYTTIVAS PASDPAC FKYLAPY SALEYTTIVAA PASDSAC FKWLAPY SANEYTTIVAA PASDSAC FKWLAPY	ICSAIGC HWMYEGKHVLIVFDDLTKQAE ICSAIGC WMYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGC WMYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGC WMYEGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGC HWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGC HWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGC HWMYNGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGC HWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGC HWMYGKHVLIIFDDLSKQAE ICSAIGC HWMYGKHVLIIFDDLSKQAE ICSAIGC HWMYGKHVLIVFDDLSKQAE ICSAIGC HWMYGKHVLIVFDDLTKQAE ICSAIGC HWMYGKHVLIVFDDLTKQAE ICSAIGC HWMYGKHVLIVFDDLTKQAE ICSAIGC HWMYGKHVLIVFDDLTKQAE	AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFSVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAVSLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 300 AYFAISLLLRRPPGREAYPG : 299

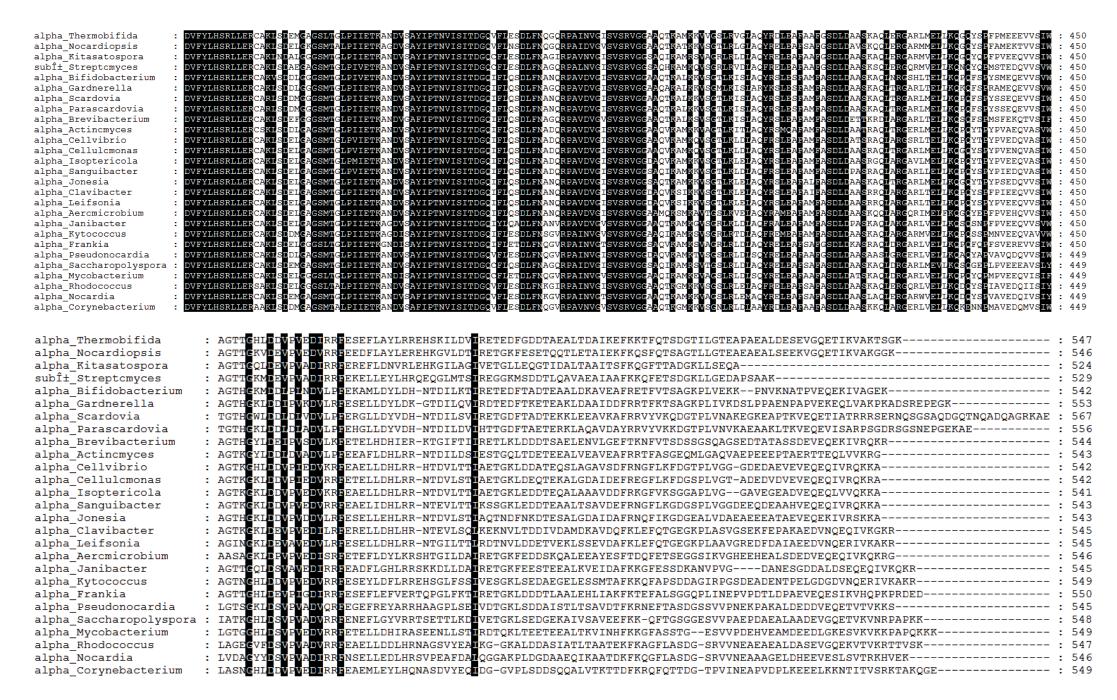


Fig. S5. Comparison of amino acid sequences of a-subunits of F_1 -part of F_0F_1 ATPase operon in various actinobacteria genera. Conserved residues are shown in black.

Acidothermus	:MTATIDNTQSQATTGGVGRVARVIGPVVEVEFA	<u>ie eiynaltydydfatasegvegetkrtltievaghic</u> dnm <mark>vr</mark> ansigptd <mark>ei</mark> vrgalvrntgapnsvpvcd	VTKCHVENVLCQTLDVPRIEVTER-MPIHRPACA: 141
Frankia	:MTVTTSSTAPADGRVPGIGRVARVIGPVVDVEFA		ATKCHVFNVLCRPLDVESVDAETT-WAIHRSAEP: 134
Thermcmonospora	:MTAQVETATATGRVARIIGPVVDVEFPA	MEEIYNALHVDVTLGEETKTLTL <mark>EV</mark> AQH <mark>LG</mark> DNM <mark>VRAUSM</mark> QPTD <mark>GL</mark> VRGATVVLTGAPUSVPVGD	VTKCHVWNALCETLDVPTS-SLEINER-WSIHRKAPD: 129
Streptosporangium	:MTAQTVETGVGRVARVTGPVVDVEFP	Mediynaltvdvtlgeetktltl <mark>ev</mark> aqhlgdnlvra.is <mark>m</mark> qptdgitrgaa <mark>v</mark> t.sgaaisvpvgd	VVKCHVWSTLCESLDVPTA-SLKIEER-WGIHRPSEA: 128
Thermobifida	:MTATAEGTAAPTTVTGRIARVIGPVVDVEFP	lepiynalktevtlggetrtitl <mark>ev</mark> aqhlgdnivraisinpqd gi vrgaevrdtgapurvevgd	GVKCHVENALCEPQDIPKS-ELQVKEY-WPIHRPARA: 133
Saccharopolyspora	:MDVEFP	vedlynaltveitaegmaktltlevaghlgdsvvrtisvogtgglvrgvavtisgagisvpvgd	VVKCHVENALCHCLDEPGYGSDAERWTIHRKAPS: 107
Mycobacterium	:MTAATEQKEKTGTDNVGRVVRVTGPVVDVEFP	veelfnalhaeisykdlaktltlevaghlgdslvrcisvoptdglvrgvdvtetgasisvpvge	GVKCHVENALCACLDDPGYGKDFEKMSIHRKPPA : 133
Nocardia	:MTAAVTQDNTSRTGANTGRVVRVIGPVVDVEFP	IPDLFNALHAEITLTSVAKTLTLEVAGHLGDGIVRCISVQPTDGIVRSAFVTLTGKFISVPVGD	VVKCHVENALGDCLDTPGLGRDGEQWGIHRKPES: 134
Rhodococcus	:MTAAVTOTNANGADTTSGRVVRVIGPVVDVEFP		VVKCHVENALGDCLDAPGTGRDGEOMGIHRKPEA: 134
Corynebacterium	:MTTALQEQNTQSSATAGRVVRVIGPVVDVEFP	LEALYNALTVEVTLEAVAKTVTL <mark>EV</mark> AQHLGDNLVRAVSMAPTDGLVRGAAVTDTGKPISVPVGD	VVKCHVENALCDCLDQPGLGRDGEQWGIHREPEA: 133
Pseudonocardia	:MTATADTATTTGRVVRVTGPVVDVEFP		QVKCHVENALCECLDKPDLEITGELWGIHRKAES: 128
	:MTVSATADGPAGTKTATGRVVRVIGPVVDAEFP		TVKCHVENAICECLNLEPG-ETLSPDDHWCLHRKALA: 136
Geodermatophilus	:MTVTEDRPTTQTTGRVVRVTGPVVDVEFP		VTTCHVWNALCQCLDTPGHGNDALRWGIHRHAER: 130
Kitasatospora			ITKCKVENALCEVLNVDKAEFESQVQVKWPLHRKAEN : 136
Streptcmyces			VTKCRVENTLCEILNVDEQYTTERWPLHRQALA : 130
Catenulispora			ITLGRVENVTGDVLNLKEGEEFH-AEERWGTHRKAES: 131
	:MNATIAAERSSDTQQGGGVGRLARIIGPVVDVEEP		VTLCKVENATC-DCLNLEEGOTLEVTERWGLHRNAED : 138
	: -MTATVSDNVGAAAQGPSAGGVGRISRIIGPVVDVEEP		VTLCHVENTTC-ECMNLAEGETLDIKERMGIHRKABA: 140
Nocardioidaceae	:MTAQVDEKTTTGRIARVIGPVVDVEEP		VTLCHVENATC-DILDVDP-STVEVKERMGUHRKABA : 129
	:MTATIEETQETGSAGVGRIARVIGPVVDVDP		ATLCKVENTLC-EVLNLEEGETFEVKERMGUHRKALA : 135
	:MTATTVEAPHGAAPTEPGTGRVARVIGPVVDIESP		ITKCHVENVTCEVLNL-KDGERFEVTERWPIHRKPIS : 143
Xylanimonas			ITKCHVEDVTCNVLNL-KEGEKFEVTERMPIHRKAFA: 142
Cellvibrio	·MTATIVDIEVENINGEVVGNVARVIGEVVEIDE		VTKekvenvtedvlnl-aegetleiterwpuhrrpea : 144
Leifsonia	:MTTATAEAQASTAQPAGVGRIARVTGPVVLIERP		VTKCKVDDVTCEILNA-EPGEKIEIAERMPIHRQPES: 137
Clavibacter	:MTDTATRPVASDSVAGVGRIVRVTGPVVDIEDP		ITKEKVEDVIEETINA-EPGERIETERMPHHKPEM : 136
Actincmyces			VTKCHVENVTCDVLNL-EEGETLEVTERWPTHRQPEA: 133
Bifidobacterium			VTKCHVENVIEDVLNE-LEGETHEVTERWETHKNESA: 133
Gardnerella Scardovia			
	:MENASATLANEQLDESQAVAGRVTRVQGSVIDIEEP: : MAQEYASTSLQAEQLDEAEAVKGRVTRVQGSVIDIEEP:	MEDIYN-ALTVEIPAVGTVEGESSATITIEVEÇHLEDSIVRAVALKPTDGIVRGAIVTDTGGPIEVPVGD MEDIYN-ALTVDIPAVGSVEGESSATITIEVEÇHLEDSIVRAVALKPTLGIVRGAVVTDTGGPIEVPVGN	VTLGHVFDVSGHILNS-KEGEDLTVTERNPTHRAAFP: 144 VTLGHVFDVSGHILNK-QDDEQIEVKEKNPTHRAAFR: 146
Brevibacterium	:MSTATDTPQVQGTVGRISRVIGPVVDIEFP	V <mark>e</mark> aiyn-altttvelsegtrkitf <mark>ev</mark> elq <mark>lg</mark> ngi <mark>vravsn</mark> qptd <mark>gi</mark> vrgqe <mark>v</mark> otgapis <mark>vpvg</mark> d	VTKCKVENVTCDVLNDSMIDEPYEITERMPIHRTAEN: 134
Acidothermus Frankia	: BDCIEAKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKICLFGGAGV		
Frankia	: FDQLESKTEMFETGIKVIDLLAPYVRGGKIGLFGGAGV	viiqemirrvakefgevsvfagvgertregndlfeemteagviedta <mark>lvfgqmde</mark> fpgtrlrvalaaltmae	YFRDVKKQDVLLFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA : 284
Frankia Thermcmonospora	: FDQLESKTEMFETGIKVIDLLAPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDQLESKTEMLVTGIKVIDLLTPYVRGGKIGLFGGAGV(viiqemirrvakefggvsvfagvgertregndifeenteagviedtalvfgqmdepgtrirvalaaltmae vliqemirrvaknfggtscfagvgertregndiwvemaesgvlkdtvlvfgqmdepgtrirvalsaltmae	YFRLVKKODVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRLVQKKDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 279
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium	: FDCLESKTEMFETGIKVIDLLAPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDCLESKTEMLVTGIKVIDLLTPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDTLESRTEMLPTGIKVIDLLTPYVRGGKIGLFGGAGV(viiqemirrvakefggvsvfagvgertregndifeenteagviedtalvfgqmdepgtrirvalaaltmae vliqemirrvaknfggtscfagvgertregndiwvenaesgvlkdtvlvfgqmdepgtrirvalsaltmae vliqemirrvalkfsgtsvfagvgertregndiwlemdeagvlkdtalvfgqmdepgtrirvalsaltmae	YFRLVKKQDVILFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRLVÇKKDVILFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA: 279 YFRLVÇKQDVILFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA: 278
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida	: FDCLESKTEMFETGIKVIDLLAPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDCLESKTEMLVTGIKVIDLLTPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDTLESRTEMLPTGIKVIDLLTPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDCLEAKTEMLVTGIKVIDLLTPYVRGGKIGLFGGAGV(VIIQEMIRRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVFGQMDEPGTRIRVALAALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVLVFGQMDEPGTRIRVALSALTMAE VLIQEMIRRVALKFSGTSVFAGVGERTREGNDIWLENDEAGVLKDTALVFGQMDEPGTRIRVALSALTMAE VLIQEMITRIARNFGGVSVFAGVGERTREGTDIFLEMQEMGVLPDTALVFGQMDEPGTRIRVALSALTMAE	YFRLVKKQDVILFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRLVQKKDVILFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA: 279 YFRLVQKQDVILFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRLVQKQDVILFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA: 283
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDCIESKTEMIVTGIKVIDLITPYVKGGKIGLFGGAGV(: FDTIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDCIEAKTEMIVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDCIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVQGGKIGLFGGAGV(viiçemirrvakefggvsvfagvgertregndifeenteagviedtalvfgçmdepgtrirvalaaltmae viiçemirrvaknfggtscfagvgertregndiwvemaesgvlkdtvilvfgcmdepgtrirvalsaltmae viiçemirrvalkfsgtsvfagvgertregndiwiemdeagvlkdtalvfgcmdepgtrirvalsaltmae viiçemirriarnfggvsvfagvgertregndifiemcemgvlpdtalvfgcmdepgtrikvalsaltmae viiçemirrvaknfggtsvfagvgertregndiwvemaesgvladtalvfgcmdepgtrmrvalsaltmae	YFRDVKKQDVILFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRDVQKKDVILFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA: 279 YFRDVQKQDVILFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRDVQKQDVILFIDNIFRFTQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRDVQQQDVILFIDNIFRFTQAGQEVSTLLGRMPSA: 257
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDCIESKTEMLVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDTIESKTEMLPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDCIEAKTEMLVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDCIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: FDEIEFRTEMLETGIKVVDLITPYVRGGKIALFGGAGV(VIIQEMIRRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVFGQMDE PGTRIRVAIAALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVFGQMDE PFGTRIRVAISALTMAE VLIQEMIRRVALKESGTSVFAGVGERTREGNDIWIENDEAGVLKDTAIVFGQMDE PFGTRIRVAISALTMAE VLIQEMITRIARNFGGVSVFAGVGERTREGNDIWIENDEAGVLPDTAIVFGQMDE PGTRIRVAISALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTAIVFGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTAIVFGQMDE PGTRMRVAISALTMAE	YFRIVKKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQKKIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 279 YFRIVQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRIVQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRIVQQDVILFIDNIFRETQAGQEVSTLLGRMPSA: 257 YFRIEKQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGV(: RDCIESKTEMLVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: RDTIESKTEMLPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: RDCIEAKTEMLVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: RDCIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: RDCIEGKTEMLETGIKVUDLITPYVRGGKIALFGGAGV(: RDCIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIALFGGAGV(VIIQEMIRRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVFGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVEMAESGVLKDTVIVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRRVALKESGTSVFAGVGERTREGNDIWIENDEAGVLKDTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRRIARNFGGVSVFAGVGERTREGTDIFLENQEMGVLPDTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRRVAKFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVEMAESGVLADTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMIRRIARNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVEMAESGVLADTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIARNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE	YFRLVKKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRLVQKKLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 279 YFREVQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRLVQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRLVQQQDVILFIDNIFRETQAGQEVSTLLGRMPSA: 257 YFRLEKQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRDVQHQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGV(: RDCIESKTEMLVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: RDTIESRTEMLFTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: RDCIEAKTEMLFTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: RDCIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: RDCIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIALFGGAGV(: RDCIEGKTEILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(: RDCIEGKTEILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGV(VIIQEMIRRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVFGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRRVALKESGTSVFAGVGERTREGNDIWLENDEAGVLKDTAIVFGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VLIQEMITRIARNFGGTSVFAGVGERTREGTDIFLENQEMGVLPDTALVFGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMIRRIARNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVFGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIRLENEEMGVLPDTALVFGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIRLENEEMGVLPDTALVFGQMDE PGTRMRVAISALTMAE	YFRLVKKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRLVQKKLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 279 YFRLVQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRLVQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRLVQQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 257 YFRLEKQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRLVQHQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRLVQHQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRLVQQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIESKTEMIVITGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDTIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEAKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIALFGGAGVO : FDCIEGKTE ILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTE ILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTE ILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTE ILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO	VIIQEMIRRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVFGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMIRRVAKNFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVFGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKKFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVFGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRIARNFGGVSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVFGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVFGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMIRRIARNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVEIADANVLKDTAIVFGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMIRRIARFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVEIADANVLKDTAIVFGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIHLEMEEMGVLPDTAIVFGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIHLEMEEMGVLQDTAIVFGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIHLEMEEMGVLQDTAIVFGQMDE PGTRMRVAISALTMAE	YFRIVKKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQKKIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 279 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 257 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRIVQHQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQHQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284
Frankia Thermomonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMIVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKREMIVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKREMIVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKREMIVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKREMILETGIKVIDLITPYVRGGKIALFGGAGVOORD CHESKREMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKREMING CHESKRE	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVFGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VULQEMIRRVAKNFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VULQEMIRRVAKKFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRIARNFGGVSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIRIENEEMGVLPDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHLENEEMGVLQDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIFLENEEMGVLQDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIFLENEEMGVLQDTALVFGQMDE PGVRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIFLENEEMGVLQDTALVFGQMDE PGVRMRVALSGLTMAE	YFRIVKKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 287 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVO : BDCIESKTEMLVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDTIESKTEMLPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEAKTEMLPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FACIEGRTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FACIEGRTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO	VIIQEMIRRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVFGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVEMAESGVLKDTVIVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRRVALKESGTSVFAGVGERTREGNDIWIEMDEAGVLKDTAIVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRRVALKESGTSVFAGVGERTREGNDIWIEMDEAGVLKDTAIVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVEMAESGVLADTAIVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTAIVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIRLEMEEMGVLPDTAIVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIFLEMEEMGVLPDTAIVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIFLEMEEMGVLQDTAIVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIFLEMEEMGVLQDTAIVFGQMDE PGTRMRVALSGLTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIITEMTESGVIDTAIVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIITEMTESGVIDTAIVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE	YFRIVKKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 284 YFRIVQKKIVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 279 YFRIVQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 278 YFRIVQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 283 YFRIVQQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 287 YFRIEKQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 283 YFRIVQQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 284 YFRIVQQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 284 YFRIVQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 283 YFRIVQNQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 283 YFRIEQNQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 283 YFRIEQNQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 278 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 286
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIESKTEMIVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDTIESRTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMMETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMMETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMMETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMMETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMMETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO	VIIQEMIRRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVFGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVEMAESGVLKDTVIVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRRVALKESGTSVFAGVGERTREGNDIWIEMDEAGVLKDTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRRVALKESGTSVFAGVGERTREGNDIWIEMDEAGVLKDTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVEMAESGVLADTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVEMAESGVLADTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVEMAESGVLADTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHLEMEEMGVLQDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHLEMEEMGVLQDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHLEMEEMGVLQDTALVFGQMDE PGTRMRVALSGLTMAE VLIQEMITRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIHEMTESGVIADTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIHEMTESGVIADTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIHEMTESGVIADTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE	YFRLVKKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRLVQKKLVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 279 YFRLVQKQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRLVQKQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRLVQQQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 257 YFRLEKQQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRLVQQQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRLVQQQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRLVQQQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRLVQQQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRLEQQQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRLEQQQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRLVQKQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286 YFRLEQQQDVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIESKTEMIVITGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDTIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEAKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTE ILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTE ILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTE ILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTE ILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FALIERKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FSELESKTEMFETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO	VIIQEMIRRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMIRRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVEIADANVLKDTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMIRRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVEIADANVLKDTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMIRRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIHLEMEEMGVLQDTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMIRRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIHLEMEEMGVLQDTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIFEMEEMGVLQDTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDITEMESGVIADTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIADTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIADTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIBSTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIBSTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAQEEGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIBSTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAQEFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIBSTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE	YFRIVKKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQKKIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 279 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRIVQHQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQHQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQHQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQHQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRIEQNQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRIEQNQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286 YFRIEQNQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286 YFRIEQNQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 280 YFRIEQNQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 280 YFRIEQNQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 280
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVORT COLLEGARD CO	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMIRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVAKKFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKKFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIRLENEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIFENEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIFENEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAQEFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIATALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAQEFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIETALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAQEFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIETALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAQEFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIETALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVACHTEGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIETALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE	YFRIVKKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKRULIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptomyces Catenulispora	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVO DCIESKREMLVTGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVO FDTIESKTEMLPTGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVO BDCIEAKTEMLVTGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVO BDCIEGKREMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIEGKREMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIEGKREMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIEGKREMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIEGKREMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIEGKREMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIEGREMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIEGREMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIEGREMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIEGREMFETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BSEMESKTEMFETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BCCIESKREMFETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIESKREMFETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIESKREMFETGIKVUDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIESKREMFETGIKVUDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIESKREMFETGIKVUDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIESKREMFETGIKVUDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIESKREMFETGIKVUDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIESKREMFETGIKVUDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO BDCIESKREMFTTGIKVUDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVFGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VUIQEMIRVAKNEGGTSCFAGVGERREGNDIWVEVAESGVLKDTVIVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVAKKEFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVEVAESGVLKDTVIVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVALKFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVEVAESGVLKDTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVEVAESGVLADTALVFGQMDE PGTRRVALSALTMAE VLIQEMIRVARNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMIRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIRLEMEEMGVLQDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIFLEMEEMGVLQDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRVARFSGTSVFAGVGERTREGNDIFLEMEEMGVLQDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRVARNFGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIDTALVFGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRVARNFGGTSVFAGVGERTREGNDITAMTESGVIDKTALVYGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRVARNFGGTSVFAGVGERTREGNDITAMTESGVIDKTALVYGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRVARNFGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIDKTALVYGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRVARFFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIDKTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRVARFFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIDKTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRVARFFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIDKTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRVARFFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIDKTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRVARHFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIDKTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRVARHFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIDKTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRVARHFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIDKTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRVARHFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIDKTALVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE	YFRIVKKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 287 YFRIVQQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIPQQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIPQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIPQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIPQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIPQKQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIESKTEMIVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDTIESRTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGRTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCMIESKTEMFETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMIRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKETVILVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVAKKFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKETVILVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKKFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAEVLODTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIHLENEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGTDIHLENEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMEESGVIADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVAQEFGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIESTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVAKHEGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIESTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVAKHEGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIESTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVAKHEGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIESTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVARHEGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIESTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVARHEGVSVFAGVGERTREGNDITEMTETDVIKKTALVYGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVARHEGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTETDVIKKTALVYGGMDE PGTRLRVALSALTMAE	YFRIVKKQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKUVLIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQDVILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVEKQUVILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVEKQUVILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQKQD VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVORT COLLEGEN COLL	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMIRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKKFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRRRVAISALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVEIADANVLKDTAIVEGQMDE PGTRRRVAISALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHLENEEMGVLQDTAIVEGQMDE PGTRRRVAISALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHLENEEMGVLQDTAIVEGQMDE PGTRRRVAISALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHLENEEMGVLQDTAIVEGQMDE PGTRRRVAISALTMAE VIIQEMITRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIITENTESGVIADTAIVEGQMDE PGTRRRVAISALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIITENTESGVIADTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAQEFGGVSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIBSTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAQEFGGVSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIBSTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKHEGGSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIBSTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKHEGVSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIBSTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKHEGVSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIBSTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVARHEGVSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIBSTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVARHEGVSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIBSTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVARHEGVSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIBSTAIVEGDMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVARHEGVSVFAGVGERTREGNDIHENTERGVIBSTAIVEGDMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVARHEGUSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVILGTTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVARHEGUSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVILGTTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE	YFRIVKKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 287 YFRIVQHQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQHQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQHQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQHQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQHQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 288
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVO FDCIESKREMIVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO FDTIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO FDCIEGKREMIVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO FDCIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO FDCIEGKTEMFETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMIRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVAKKFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKKFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHENEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHENEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIHENEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIADTALVEGQMDE PGTRKVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIATALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGVSVFAGVGERTREGNDIHEMTESGVIATALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGVSVFAGVGERTREGNDIHEMDESGVLAKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGVSVFAGVGERTREGNDIHEMDENGVLAKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGVSVFAGVGERTREGNDIHEMTETDVIKKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDHWEMEEAGVLAGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDHWEMEEAGVLAGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDHWEMEEAGVLAGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDHWEMEEAGVLAGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE	YFRIVKKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKRUILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 289 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 289 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptomyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLYTGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLYTGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLYTGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEMFETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEM CHETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEM CHESKTEM CHETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEM CHETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEM CHETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEM CHETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEM CHESKTEM CHESKTEM CHETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVOORD CHESKTEM C	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VUIQEMIRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VUIQEMIRVAKKEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMITRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREESGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREESGTSVFAGVGERTREGNDIRIENEEMGVLDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREESGTSVFAGVGERTREGNDIFIENEEMGVLDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRIAREESGTSVFAGVGERTREGNDIFIENEEMGVLQDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIITENTESGVIADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIIENTESGVIADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VLIQEMIRVAGEFGGVSVFAGVGERTREGNDIIENTESGVIADTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVAGEFGGVSVFAGVGERTREGNDIIENTESGVIATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVAGEFGGVSVFAGVGERTREGNDIIENAESGVLATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDIIENAESGVLATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDIIENAESGVLATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDIIENAESGVLATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVLAGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVLAGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVLAGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVLAGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVLAGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDIHVENEEAGVLAGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDIHVENEEAGVLAGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VLIQEMIRVAKHEGGVSVFAGVGERTREGNDIHENGEAGVSVANATTEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE	YFRIVKKQT VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQDVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 287 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIPQNQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIPQNQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 289 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQGQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQGQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIESKTEMIVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDTIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMIETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIEGKTEMFETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIESKTEMFETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO : FDCIESKTEMFETGIKVIDLITPYVRGG	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VVIQEMIRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIRVAKKEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMITRIARNEGGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMITRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMIRRIAREESGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMITRIAREESGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMITRIAREESGTSVFAGVGERTREGNDIFLENEEMGVLQDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMITRIAREESGTSVFAGVGERTREGNDIFLENEEMGVLQDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMITRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVLADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVLATALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVLATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMITRVAGETGGVSVFAGVGERTREGNDITENTESGVLATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMITRVAKLHEGVSVFAGVGERTREGNDITENTESGVLATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMITRVAKLHEGVSVFAGVGERTREGNDITENTESGVLATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMITRVAKHEGVSVFAGVGERTREGNDITENTESGVLATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMITRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDITENTETDVIKKTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDITMVENEEAGVLEGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDITMVENEEAGVLEGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDITMVENEEAGVLEGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDITVENEEAGVLEGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVAKDEGGVSVFAGVGERTREGNDITVENEEAGVLEGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVAKDEGGVSVFAGVGERTREGNDITVENEEAGVLEGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVAKDEGGVSVFAGVGERTREGNDITVENEEAGVLEGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVAKDEGGVSVFAGVGERTREGNDITVENEEAGVLEGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE	YFRIVKKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKUVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQE VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQE VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 289 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 299 YFRIVQGQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQGQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 285 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 285
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptomyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas	: DCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMINTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMINTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMINTGIKVIDLITPYVRGGKIG	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMIRRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKKFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKKFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHLEMEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHLEMEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDILTEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDILTEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDILTEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAQEFGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAQEFGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKLHEGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTERGVIATALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTERGVIATALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTERGVFATALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTERGVFAVALVEGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTERGVFAVALTEFGCMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTERGVFAVALTEFGCMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTERGRVFAVALTEFGCMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTERGRVFAVALTEFGCMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDILTEMTERGRVFAVALTEFGCMDE PGTRLRVALSALTMAE	YFRIVKKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 284 YFRIVQKKIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 279 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 278 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 278 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 283 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 287 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 284 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 284 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 284 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 283 YFRIEQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 286 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 286 YFRIPQQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 286 YFRIPQQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 286 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 286 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 280 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 281 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 281 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 288 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 290 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 279 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 279 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 285 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 287 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 293 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 285 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 285 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA: 289
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMIVTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMIPTGILLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMILTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTE	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMIRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVAKKFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKKFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRIAREFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVEGQMDE PGTRRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVELADANVLKDTALVEGQMDE PGTRRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIRLENEEMGVLDTALVEGQMDE PGTRRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDILENEEMGVLDTALVEGQMDE PGTRRVALSALTMAE VIIQEMITRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIADTALVEGQMDE PGTRRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDEGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDEGVSVFAGVGERTREGNDITEMTESGVIKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITEMTETDVIKKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITAVENEEAGVLGGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITUMENEEAGVLGGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITUMENEEAGVLGGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITUMENEEAGVLGGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITUMENEEAGVLGGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITUMENEEAGVLGGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDITUMENEEAGVLGGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDITUMENEEAGVLGGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDITUMENEEAGVEGTTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVG	YFRIVKKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKRUILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 287 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQQCLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 292 YFRIVQKQLVILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIESKTEMINTOTIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIESKTEMINTOTIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIEGKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIEGKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIEGKTEMILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIEGKTEMLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIEGKTEMIPTTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO DDIESKTEMFETGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVO	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VVIQEMIRRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIRRVAKKEGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIRRVAKKEGGVSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIRRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIRRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIRRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMITRIARESGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMITRIARESGTSVFAGVGERTREGNDIRLENEEMGVLQDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMITRIARESGTSVFAGVGERTREGNDIFLENEEMGVLQDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMITRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMIRRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIQEMIRRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIRRVARNEGGSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIRRVARNEGGVSVFAGVGERTREGNDITENDESGVIATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITENDESGVIATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIRRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITHENDESGVIAKTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITHEN EEAGVLAGTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITHEN GEAGVYDKVALTEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITHEN GEAGVYDKVALTEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIARVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDITHEN GEAGVYDKVALTEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDITHEN GEAGVYDKVALTEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDITHEN GEAGVYDKVALTEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDITHEN GEAGVYDKVALTEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDITHEN GEAGVFDKTALVFGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDITHEN EEAGVFDKTALVFGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDITHEN EEAGVFDKTALVFGGMDE PGTRLRVALSALTMAE	YFRIVKKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQHQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIPQRQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIPQRQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 289 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQGQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQGQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 291 YFRIVQGQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 292 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLEGGAGVOORD CHESKTEMINTGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD CHESKTEMINTGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD CHESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD CHESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD CHESKTEMINTGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD CHESKTEMINTGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGG	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVAKNEGGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVAKKFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKKFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMIRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAABVLKDTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAAVLKDTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHLENEEMGVLQDTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHENEEMGVLQDTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDITENEESGVIADTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRVARNEGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTAIVEGQMDE PGTRMRVAISALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVAQEEFGVSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVAKHEGUSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIATAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVARHEGUSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIATAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVARHEGUSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIATAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVARDEGGVSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVLGQTAIVEGQMDE PGTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVARDEGUSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVLGQTAIVEGQMDE PCTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVARDEGUSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVLGQTAIVEGQMDE PCTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVAKDEGGVSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVIGQTAIVEGQMDE PCTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVAKDEGUSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVIGQTAIVEGQMDE PCTRLRVAISALTMAE VIIQEMIRVAKDEGUSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVIGGTAIVEGQMDE PCTRLRVAISALTMAE VIIQEMIGRVAQDEGGVSVFAGVGERTREGNDIHEN EEAGVFRATAIVEGQMDE PCTRLRVAISALTMAE VIIQEMIGRVAQDEGUSVFAGVGERTREGNDIHEN EEAGVFRATAIVEGQMDE PCTRLRVAISALTMAE VIIQEMIGRVAQDEGUSVFAGVGERTREGNDIHEN EEAGVFRATAIVEGQMDE PCTRLRVAISALTMAE VIIQEMIGRVAQDEGUSVFAGVGERTREGNDIHEN EEAGVFRATAIVEGQMDE PCTRLRVAISALTMAE VIIQEMIGRVAQDEGUSVFAGVGERTREGNDIHEN EEAGVF	YFRIVKKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQQQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 257 YFRIEKQQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIEQNQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKQE VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQE VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQQQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQQQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQQQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 297 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 297 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 297 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 297 YFRIVQKQI VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 298
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptomyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter Actincmyces	: DCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMINTOIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMINTOIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMIETGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEILETGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEILETGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEILETGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMIETGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMIETGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMIETGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMIETGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMIETGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMIETGIKVIDLITPYVRGKIGLFGGAGVOORDIESKTEMITTIN VOORTIN VOORT	VIIQEMI RVAKEFG GVS V FAGVGERTREGNDI FEENTEAGVIEDTAL V FGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMI RVAKNEGTSC PAGVGERTREGNDI WVENAESGVLKDTVILVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI RVAKKFS GTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLKDTVILVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI RRVAKKFS GTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLKDTVILVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI RIARNEGGVS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI RRIARNEGTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRIARNEGTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRIAREFS GTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRIAREFS GTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRIAREFS GTS V FAGVGERTREGNDI TEMESMY VLOTTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRIAREFS GTS V FAGVGERTREGNDI TEMESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGTS V FAGVGERTREGNDI TEMESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGTS V FAGVGERTREGNDI TEMESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGGTS V FAGVGERTREGNDI TEMESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGGTS V FAGVGERTREGNDI TEMESGVLESTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGGTS V FAGVGERTREGNDI TEMESGVLESTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGGVS V FAGVGERTREGNDI TEMESGVLESTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGGS V FAGVGERTREGNDI TEMESAGVESTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAQDEGS V FAGVGERTREGNDI TEMESAGVESTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAQDEGS V FAGVGERTREGNDI T	YFRIVKKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQKKIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 279 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 278 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 287 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 284 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 283 YFRIPQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286 YFRIPQQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286 YFRIVQKQEVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 280 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 280 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 281 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 281 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 281 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 290 YFRIVQKQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 290 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 297 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 293 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 293 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 293 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 294 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 294 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 294 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 297 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 294 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 297 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 298 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 297 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 298 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 296 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286 YFRIVQQQIVILFIDNIFRETQAGSEVSTLLGRMPSA: 286
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter Actincmyces Bifidobacterium	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMINTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMINTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMIPTGIKVIDLITPYVRGGKIGLFGGAGVORDIESKTEMINTGIKVIDLITPYVRGGKI	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMIRVAKNEGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVAKKFGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKKFGGTSVFAGVGERTREGNDIWIENDEAGVLKDTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAENGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHVENEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHENEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVAKNEGGTSVFAGVGERTREGNDIHTEMESGVLADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIHTEMESGVLADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIHTEMESGVLADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIHTEMESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIHTEMESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGVSVFAGVGERTREGNDIHTEMESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGVSVFAGVGERTREGNDIHTEMESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGVSVFAGVGERTREGNDIHTEMESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHEMETAVVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDHAVENEEAGVLAGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDHEMEEAGVLAGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDHEMEEAGVLAGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDHEMEEAGVEGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDHEMEEAGVEGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDHEMEEAGVEGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDHEMEEAGVEGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDHEMEEAGVEGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDHEMEEAGVEGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDHEMEEAGVEGTALVE	YFRIVKKQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKRUILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 287 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIEQNQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 297 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 298 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 297 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 298 YFRIVQKQL VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter Actincmyces Bifidobacterium Gardnerella	: FDC_IESKT_EMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIG_LFGGAGVORD	VIIQEMIRVAKEFGGVSVFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VVIIQEMIRVAKNFGGTSCFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVFGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRVAKKFGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTVIVFGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRRVAKKFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKDTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRRIARNFGGVSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRRIARNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRRIARNFGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHENEEMGVLQDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHENEEMGVLQDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIIQEMITRVARNFGGTSVFAGVGERTREGNDIHENEEMGVLQDTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIIQEMITRVARNFGGTSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIADTALVEGGMDE PGTRMRVALSALTMAE VVIIQEMIRVAGNFGGVSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIADTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRVAGNFGGVSVFAGVGERTREGNDIHENTESGVIATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRVAANFGGVSVFAGVGERTREGNDIHENAESGVIACTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRVAANFGGVSVFAGVGERTREGNDIHEM PERAGVLAKTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHENDESGVIATALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHVEN EEAGVLACTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHEN EEAGVLACTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIRVARDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHEN EEAGVIACTALVEGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VVIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHEN EEAGVFAKTALVEGGMDE PGTRLRVALSAL	YFRIVKKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQQQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 292 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 287 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 287 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 288 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 289 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQD VILFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter Actincmyces Bifidobacterium Gardnerella Scardovia	: FDCIESKTEMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLESKEMENLYTGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLESKEMENLYTGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLESKEMENLYTGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLESKEMENLYTGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLESKEMENLYTGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLESKEMENLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLESKEMENLETGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLEGRABILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLEGRABILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLEGRABILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLEGRABILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLEGRABILETGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FOLEGKABOORD IN FOLEGKABOORD IN FOLEGKABOORD IN FOLEGKABOORD IN FOLESKEMEN FETGIKVIDLITPYVRGGKIGLEGGAGVOORD IN FETGIKVIDLITPYVRGGKI	VIIQEMIRVAKEFG GVS VFAGVGERTREGNDIFEENTEAGVIEDTALVEGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMIRVAKNEGTSC PAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKETVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVAKKFS GTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLKETVIVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRVAKKFS GTSVFAGVGERTREGNDIWLENDEAGVLKETALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGVSVPAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAESGVLADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMIRRIARNEGGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAENGVLPDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIWVENAENGVLPDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHLENEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRIAREFSGTSVFAGVGERTREGNDIHENEEMGVLQDTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTALVEGQMDE PGTRMRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGTSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARNEGGVSVFAGVGERTREGNDITENTESGVIADTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMITRVARHEGVSVFAGVGERTREGNDITENAESGVLEGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVARHEGVSVFAGVGERTREGNDITENAESGVLEGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVARHEGVSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVLGGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVARHGGVSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVLGGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVARHGGVSVFAGVGERTREGNDIMVENEEAGVLGGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIRVARHGGVSVFAGVGERTREGNDIHENEEAGVFGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHENEEAGVFGTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHENEEAGVFFKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHENEEAGVFFKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHENEEAGVFFKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHENEEAGVFFKTALVEGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDIHENEEAGVFFKTALVFGGMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMIGRVAQDHGGVSVFAGVGERTREGNDI	YFRIVKKQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKKI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 279 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 278 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 283 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 257 YFRIEKQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 284 YFRIVQKQE VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQE VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQE VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQE VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 286 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 280 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 281 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 290 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 295 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 293 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 287 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 288 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 287 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 287 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 289 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 289 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRETQAGSEVSTLIGRMPSA : 294
Frankia Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter Actincmyces Bifidobacterium Gardnerella	: FDC_IESKT_EMFETGIKVIDLIAPYVRGGKIG_LFGGAGVORD	VIIQEMI RVAKEFG GVS V FAGVGERTREGNDI FEENTEAGVIEDTAL V FGQMDE PGTRLRVALAALTMAE VIIQEMI RVAKNEGTSC PAGVGERTREGNDI WVENAESGVLKDTVILVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI RVAKKFS GTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLKDTVILVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI RRVAKKFS GTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLKDTVILVFGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI RRVAKNFG GTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI RRIARNEGTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRIARNEGTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRIAREFS GTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRIAREFS GTS V FAGVGERTREGNDI WVENAESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRIAREFS GTS V FAGVGERTREGNDI HEN EEMGVLQDTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRIAREFS GTS V FAGVGERTREGNDI HEN EEMGVLQDTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRIAREFS GTS V FAGVGERTREGNDI HEN EEMGVLQDTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGTS V FAGVGERTREGNDI HEN EEMGVLQDTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGTS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLADTAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGGTS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLATAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGGTS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLATAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKLHEGVS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLATAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKLHEGVS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLATAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGGVS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLATAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGGVS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLATAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEGGVS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLATAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEG VS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLATAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEG VS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLATAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAKNEG VS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLATAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAQDEG VS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVLATAL V FGQMDE PGTRLRVALSALTMAE VIIQEMI TRVAQDEG VS V FAGVGERTREGNDI HEN EESGVERTREGNDI HEN EESGVERTRIAL V FGQMDE PGT	YFRIVKKQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 284 YFRIVQKKI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 279 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 278 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 278 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 283 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 287 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 284 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 286 YFRIVQKQE VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 286 YFRIVQKQE VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 286 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 280 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 280 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 281 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 290 YFRIVQKQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 290 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 295 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 292 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 293 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 294 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 294 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 294 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 286 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 294 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 294 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 296 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 296 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 297 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 298 YFRIVQQQI VILIFIDNIFRET QAGSEVSTLLGRMPSA : 294

											_	
Acidothermus	VGYQPTLADEMG		ITSVQAIYVPADD <mark>I</mark> TDE	PAPHTTFTHLD	DATTVISRPISEKGIYPAVDPLDSTSRILDP(QFIGEE	FRV <mark>A</mark> NQVKQILQRYKD	LQDIIAILGIDEL <mark>S</mark>	EEDKVIVGRARRIE			441
Frankia	: VGYQFTLADEMG	VLQERITS TRCHS	ITSLQAIYVPADD <mark>L</mark> TDE	PAP <mark>ATT</mark> FTHLD	DAQTVIDRAISDIGIYPAVSPIESTSRIIDA	RYVGQEH	YDTAREVQR <mark>IL</mark> QRYKD	LQDIIAILGIDEL <mark>S</mark>	EEDKVLVRRARRIQ	RELSQPFFVAE	QFTCIP:	434
Thermcmonospora	VGYQPTLADEMG	VLQERITSTRCHS	ITSMQAIYVPADD <mark>I</mark> TDE	PAPHTT ETHLD PAPATT ETHLD PAPHTT FAHLD PAPHTAPHLD PAPATT FAHLD PAPATT FAHLD PAPATT FAHLD	DAÇTVIDRAISDIĞIYPAVSPLESTSRILDAR DATTVLARPIAEKGIFPAVDPLDSTSRIMDP(DAÇTVLSRPISEKGIYPAVDPLESTSRILDP)	QVIGQEH	YEV <mark>A</mark> QEVKRILQKYKE	LQDITATLGIDETS LQDITATLGIDETS LQDITATLGIDETS LQDITATLGIDETS	EEDKVTVNRARRIE	RELSHPMFVAE.	AFTCQP :	429
Streptosporangium	VGYOPTLADENG	VLQERITSTRCHS	ITSMOAIYVPADDITDE	PAPHNAFAHLD	DAOTVI SRPISEKGIYPAVDPIDSTSRTIDPI		YRVAQETKRILOKYKE	LODIIAILGIDELS	EEDKVTVORARRIE	R <mark>FI</mark> SHPMYAAE.	AFTCOP :	428
		LLQERITSTRCHS	TTSMOATYVPADDYTDE	PARATTRAHTD	DATTELSRPISQKGIYPAVDPLTSTSRILDP(YEVAQRVKEILQRNHD	LODGIATIGIDELS	EEDKITVHRARRIE	RELSQNMFVAE	KETCTP :	433
Saccharopolyspora			ITSMQAIYVPADDYTDE	раваттвантв	DATTELSRPISQKGIYPAVDPLASSSTILDPA		YRVAQEVKRILQKYKE		E E DRATA O DA PRITE	RYLSONFFVAK		
			THEMONIVEREDED		DATTELSRPISQKGIYPAVDPLASSSTILDPA DATTELSRSVFSKGIFPAVDPLASSSTILDPS	STAGEER	YRVAQEVIRILQRYKD	I ODITATI CIDELA	PEDVOLUCDARRED	RELSONMMAAE	OWN COD .	
			ITSMQAVYVPADDYTDE	PAPATIRAGII	DATTELSRSVFSKGIFPAVDPLASSSTILDPS	2 A A GDETE		TODITALLETIEL	PEDMOTACKERTE			433
	VGYQPTLADENG		TTOLKHILL LINDS				FAV <mark>A</mark> NEVKR ILQK YKE	PÖDTTYTFGMDETS	EEDN VLV GRARRLE	K <mark>FL</mark> GQNFIV A E	KRIEQV:	434
	VGYQPTLADEMG			P AP ATT <mark>F</mark> AHLD			FRV <mark>A</mark> NEVKRILQK <mark>Y</mark> KE			K <mark>FI</mark> GQNFIV A E		434
Corynebacterium	VGYQPTLADEMG	V <mark>LQERITS</mark> TK <mark>C</mark> KS	ITSLQAVYVPADD <mark>Y</mark> TDE	PAE <mark>ATTE</mark> AHLD	DATTELDRGLASKGIYPAVNPLTSTSRILEPS		YEVAQRVIGILQKNKE	LQDIIAILGMDEL <mark>S</mark>	E <mark>EDKITV</mark> QRARRIE	RFI GQNFFVAE:		433
Pseudonocardia	VGYQPTLADEMG	E <mark>LQERITS</mark> TR <mark>G</mark> RS	ITSMQAIYVPADDYTDE	PAP <mark>ATTF</mark> AHLD	DATTELSRPISQKGIYPAVDPLTSTSRILDP(QYIGDE	FRV <mark>A</mark> NEVKR IL QRYSD	LQDIIAILGI <mark>DEL</mark> S	EEDKQLVGRARRIE	RELSQNLLVAE	QFTGQP :	428
Salinispora	VGYQPTLADEMG			PAPATTFAHLD	DATTNIERSISDKGIYPAVDPLASSSRILAPI	EF <mark>V</mark> GQE <mark>H</mark>		LODITATLGIEELS	EEDKLIVGRARRIE	R FI SQNTYA A E		
Geodermatophilus				PAPHTTFAHLD	DATTVLSRPISEKGIYPAVDPLDSTSRIIDP(QYVGQEH		LODITATLGIDELS	EEDKVTVNRARRVE	RFISQNMFVAE.	AFTCOP :	430
	VGYQFNLADEMG		ITSMQAIYVPADD <mark>I</mark> TDE		DATTVI SRPISEKGIYPAVDPLOSTSRII DPR	RYITQIH		LODITATLCIDELS	FEDRUTUORARRIE	REL SONTYVAK	OFTCVD .	436
		LLQERITSTRCHS			DATTVLSRPISEKGIYPAVDPLDSTSRILDP		YDCASRVKGILQKYKD	LODITATICIDEIC	E EDKT WALDADDTE	RFLSQNTHAAK		430
					NATIVISKEISENGIFEAVDEIDSISKIIDEI			TODITATE CIPELO	P D V V V V V V V V V V V V V V V V V V			431
	VGYQPTLADEMG		ITSVQAIYVPADD <mark>I</mark> TDE		DATTVI SRPITQKGIYPAVDPIDSTSRIIDPI		YECATRIKAILQKYKD	TODITATECTORES	PEDRVIVORARRIE	RFL SQNTFVAK	THE ID :	431
	VGYQPTLADEMG		ITSMQAIYVPADD <mark>Y</mark> TDF		DATTELSRPIASMGIYPAVDPLTSTSRILDPR	RYTARD	YDTAARVKSILQRYKE	TÖDITATTETDETS	EEDKILVGRARRIQ	RELISONTYVAK	Charge IE:	438
	VGYQPTLADEMG			PAPATTEAHLD	ATT DISR DISCRGIYPAND PIRSTSRIIDP DATTNIERS ISDKGIYPAND PIRSTSRIIDP DATTNIERD ISEKGIYPAND PIRSTSRIIDP DATTNISRD ISEKGIYPAND PIRSTSRIIDP DATTNISRD ISEKGIYPAND PIRSTSRIIDP DATTDISRD IQKGIYPAND PIRSTSRIIDP DATTDISRD IASKGIYPAND PIRSTSRIIDP DATTDISRD IASKGIYPAND PIRSTSRIIDP DATTDISRD IASKGIYPAND PIRSTSRIIDP DATTDISRD IASKGIYPAND PIRSTSRIIDP	RYVSQEH	YSTAVRIRS <mark>ILQR</mark> NKE	LODIALLGIBEIS LODIALLGIBEIS LODIALLGIBEIS LODIALLGIBEIS LODIALLGIBEIS LODIALLGIBEIS LODIALLGIBEIS LODIALLGIBEIS LODIALLGIBEIS	EEDKILVNRARRIQ	RFI SQNTYVAK RFI SQNTYVAK	CHICIE:	440
	VGYQPNLADEMG	LLQERITSTRCHS		P AP ATT <mark>F</mark> AHLD	THE STEIN ST		YDCAVRVKQILQRNKE	TODI TOTAL CANDIDA	DESCRIPTION OF THE PROPERTY.	RELSONTYVAK	OFFICE :	429
Nocardioides	VGYQPNLADEMG	T <mark>LQERITS</mark> TR <mark>C</mark> HS	ITSMQAIYVPADD <mark>Y</mark> TDE	PAP <mark>ATT</mark> FAHLD		QY <mark>I</mark> GQAH	YDCAIRIKQILQRNKE	LQDITATLGVDELS	EEDKIIVSRARRIQ	REISQNTYVAK		
Isoptericola	VGYQPNLADEMG	ILQERITSTRCHS	ITSLQAIYVPADDYTDE	PAP <mark>ATTFA</mark> HLD	DATTELSREIASKGLYPAVDPLASTSRILDPI	RYVGQEH	YDVATQVKSILQRNKE	LQDIIAILGVDELS	EEDKTVVARARRIQ	QFISQNTYMAE	KFTCVP :	443
Xylanimonas	VGYQPNLADEMG	ILQERITSTRCHS	ITSLQAIYVPADD <mark>Y</mark> TDE	PAPATTFAHLD	DATTELSREIASKGLYPAVDPLTSTSRILDP	RYVGAEH	YAVATEVKOILORNKE	LQDI <mark>IAILGV</mark> DELS	EEDKTVVARARRIQ	Q FI SQNTYMAE	KFTCVA :	442
	VGYQFNLADEMG			PAP <mark>ATTFAHL</mark> D	DATTELSREIASRGLYPAVDPLTSTSRILDPI		YDVATQVKSILQRNKE	LCDIIAILGVDELS	EEDKTVVARARRIO	QFL SQNTYMAE:		
	VGYQPNLADEMG		ITSLQAIYVPADDYTDE		DATTELSRETASKGLYPAVDPLTSTSRILDPR		YRVATTVKÇILÇKNKE	LOEITAILGVDELS	FEDKITVSRARRIO	QFI SQNTYMAK		
	VGYQPNLADENG			PAPATTFAHLD	JATHOUS HOUSE HAS HOUSE HIDE JATTOUS TO LASK GLYPAUD PURTER HIDE JOATTOUS TO LASK GLYPAUD PURTER HIDE JOATTOUS RELIAS HIDE JOATTOUS RELIAS HIDE JATTOUS RELIAS KGLYPAUD PURTER HIDE JOATTOUS ROLLANG HAS KGLYPAUD PURSTER HIDE JOATTOUS ROLLANG HAS KGLYPAUD PURSTER HIDE JOATTOUS ROLLANG HAS KOLYPAUD PURSTER HIDE JOATTOUS ROLLANG HAS KOLYPAUD PURSTER HIDE JOATTOUS ROLLANG HAS KOLYPAUD PURSTER HIDE JATTOUS ROLLA		YDTATRVKAILOKNKE	LCEITAILGVDELS LCEITAILGVDELS		OFT SONTYMAK		
					DATTELSREIAAKGIYPAVDPLASTSRIIDPA			LODITATE CARRET	PEDVALASVEVATA	OPT COMMUNICATION	MARKEVE .	430
		LLQERITS <mark>AGG</mark> HS			DATTELSREIAAKGIYPAVDPLASTSRIIDPA		YDVATHVKAILQKNKE	LQDIIAILGV <mark>DEL</mark> S	EDDKVTVARARRIE	QFI SQNMYMAE	KINIC VP :	433
	VGYQPNLADEMG		ITSLQAIYVPADDYTDE		DATTET SRETASKGIYPAVDPI SSTSRIT DP	RYVGQA	YECANRVKAILQRNKE	LODIIALIGID <mark>EL</mark> S		Q <mark>FL</mark> GQNFYV A E	KRUCRP:	440
Gardnerella	VGYQP <mark>NLADE</mark> MG			PAP <mark>ATTE</mark> THLD	DATTELSRDIAAKGIYPAVDPLTSTSRILDPR	RYVGQA	YDCANRVKAILQRNKE YDCANRVKAILQRNKE	LQDI <mark>IALIGI</mark> DELG	EEDKTTVSRARKIE	QELGQNFYVAE	KFTCRP :	444
Scardovia	VGYQPNLADEMG	S <mark>LQERITS</mark> TR <mark>C</mark> HS		PAP <mark>ATTF</mark> AHLD	DAT <mark>TELSR</mark> DIASKGIYPAVDPLSSTSRILDPR	RY <mark>V</mark> GQAH	YDCANRVKA <mark>ILQR</mark> NKE	LQDI <mark>IALIGI</mark> DELG	EEDKTTVARARRIE	Q FI GQNFYV A E	KFICRP:	444
Parascardovia	VGYQFNLADEMG	SLQERITSTR <mark>C</mark> HS	ITSLQAIYVPADDYTDE	PAF <mark>ATTFA</mark> HLD		RY <mark>V</mark> GQA <mark>H</mark>		LQDI <mark>IALIGI</mark> DELG	EEDKTTVARARRIE	QFI GQNFYVAE:	KFTCRP :	446
Brevibacterium	VGYQPTLADEMG	VLQERITSTR <mark>G</mark> HS	ITSMQAIYVPADDYTDE	PAF <mark>ATTFA</mark> HLD	DATTELSROIASRGLYPAVDPLASSSRILDPI	LYVGQDH	YDTAVRVKQILQKNKE	LODIIAILGVDELS	EEDKLTVHRARRIE	QFL SQNTYTAL	OFTGVE :	434
Acidothermus	. COMPLET	DA BROKCE ET	PUL PROVERNOCCI P	DDWGARARD	AERS		400					
ACIDOCHEIMUS	: GSFVPLDEI	DANKRICEEL	DUTHE CALLINGE CALL	DDAÖWVWVV	ALKS							
Frankia	: CKFVPVAET	TDSEKRITOCEE	DHIDEOAREMOCCIE	EDVOKNYENI			479					
Frankia Thermcmonospora		IDSEKRLTOGEF	DHLPEQAFFMCGGIE	EDAQKNAENI	 	:	479 476					
Thermomonospora	: CVFVELDET	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY	DHLEEQAFFMCGGIE DHVEEQAFYMCGGIE DHLEEOAFFMVGGIE	EDAQKNAEN <mark>I</mark> EDVERRAKEI EOAIAKAKGI	ASAR	: :	479 476 475					
Thermcmonospora Streptosporangium	: GVFVELDET : GEFVPLDET	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY	DHLEEQAFFMCGGIE DHVEEQAFYMCGGIE DHLEEOAFFMVGGIE	EDAQKNAEN <mark>I</mark> EDVERRAKEI EOAIAKAKGI	ASAR	: :	479 476 475					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLEET	IDSEKRITOGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICOGEY	DHLPEQAFFMCGGIE DHVPEQAFYMCGGIE DHLPEQAFFMVGGIE DHLPEQAFLNVGNIE	EDAQKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI	AS AR	: :	479 476 475 480					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLEET	IDSEKRITQEEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICDGEY IEAEDKICKGDF	DHLPEQAFFMCGGIE DHVPEQAFYMCGGIE DHLPEQAFFMVGGIE DHLPEQAFLNVGNIE DHFPEQAFMSIGGID	EDAQKNAEN EDVERRAKET EQATAKAKGT EMAVEKAKKT DDLEQAYKKT	AS	: : :	479 476 475 480 455					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLEET	IDSEKRITQEEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICDGEY IEAEDKICKGDF	DHLEEQAFFMCGGIE DHVEEQAFFMVGGIE DHLEEQAFFMVGGIE DHLEEQAFMSIGGIE DHLEEQAFMIGGIE DHLEEQAFFIIGGIE	EDAQKNAEN EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLORKAESI	AS	: :	479 476 475 480 455 509					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLEET	IDSFKRITQGEF ISSFKAIVEGKY IASFKGICAGEY IASFKAICDGEY IEAFDKICKGDF IEAFDKISKGDF	DHLPEQAFFMCGGE DHVPEQAFFMYGGIE DHLPEQAFFMYGGIE DHLPEQAFFMYGGIE DHFPEQAFMSIGGIE DHLPEQAFFLIGGIE DHLPEQAFFLIGGIE DHFPEQAFMSGGII	EDAQKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI	AS	: : OKDA :	479 476 475 480 455 509 482					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLEET : GSFVPLKET : GSTVPLKET	IDSFKRITQGEF ISSFKAIVEGKY IASFKGICAGEY IASFKAICDGEY IEAFDKICKGDF IEAFDKISKGDF	DHLPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHLPEQAFFMVGCIE DHLPEQAFLNVGNIE DHFPEQAFMSIGGLI DHLPEQAFFLIGGLE DHFPEQAFNSCGCII DHLPEQAFNSCGCII	EDAQKNAEN EDVERRAKET EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI	AS	: : : OKDA :	479 476 475 480 455 509 482					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLEET : GSFVPLKET : GSTVPLKET : GSVVPLEQT : GSVVPLRDT	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICDGEY IEAEDKICKGDF IEAEDKISKGDE IDDEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF	DHLPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHLPEQAFFMVGCIE DHLPEQAFLNVGNIE DHFPEQAFMSIGGLI DHLPEQAFFLIGGLE DHFPEQAFNSCGCII DHLPEQAFNSCGCII	EDAQKNAEN EDVERRAKET EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI	AS	: : : OKDA :	479 476 475 480 455 509 482					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLEET : GSFVPLKET : GSVVPLEQT : GSVVPLEQT : GSVVPLRDT	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICOGEY IEAFDKICKGDF IEAFDKISKGDF IDDEFDRVCKGEF IEAFDRVCKGEF IEAFDRVCKGEF	DHLPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHLPEQAFFMVGGIE DHLPEQAFLNVGNIE DHFPEQAFMSIGGLI DHLPEQAFFLIGGLE DHFPEQAFNSCGCIL DHLPEQAFNSCGGIL DHLPEQAFNSCGGIL	EDAQKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI	AS	: : : OKDA :	479 476 475 480 455 509 482 482					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia	: GVFVELDET C GEFVPLDET C GVFVPLEET C GSTVPLKET C GSVVPLEQT C GSVVPLADT C GSYVPLADT C GSYVPLKET C GSYVPLKET C GSYVPLKET C GSYVPLADT C GSYVPLKET	IDSEKRITQEEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICDGEY IEAFDKICKGDF IEAFDKISKGDF IDDEDRVCKGEF IEAFDRVCKGEF IDAFERICNGEF IDAFERICNGEF	HHPEQAFFMCGGE HVPEQAFFMCGGE HHPEQAFFMVGGE HHPEQAFMSIGGE HHPEQAFFLIGGE HHPEQAFFLIGGE HHPEQAFMSCGGE HHPEQAFMSCGGE HYPEQAFMSCGGE	EDAQKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI DDVEAAKKI	AS	: : : OKDA : :	479 476 475 480 455 509 482 482 482					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLEET : GSFVPLKET : GSVVPLEQT : GSVVPLEQT : GSVVPLRDT	IDSEKRITQEEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICDGEY IEAFDKICKGDF IEAFDKISKGDF IDDEDRVCKGEF IEAFDRVCKGEF IDAFERICNGEF IDAFERICNGEF	DHLPEQAFFMCGGE DHVPEQAFFMCGGE DHLPEQAFFMVGGE DHLPEQAFLNVGNIE DHFPEQAFMSIGGI DHLPEQAFFLIGGE DHFPEQAFNSCGGI DHYPEQAFNSCGGI DHYPEQAFNSCGGI DHYPEQAFNGGGI DDVPEQAFFLGGGE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKEI EDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAKKI	AS	: : : OKDA : :	479 476 475 480 455 509 482 482 482 475					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia	: GVFVELDET C GEFVPLDET C GVFVPLKET C GSTVPLKET C GSVVPLEQT C GSVVPLRDT C GSVVPLRDT C GSTVPLKET C GSTVPLKET C GSTVPLKET C GSTVPLKET	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICOGEY IEAEDKICKGDF IEAEDKICKGDF IDDEDRYCKGEF IDDEDRYCKGEF IDAFERICNGEF IEAEDRYCKGEF IEAEDRYCKGEF IEAEDRYCKGEF IEAERICNGEF ICAEKAISTGEF ICAEKKISTGEFY	INLPEQAFEMOGGIE DHVPEQAFEMOGGIE THLPEQAFEMVGGIE DHLPEQAFEMVGNIE DHFPEQAFMSIGGIE DHFPEQAFMSGGIE DHFPEQAFMSGGIE DHPEQAFMSGGIE DHVPEQAFFMCGGIE DHFPEQAFFMCGGIE DHFPEQAFFMCGGIE DHFPEQAFFMCGGIE	EDAÇKNAENI EQAIAKAKGI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAKKI	AS	: : : OKDA : :	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLKET : GSTVPLKET : GSVVPLEQT : GSVVPLRDT : GSYVPLADT : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET	IDSEKRITQEEF ISSEKAIVEGKY IASEKAIVEGKY IASEKAICDEEY IEAEDKICKGDEF IEAEDKICKGDEF IDDEDRVCKGEEF IEAEDRVCKGEEF IEAEDRVCKGEEF IEAEDRVCKGEEF IEAEREKISEGEEF IEAEKKISEGEEF IEAEKKISEGEEF IEAEKKISEGEEF IEAEKKISEGEEF IEAEKKISEGEEF	INLPEGATEMOGGIE DHVPEGATEMOGGIE DHLPEGATEMVGGIE DHLPEGATEMVGNIE DHFPEGATMSIGGIE DHLPEGATMSIGGIE DHLPEGATMSCGIE DHLPEGATMSCGIE DHLPEGATMSCGIE DHVPEGATMCGGIE DHVPEGATFMCGGIE DNVPEGATFMCGGIE DNVPEGATFMCGGIE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI DDVEAAKKI DDVEAAKKI DDVEAKKI EDLEKNRKI EDLERKAKEI	AS	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLEET : GSFVPLKET : GSTVPLKET : GSVVPLEQT : GSVVPLADT : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKAIVEGEY IASEKAICDGEY IEAEDKICKGDF IEAEDRVCKGEF IDDEDRVCKGEF IDAEERICNGEF IDAEERICNGEF IEAEDRKIAKGEF IEAERKISEGEY IEAERKISEGEY IQAEKAITUGEKY IQAEKAITUGEKY IEAERAIADGKY	INLPEGATEMOGGIE DHVPEGATEMOGGIE DHLPEGATEMVGGIE DHLPEGATEMVGNIE DHFPEGATMSIGGIE DHLPEGATMSIGGIE DHLPEGATMSCGIE DHLPEGATMSCGIE DHLPEGATMSCGIE DHVPEGATMCGGIE DHVPEGATFMCGGIE DNVPEGATFMCGGIE DNVPEGATFMCGGIE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI DDVEAAKKI DDVEAAKKI DDVEAKKI EDLEKNRKI EDLERKAKEI	AS	: : : : : : : : : : : : : : : : : : :	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLKET : GSFVPLKET : GSVVPLRDT : GSVVPLRDT : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLSET	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKAIVEGEY IEAEDKICKGDF IEAEDKICKGDF IDDEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF IEAEDRICKGEF IEAERICNGEF IEAERKISEGEY IQAEKAITUGEY IEAEKAITUGEY IEAEKAITUGEY	DHLPEQAFFMCGCE DHVPEQAFYMCGCE DHLPEQAFFMVGGE DHLPEQAFLNVGNE DHFPEQAFMSIGGLE DHLPEQAFNSCGCLE DHLPEQAFNSCGCLE DHVPEQAFNGCGLE DHVPEQAFFMCGCLE DNVPEQAFFMCGCLE DHVPEQAFFMCGCLE DHVPEQAFFMCGCLE DHVPEQAFFMCGCLE DHVPEQAFFMCGCLE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAKKI EDLEKNRKRI EDLEKNAKEI EDLERNADKI	AS	DKDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLKET : GSTVPLKET : GSVVPLEQT : GSVVPLADT : GSYVPLADT : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLSET : GSTVPLSET : GSTVPLDES : GSTVPLDES	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKAIVEGKY IASEKAICAGEY IEAEDKICKGDF IEAEDKICKGDF IEAEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF IEAERRICKGEF IESEDKIAKGEF IEAEKKISEGEY IQAEKAITDGEY IEAEKAITDGEY IEAEKAIADGKY IAAEKAIADGKY	DHLPEQAFFMCGCE DHVPEQAFYMCGCIE DHVPEQAFYMCGCIE DHLPEQAFLNVGNIE DHFPEQAFMSIGGIE DHLPEQAFNSCGCII DHLPEQAFNSCGCII DHYPEQAFNSCGCII DHYPEQAFNGCGII DHYPEQAFFMCGCII DNVPEQAFFMCGCII DNVPEQAFFMCGCII DHYPEQAFFMCGCII DHYPEQAFFMCGCII DHFPEQAFFMCGCII THYPEQAFFMCGCII THYPEQAFFMCGCII	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAKKI EDLEKNRKRI DDLERKAKEI EDLERNADKI DDLERNAAEI DDLERNAAEI	AS	DKDA:	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 484 478					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLKET : GSTVPLKET : GSVVPLEQT : GSVVPLADT : GSYVPLADT : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLSET : GSTVPLSET : GSTVPLDES : GSTVPLDES	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKAIVEGEY IEAEDKICKGDF IEAEDKICKGDF IDDEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF IEAEDRICKGEF IEAERICNGEF IEAERKISEGEY IQAEKAITUGEY IEAEKAITUGEY IEAEKAITUGEY	INLEGATEMO GCIE CHVPEQATEMO GCIE CHLPEQATEMVGCIE CHLPEQATEMSIGGIE CHLPEQATESIGGIE CHLPEQATESIGGIE CHLPEQATESIGGIE CHLPEQATESIGGIE CHYPEQATESIGGIE CHYPEQATEMO GCIE CHYPEQATEMO GCIE CHVPEQATEMO CHVPEQATEMO GCIE CHVPEQATEMO GCIE CHVPEQATEMO CHVPEQATEMO CCIE CHVPEQATEMO CHVPEQATEMO CCIE C	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDLEKAKEI EDLERNACKI EDLERNACEI EDLERNACEI	AS	: : : : :::::::::::::::::::::::	479 476 480 455 509 482 482 475 485 478 484 478 478					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLKET : GSTVPLKET : GSVVPLEQT : GSVVPLADT : GSYVPLADT : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLSET : GSTVPLSET : GSTVPLDES : GSTVPLDES	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICHGEV IEAEDKICKGDF IEAEDKICKGDF IDDEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF IEAEDRICKGEF IEAERKINGEF IEAEKKISEGEY IQAEKAITHGEY IEAERALADGKY IAAENAIADGKY IAAETAIADGKY IAAETAIADGKY IEAETKIADGEY	INLEGATEMOGGIE CHVPEQATEMOGGIE CHLPEQATEMVGGIE CHLPEQATEMVGGIE CHLPEQATEMSIGGIE CHLPEQATESIGGIE CHLPEQATESIGGIE CHLPEQATESIGGIE CHYPEQATESIGGIE CHYPEQATESIGGIE CHYPEQATEMOGGIE CHVPEQATEMOGGIE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDLEKNAKEI DDLERKAKEI EDLERKAKEI EDLERKAKEI EDLERNADEI EDLERNACEI EDLERNACEI EDLEKKAKEI	AS	: : : : : : : : : : : : : : : : : :	479 476 480 455 509 482 482 475 485 478 478 478 479 486 489					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium	SVEVELDET SET OF	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKAIVEGKY IASEKAICDGEY IEAEDKICKGDF IEAEDKICKGDF IDDEDRYCKGEF IDAEERICNGEF IEAEDKIAKGEF IEAEKKISEGEY IQAEKAITDGEY IEAENAIADGKY IAAENAIADGKY IAAETAIADGKY VEAETKIADGEY	IHLPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHIPEQAFFMVGCIE DHIPEQAFFMVGCIE DHIPEQAFMSIGGIE DHIPEQAFMSIGGIE DHIPEQAFMSCGCIE DHIPEQAFMSCGCIE DHYPEQAFMCGCIE DNVPEQAFFMCGCIE DNVPEQAFFMCGCIE DNVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVAEQAFFMCGCIE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLEQAYKKI DDVEAAKKI DDVEAAKKI DDVEAAKKI EDLEKNRKI EDLEKNRKI EDLERNADKI DDLERNADKI EDLERNAEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI	AS	DKDA:	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 478 479 486 489 478					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae	CONTRACTOR	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICOGEY IEAEDKICKGDF IEAEDRVCKGEF IDDEDRVCKGEF IDAFERICNGEF IEAEDRVCKGEF IEAEFKIAKGEF IEAEFKAISEGEY IQAEKAITDGEY IAAENAIADGEY IAAENAIADGEY IAAETAIADGKY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY	IHLPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHIPEQAFFMVGCIE DHIPEQAFFMVGCIE DHIPEQAFMSIGGIE DHIPEQAFMSIGGIE DHIPEQAFMSCGCIE DHIPEQAFMSCGCIE DHYPEQAFMCGCIE DNVPEQAFFMCGCIE DNVPEQAFFMCGCIE DNVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVAEQAFFMCGCIE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLEQAYKKI DDVEAAKKI DDVEAAKKI DDVEAAKKI EDLEKNRKI EDLEKNRKI EDLERNADKI DDLERNADKI EDLERNAEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI	AS	DKDA:	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 478 479 486 489 478					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLKET : GSTVPLKET : GSVVPLEQT : GSVVPLADT : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLSET : GSTVPLDET : GSTVPLDET : GSTVPLSDT : GSTVPLVDT : GSTVPVKDT : GSTVPVKDT : GSTVPVKDT : GSTVPVKDT	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICOGEY IEAFDKICKGDF IEAFDKICKGDF IEAFDRVCKGEF IDAFERICNGEF IEAFKKISEGEY IQAFKAITDGEY IQAFKAITDGEY IEAFNAIADGKY IAAFNAIADGKY IEAFTKIADGEY IEAFNKIADGEY	DHLPEQAFFMCGCE DHVPEQAFYMCGCE DHVPEQAFYMCGCE DHLPEQAFLNVGNIE DHFPEQAFMSIGGLE DHFPEQAFNSCGCLE DHPEQAFNGCGLE DHVPEQAFFMCGCLE DHVAEQAFFMCGCLE DHVAEQAFFMCGCLE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EQAIAKAKGI EDLEÇAYKKI EDLÇRKAESI DDVEAAAKKI EDLEKNRKRI EDLEKNRKRI EDLERNADKI EDLERNABEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI	AS	DKDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 484 478 479 486 489 478					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola	CVEVELDET	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGIVEGKY IASEKAIVEGKY IEAFDKICKGDF IEAFDKICKGDF IEAFDRVCKGEF IEAFDRVCKGEF IEAFDRVCKGEF IEAFKKISEGEY IQAFERITOGEY IEAFKAITDGEY IEAFNAIADGKY IEAFNAIADGKY IAAFTAIADGKY IEAFTKIADGEY VEAFTKIADGEY VEAFTKIADGEY IEAFNKIADGEY IEAFNKIADGEY IEAFNKIADGEY IEAFNKIADGEY IEAFNKIADGEY IEAFNKIADGEY IEAFNKIADGEY IEAFNKIADGEY IEAFNKIADGEY	DHLPEQAFFMCGCE DHVPEQAFYMCGCE DHVPEQAFYMCGCE DHLPEQAFLNVGNE DHLPEQAFLNVGNE DHFPEQAFNSCGCIL DHLPEQAFNSCGCIL DHVPEQAFNGCGLE DHVPEQAFNCGCIL DNVPEQAFFMCGCIL DNVPEQAFFMCGCIL DHVPEQAFFMCGCIL DHVAEQAFFMCGCIL	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLÇRKAESI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI EDLEKNRKRI DDLERKAKEI EDLERNADKI DDLERNAEI EDLEKNAKEI EDLEKNAKEI EDLEKNAKEI EDLEKNAEI EDLEKNAEI EDLEKAKEI EDVERQAHEI EDVERQWAEI	AS	DKDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 484 479 486 489 478 484					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides	: GVFVELDET : GEFVPLDET : GVFVPLKET : GSTVPLKET : GSVVPLEQT : GSVVPLADT : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLKET : GSTVPLSET : GSTVPLDET : GSTVPLDET : GSTVPLSDT : GSTVPLVDT : GSTVPVKDT : GSTVPVKDT : GSTVPVKDT : GSTVPVKDT	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICOGEY IEAEDKICKGDF IEAEDRVCKGEF IDDEDRVCKGEF IDAEERICNGEF IEAEDRVCKGEF IEAETKIAKGEF IEAEKKISEGEY IQAEKAITDGEY IAAENAIADGEY IAAENAIADGEY IAAETAIADGKY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAERKIADGEY IEAERKIADGEY IEAERKIADGEY IEAERKIADGEY IEAERKIADGEY IEAERKIADGEY	INLPEQAFEMOGGIE DHVPEQAFEMOGGIE THIPEQAFEMVGGIE DHIPEQAFEMVGGIE DHIPEQAFEMSIGGI DHIPEQAFEMSIGGIE DHFPEQAFMSGGIE DHYPEQAFMSGGIE DHYPEQAFFMGGIE DHYPEQAFFMGGIE DHVPEQAFFMGGIE DHVPEQAFFMGGII DHVAEQAFFMGGII	EDAÇKNAENI EDAÇKNAENI EQAIAKAKÇI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDLERKAENI DDLERKAENI EDLERKAENI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI DDLEKAKEI DDLEKAKEI DDLEKAKEI DDLEKAKEI DDLEKAKAEI DDLEKAKAEI DDLEKAKAEI DDLEKAKAEI EDVERQAEI DDVERQWAEI DDVERQWAEI DDVERQWAEI	AS	DKDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 484 478 478 478 478 478 478 489 478 484 493					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola	CVEVELDET	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICOGEY IEAEDKICKGDF IEAEDKICKGDF IEAEDRVCKGEF IDAFERICNGEF IEAERKISEGEY IQAFKAITDGEY IQAFKAITDGEY IAAENAIADGEY IAAETAIADGKY IAAETAIADGKY IEAFTKIADGEY IEAFKKIADGEF IEAFKKIADGEF IEAFKKIADGEF IEAFKKIADGEF IEAFKKIA	DHLPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHLPEQAFFMVGCIE DHLPEQAFFMVGCIE DHLPEQAFFMVGCIE DHLPEQAFMSIGGIE DHLPEQAFMSIGGIE DHLPEQAFMSIGGIE DHVPEQAFMCGCIE DNVPEQAFFMCGCIE DNVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKI EDLEQAYKKI EDLEQAYKKI EDLEAAAKKI DDVEAAAKKI EDLEKNRKRI EDLEKNRKRI EDLERNADKI EDLERNADKI EDLEKNAKEI EDLEKNAKEI EDLEKNAKEI EDLEKNAKEI EDVERQAHEI EDVERQHEI EDVERWAEI EDVERWAEI EDVERWAEI	AS	DKDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 478 478 478 478 478 478 478 479 486 489 478 484 494					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio	SVEVELDET SET OF STATE OF STAT	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKGICAGEY IEAEDKICKGDF IEAEDKICKGDF IEAEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF IEAEKKISEGEY IQAEKAITDGEY IAAETAIADGKY IAAETAIADGKY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAEKKIAEGEF IEAEKKIAEGEF IEAEKKIAEGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF	DHLPEQAFFMCGCE DHVPEQAFYMCGCE DHVPEQAFFMVGGIE DHLPEQAFFMVGGIE DHLPEQAFFMSGGIE DHLPEQAFFMCGCIE DHPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EQAIAKAKGI EDLEÇAYKKI EDLEÇAYKKI EDLEÇAYKKI EDLEKAAKKI DDVEAAAKKI EDLEKNAKEI EDLERNADKI EDLERNADKI EDLERNAEI EDLEKNAKEI EDLEKKAKEI	AS	DKDA:	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 479 486 479 486 489 478 494 493 495 487					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia	SVEVELDET SET OF STATE OF STAT	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKGICAGEY IEAEDKICKGDF IEAEDKICKGDF IEAEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF IEAEKKISEGEY IQAEKAITDGEY IAAETAIADGKY IAAETAIADGKY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAEKKIAEGEF IEAEKKIAEGEF IEAEKKIAEGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF	DHLPEQAFFMCGCE DHVPEQAFYMCGCE DHVPEQAFFMVGGIE DHLPEQAFFMVGGIE DHLPEQAFFMSGGIE DHLPEQAFFMCGCIE DHPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EQAIAKAKGI EDLEÇAYKKI EDLEÇAYKKI EDLEÇAYKKI EDLEKAAKKI DDVEAAAKKI EDLEKNAKEI EDLERNADKI EDLERNADKI EDLERNAEI EDLEKNAKEI EDLEKKAKEI	AS	DKDA:	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 479 486 479 486 489 478 494 493 495 487					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter	CVEVELDET CVEVELD CVEVELDET CVEVELD CVEVEL	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKGICAGEY IEAEDKICKGDF IEAEDKICKGDF IDDEDRYCKGEF IEAEDRYCKGEF IEAEDRYCKGEF IEAERKISEGEY IQAEKAITUGEY IEAEKKISEGEY IQAEKAITUGEY IEAERALADGEY IAAETAIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAERKIADGEY IEAERKKIADGEY IEAEKKIADGEY IEAEKKIADGEY IEAEKKIADGEY IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF	DHLPEQAFFMCGCE DHVPEQAFYMCGCE DHVPEQAFYMCGCE DHLPEQAFENVGNE DHLPEQAFENVGNE DHFPEQAFMSIGGLE DHLPEQAFFNCGGLE DHLPEQAFNGCGLE DHYPEQAFNGCGLE DHVPEQAFFMCGCLE DHVPE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI EDLEKNRKI DDLERKAKEI EDLERNADKI DDLERKAKEI EDLEKNAEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI EDVERQAHEI DDVEAKMEI EDVERQWAEI DDVERWAEI EDLERNWARI EDLERNWARI	AS	DKDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 486 479 486 489 478 494 493 495 486					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter Actinomyces	SVEVELDET	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGIVEGKY IASEKGIVEGKY IASEKGIVEGEF IEAEDKICKGDF IEAEDKICKGEF IEAEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF IEAEDRVCKGEF IEAEKKISEGEY IQAEKAITDGEY IEAENAIADGKY IEAETKIADGEY IAAETAIADGKY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IESEGAIAKGEF IESEGAIAKGEF IESESKIAAGGY	INLEGATEMO GOLE CHVPEQATEMO GOLE CHUPEQATEMO GOLE CHLPEQATEMO GOLE CHLPEQATEMO GOLE CHLPEQATELIGGLE CHLPEQATELIGGLE CHLPEQATESCOLE CHYPEQATESCOLE CHYPEQATECCOLE CHYPEQATEMO GOLE CHY	EDAÇKNAENI EDAÇKNAENI EQAIAKAKÇI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLQRKAESI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDLEKNAKKI DDLEKNAKI DDLEKNAKI EDLEKNAKI DDLEKNAESI EDLEKNAESI DDLEKAKAESI DDLEKAKAESI DDLEKAKAESI DDVERQAESI DDVERQWAESI DDVERQWAESI EDLEKNWARSI EDLEKNWARSI EDLEKNWARSI EDLEKNWARSI EDLEKNWARSI EDLEKNWARSI EDLEKNWARSI	AS	DKDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 482 475 485 488 478 484 478 478 478 489 478 489 478 484 493 495 487					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter	CVEVELDET CVEVELD CVEVELDET CVEVELD CVEVEL	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY ISSEKAIVEGKY IASEKAIVEGKY IASEKAIVEGEY IEAEDKICKGDF IEAEDRICKGEF IDAFERICKGEF IEAERKISKGEF IEAEKKISKEGEY IEAEKAITDGEY IEAEKAITDGEY IEAEKAITDGEY IEAEKAITDGEY IEAEKAIADGEY IEAEKAIADGEY IEAEKAIADGEY IEAEKAIADGEY IEAEKKIADGEY IEAEKKIADGEY IEAEKKIADGEY IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IESEDAIAKGEF IESEDAIAKGEF IESESKIADGUY IEAEKRIAGGY	INLPEGAFEMGGGEE CHVPEGAFEMGGGEE CHLPEGAFEMVGGIE CHLPEGAFEMVGGIE CHLPEGAFEMVGGIE CHLPEGAFEMSIGGLE CHLPEGAFENGGGLE CHPPEGAFFMGGGLE CHYPEGAFFMGGGLE CHYPEGAFFMGGGLE CHYPEGAFFMGGGLE CHYPEGAFFMGGGLE CHYPEGAFFMGGGLE CHYPEGAFFMGGGLE CHYPEGAFFMGGGLE CHVPEGAFFMGGGLE CHVPEGAFFMGGGLE CHVPEGAFFMGGGLE CHVPEGAFFMGGGLE CHVAEGAFFMGGGLE CHVAEGAFFMGGGLE CHVAEGAFFMGGGLE CHVAEGAFFMGGGLE CHVAEGAFFMGGLE CHVAEGAFFMGGGLE CHVAEGAFFM	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDLERNAKEI DDLERNAKEI DDLERNAKEI DDLEKNAKEI DDLERNAAEI DDLEKAKKEI DDLEKAKAKEI DDVERQMAEI DDVERQWAEI DDVERQWAEI DDVERWARI EDLERNWARI	AS	DKDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 478 478 478 478 478 478 478 489 478 489 478 484 499 4884 499 493 495 487 486					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter Actincmyces Bifidobacterium	SVEVELDET SET OF STATE OF STAT	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY ISSEKAIVEGKY IASEKAIVEGKY IASEKAIVEGEY IEAEDKICKGDF IEAEDRICKGEF IDAFERICKGEF IEAERKISKGEF IEAEKKISKEGEY IEAEKAITDGEY IEAEKAITDGEY IEAEKAITDGEY IEAEKAITDGEY IEAEKAIADGEY IEAEKAIADGEY IEAEKAIADGEY IEAEKAIADGEY IEAEKKIADGEY IEAEKKIADGEY IEAEKKIADGEY IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IEAEKKIAAGEF IESEDAIAKGEF IESEDAIAKGEF IESESKIADGUY IEAEKRIAGGY	DHLPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHLPEQAFFMVGCIE DHLPEQAFFMVGCIE DHLPEQAFFMSIGGLE DHPEQAFFMGGCIE DHPEQAFMSIGGLE DHPEQAFMSIGGLE DHPEQAFMSGGLE DHVPEQAFFMCGGLE DHVPEQAFFMCGGLE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVAEQAFFMCGCIE DHVAEQAFGGGGGGE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLEQAYKKI DDVEAAAKKI DDVEAAKKI DDLERNAKI EDLERNAKEI DDLERNAKEI DDLERNAKEI DDLERNAEI DDLERNAEI DDLERNAEI DDVEAKAKEI EDLEKNAREI EDLEKNAREI EDVERQAHEI DDVEAKWAEI EDVERQAHEI DDVEAKWAEI EDLERNWARI	AS	DRDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 482 475 485 478 484 478 478 478 478 478 484 494 493 495 486 482 491					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter Actincmyces Bifidobacterium Gardnerella	SVEVELDET SVEVELDET SVEVELDET SVEVELET	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICOGEY IEAEDKICKGDF IEAEDRICKGEF IDDEDRYCKGEF IDAEERICNGEF IEAEDRYCKGEF IEAERKISEGEY IEAERKAITDGEY IEAENAIADGEY IAAENAIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAETKIADGEY IEAERKIAEGEF IEAEKKIAEGEF IEAEKKIAEGEF IEAEKKIAAGEF VEAEKKIAAGEF IESEDAIAKGEF IESEDAIAKGEF IESEDAIAKGEF IESEDAIAKGEF IESESKIADGDY IEAEKRIAEGYY IEAETRICOGVY IEAETRICOGVY	DHLPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHLPEQAFFMVGCIE DHLPEQAFFMVGCIE DHLPEQAFFMSIGGLE DHPEQAFFMGGCIE DHPEQAFMSIGGLE DHPEQAFMSIGGLE DHPEQAFMSGGLE DHVPEQAFFMCGGLE DHVPEQAFFMCGGLE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVPEQAFFMCGCIE DHVAEQAFFMCGCIE DHVAEQAFGGGGGGE	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKGI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI EDLEQAYKKI DDVEAAAKKI DDVEAAKKI DDLERNAKI EDLERNAKEI DDLERNAKEI DDLERNAKEI DDLERNAEI DDLERNAEI DDLERNAEI DDVEAKAKEI EDLEKNAREI EDLEKNAREI EDVERQAHEI DDVEAKWAEI EDVERQAHEI DDVEAKWAEI EDLERNWARI	AS	DRDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 482 475 485 478 484 478 478 478 478 478 484 494 493 495 486 482 491					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter Actincmyces Bifidobacterium Gardnerella Scardovia	SVEVELDET SVENDET SVEVELDET SVEVELDET SVEVELDET SVEVELDET SVENDET SVEN	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKGICAGEY IASEKGICAGEY IEAFDKICKGDF IEAFDKICKGDF IEAFDRVCKGEF IEAFDRVCKGEF IEAFDRVCKGEF IEAFKKISEGEY IQAFKAITDGEY IAAFTAIADGKY IAAFTAIADGKY IEAFTKIADGEY IEAFKKIAGEF IEAFKKIAGEY IEAFKKIAGEY IEAFKKIAGEF IEAFKKIAAGEF IEAFKKIAAGEF IEAFKKIAAGEF IEAFKKIAAGEF IEAFKKIAAGEF IEAFKKIAAGEF IEAFKKIAAGEF IESFDAIAKGEF IESFSKIADGDY IEAFTRICDGVY IEAFTRICDGVY IEAFTRICDGVY IEAFTRICDGVY	DHLPEQAFFMCGGE DHVPEQAFYMGGIE DHVPEQAFFMVGGIE DHLPEQAFFMVGGIE DHLPEQAFFMVGGIE DHLPEQAFFMGGIE DHLPEQAFFMGGIE DHLPEQAFMSIGGIE DHVPEQAFFMCGGIE DHVPEQAFFMCGGIE DHVPEQAFFMCGGIE DHVPEQAFFMCGGIE DHVPEQAFFMCGGIE DHVPEQAFFMCGGIE DHVPEQAFFMCGGIE DHVPEQAFFMCGGIE DHVAEQAFFMCGGIE DHVAEQAFFMCGGIE DHVAEQAFFMCGGIE DHVAEQAFFMCGGIE DHVAEQAFFMCGGIE DHVAEQAFFMCGGIE DHVAEQAFFMCGGIE DHVAEQAFFMCGGIE DHVAEQAFFMCGIE D	EDAÇKNAENI EDVERRAKEI EQAIAKAKEI EQAIAKAKEI EQAIAKAKEI EDLEÇAYKKI EDLÇAYKKI EDLEKAAKKI DDVEAAKKI EDLEKNAKEI EDLEKNAKEI EDLERNADKI EDLERNADKI EDLEKNAKEI EDLEKNAKEI EDLEKKAKEI EDVERQHEI DDVERWAEI EDVERQWAEI EDLERNWARI EDLERNWADI DDLERRWHDI	AS	DKDA:	479 476 475 480 455 509 482 482 475 485 478 484 478 479 486 489 494 493 495 487 486 482 491					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter Actincmyces Bifidobacterium Gardnerella Scardovia Parascardovia	SVEVELDET SVEVELDET SVEVELDET SVEVELET SVET SVET SVET SVET SVET SVET SVET SV	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICOGEY IEAFDKICKGDF IDDEDRVCKGEF IDDEDRVCKGEF IDAFERICNGEF IDAFERICNGEF IEAFDKIAKGEF IEAFKKISEGEY IEAFNAIADGKY IEAFNAIADGKY IEAFNAIADGEY VEAFTKIADGEY VEAFTKIADGEY IEAFKKIAGEF VEAFKKIAGEF VEAFKKIAGGEF VEAFTRICDGVY VEAFTRICDGVY VEAFTRICDGVY	INLPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHLPEQAFFMVGCIE CHLPEQAFFMVGCIE CHLPEQAFFMVGCIE CHLPEQAFFMSCGCIE CHLPEQAFFMSCGCIE CHPEQAFFNSCGCIE CHYPEQAFFMCGCIE CHYPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVAEQAFFMCGCIE	EDAÇKNAENI EDAÇKNAENI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDLEKNAKI DDLEKNAKI DDLEKNAENI DDLEKNAEI EDLEKNAEI EDLEKNAEI EDLEKKAKEI EDVERQAHEI DDVEAKWAEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI EDLEKKAKEI EDLEKKAEI EDLEKKAKEI	AS	DKDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 482 475 485 485 478 484 478 478 478 479 486 489 478 489 478 489 478 481 491 493 495 487					
Thermcmonospora Streptosporangium Thermobifida Saccharopolyspora Mycobacterium Nocardia Rhodococcus Corynebacterium Pseudonocardia Salinispora Geodermatophilus Kitasatospora Streptcmyces Catenulispora Kytococcus Intrasporangium Nocardioidaceae Nocardioides Isoptericola Xylanimonas Cellvibrio Leifsonia Clavibacter Actincmyces Bifidobacterium Gardnerella Scardovia	SVEVELDET SVENDET SVEVELDET SVEVELDET SVEVELDET SVEVELDET SVENDET SVEN	IDSEKRITQGEF ISSEKAIVEGKY ISSEKAIVEGKY IASEKGICAGEY IASEKAICOGEY IEAFDKICKGDF IDDEDRVCKGEF IDDEDRVCKGEF IDAFERICNGEF IDAFERICNGEF IEAFDKIAKGEF IEAFKKISEGEY IEAFNAIADGKY IEAFNAIADGKY IEAFNAIADGEY VEAFTKIADGEY VEAFTKIADGEY IEAFKKIAGEF VEAFKKIAGEF VEAFKKIAGGEF VEAFTRICDGVY VEAFTRICDGVY VEAFTRICDGVY	INLPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHLPEQAFFMVGCIE CHLPEQAFFMVGCIE CHLPEQAFFMVGCIE CHLPEQAFFMSCGCIE CHLPEQAFFMSCGCIE CHPEQAFFNSCGCIE CHYPEQAFFMCGCIE CHYPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVPEQAFFMCGCIE CHVAEQAFFMCGCIE	EDAÇKNAENI EDAÇKNAENI EQAIAKAKGI EMAVEKAKKI DDLEQAYKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDVEAAAKKI DDLEKNAKI DDLEKNAKI DDLEKNAENI DDLEKNAENI DDLEKNAENI DDLEKNAENI DDLEKNAENI DDLEKKAKEI EDLEKKAENI DDVEAWAEI DDVERQWAEI DDVERWAEI DDVERWAEI DDVERWAEI DDVERWAEI DDVERWAEI DDVERWAEI DDVERWAEI DDLEKNAENI EDLEKNAENI DDLEKNAENI DDLEKNAENI DDLEKNWAENI EDLEKNWARNI EDLEKNWARNI EDLEKNWARNI EDLEKNWANI DDVERWAENI DDVERWAENI DDVERWHONI DDLEKNWHONI DDLEKKWHONI DDLEKKWHONI EDLEKKWHONI EDLEKWHONI EDLEKKWHONI EDL	AS	DKDA :	479 476 475 480 455 509 482 482 482 475 485 485 478 484 478 478 478 479 486 489 478 489 478 489 478 481 491 493 495 487					

Fig. S6. Comparison of amino acid sequences of b-subunits of F_1 -part of F_0F_1 ATPase operon in various actinobacteria genera. Conserved residues are shown in black.

.avibacter	:						
ifsonia	:						
evibacterium	:						
odermatophil:							
destobacter	:						
cardia	:						
odococcus							
rynebacteriu :	:						
ccharopolysp :	:						
eudonocardia :	:						
cobacterium	: MSTFIGOLVGFAAIVFLVVRYVVPPVRRLMAAROATVROOI	KDAAAASDRLTESTTAHSKAVEDAKAESKRVVEEA	ESDSKRITEOLSAC	DAGVEAER	IKSOGGROVDLLRTOLSROLR	LELGHEAVROAGELVRNFVAD	SACRSATVDRFLDDLDAMAPA
tasatospora :							
reptomyces							
tenulispora							
idothermus	·						
ankia							
ermobispora							
reptosporang	· ·						
ermcmonospor	· ·						
ermobifida	· ·						
tincmyces	· ·						
fidobacteriu	· ·						
rascardovia	:				_	_	
rascardovia	:MGSASRASLDSARRVLAELG	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH					
rascardovia avibacter ifsonia	:MGSASRASLDSARRVLAELG	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH	TRAVISDPAADRS	KDVLVKR	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER	wsgQDD <mark>v</mark> ldaieelgirsiaa	SAPRTVD <mark>I</mark> PA DI LAFGGA
avibacter sifsonia evibacterium	:MGSASRASLDSARRVLAELG :MGSATREARARSVSALAGLGS :MLQSSRLSLQAVLEAANAEISR	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH KADLATAEDLFAAGRVVADSVQ	ravisdpaadrsc irkaiadssesaer	KDVLVKR KQHLLRT	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR	NSGQDD <mark>V</mark> LDAIEELGIRSIAA NARTQD <mark>I</mark> VTSLEVAGVTAIAA	SAPRTVD <mark>T</mark> PA <mark>DI</mark> LAFGGA ASQASGQLGQ <mark>V</mark> EE <mark>EV</mark> FRFARL
avibacter sifsonia evibacterium codermatophil	:MGSASRASLDSARRVLAELG MGSATREARARSVSALAGLGS :MQSSRLSLQAVLEAANAEISR :MDASSREALRAVRERLTELTRPASGLLERF	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH KADLATAEDLFAAGRVVADSVQ GDAREIGTGELAIVAVJLAENVT ARDRLTGQERAATDEELVALAEELFAVAHLLDGQVS	IRAVISDPAADRSG IRKAIADSSESAER IRRAISDPSGSPAI	KDVLVKR KKQHLLRT DRAGVARR	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER LFSTRTSETVLRLSELAVSHR LLSGRVSGATLDLVETAARQR	NSGQDDVLDAIEELGIRSIAA WARTQDLVTSLEVAGVTAIAA NSRPLDLVEATETLATDAALD	SSAPRTVD <mark>IPAGI</mark> LAFGGA SASQASGQLGQVEEEVFRFARL DAAETRGELDGVED <mark>EI</mark> FRFGRI
avibacter pifsonia evibacterium odermatophil destobacter	:MGSASRASLDSARRVLAELG	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH KADLATAEDLFAAGRVVADSVÇ GDAREIGTGELAIVAVLAENVI RDRLTGQERAATDEELVALAEELFAVAHLLDGQVS GARSRTRGEALLVLADELFAVAHLLDGQLS	I RAVI SDPAADRSG I RKAI ADSSESAEF I RRAI SDPSGSPAI I RRAI SDASVRPDI	KDVLVKR KKQHLLRT ORAGVARR ORAGLAQR	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR ILSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVGEATLDVVQTVARQR	WSGQDDVLDAIEELGIRSIAA WARTQD VTSLEVAGVTAIAA WSRPLD VEATETLATDAALD WSRPLD VEATETLATEAALD	ASAPRTVDI PABI LAFGGA ASQASGQLGQVEBEVFRFARL DAAETRGELDGVEDBI FRFGRI DAADARGELADVEDBI FRFSRI
avibacter pifsonia evibacterium codermatophil destobacter cardia	:MGSASRASLDSARRVLAELG :MGSATREARARSVSALAGLGS :MLQSSRLSLQAVLEAANAEISR MDASSREALRAVRERLTELTRPASGLLERF :	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH KADLATAEDLFAAGRVVADSVQ GDAREIGTGELAIVAVLAENVT ARDRLTGQERAATDEELVALAEELFAVAHLLDGQVS GARSRTRGEALLVLADELFAVAHLLDGQLS	I RAVI SDPAADRSG I RKAI ADSSESAEF I RRAI SDPSGSPAI I RRAI SDASVRPDI	KDVLVKR KKQHLLRT ORAGVARR ORAGLAQR	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR ILSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVGEATLDVVQTVARQR	MSGQDDVLDAIEELGIRSIAA MARTQDLVTSLEVAGVTAIAA WSRPLDLVEATETLATDAALD WSRPLDLVEATETLATEAALD WSRTADLVDTLELLGQEALLE	SAPRTVDT PABILAFGGA ASQASQLGGVEBEVFRFARL DAAETRGELDGVEBELFFFGRI JAADARGELAFVEDELFRFSRI SAADSGRLDAVEDELFRLGRI
avibacter ifsonia evibacterium odermatophil destobacter odardia	:MGSASRASLDSARRVLAELG	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH	IRAVI SDPAADRSG IRKAI ADSSESAEF IRRAI SDPSGSPAI IRRAI SDASVRPDI IRVAI ADVSVPGSF IRSAI SDTSTPGNV	KDVLVKR KKQHLLRT ORAGVARR ORAGLAQR	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR ILSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVGEATLDVVQTVARQR VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLKAAVGQD	NSGQDDVLDAIEELGIRSIAA WARTQDIVTSLEVAGVTAIAA MSRPLDIVEATETLATDAALD WSRPLDIVEATETLATEAALD WSRTADIVDTIELIGQEALLE WSRTADIVDTUGRESLLK	ASAPRTVDI PABILAFGGA ASQASGQLGQVEBBV FRFARL DAAETRGELDGVEDBI FRFGRI DAADARGELADVEDBI FRFSRI
avibacter ifsonia evibacterium odermatophil destobacter cardia odococcus orynebacteriu	:MGSASRASLDSARRVLAELG	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH	IRAVI SDPAADRSG IRKAI ADSSESAEF IRRAI SDPSGSPAI IRRAI SDASVRPDI IRVAI ADVSVPGSF IRSAI SDTSTPGNV	KDVLVKR KQHLLRT RAGVARR RAGLAQR RAELSER REGLAEQ RSGLVRS	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR ILSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVGEATLDVVQTVARQR VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLKAAVGQD IFAGKVSETTLNLVVDAAAQV	WSGQDDVLDAIEELGIRSIAA WARTQDIVTSLEVAGVTAIAA WSRPLDIVEATETLATDAALD WSRPLDIVEATETLATEAALD WSRTADIVDTLELLGQEALLE WSVTSDILNSLVIVGRESLLK WSVTSDILNSLVIVGRESLLK WSTPREMREGLVELGRRALLR	SAPRTVDIPAET LAFGGA ASQASGQLGQVEEEV FRFARL MAETRGELDGVEDET FRFSRI BAADARGELADVEDET FRLGRI SAADSGRLDAVEDET FRLGRI KAADGGQLDAVEDET FRLGRI KAADGGQLDAVEDET FRLGRI KSAEGGGQLETVESET FQLGHI
avibacter ifsonia evibacterium odermatophil destobacter odardia	:MGSASRASLDSARRVLAELG	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH	IRAVI SDPAADRSG IRKAI ADSSESAEF IRRAI SDPSGSPAI IRRAI SDASVRPDI IRVAI ADVSVPGSF IRSAI SDTSTPGNV	KDVLVKR KKQHLLRT ORAGVARR ORAGLAQR	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR ILSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVGEATLDVVQTVARQR VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLKAAVGQD	WSGQDDVLDAIEELGIRSIAA WARTQDIVTSLEVAGVTAIAA WSRPLDIVEATETLATDAALD WSRPLDIVEATETLATEAALD WSRTADIVDTLELLGQEALLE WSVTSDILNSLVIVGRESLLK WSVTSDILNSLVIVGRESLLK WSTPREMREGLVELGRRALLR	SAPRTVD PAD LAFGGA NASQASQLGQVEEDV FRFARL NAETRGELDGVEDD FRFGRI NADARGELADVEDD FRFSRI SAADSGRLDAVEDD FRLGRI NAADQQQLDAVEDD FRLGRI
avibacter pifsonia evibacterium odermatophil destobacter cardia odococcus erynebacteriu occharopolysp eudonocardia	:MGSASRASLDSARRVLAELG	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH	IRAVI SDPAADRSG IRKAI ADSSESAEF IRRAI SDPSGSPAI IRRAI SDASVRPDI IRVAI ADVSVPGSF IRSAI SDTSTPGNV	KDVLVKR KQHLLRT RAGVARR RAGLAQR RAELSER REGLAEQ RSGLVRS	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR ILSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVGEATLDVVQTVARQR VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLKAAVGQD IFAGKVSETTLNLVVDAAAQV	WSGQDDVLDAIEELGIRSIAA WARTQDIVTSLEVAGVTAIAA WSRPLDIVEATETLATDAALD WSRPLDIVEATETLATEAALD WSRTADIVDTLELLGQEALLE WSVTSDILNSLVIVGRESLLK WSTPREWREGLVELGRRALLR WSSPTDIVDGLERLARTALLV	SAPRTVDIPABI LAFGGA ASQASGQLGQVEEBVFRFARL MAETRGELDGVEDBIFRFSRI BAADARGELABVEDBIFRESRI SAADSGRLDAVEDBIFRLGRI KAAADGGQLDAVEBBIFRLGRI KSAEGQGQLETVESBIFQLGHI
avibacter pifsonia evibacterium destrobacter cardia codococcus evynebacteriu ccharopolysp eudonocardia	:	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH	IRAVI SDPAADRSG IRKAI ADSSESAEF IRRAI SDPSGSPAI IRRAI SDASVRPDI IRVAI ADVSVPGSF IRSAI SDTSTPGNV	KDVLVKR KQHLLRT RAGVARR RAGLAQR RAELSER REGLAEQ RSGLVRS	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR LLSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVGEATLDVVQTVARQR VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLKAAVGQD IFAGKVSETTLNLVVDAAAQV ILADKLGARALPVAVEAVRAR LLEGKIGAAALDLVSTLVSAR	NSGQDD VLDAIEELGIRSIAA WARRQDI VTSLEVAGVTAIAA WSRPLDI VEATETLATDAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRPLDI VDTLELLGQEALLE WSVPSDI LNSLVIVGRESLLK WSTPREW REGLVELGRRALLR WSSPTDI VDGLERLARTALLV WSSTIDI LDALEALARRAVLG	SAPRTVD PABI LAFGGA ASQAGQLGQVEEV FRFARL AAAETRGELDGVEDE FRFGRI AADARGELAD VEDE FRFSRI SAADSGRLDAVEDE FRLGRI AAADQGQLDAVEDE FRLGRI SAEGGGQLETVESET FQLGHI QAERAGRLDAVEDE FRLGRI
avibacter ifsonia evibacterium odermatophil destobacter cardia odococcus orynebacterium ccharopolysp eudonocardia ccobacterium ctasatospora	:MGSASRASLDSARRVLAELG	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH	IRAVI SDPAADRSG IRKAI ADSSESAEF IRRAI SDPSGSPAI IRRAI SDASVRPDI IRVAI ADVSVPGSF IRSAI SDTSTPGNV	KDVLVKR KQHLLRT RAGVARR RAGLAQR RAELSER REGLAEQ RSGLVRS REDLARG RTELARR RTRLIER	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR LLSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVGEATLDVVQTVARQR VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLKAAVGQD IFAGKVSETTLNLVVDAAAQV ILADKLGARALPVAVEAVRAR LLEGKIGAAALDLVSTLVSAR	WSGQDDVLDAIEELGIRSIAA WARRQDIVTSLEVAGVTAIAA WSRPLDIVEATETLATDAALD WSRPLDIVEATETLATEAALD WSRTADIVDTLELLGQEALLE WSVTSDILNSLVLVGRESLIK WSTPREMREGLVELGRRAALLR WSSPTDIVDGLERLARTALLV WSSSDILDALEALARRAVLG WSASSDILDALEHVSRQALLE	SAPRTVD PAET LAFGGA LASQASQLGQVEEV PEFARL DAAETRGELDGVEDET FRFGRI DAADARGELADVEDET FRFGRI SAADSGRLDAVEDET FRLGRI KAAADGQLDAVEDET FRLGRI SAEGGGQLETVESET FQLGHI QAERAGREDAVEDET FRLGRI SVAEKDGSLDEVEDOT FRFGRI
avibacter pifsonia evibacterium podermatophil destobacter poardia podococcus prynebacteriu pocharopolysp eudonocardia pobacterium postobacterium postobacter	MGSASRASLDSARRVLAELG	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH	IRAVI SDPAADRSG IRKAI ADSSESAEF IRRAI SDPSGSPAI IRRAI SDASVRPDI IRVAI ADVSVPGSF IRSAI SDTSTPGNV	KDVLVKR KQHLLRT RAGVARR RAGLAQR RAELSER REGLAEQ RSGLVRS REDLARG RTELARR RTRLIER	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER LFSTRTSETVLRLSELAVSHR LLSGRVSGATLDLVETAARQR LFGGKVGEATLDVVQTVARQR VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLTAAVQQD LFAGKVSETTLNLVVDAAAQV LLADKLGARALDLVSTLVSAR LLEGKIGAAALDLVSTLVSAR LLAGGVGDATLDVLRSAVSER LLNGQVSGEAVDLVSGLVRSR	WSGQDDVLDAIEELGIRSIAA WARTQDIVTSIEVAGVTAIAA WSRPLDIVEATETLATDAALD WSRPLDIVEATETLATEAALD WSRPADIVDTEELIGQEALLE WSVTSDILNSLVLVGRESLIK WSTFREMREGIVELIGRRALLE WSSPTDIVDGLERLARTALLV WSRSIDILDALEHVSRQALLE WSASSDIJDALEHVSRQALLE WSGSRDIADAVEQLAAYAEVI	SAPRTVD PAET LAFGGA ASQASGQLGCVEEV FRFARL AAALASGASGLGCVEEV FRFARL AAALASGRLDAVEDET FRFSRI AAADAGGLDAVEDET FRLGRI AAALAGGQLETVESETFGLGHI VQAERAGRLDAVEDET FRLGRI VAEREGSLDEVEDGTFRFSRI VAEREGKVDETEEQTFRFSRI
avibacter difsonia evibacterium destobacter dodococcus dodococcus dodococus docharopolysp deudonocardia dobacterium destobacterium docharopolysp deudonocardia dobacterium dasatospora dreptomyces denulispora	:	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH	IRAV SDPAADRSG IRKAU ADSSESAER IRRAU SDPSGSPAI IRRAU SDASVRPDI IRVAU ADVSVPGSA IRSAU SDTSTPGNV IRVAU ADTSATAEC, IRRAU ADASTDPRS IRREU ADPAVAPEA VTRYU TVPAEDAER IRRUUTPARSGGE IRRUUTPARSGGE IRRUUTPARSGGE IRRUUTPARSGGE	KDVLVKR KQHLLRT RAGVARR RAGLAQR REGLAEQ REGLAEQ REGLARG RETELARR RTELARR KARLVSS KAELAGR	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER LFSTRTSETVLRLSELAVSHR LLSGRVSGATLDLVETAARQR LFGGKVGEATLDVVQTVARQR VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLTAAVQQD LFAGKVSETTLNLVVDAAAQV LLADKLGARALDLVSTLVSAR LLEGKIGAAALDLVSTLVSAR LLAGGVGDATLDVLRSAVSER LLNGQVSGEAVDLVSGLVRSR	WSGQDD VLDAIEELGIRSIAA WARTQDI VTSLEVAGVITAIAA WSRPLDI VEATETLATDAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRTADI VDTLELLGQEALLE WSTTSDI LNSLVIVGRESLLK WSTPREW REGLVELGRRALLR WSSPTDI VDGLERLARTALLV WSRSIDI LDALEALARRAVLG WSGSRDI JDALEHVSRQALLE WSGSRDI ADAVEQLAAYAEVI WSRSKDI VDAIEELASTAELI	SAPRTVD PABI LAFGGA LASQASGQLGQVEEW FRFARL LAACHAGELALVEDE FRFSRI SAADSGRLDAVEDE FRLGRI LAAADQGQLDAVEDE FRLGRI LAAADGGQLETVESE FRLGRI LYAERAGRLDAVEDE FRLGRI LYAERAGRLDAVEDE FRLGRI LYAERAGRLDAVEDE FRLGRI LYAERAGRLDAVEDE FRLGRI LYAERAGRLDAVEDE FRLGRI LYAERAGRLDAVEDE FRFGRI LYAERAGRLDAVED FRFGRI LAADKAGSLDDVEDE FRFGRV
avibacter pifsonia evibacterium podermatophil destobacter poardia podococcus prynebacteriu pocharopolysp eudonocardia pobacterium postobacterium postobacter	:MGSASRASLDSARRVLAELG	GVDLSTAGQLLGAGRAIGGSTH	RAV SDPAADRSG RKAF ADSSESAER I RRAF SDPSGSPAI I RRAF SDASVRPDI I RVAF ADVSVPGSA I RSAF SDTSTPGNV I RVAF ADASTDPRS I RRAF ADASTDPRS I RRHF ADPAVAPEA VTRYF TVPAEDAEI I RRVF TDPARGGGI I RRVF TDPARGGGI I RRWF TDPARGGPAC	KDVLVKR KQHLLRT RAGVARR RAGLAQR REGLAEQ REGLAEQ REGLARG RETELARR RTELARR KARLVSS KAELAGR	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR LLSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVSEATLDVVQTVARQR VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLKAAVGQD IFAGKVSETTLNLVVDAAAQV ILADKLGARALPVAVEAVRAR LLEGKIGAAALDLVSTLVSAR ILAGQVGDATLDVLRSAVSER LLNGQVSGEAVDLVSGLVRSR LLAGGVGGETADLVTGMVRSR LLAGKIGADAAALVAGMARSR	WSGQDD VLDAIEELGIRSIAA WARRQDI VTSLEVAGVTAIAA WSRPLDI VEATETLATDAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRTADI VDTLELLGQEALLE WSVTSDI LNSLVIVGRESLLK WSTPREW REGLVELGRRALLR WSSPTDI VDGLERLARTALLY WSRSIDI LDALEALARRAVLG WSASSDI IDALEHVSRQALLE WSGSRDI ADAVEQLAAYAEVI WSRSRDI VDAIEELASTAELI WSRSRDI VDAIEELASTAELI WSRSRDI VDAIEELASTAELI WSRSRDI VDAIEELASTAELI	SAPRTVD PABI LAFGGA NASQASQLGQVEEV FRFARL NAGETRGELDGVEDET FRFGRI NADARGELADVEDET FRFSRI SAADSGRLDAVEDET FRLGRI NAAADGQLDAVEDET FRLGRI QAERAGRLDAVEDET FRLGRI QAERAGRLDAVEDET FRLGRI VAERDGSLDEVEDGT FRFGRI VAERDGSLDEVEDGT FRFSRI CAADKAGSLDEVEDGT FRFSRI CAADKAGSLDEVEDET FRFGRI
avibacter infsonia evibacterium eodermatophil destobacter condicterium eodococcus erynebacterium eccharopolysp eudonocardia ecobacterium etasatospora ereptcmyces etenulispora eidothermus eankia			RAV SDPAADRSG RKAF ADSSESAER I RRAF SDPSGSPAI I RRAF SDASVRPDI I RVAF ADVSVPGSA I RSAF SDTSTPGNV I RVAF ADASTDPRS I RRAF ADASTDPRS I RRHF ADPAVAPEA VTRYF TVPAEDAEI I RRVF TDPARGGGI I RRVF TDPARGGGI I RRWF TDPARGGPAC	KDVLVKR KQHLLRT RAGVARR RAGLAQR REGLAEQ RSGLVRS REDLARG RTELARR RTRLIER KARLVSS RAELAGR RADIATA	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR LLSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD IFAGKVSETTLNLVVDAAAQV ILADKLGARALPVAVEAVRAR ILEGKIGAAALDLVSTLVSAR ILAGQVGDATLDVLRSAVSER ILNGGVSGEAVDLVSGLVRSR ILAGQVGGETADLVTGMVRSR ILAGGVGGETARLVATVVRAR	WSGQDDVLDAIEELGIRSIAA WARRQDIVTSLEVAGVTAIAA WSRPLDIVEATETLATDAALD WSRPLDIVEATETLATEAALD WSRTADIVDTLELLGQEALLE WSVTSDILNSLVLVGRESLLK WSTPREMREGLVELGRRALLR WSSPTDIVDGLERLARTALLV WSSRSIDILDALEALARRAVLG WSASSDIIDALEHVSRQALLE WSGSRDIADAVEQLAAYAEVI WSRSRDIVDAIEELASTAELI WSSARDIADAVADLAVRADLA WSRRVRDISDALETLGVLALLV	SAPRTVD PAPT LAFGGA ASQASGQLGCVEEV FRFARL DAAETRGELDGVEDET FRFGRI DAADARGELADVEDET FRFGRI CAAADGQLDAVEDET FRLGRI CAAADGQCLDAVEDET FRLGRI CAAADGGCLDAVEDET FRLGRI CVAERGRLDAVEDET FRLGRI CVAERDKVDETEEQT FRFGRI CVAERDKVDETEEQT FRFGRI CAAQRGGALDTVEDET FRFGRV CAAQRGGALDTVEDET FRFGRV CAAQRGGALDTVEDET FRFGRV CVAERDKLDTVEDET FRFGRV CAAQRGGALDTVEDET FRFGRV CVAERDGKLDTVEDET FRFGRV CVAERDGKLDTVEDET FRFGRV
avibacter infsonia evibacterium evibacterium evibacterium evibacter coardia edococcus erynebacterium echaropolysp eudonocardia ecobacterium etasatospora ereptemyces ettenulispora eidothermus	MGSASRASLDSARRVLAELG		I RAVI SDPAADRSG I RKAI ADSSESAET I RRAI SDPSGSPAI I RRAI SDASVRPDI I RVAI ADVSVPGSA I RSAI SDTSTPGN I RVAI ADTSATAEL I RRAI ADASTDPRS I RREI ADPAVAPEA VTRYI TVPAEDAET I RRVI TDPARSGGI I RRVI TDPARGGEA I RRAI SDPAVEPGG VRRAI TDPAVEPGG	KDVLVKR KQHLLRT RAGVARR RAGLAQR REGLAEQ RSGLVRS REDLARG RTELARR RTRLIER KARLVSS RAELAGR RADIATA	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVIRLSELAVSHR ILSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLTTAVAQD IFAGKVSETTINLVVDAAAQV ILADKLGARALDLVSTLVSAR ILEGKIGAAALDLVSTLVSAR ILAGQVGDATLDVLRSAVSER ILAGQVGGETADLVTGMVRSR ILAGQVGGETADLVTGMVRSR ILAGQVGGETADLVTGMVRSR ILAGGVGGETADLVTGMVRSR ILAGGVGGETADLVTGMVRSR ILAGGVGGETADLVTGMVRSR IFGERIGETARRLVATVVRAR	WSGQDD VLDAIEELGIRSIAA WARTQDI VTSLEVAGVITAIAA WSRPLDI VEATETLATDAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRPADI VDTLELLGQEALLE WSVTSDI LNSLVILVGRESLLK WSTPREM REGLVELGRRALLE WSRSIDI VDGLERLARTALLV WSRSIDI LDALEALARRAVIG WSASSDI IDALEHVSRQALLE WSGSRDI ADAVEQLAAYAEVI WSRSDI VDAIEELASTAELI WSASDI IDALEHLASTAELI WSASRDI VDAIEELASTAELI WSASRDI VDAIEELASTAELI WSAPRDI ADAVADLAVRADLA WSRVRDI SDALETLGVLALLV WSRYNDI SDALETLGVLALLV WARPLDI QQALAELAVEVLLA	ASAPRTVDIPAGI LAFGGA ASQAGQLGÇÜEEÜ FRFARL DAAETRGELDGÜEEÜ FRFARL SAADSGRLDAÜEDEI FRLGRI CAAADGGLDAÜEDEI FRLGRI CAAADGGLDAÜEDEI FRLGRI CAAADGGLETÜESEI FRLGRI CAAERGRLDAÜEDEI FRLGRI CVAERGGELETÜEEÜ FRFFRI CVAERGSLDEÜEDEI FRFFRI CAADRAGSLDDÜEDEI FRFGRI CAAQRSGALDDÜEDEI FRFGRI CVAERGKLDDÜEDEI FRFGRI
avibacter infsonia evibacterium eodermatophil destobacter condicterium eodococcus erynebacterium eccharopolysp eudonocardia ecobacterium etasatospora ereptcmyces etenulispora eidothermus eankia	:MGSASRASLDSARRVLAELG		IRAVI SDPAADRSG IRKAI ADSSESAER IRRAI SDDSGSPAI IRRAI SDASVRPDI IRVAI ADVSVPGSA IRSAI SDTSTPGNV IRVAI ADASTDPRS IRRII ADASTDPRS IRRII TOPARSGGI IRRVI TOPARSGGI IRRVI TOPARQAGEA IRRII TOPARQAGEA IRRII TOPARQAGEA IRRII TOPARQAGEA IRRII TOPARQAGEA IRRII TOPARPAGI IRRII SDPARPAEI IRRII SDPARPAEI IRRII SDPARPAEI	KDVLVKR KQHLLRT FAGVARR RAGLAQR REGLAEQ REGLARG RETLARR RTRLIER KARLVSS KAELAGR RAGUST KARLVSS KAELAGR RAGUST KARLVS	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER I FSTRTSETVLRLSELAVSHR I LSGRVSGATLDLVETAARQR I FGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD I FAGKVSETTLNLVVDAAAQV I LADKLGARALPVAVEAVRAR I LEGKIGAAALDLVSTLVSAR I LAGQVGDATLDVLRSAVSER I LAGQVSGEAVDLVTGMYRSR I LAGQVGGETADLVTGMYRSR I LAGQVGGETADLVTGMYRSR I LAGQVGGETADLVTGMYRSR I LAGQVGGETADLVTGMYRSR I LAGGRIGADAALVAGMARSR I FGERIGETARRLVATVVRAR I FGSRISPTALEIVQVAVTGR I LGKVSDTAIEVAVAAVEAK	WSGQDD VLDAIEELGIRSIAA WARRQDI VTSLEVAGVITAIAA WSRPLDI VEATETLATDAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRTADI VDTLELLGQEALLE WSTYSDI LNSLVIVGRESLLK WSTPREW REGLVELGRRALLR WSSPTDI VDGLERLARRAVLG WSSSIDI LDALEALARRAVLG WSGSRDI ADAVEQLAAYAEVI WSRSRDI VDAIEELASTAELI WSAPRDI ADAVADLAVRAPLA WSRVRDI SDALETLGVLALLV WARPLDI QQALAELAVEVLLA WSRAGDI PDALERLGVTAAAA	SAPRTVD PAET LAFGGA LASQASGQLGCVEEW FRFARL LAACHRGELAD VEDET FRFSRI LAAADAGGLLAD VEDET FRLGRI LAAADGGQLETVESET FRLGRI LAAADGGQLETVESET FRLGRI LAAADGGQLETVESET FRLGRI LAAACHBGSLDEVEDET FRLGRI LAACHBGSLDEVEDET FRFSRI LAACHBGRAUD VEDET FRFSRI
avibacter infsonia evibacterium	:		IRAV SDPAADRSG IRKAF ADSSESAER IRRAF SDASSESAER IRRAF SDASVRPDI IRVAF ADVSVPGSA IRRAF ADDTSATAEC IRRAF ADASTDERS IRRAF ADASTDERS IRRAF ADASTDERS IRRAF TOPARSGEI IRRVF TOPARSGEI IRRAF SDPARPAEL IRRNF SDPARPAEL IRRNF SDPARPAEL IRRNF SDPARPAEL	MOVLVKR MOHLIRT RAGVARR RAGLARR RAGLARR REGLAEQ REGLAEQ REGLARR RTRLIER RTRLIER KARLVSS KAELARR KAELARR KAELARR KAELARR RAGLARR REGLARR RAGLARR KAGAVAV	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR LLSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVGEATLDLVETAARQR VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLKAAVGQD IFAGKVSETTLNLVVDAAAQV ILADKLGARALPVAVEAVRAR LLEGKIGAAALDLVSTLVSAR ILAGQVGDATLDVLRSAVSER LLNGQVSGEAVDLVSGLVRSR ILAGGVGGETADLVTGMVRSR ILAGGVGGETADLVTGMVRSR ILAGGRGAALDLVTGMVRSR ILAGKIGADAAALVAGMARSR IFGERIGETARRLVATVVRAR IFGSKISPTALEIVQVAVTGR ILNGKVSDTAIEVAVAAVEAK LLGKVSGAALETVIAAVSAK	WSGQDD VLDAIEELGIRSIAA WARRQDI VTSLEVAGVTAIAA WSRPLDI VEATETLATDAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRTADI VDTLELLGQEALLE WSVTSDI LNSLVIVGRESLLK WSSPTDI VDGLERLARTALLV WSRSSDI LDALEALARRAVLG WSASSDI IDALEHVSRQALLE WSGSRDI ADAVEQLAAYAEVI WSRSRDI VDATEELASTAELI WSRSRDI ADAVEQLAYAEVI WSRSRDI ADAVELAVRADLA WSRVRDI SDALETLGVLALLV WSRAGDI PDALERLGVTAAAA WARSGDI PDALERLGVTAAAA	SAPRTVD PAD LAFGA LASQASQLGQUEEN FRFARL LAACARGELAD VEDE FRFGRI LAAADARGELAD VEDE FREGRI LAAADGQLDAVEDE FREGRI LAAADGQCDAVEDE FREGRI LAAADGGLDAVEDE FREGRI LAACAGGLDAVEDE FREGRI LAACAGRACHUVEDE FREGRI LAACAGGLDAVEDE FREGRI LAACAGRACHUVEDE FREGRI LAACAGRACHUVEDE FREGRI LAACAGGLDAVEDE FREGRI LAACAGGLDAVED FREGRI LAACAGGLD
avibacter infsonia evibacterium evibacterium evibacterium evibacter ccardia evibacterium evibact			IRAVI SDPAADRSG IRKAI ADSSESAET IRRAI SDPSGSPAI IRRAI SDASVRPDI IRVAI ADVSVPGSA IRSAI SDTSTPGNV IRVAI ADTSATAEC IRRAI ADASTDPRS IRRII ADPAVAPEA VTRVI TVPAEDAEE IRRVI TDPARSGQI IRRVI TDPARQAGEA IRRAI TDPAVEPGG VRRAI TDPAVEPGG	EDVLVKR KOHLIRT KAGUARR RAGUARR RAGLSER KEGLAEQ KEGLAEQ KELARR KELARR KARLUSS KAELAGR KARLAGR KASLAGR	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVIRLSELAVSHR ILSGRVSGATLDLVETTAARQR VFGGKVGEATLDVVQTVARQR VFGGKVSAETLAVLTTAVAQD VFGGKVSAETLAVLTTAVAQD IFAGKVSETTINLVVDAAAQV ILADKLGARALPVAVEAVRAR ILEGKIGAAALDLVSTLVSAR ILAGQVGDATLDVLRSAVSER ILAGQVGGETADLVTGMVRSR ILAGQVGGETADLVTGMVRSR ILAGGVGDATLDVLTGMVRSR ILAGGVGTADLVTGMVRSR ILAGGVGTADLVTGMVRSR ILAGKIGADAALVAGMARSR IFGERIGETARRLVATVVVRAR IFGSKISPTALEIVQVAVTGR ILNGKVSDTALEVAVAAVEAK ILGKVSGALETVIAAVSAK ILGKVSGALETVIAAVSAK	WSGQDD VLDAIEELGIRSIAA WARTQDI VTSLEVAGVITAIAA WSRPLDI VEATETLATDAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRPADI VEATETLATEAALD WSRPADI VETELLGQEALLE WSVTSDILNSLVIVGRESLIK WSTPREM REGLVELGRRALLE WSSSPTDI VDGLERLARTALLV WSRSIDI IDALEHVSRQALLE WSGSRDI IDALEHVSRQALLE WSGSRDI ADAVEQLAAYAEVI WSRSRDI VDATEELASTAELI WSSAPRI ADAVADLAVRADLA WSRYRDI SDALETLGVIALLY WARPLDI QQALAELAVEVLLA WSRSGDI PDALERLGVIALLA WSRAGDI PDALERLGVIAAAA WRRSGDI ADVLERLGVIAAAA	SAPRTVD PAPT LAFGGA ASQASQLGQVEEV FRFARL DAAETRGELDGVEDET FRFGRI DAADARGELADVEDET FRFGRI CAAADGQLDAVEDET FRLGRI CAAADGQCLDAVEDET FRLGRI CAAADGGCLDAVEDET FRLGRI CVAEKDGSLDEVEDT FRFGRI CVAEKDGSLDEVEDT FRFGRI CVAEKDGSLDEVEDT FRFGRV CAAQRSGALDDVEDET FRFGRV CAAQRSGALDDVEDET FRFGRV CVAERDKUDD VEDET FRFGRI CVAERDGKLDDVEDET FRFGRI CVAERDGKLDDVEDET FRFGRI CVAERGGRUDVEDET FRFGRI CVAERGRUNVLDDVEDET FRFGRI CQAQRNNVLDDVEDET FRFGRI CQAQRNNVLDDVEDET FRFGRI CEAEASSRLDDVEDET FRFGRI CEAEASSRLDDVEDET FRFGRI CEAEASSRLDDVEDET FRFGRI CEAEASSRLDDVEDET FRFGRI
avibacter ifsonia evibacterium odermatophil destobacter cardia odococcus crynebacterium cobacterium cobacterium ctasatospora reptcmyces ttenulispora idothermus cankia mermobispora reptosporang mermcmonospor mermobifida			IRAVI SDPAADRSG IRKAU ADSSESAET IRRAU SDPSGSPAI IRRAU SDASVRPDI IRVAU ADVSVPGSA IRSAU SDTSTPGNV IRVAU ADTSATAEL IRRAU ADASTDPRS IRREU ADPAVAPEA VTRYU TVPAEDAET IRRU TDPARSGGI IRRAU TDPARSGGI IRRAU TDPARSGEA IRRAU TDPARSGEA IRRAU TDPARPAC IRRAU SDPAVEPGF VRRAU TDPARPAC IRRAU SDPARPAEL	ADVLVKR GOVLUKR GOV	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVIRLSELAVSHR ILSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSETTANLKAAVQQD ILADKLGARALDLVSTLVSAR ILEGKIGAAALDLVSTLVSAR ILAGQVGGATLDVLRSAVSER ILAGQVGGETADLVTGMVRSR ILAGQVGGETADLVTGMVRSR ILAGRIGADAAALVAGMARSR ILAGQVGGETADLVTGMVRSR ILAGRIGADAAALVAGMARSR IFGERIGETARRLVATVVRAR IFGERISPTALEIVQVAVTGR ILNGKVSDTAIEVAVAAVEAK ILEGKVSGAALETVIAAVSAK ILEGKVSGAALETVIAAVSAK ILDGKVSAAASSVVQDVVRLR ILDGKVSAAASSVVQDVVRLR	WSGQDD VLDAIEELGIRSIAA WARTQDI VTSLEVAGVITAIAA WSRPLDI VEATETLATDAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRPADI VDTLELLGQEALLE WSTPREWREGLVELGREALLE WSSPTDI VDGLERLARTALLV WSRSIDI LDALEALARRAVIG WSASSDI IDALEHVSRQALLE WSGSRDI ADAVEQLAAYAEVI WSRSRDI VDAIEELASTAELI WSAPRDI ADAVADLAVRADLA WSRVRDI SDALETLGVLALLV WARPLDI QQALAELAVEVLLA WSRARGDI PDALERLGVTAAAA WARSGDI ADVLERLGVIAALA WTRSEG LADALETLAVTTEAA WSTRPRI EADALETLAVTTEAA	SAPRTVD PAPT LAFGA ASQASQLGQVEEW FRFARL AAAETRGELDGVEEEW FRFARL AAAETRGELDGVEEEW FRFARL AAADARGELADVEDET FRFGRI SAAADGGCLDAVEDET FRLGRI SAAAGGGLETVESET FQLGHI QAERAGRLDAVEDET FRLGRI VAEREGSLDEVEDET FRFGRI VAEREDKUDET EEQT FRFGRI AAACRSGALDLVEDET FRFGRI VAEREGKLDLVEDET FRFGRI VAEREGKLDLVEDET FRFGRI VAEREGKLDLVEDET FRFGRI VAEREGKLDLVEDET FRFGRI VAEREGKLDLVEDET FRFGRI VAERSAVDLVEDET FRFGRI VAERSAVDLVEDET FRFGRI VAERSAVDLVEDET FRFGRI VAERSAVDLVEDET FRFGRI VERESTELLENE VERESTELLENE VERESTELLENE VERESTELLENE VERESTELLENE VEREST
avibacter ifsonia evibacterium odermatophil destobacter cardia odococcus crynebacterium cobacterium cobacterium ctasatospora reptcmyces ttenulispora idothermus cankia mermobispora reptosporang mermcmonospor mermobifida	:MGSASRASLDSARRVLAELG		IRAV SDPAADRSG IRKAU ADSSESAER IRKAU SDDSGSPAI IRKAU SDASVRPDD IRVAU ADVSVPGSA IRSAU SDTSTPGNV IRVAU ADTSATAEQ IRKAU ADDAVAPEA VTRYU TVPAEDAEE IRRVU TDPARSGQI IRRVU TDPARQAGEE IRRUU TDPARQAGEE IRRUU TDPARQAGEE IRRUU TDPARQAGEE IRRUU TDPARQAGEE IRRUU SDPARPAEI IRRUU SDPARPAEI IRRUU SDPARPAEQ IRRUU SDPARPAES	KOVLVKR KOHLIRT KAGVARR KAELSER KEGLAEQ KTELARR KTELLER KARLIER KARLVSS KAELARR KARLVSS KAELARR KAELAR	VFG-ALSAPAVELLGVIAGER IFSTRTSETVLRLSELAVSHR ILSGRVSGATLDLVETAARQR IFGGKVSPATLAVLTTAVAQD VFGGKVSPATLAVLTTAVAQD IFAGKVSETTLNLVVDAAAQV ILADKLGARALPVAVEAVRAR ILEGKIGAAALDLVSTLVSAR ILAGQVGDATLDVLRSAVSER ILAGQVGGETADLVTGMYRSR ILAGKIGADAALVAGMARSR ILAGKIGADAALVAGMARSR ILAGKIGADAALVAGMARSR ILAGKIGADAALVAGMARSR IFGERIGETARRLVATVVRAR IFGSRISPTALEIVQVAVTGR ILNGKVSDTAIEVAVAAVEAK ILEGKVSGAALETVIAAVSAK ILEGKVSGAALETVIAAVSAK ILDGKVSAAASSVQDVVRLR ILGDNVLPQTVSVVEELASGN	WSGQDD VLDAIEELGIRSIAA WARRQDI VTSLEVAGVITAIAA WSRPLDI VEATETLATDAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRPLDI VEATETLATEAALD WSRTADI VDTLELLGQEALLE WSTYSDI LNSLVIVGRESLLK WSTPREW REGIVELGRRALLR WSSPTDI VDGLERLARTALLV WSRSIDI LDALEALARRAVLG WSASSDI IDALEHVSRQALLE WSGSRDI ADAVEQLAAYAEVI WSRSRDI VDALEELASTAELI WSAPRDI ADAVADLAVRADLA WSRVRDI SDALETLGVIAALLV WARPLDI QQALAELAVEVLLA WSRAGDI PDALERLGVIAAAA WARSGDI ADVLERLGVIAAAA WTRPSE ADALETLAVTTEAA WSRPRDI VDAVEQAAVLATVA WSRPRDI VDAVEQAAVLATVA WSRPRDI VDAVEQAAVLATVA	SAPRTVD PADI LAFGA LASQASQLGQUEEN FRFARL LAACHRGELAD VEDEI FRFGRI LAAADARGELAD VEDEI FRFGRI LAAADGQLDAVEDEI FRLGRI LAAADGQLDAVEDEI FRLGRI LAAADGQCLDAVEDEI FRLGRI LAAACHGALDAVEDEI FRLGRI LAACHGALDAVEDEI FRLGRI LAACHGALDAVEDEI FRFGRI LAACHGALDD VEDEI FRFGRI LAACHGASLDD VEDEI FRFGRI LAACHGASLDD VEDEI FRFGRI LAACHGALD VEDEI FRFGRI LEACHASRAVD VEDEI FRFGRI LEACHASRAVELEGUEET FRFGRI LRAEAGKLAL VEEET FRFRI LAACHGACKLAL VEET FRFRI LAACHGACK

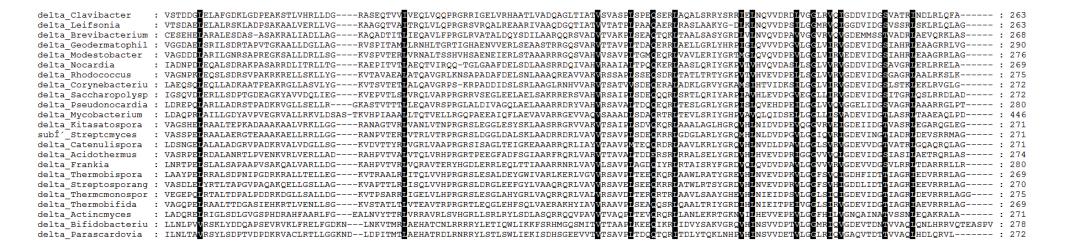


Fig. S7. Comparison of amino acid sequences of d-subunits of F_1 -part of F_0F_1 ATPase operon in various actinobacteria genera. Conserved residues are shown in black.

Kitasatospora	: MGAOLRVYKRR	IRSVTATKK I TKAM EMI SASR		ASTPYADE	TRAV	TAVATRSTAKHE	PLTTENPNAKRAA <mark>VI</mark> LI	TADRCLACGYST	NAIROSLATAART	REE-CKDV	/TYIVCR	GVGYYG	RNLAVANS	WICESDK	E: 145
Streptcmyces							PLTTETERPVRAAVILV		NAIKAAETTREKT	VAE-CKEV	VOYVVCR	GVAYYT	FRERKLADS	WTCFTDS	P: 145
Thermobifida	: MGAOLRVYRRR	IRSTKSMAK <mark>T</mark> TRAM ELT AATR							NAIKEAERITAIT	NEO-CKEV	TYMVCR	GIGHYK	FRERPLADS	WEGFTER	E: 144
Acidothermus	: MGAOLRIYRRR	IRSVRATAK <mark>I</mark> TRAM ELI AASR		ASTPYAEA	ITRAVS	SAVASOSNVDHE	PLLTERARPVRAAVILV	TSDRGLAGAYSA	NVLREGEALTEHL	RER-GLDV	/HYIIGR	GLAYYR	FRDRPVVRS	WICESEN	E: 145
Catenulispora	: MGGQLRVYRRR	iasvkatko <mark>i</mark> traq eli atar	IVKAÇOKVA	ASTPYAEE	ITRAV	SAVASRSNASH <i>A</i>	ALTTEREPOAGVRPKAAVI VV	TSDRGFCGGYNT	NTLKEAEOIMOLI	REQ-CKEP	/RYVVCR	GVSYNS			
Saccharopolyspora	: -MAOLRELRNR	IRSVKSTRKITKACELIATSR	IMKAOARVE	ASRPYADE	TNVI	TALADAST-LDH	PLLTERENPKRAGVIVV	TSDRGFCGGYNA	NVLRAAEETQTLT	REO-CKTP	VI YVVCR	GEAYYR	FROREIAKS	WICFIDE	P: 144
Pseudonocardia		IRSTQSIKK <mark>I</mark> TRSQ ELI ATSR													P: 145
Mycobacterium	: MAATLRELRGR	TRSAGSTKKTTKACEMTATSR	TAKACARVE	AARPYDRE	ידאאידי	TELATASA-LDE	IPT-T-VORENPRRAC <mark>VT</mark> VV	SSTRETACAYNA	NVFRRSEETFSI	REE-GKEP	VI YVVCR	KALSYYS	FRNWDVTES	WSCFSER	P: 145
Rhodococcus	: -MASIRELRSR	IKSVNSTKK TKACEL TATSR	TKACARVA	ASKPYAEF	TKV	SELASASASLDE	HPLLNERANPKRAAVIVV	TSDRCMCCCYNS	NALKEAEELFOLL				FRGRKIGG		P : 145
Nocardia	: -MASLRELRSR	IRGVNSIKK U TKAO PU ATSR	ISKACARVA	AAKPYAEF	TKVI	GELASASONLTH	IPLLTERADPRRAA <mark>VI</mark> VI	TSDSGMAGGYNS					FRNRTPVAS		P: 145
Corynebacterium	: -MANLRELRDR	IRSVNSTKK U TKAO PU TATSR	TKACARVE	AACPYARE	SNV	NKLAAHTS-LDH	IPMLREREDAKVAAII	SSDRCMCGGYNN	NIFKKAAETEALT		VRYVTGNI		FREAEVAGS	WICESOD	P: 144
Frankia	: MAGOLREYRRR	IKTVQSTKK I TKAM ELI AASR							NALKRAGETVELT				RGRPLAGI		145
Dermacoccus		IRSVOATKKITRAMETIAASR					HALTTERENVKRAG <mark>VI</mark> IV				/PYLVCR		FRREYEAR		P: 146
Kytococcus		IKSVKATKK <mark>I</mark> TKAM PLI AASR							APMKFADRI TEQL				FRNREWVKI		P: 146
Kineococcus			IKACANVR				HPLITEKTEVKRAAVILC			RAE-GKEI			FRRRAVVDO		P: 145
Arthrobacter	: MGAOIRVYROK	ISSTTSMRK <mark>i</mark> fkam eli atsr	IGKARARVA												E: 145
Brevibacterium		INSTKSLRK <mark>T</mark> FKAM ELT AASR	OKAIGRVK	AASPYANA	ITRAVS	SAVATHA-DVEH	TLTTEPETIRRAAVVVM	GPDRGFAGAYSS	NVIREAEETITMI						P: 145
Leifsonia	: MGAQLRVYROK	IKSAHRTKK <mark>I</mark> TRAM ELI SASR											FRRRAFER	WTCNTDA	E: 145
Clavibacter		IKSAQTTKK I TRAM ELI SASR	IQKAQQRMA	ASAPYSRA	VTRAVS	SAVATES-NVDE	HILTTEPEKVERAA <mark>IV</mark> IF	ASDRCLACATSS	SVLKESEQLAELL				FRKRDSERI	WTCSTEK	E: 145
Nocardioidaceae	:MRELRAR	IKSTESMKK <mark>I</mark> TRAM ELI AASR											FRGRSVAQA	WICESDR	E: 141
Nocardioides	: MAVSLREYRAR	IKSTESMKK <mark>I</mark> TRAM ELI AASR	IKAQQRAQ	SAAPYARE	TRAV	SAVATYS-NVDE	HPLTREPENSQRVAMIIV	TSDRCLACAYSS	SVLKEAERTAEKT	RGE-CKTI	DVYLCCR	GEAYHR	FRNRPVVRS		B: 145
Aercmicrobium	: MAASVRELRAK	IRSTQATKK I TRAM ELI AASR	IKAQQRAA	AAAPYARE	TRAV	SAVATES-NVDE	IPLTTEKENPTRAA <mark>VI</mark> VV	ASDRCLACSYSS.	AVIKEAERTVEKT	TNE-CKEV	DLYLTGR	AEAYYN	FRQRPFVTS	WTCFSDK	P: 145
Kribbella	: MPASLRELRER	rasvstikk <mark>i</mark> tram <mark>eli</mark> aasr	IVKAQQRAQ	AAGPYARE	TRAV	SAVATES-NVDE	IPLTTEKPNPKRAA <mark>VI</mark> LI	TSDRGQAGAYSS	SVIREGERIHQII	RED- <mark>C</mark> KEI	/PFLTCR	AIAYYT	er qrevaqs	WSCESDA	P: 145
Actinomyces	: MAGNORVYKOR	IRSTOTLOKWFRAMETTASSR	GVARRNAC	EAGPYDHA	I SOAVA	AAVGTHS-SLDE	PITOERSDTKRVA <mark>VI</mark> VV	TSDRCMACAYSA	TVIRESER IDO	VEE-CKEP	VVETACR	ALSYFS	FREREVERS	WICESDR	P: 145
Bifidobacterium	: -MGSQLALKSR	IASTSSLEKTFNACEMTASSH	AKARDVAL	NAKPYSDA	ISDAVO	OALVOHTHII	HPIVKKRENGTRVAVIAL	TSDRCMACAYTS	SIIRETESILARI	DEO-CKOT	CLYVYCK	GVSYYK	YRNRDIAG'	WECNIDK	P: 144
Gardnerella	: -MSSQLALKSR	IISTQSLGK <mark>I</mark> FKAQ <mark>EMI</mark> ASSH	I AKARDIAL	NAKPYSDA	IFDAV	QALVAHHEANIR	KHPIFGKEHAGNRVA <mark>VI</mark> AL	TSDRCMACAFTS	SIIRETEALLAK	DAE- E KHAI	ELYVYCRI	GATYYK	YRNRDVAG	RECSIDH	
Parascardovia	: -MASQLAFKSR	iasteslrk <mark>i</mark> fnaq <mark>emi</mark> assr	I AKARGVAL	AAKPESDA	IFDAVI	RALAAHTHIN	NHPILGKSEKNPRVA <mark>VI</mark> AL	TADRGMAGAYTS	SIIRETETILNRI	EAE- <mark>C</mark> KKP	ELFVY <mark>C</mark> RI	GVSYYK	YR <mark>NREVAG</mark> I	r <mark>weges</mark> ea	E: 144
Scardovia	: -MASQLAFKSR	iasteslkk <mark>i</mark> fnaq <mark>emi</mark> assr	IAKTRDVAL	AAKPESDA	IYDAVI	RALAAHTHLI	HPILGKNEDNPRVA <mark>VI</mark> AL	TSDRCMACAYTS	SIIRETETILNRI	EKQ- <mark>C</mark> KEP	QL FVY C RI	GVTYYR	YR <mark>NRQVAA</mark> T	r <mark>woc</mark> esda	P: 144
Kitasatospora	: TYGDAKTVSAD	IAAFTAETGG	vd	ELH LV STE	B QSML1	IÇTAVDHRILDI	KLDEVELSDGAPA		KN(QIFPL Y D B I	ESAEG V I	DAIII PR	VESRIYNA	LLQSAASI	E: 248
Kitasatospora Streptcmyces	: SYADAKAVAAP	IEAAVQDTAE	VD	ELH <mark>LV</mark> STE ELH IV FTE	FQSMLT FVSMMT	IÇTAVDHRLLDI IÇSPVEKRLLDI	KLDEVELSDGAPASLAEAGAVE-QGS		KN(QIFPLYDE EILPLEDER	ESAEG V I ESAEE V I	DALL PR	WESRIYNA WESRIFNA	LLQSAASI LLQSAASI	E: 248 E: 249
	: SYADAKAVAAP	IEAAVQDTAE	VD	ELHLVSTE ELHIVFTE EIHIVSTE	EQSML1 EVSMM1 EISMIN	IOTAVDHRILPI IOSPVEKRILPI IORARASRILPI	KLDEVELSDGAPASLAEAGAVE-QGS EVEEVDSKVLEAE		KN(KAI	QIFPLYDE EILPLEDE PLP-LYEEF	ESAEGVI ESAEEVI EGAEEVI	DALL PR DALL PR DOLL PK	WESRIYNA WESRIFNA WTNRIYFA	LIQSAASI LIQSAASI LIESAAS(E: 249
Streptcmyces	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA		GGVD	E IHVVYTK	FVSMLT	IÇTPEARRILPI	KLDEVELSDGAPA SLAEAGAVE-QGS EVEEVDSKVLEAE EVEETTEEP		VG(CMEDOVERS	ΈΝΙ ΔΑ ΚΙΝΠ	DATE DRY	VESRTYNA VESRTFNA VTNRTYFA VEARTYNA	LLQSAASI LLQSAASI LLESAAS LLQGAASI	E: 249
Streptcmyces Thermobifida	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA	IEAAVQDTAE MEKFIQETAE IAAFNTPADD	GGVD	EIHVVYTK EIHTVSTR	FVSMLT	I OTPEARRILPI	EVEETTEEP		VG(SMFPQYEFI SVEDLYFFI	ENAAGVI ESPERMI	DALL PR	YVEARIYNA	LLQSAASI LLQSAASI LLESAAS LLQGAASI MLQSAASI	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE	IEAAVQDTAE MEKFIQETAE IAAFNTPADD IEAFLAEE VKAFLAGADDYLDDGGPD	GGVD GGMD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVHTE	EVSMLT EISMLS EVSMIT	IQTPEARRILPI SQQPTTVRILPI IOKPSVKRVAPI	EVEETTEEP		VG(AG(SMFPQYEFI SVFPLYEFI FLRPVYDFI	ENAAGVI ESPERVI EDADTI F	DALI PRI DALI PHI	WEARIYNA	MIQSAASI	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE	IEAAVQDTAE MEKFIQETAE IAAFNTPADD VIEAFLAEE VKAFLAGADDYLDDGGPD	GGVD GGMD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVHTE	EVSMLT EISMLS EVSMIT	IQTPEARRILPI SQQPTTVRILPI IOKPSVKRVAPI	EVEETTEEP	ADTA 0	VG(GMFPQYEFI GVFPLYEFI TLRPVYDFI	ENAAGVI ESPERVI EDADTI F	DALL PRI DALL PRI KALL PKI	VEARIYNA VRARIYNA VINTRIFAC	MIQSAASI	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART	IEAAVQDTAE MEKFIQETAE IAAFNTPADD IEAFLAEE VKAFLAGADDYLDDGGPD	GGVD GTLGVD GVHGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVHTE ELHLVYTS ELHIVFTE	EVSMLT EISMLS EVSMIT EKNMIT ERSMLS	IQTPEARRILPI SQQPTTVRILPI IQKPSVKRVAPI IQIPQARRMAPI	EVEETTEEP	ADTAQ	VG(AG(K' SQVESPGSK(SMFPQYEFI SVFPLYEFI TLRPVYDFI SLQSLYEFI	ENAAGVI ESPERVI EDADTI F EDPDTI F	DALL PRY DALL PHY KALL PKY DALL PKY	VEARIYNA VRARIYNA VINTRIFAG	MLQSAASI SLIDAAASI	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 277
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET	IEAAVQDTAE MEKFIQETAE IAAFNTPADD VIEAFLAEE VKAFLAGADDYLDDGGPD VDAFMAGEDDGDGNAD VKAFMAGVDDEGDDAGAD	GGVDGGMDGTLGVDGVHGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVHTE ELHLVYTS ELHIVFTE	EVSMLT EISMLS EVSMIT EKNMIT ERSMLS	ICTPEARRILPI SOOPTTVRILPI ICKPSVKRVAPI ICIPQARRVAPI SOSAIARRIAPM	EVEETTEEP	ADTAQ	VG(AG(K! SQVESPGSK(SMFPQYEFF SVFPLYEFF FLRPVYDFF SLQSLYEFF EPHTLESEF	ENAAGVI ESPERVI EDADTI F EDPDTI F ESAETI F	DALL PRY DALL PHY KALL PKY DALL PKY DALL PRY	YVEARIYNA YVRARIYNA YINTRIFAG YIGARIYAA YVSTRIFAA	MLQSAASI SLLDAAASI SLLESAASI MLEAAASI	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 277 E: 255
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET	IEAAVQDTAE MEKFIQETAE IAAFNTPADD VIEAFLAEE VKAFLAGADDYLDDGGPD VDAFMAGEDDGDGNAD VKAFMAGVDDEGDDAGAD	GGVDGGMDGTLGVDGVHGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVHTE ELHLVYTS ELHIVFTE	EVSMLT EISMLS EVSMIT EKNMIT ERSMLS	ICTPEARRILPI SOOPTTVRILPI ICKPSVKRVAPI ICIPQARRVAPI SOSAIARRIAPM	EVEETTEEP	ADTAQ	VG(AG(K! SQVESPGSK(SMFPQYEFF SVFPLYEFF FLRPVYDFF SLQSLYEFF EPHTLESEF	ENAAGVI ESPERVI EDADTI F EDPDTI F ESAETI F	DALL PRY DALL PHY KALL PKY DALL PKY DALL PRY	YVEARIYNA YVRARIYNA YINTRIFAG YIGARIYAA YVSTRIFAA	MLQSAASI SLLDAAASI SLLESAASI MLEAAASI	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 277 E: 255
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET	IEAAVQDTAE MEKFIQETAE IAAFNTPADD VIEAFLAEE VKAFLAGADDYLDDGGPD VDAFMAGEDDGDGNAD VKAFMAGVDDEGDDAGAD	GGVDGGMDGTLGVDGVHGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVHTE ELHLVYTS ELHIVFTE	EVSMLT EISMLS EVSMIT EKNMIT ERSMLS	ICTPEARRILPI SOOPTTVRILPI ICKPSVKRVAPI ICIPQARRVAPI SOSAIARRIAPM	EVEETTEEP	ADTAQ	VG(AG(K! SQVESPGSK(SMFPQYEFF SVFPLYEFF FLRPVYDFF SLQSLYEFF EPHTLESEF	ENAAGVI ESPERVI EDADTI F EDPDTI F ESAETI F	DALL PRY DALL PHY KALL PKY DALL PKY DALL PRY	YVEARIYNA YVRARIYNA YINTRIFAG YIGARIYAA YVSTRIFAA	MLQSAASI SLLDAAASI SLLESAASI MLEAAASI	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 277 E: 255
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET	IEAAVQDTAE MEKFIQETAE IAAFNTPADD VIEAFLAEE VKAFLAGADDYLDDGGPD VDAFMAGEDDGDGNAD VKAFMAGVDDEGDDAGAD	GGVDGGMDGTLGVDGVHGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVHTE ELHLVYTS ELHIVFTE	EVSMLT EISMLS EVSMIT EKNMIT ERSMLS	ICTPEARRILPI SOOPTTVRILPI ICKPSVKRVAPI ICIPQARRVAPI SOSAIARRIAPM	EVEETTEEP	ADTAQ	VG(AG(K! SQVESPGSK(SMFPQYEFF SVFPLYEFF FLRPVYDFF SLQSLYEFF EPHTLESEF	ENAAGVI ESPERVI EDADTI F EDPDTI F ESAETI F	DALL PRY DALL PHY KALL PKY DALL PKY DALL PRY	YVEARIYNA YVRARIYNA YINTRIFAG YIGARIYAA YVSTRIFAA	MLQSAASI SLLDAAASI SLLESAASI MLEAAASI	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 277 E: 255
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET	IEAAVQDTAE MEKFIQETAE IAAFNTPADD VIEAFLAEE VKAFLAGADDYLDDGGPD VDAFMAGEDDGDGNAD VKAFMAGVDDEGDDAGAD	GGVDGGMDGTLGVDGVHGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVHTE ELHLVYTS ELHIVFTE	EVSMLT EISMLS EVSMIT EKNMIT ERSMLS	ICTPEARRILPI SOOPTTVRILPI ICKPSVKRVAPI ICIPQARRVAPI SOSAIARRIAPM	EVEETTEEP	ADTAQ	VG(AG(K! SQVESPGSK(SMFPQYEFF SVFPLYEFF FLRPVYDFF SLQSLYEFF EPHTLESEF	ENAAGVI ESPERVI EDADTI F EDPDTI F ESAETI F	DALL PRY DALL PHY KALL PKY DALL PKY DALL PRY	YVEARIYNA YVRARIYNA YINTRIFAG YIGARIYAA YVSTRIFAA	MLQSAASI SLLDAAASI SLLESAASI MLEAAASI	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 277 E: 255
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA	IEAAVQDTAE	GGVDGTLGVDGVHGVDGILGLDGTIEGVDGDIAGVD EGETVRGFDGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVHTE ELHLVYTS ELHIVFTE ELHIVYTR ELHIVYTR QVHVVYTE EIHLVFTE ELHVYTE	EVSMLT EISMLS EVSMLT EKNMIT ERSMLS EVSMLT EVSMLT EVSMLT YVSAMT	GTPEARRIDE CONTTURE GENEVARYAPI GIPQARRYAPI SESAIARRIAPI GENEVERYAPI GTPEVERIAPI GTARVQQIPEV GNAVARRILE GQARVIRITE	EVEETTEEP	ADTAQ		GMFPQMESI GVFPLMESI FLRPVVDSI GLQSLMESI EPHTLSSI GPSAVVMSI DVHAQMESI QLTPDVDSI GPLPNVESI	ENAAGVI ESPERVI EDADTIF EDPDTIF ESAETIF EEAGTII EDASVII EDADTIM ESAEAVI ENAEGVI	DALL PRY CALL PRY CALL PRY CDALL PRY	VEARTYNA VRARTYNA VRARTYNA VINTRIFAA VSTRIFAA VSTRIYSA VINTRIFAA VYSRIIFAM VYSRIIFAM VYESRIYAA VYTARIFNA	MIQSAAS IIIDAAAS IIIESAAS MIEAAAS IIIDSAAS IIIEAAAS IIIEAAAS IIIEAAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIESAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 277 E: 255 E: 271 E: 268 E: 272 E: 272 E: 246 E: 252 E: 258
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKOVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR	IEAAVQDTAE	GGVDGTLGVDGVHGVDGILGLDGTIEGVDGDIAGVD EGETVRGFDGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVHTE ELHLVYTS ELHIVFTE ELHIVYTR ELHIVYTR QVHVVYTE EIHLVFTE ELHVYTE	EVSMLT EISMLS EVSMLT EKNMIT ERSMLS EVSMLT EVSMLT EVSMLT YVSAMT	GTPEARRIDE CONTTURE GENEVARYAPI GIPQARRYAPI SESAIARRIAPI GENEVERYAPI GTPEVERIAPI GTARVQQIPEV GNAVARRILE GQARVIRITE	EVEETTEEP	ADTAQ		GMFPQMESI GVFPLMESI FLRPVVDSI GLQSLMESI EPHTLSSI GPSAVVMSI DVHAQMESI QLTPDVDSI GPLPNVESI	ENAAGVI ESPERVI EDADTIF EDPDTIF ESAETIF EEAGTII EDASVII EDADTIM ESAEAVI ENAEGVI	DALL PRY CALL PRY CALL PRY CDALL PRY	VEARIYNA VRARIYNA VRARIYNA VIGARIYAA VSTRIFAA VSTRIYSA VINTRIYSA VINTRIYSA VINTRIYSA VESRIIFAA VESRIIFAA VESRIYAA VVSSRIYNM VNSRIYNM	MIQSAAS IIIDAAAS IIIESAAS MIEAAAS IIIDSAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIQSAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 254 E: 257 E: 257 E: 257 E: 268 E: 272 E: 246 E: 252 E: 252 E: 252 E: 252 E: 253 E: 247
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA	IEAAVQDTAE MEKFIQETAE IAAFNTPADD VAFLAGADDYLDDGGPD VAFMAGEDDGDGNAD VKAFMAGVDDEGDDAGAD VELFMAGSGAEVEAPNGE VEAFMAGSDGTVPAPNGT IDGFVAGSNGQAKTREGINV ITAFTTPTEE TADFHAGAEGG VADFGKEFADG VADFGKEFADG	GVDGMDGTLGVDGILGLDGILGCVDGDLAGVD EGETVRGFDGVDGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVHTE ELHLVYTS ELHIVYTR ELHIVYTR ELHIVYTR ELHIVYTR ELHVYTE ELHVVYTE ELHVVYTE EVHVVYTE	EVSMLT EISMLS EVSMLT EKNMLT ERSMLS EVSMLT EVSMLT EVSMLT YVSAMT EQSMVT EVSMVT	TPEARR 1 1 1 1 1 1 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2 2	EVEETTEP	ADTAQ		GMFPCMES GVFPIMES GVFPIMES GVFPIMES GLQSIMES EPHTLES EPHTLES GPSAVMN GUTPPMES GPLPN ES GPLPN ES ELQPIMES ELQPIMES	ENAAGVI ESPERVI EDADTIF ESAETIF EEAGTII EDASVII EDADTIM ESAEAVI ENAEGVI ESADEVI ESADEVI	DALIPR DALIPR TALIPR TALIPR SALIPR SALIPR SALIPR SALIPR JALIPR DALIPR DALIPR DALIPR	VEARIYNA VRARIYNA VRARIYNA VRARIYAA VSTRIFAA VSTRIYSA VSTRIYSA VVESRIYAA VVESRIYAA VVESRIYAA VVSRIYNA VVSRIYNA VVSRIYNA	MIQSAAS IIIDAAAS IIIESAAS MIEAAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIQSAAS IIIQSAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 254 E: 257 E: 255 E: 271 E: 268 E: 272 E: 246 E: 252 E: 258 E: 258 E: 247 E: 246
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter Brevibacterium	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA : TVEAAKEIGDI	IEAAVQDTAE	GVDGMDGTLGVDGILGLDGTIEGVDGDIAGVD EGETVRGFDGVDGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR EIHLVSTR ELHIVYTS ELHIVYTR ELHIVYTR ELHIVYTR EIHLVFTE EIHLVFTE EIHVYTE EHVYTE EHVVYTE	FVSMLT FISMLS FVSMLT FRSMLS FVSMLT FVSMLT FESMLT YVSAMT FQSMVT FVSMVT FVSMVT FVSMVT	TPEARR 11 C TPEARR 12 C TPEARR 14 C TPEARR 14 C TPEVRR 14 C TPEVRR 12 C TAT	EVEETTEP	ADTAQ		GMFPCMES GVFPIMES GVFPIMES GLQSIMES EPHTLES EFLPIMES ELPEY EFLPIMES ELQPIMES ELQPIMES	ENAAGVI ESPERVI EDADTIF ESAETIF EEASVII EDADTIM ESAEAVI ENAEGVI ESADEVI ESADAVI EETE QVI	DALIPR DALIPR TALIPR TALIPR TALIPR SALIPR SALIPR SALIPR SALIPR SALIPR SALIPR SALIPR SALIPR DALIPR DALIPR DALIPR	VEARIYNA VYRARIYNA INTRIFAC IIGARIYAA VYSTRIFAA VYSTRIYSA INTRIYSS VYSRIIFAM VYSRIIFAM VYSRIYAA VYSRIIFNA VYSRIYNM VYNSRIYNM VYNSRIYNM	MIQSAS IIIDAAS IIIESAS MIEAAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIQSAS IIIQSAS IIIQAAS IIIQAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 254 E: 257 E: 255 E: 271 E: 268 E: 272 E: 246 E: 247 E: 247 E: 247 E: 247
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter Brevibacterium	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA	IEAAVQDTAE	GGVDGMDGTLGVDGTLGVDGTLGVDGTLGVDGVDGVDGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVYTS ELHIVYTR ELHIVYTR ELHIVYTR CHIVYTR CHIVYTE EIHVYTTE EIHVVYTE EIHVVYTE EIHVVYTE EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR	FVSMLT FISMLE FVSMIT FKNMLT FFSMLT FESMLT FESSLT FE	TPEARRIDE CONTURE CONT	EVEETTEEP	ADTAQ		SMEPCA ES SVFPLYES SVFPLYES SVFPLYES SPHTLSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSS	ENAAGVI ESPERVI EDADTIF ESAETIF EEAGTII EDASVII EDADTIM ESAEAVI ENAEGVI ESADAVI ESADAVI ESADAVI	DALIPR DALIPR TRALIPR TRALIPR TRALIPR SALIPR AALIPR DALIPR DALIPR DALIPR JOALIPR JOALIPR JOALIPR	VEAR YNA VYRAR I YNA VYRAR I YNA VINTRI FAA VYSTRI FAA VYSTRI YSA VYSTRI YSA VYSRI FAA VYSRI FAA VYSRI FAA VYSRI FAA VYSRI YNA VYSRI YNA VYNSRI YNA VYNSRI YNA VYNSRI FAA VIESRI FAA VIESRI FAA VIESRI FAA	MIQSAAS LIIDAAAS LIIESAAS LIIESAAS LIESAAS LIESAAS LIIESAAS LIIESAAS LIIQSAAS LIIQSAAS LIIQAAS MIQAAS MIQAAS MIQSAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 257 E: 255 E: 277 E: 268 E: 252 E: 246 E: 252 E: 246 E: 246 E: 246 E: 246 E: 247
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter Brevibacterium	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA	IEAAVQDTAE	GGVDGMDGTLGVDGTLGVDGTLGVDGTLGVDGVDGVDGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVYTS ELHIVYTR ELHIVYTR ELHIVYTR CHIVYTR CHIVYTE EIHVYTTE EIHVVYTE EIHVVYTE EIHVVYTE EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR	FVSMLT FISMLE FVSMIT FKNMLT FFSMLT FESMLT FESSLT FE	TPEARRIDE CONTURE CONT	EVEETTEEP	ADTAQ		SMEPCA ES SVFPLYES SVFPLYES SVFPLYES SPHTLSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSSS	ENAAGVI ESPERVI EDADTIF ESAETIF EEAGTII EDASVII EDADTIM ESAEAVI ENAEGVI ESADAVI ESADAVI ESADAVI	DALIPR DALIPR TRALIPR TRALIPR TRALIPR SALIPR AALIPR DALIPR DALIPR DALIPR JOALIPR JOALIPR JOALIPR	VEARIYNA VYRARIYNA INTRIFAC IIGARIYAA VYSTRIFAA VYSTRIYSA INTRIYSS VYSRIIFAM VYSRIYAA VYSRIYAM VYSRIYAM VYSRIYNM VYNSRIYNM VYNSRIYNM VYNSRIYAM IESRIFAA VIESRIFAA	MIQSAAS LIIDAAAS LIIDSAAS LIIDSAAS LIIDSAAS LIIESAAS LIIESAAS LIIQSAAS LIIQSAAS LIIQSAAS LIIQAAS LIIQAAS MIQAAS MIQSAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 257 E: 255 E: 271 E: 268 E: 272 E: 246 E: 247 E: 247 E: 247 E: 247 E: 247
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter Brevibacterium Leifsonia Clavibacter	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA : TVEAAKEIGDI : EFEQAKEVADA : EFETAKSIGDA	IEAAVQDTAE	GVDGMDGTLGVDGILGLDGTIEGVDGTLGVD EGETVRGFDGVDGVDGVDGVD	EIHVVYTK EIHIVSTR ELHIVSTR ELHIVYTS ELHIVYTS ELHIVYTS ELHIVYTS ELHIVYTS EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTR EIHVIYR	EVSMLT FISMLS EVSMLT FRSMLS EVSMLT EVSMLT FESMLT YVSAMT EVSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMLT	TPEARRIDE CONTURE IN INC. CONTURE IN INC. CONT	EVEETTEP	ADTAQ		GMFPCMES GVFPIMES GVFPIMES GVFPIMES GFRAVMS GPRAVMS GRAVMS GRA	ENAAGŪL ESPERVII ESPERVII ESPERVII EDADTIE ESAETIE EAGTII EDASVII ENAEGVII ENAEGVII ESAEVVII EVECVII EVECVII EVECVII EVECVII	DAM PR DAM PR KAM PR KAM PR KAM PR KAM PR KAM PR KAM PR LAAM P	VEARIYNA VORARIYNA VORARIYNA VORARIYNA VORRIYNA	MIQSAAS LIIDAAAS LIIDSAAS LIIDSAAS LIIDSAAS LIIESAAS LIIESAAS LIIQSAAS LIIQSAAS LIIQSAAS LIIQAAS LIIQAAS MIQAAS MIQSAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 254 E: 257 E: 257 E: 257 E: 258 E: 246 E: 258 E: 247 E: 246 E: 247 E: 247 E: 248
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter Brevibacterium Leifsonia Clavibacter	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA : TVEAAKEIGDI : EFEQAKEVADA : EFETAKSIGDA	IEAAVQDTAE	GVDGMDGTLGVDGILGLDGTIEGVDGTLGVD EGETVRGFDGVDGVDGVDGVD	EIHVVYTK EIHIVSTR ELHIVSTR ELHIVYTS ELHIVYTS ELHIVYTS ELHIVYTS ELHIVYTS EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTE EIHVYTR EIHVIYR	EVSMLT FISMLS EVSMLT FRSMLS EVSMLT EVSMLT FESMLT YVSAMT EVSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMLT	TPEARRIDE CONTURE IN INC. CONTURE IN INC. CONT	EVEETTEP	ADTAQ		GMFPCMES GVFPIMES GVFPIMES GVFPIMES GFRAVMS GPRAVMS GRAVMS GRA	ENAAGŪL ESPERVII ESPERVII ESPERVII EDADTIE ESAETIE EAGTII EDASVII ENAEGVII ENAEGVII ESAEVVII EVECVII EVECVII EVECVII EVECVII	DAM PR DAM PR KAM PR KAM PR KAM PR KAM PR KAM PR KAM PR LAAM P	VEAR YNA VORAT YNA	MIQSAAS IIIDAAS IIIESAAS MIEAAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIESAAS IIIQSAAS IIIQSAAS IIIQAAS IIIQAAS IIIQAAS IIIQSAAS IIIQAAS IIIQSAAS IIIQAAS IIIQSAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 254 E: 257 E: 255 E: 277 E: 255 E: 271 E: 258 E: 246 E: 252 E: 246 E: 258 E: 258 E: 247 E: 246 E: 247 E: 247 E: 247
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter Brevibacterium Leifsonia Clavibacter Nocardioidaceae Nocardioides Aercmicrobium	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA : TVEAAKEIGDI : EFEQAKEVADA : EFETAKSIGDA : DYDAAKEIGEK : SYDAALEVGTT : SYDAALEVGTT : EFSDARDIGTT	IEAAVQDTAE	GGVDGTLGVDGTLGVDGTLGVDGTLGVDGVDGVDGVDGVDGVDGVD	EIHVVYTK EIHLVSTR ELHLVYTS ELHIVYTS ELHIVYTR ELHIVYTR ELHVYTR ELHVYTR EIHVYTR	EVSMLT EISMLS EVSMLT ERSMLS EVSMLT EVSMLT EVSMLT EQSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMLT EVSMVT EVSMLT EVSMLT EVSMLT EVSMLT EVSMLT EVSMLT EVSMLT ERSMLT ERSMLT	TPEARR 1 11 C TPEARR 1 11 C TPEARR 1 21 C EPTUR 1 21 C TPEARR 1 21 C TPE	EVEETTEP	ADTAQ		GMFPCMES GMFPCMES GVFPIMES GVFPIMES GVFPIMES EPHTLES EPHTLES GPSAVMNES GPSAVMNES GPLPNMES	ENAAGŪLE ESPERVI ESPERVI ESPERVI EDADTIE ESAETUE ESAETUE ESAETUE ESAERUI ENAEGVI ESAERVI ESAERVI ESAERVI EVERVE EVERVI ESAERVI	DAM PR LDAM PR KAM PR KAM PR SAM PR SAM PR LDAM PR LDA	VEAR YNA VORARIYNA VORARIYNA VORARIYAA	MIQSAAS LIIDAAAS LIIESAAS MIEAAAS LIIESSAS LIIESAAS LIIESAAS LIIQSAAS LIIQSAAS LIIQAAS MIQAAS MIQSAAS MIQSAAS LIIQAAS MIQSAAS LIIQAAS MIQSAAS LIIQAAS LIIQAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 254 E: 255 E: 277 E: 255 E: 272 E: 268 E: 252 E: 258 E: 258 E: 246 E: 258 E: 247
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter Brevibacterium Leifsonia Clavibacter Nocardioidaceae Nocardioides Aercmicrobium Kribbella	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKOVADA AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAKASRH : TWEKTHDVRRH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA : TVEAAKEIGDI : EFEQAKEVADA : EFETAKSIGDA : DYDAAKEIGER : DYDAAKEIGER : DYDAAKEIGER : SYDAALEVGTT : EFSDARDIGTT : TFARAREVADA	IEAAVQDTAE		EIHVVYTK EIHIVSTR ELHIVYTS ELHIVYTS ELHIVYTR ELHIVYTR CHIVYTE ELHVYTTE EIHVYTTE EIHVVYTE EIHVVYTE EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVIYNR EVHVVYTR EVHVVYTR EVHVVYTR	FVSMLT FISMLS FVSMLT FRSMLS FVSMLT FVSMLT FVSAMT FQSMVT FVSAMT FVSMVT FVSMVT FVSMVT FVSMVT FVSMVT FVSMVT FVSMLT	GTPEARR DE COMMENT OF THE COMMENT OF	EVEETTEEP	ADTAQ		SMEPCA EST SVEPTA EST SVEPTA EST SVEPTA EST SPANYMSE DVHACA EST QUITEN EST SPLPNA EST SPLPLA EST SP	ENAAGUL ESPERVI ESPERVI ESPERVI EDADTIB ESAETI EDASTI EDASTI EDASTI EDASTI EDASTI ENAEGUL ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI	DALI PR DALI PR TOALI PR SALI PR SALI PR SALI PR JALI PR	VEAR YNA VORAT YNA VORAT YNA VORAT YNA VORAT YSA VORAT FAA	MIQSAAS LIIDAAAS LIIESAAS LIIESAAS LIIESAAS LIIESAAS LIIESAAS LIIQSAAS LIIQAAS LIIQAAS LIIQAAS LIIQAAS	E: 249 Q: 248 Q: 248 E: 246 E: 254 E: 257 E: 255 E: 271 E: 268 E: 272 E: 246 E: 247
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter Brevibacterium Leifsonia Clavibacter Nocardioidaceae Nocardioides Aercmicrobium Kribbella Actincmyces	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKOVADA AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : TWEKTHDVRRH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREIGDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA : TVEAAREIGDI : EFEQAKEVADA : EFETAKSIGDA : DYDAAKEIGEK : SYDAALEVGTT : EFSDARDIGTT : TFARAREVADA : GEEMIEDIAQA	IEAAVQDTAE		EIHVVYTK EIHIVSTR ELHIVYTS ELHIVYTS ELHIVYTR ELHIVYTR CHIVYTE ELHVYTTE EIHVYTTE EIHVVYTE EIHVVYTE EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVIYNR EVHVVYTR EVHVVYTR EVHVVYTR	FVSMLT FISMLS FVSMLT FRSMLS FVSMLT FVSMLT FVSAMT FQSMVT FVSAMT FVSMVT FVSMVT FVSMVT FVSMVT FVSMVT FVSMVT FVSMLT	GTPEARR DE COMMENT OF THE COMMENT OF	EVEETTEEP	ADTAQ		SMEPCA EST SVEPTA EST SVEPTA EST SVEPTA EST SPANYMSE DVHACA EST QUITEN EST SPLPNA EST SPLPLA EST SP	ENAAGUL ESPERVI ESPERVI ESPERVI EDADTIB ESAETI EDASTI EDASTI EDASTI EDASTI EDASTI ENAEGUL ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ETSAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI ESAEAVI	DALI PR DALI PR TOALI PR SALI PR SALI PR SALI PR JALI PR	VEAR YNA VORAT YNA VORAT YNA VORAT YNA VORAT YSA VORAT FAA	MIQSAAS LIIDAAAS LIIESAAS LIIESAAS LIIESAAS LIIESAAS LIIESAAS LIIQSAAS LIIQAAS LIIQAAS LIIQAAS LIIQAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 254 E: 257 E: 257 E: 257 E: 257 E: 258 E: 247 E: 246 E: 247 E: 247 E: 247 E: 247 E: 247 E: 254 E: 254 E: 247 E: 247 E: 254 E: 254 E: 247 E: 263
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kytococcus Arthrobacter Brevibacterium Leifsonia Clavibacter Nocardioidaceae Nocardioides Aercmicrobium Kribbella Actincmyces Bifidobacterium	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : SYLQAKDVADA : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA : TVEAAKEIGDI : EFEQAKEVADA : EFECAKSIGDA : DYDAAKEIGEK : SYDAALEVGTT : EFSDARDIGTT : TFARAREVADA : GEEMIEDIAQA : GVEVAEAISNA	IEAAVQDTAE		EIHVVYTK EIHVSTR ELHLVSTR ELHLVYTS ELHIVYTR ELHIVYTR ELHVYTTR EHVVYTE ELHVYTTR ELHVYTTR ELHVYTTR ELHVYTTR ELHVYTR EVHVYTR ELHVYTR	FVSMLT FISMLS FVSMLT FKSMLS FVSMLT	GTPEARR IN INC. CONTINUE OF THE PROPERTY OF TH	EVEETTEP	ADTAQ		SMFPQMES SVFPLYES SVFPLYES SVFPLYES SPHTLSS SP	ENAAGŪL ESPERVII ESPERVII ESPERVII EDADTIE ESAETIE EBAGTII ENAEGVII ENAEGVII ESABAVII ESABAVII ESABAVII ENAEGVII ENEAVII EVUNTUI ESAEAVII ESAEAVII ESAEAVII ESAEAVII ESAEAVII ESAEAVII ESAEVII ESAELVII ESAELVII ESAELVII ESAELVII	DAMI PR DAMI PR TOAM PR TOAM PR TOAM PR SALI PR LAAM P	VEAR YNA VORA YNA VOR	MIQSAS IIIDAAS IIIESAS MIEAAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIQSAS IIIQAS IIIQAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 255 E: 277 E: 255 E: 271 E: 268 E: 252 E: 246 E: 252 E: 246 E: 256 K: 247 E: 247 E: 247 E: 247 E: 247 E: 247 E: 247
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter Brevibacterium Leifsonia Clavibacter Nocardioidaceae Nocardioidaceae Nocardioides Aercmicrobium Kribbella Actincmyces Bifidobacterium Gardnerella	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA : TVEAAKEIGDI : EFEQAKEVADA : EFETAKSIGDA DYDAAKEIGET : SYDAALEVGTT : EFSDARDIGTT : TFARAREVADA : GEEMIEDIAQA : GVEVAEAISNA	IEAAVQDTAE		EIHVVYTK EIHVSTR ELHLVSTR ELHLVYTS ELHIVYTR CLHIVYTR CLHIVYTR ELHVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVYTR EIHVYTR EIHVYTR EIHVYTR EIHVYTR EVHVYTR EVHVYTR EVHVYTR	FVSMLT FISMLS FVSMLT FKSMLS FVSMLT FV	TPEARRIDE CONTURE IN INC. CONTURE IN INC. CON	EVEETTEP	ADTAQ		SMEPCA ESTATEMENT OF THE POWER	ENAAGŪL ESPERVII ESPERVII ESPERVII EDASTUR ESAETUR ESAETUR ESAESVII ENAEGVII ESAESVII	DAMI PR DAMI PR TOAM PR TOAM PR SALI PR SALI PR SALI PR JOAN P JOAN	VEAR YNA VORAT Y	MIQSAS IIIDAAS IIIESAS MIEAAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIQSAS IIIQAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 277 E: 255 E: 277 E: 268 E: 268 E: 252 E: 246 E: 252 E: 247 E: 248 E: 247 E: 248
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter Brevibacterium Leifsonia Clavibacter Nocardioidaceae Nocardioides Aercmicrobium Kribbella Actincmyces Bifidobacterium Gardnerella Parascardovia	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA : TVEAAKEIGDI : EFEQAKEVADA : EFETARSIGDA : DYDAAKEIGEK SYDAALEVGTT : EFSDARDIGTT : TFARAREVADA : GYEVAEAISNA DVTIAEKISDT : SVEMAARISQT	IEAAVQDTAE		EIHVVYTK EIHIVSTR ELHIVSTR ELHIVYTS ELHIVYTR ELHIVYTR ELHIVYTR ELHVYTTE EIHVVYTE EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVFTR EVHVVYTR ELYVFTE ELYVFTE	EVSMLT EISMLS EISMLS EVSMLT ERSMLS EVSMLT EVSMLT EVSMLT EVSMLT EVSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMLT EV	TPEARRIDE CONTURE IN INTERPRETARIO INTERPRETARIO IN INTERPRETARIO IN INTERPRETARIO IN INTERPRETARIO INTERPRETARIO INTERPRETARIO IN INTERPRETARIO INTERPRETARIO IN INTERPRETARIO I	EVEETTEP	ADTAQ		GMFPCMES GMFPCMES GTVFPIMES GTVFPIMES GTVFPIMES GTVFPIMES GPSAVMS GTPSAVMS	ENAAGÜL ESPERVI ESPARVI EDADTI E EDADTI E EDADTI E EDADTI M ESAEVI ENAEGVI ESADEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESPERVI ESP	DAM PR DAM PR TAM TAM PR TAM	VEAR YNA VORAT Y	MIQSAS IIIDAAS IIIESAS MIEAAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIQSAS IIIQAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 277 E: 255 E: 277 E: 268 E: 268 E: 252 E: 246 E: 252 E: 247 E: 248 E: 247 E: 248
Streptcmyces Thermobifida Acidothermus Catenulispora Saccharopolyspora Pseudonocardia Mycobacterium Rhodococcus Nocardia Corynebacterium Frankia Dermacoccus Kytococcus Kineococcus Arthrobacter Brevibacterium Leifsonia Clavibacter Nocardioidaceae Nocardioides Aercmicrobium Kribbella Actincmyces Bifidobacterium Gardnerella	: SYADAKAVAAP : SYMHAMEISSA : SYLQAKDVADA : AYTDARTVADE : DYSDAADIGET : GYEHAAEAART : EYEHAQEIGET : GYADAAKASRH : KYTDASAACNH : TWEKTHDVRRH : SYSDAKAVADA : KFENAEEIGER : TVEDAREISDA : SYEDAKTIGDR : VFATAQEIGAA : TVEAAKEIGDI : EFEQAKEVADA : EFETAKSIGDA DYDAAKEIGET : SYDAALEVGTT : EFSDARDIGTT : TFARAREVADA : GEEMIEDIAQA : GVEVAEAISNA	IEAAVQDTAE		EIHVVYTK EIHIVSTR ELHIVSTR ELHIVYTS ELHIVYTR ELHIVYTR ELHIVYTR ELHVYTTE EIHVVYTE EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVVYTR EIHVFTR EVHVVYTR ELYVFTE ELYVFTE	EVSMLT EISMLS EISMLS EVSMLT ERSMLS EVSMLT EVSMLT EVSMLT EVSMLT EVSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMVT EVSMLT EV	TPEARRIDE CONTURE IN INTERPRETARIO INTERPRETARIO IN INTERPRETARIO IN INTERPRETARIO IN INTERPRETARIO INTERPRETARIO INTERPRETARIO IN INTERPRETARIO INTERPRETARIO IN INTERPRETARIO I	EVEETTEP	ADTAQ		GMFPCMES GMFPCMES GTVFPIMES GTVFPIMES GTVFPIMES GTVFPIMES GPSAVMS GTPSAVMS	ENAAGÜL ESPERVI ESPARVI EDADTI E EDADTI E EDADTI E EDADTI M ESAEVI ENAEGVI ESADEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESAEVI ESPERVI ESP	DAM PR DAM PR TAM TAM PR TAM	VEAR YNA VORAT Y	MIQSAS IIIDAAS IIIESAS MIEAAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIESAS IIIQSAS IIIQAAS	E: 249 Q: 248 E: 246 E: 248 E: 254 E: 277 E: 255 E: 277 E: 268 E: 268 E: 252 E: 246 E: 252 E: 247 E: 248 E: 247 E: 248

Kitasatospora	:	Н	AARRR-	AMKS	ATI	ΝÆ	GEI	IKSL	RLA	NSA	RQI	ETT	QEISEI	VGGAN <mark>A</mark>	ADASAGSE	:	304
Streptcmyces	:	Η	AATRRR	AMKS	ATI	ΝA	EEI	IKSL	RLA	NAA	RQ	AD <mark>II</mark>	QEISEI	VGGAG <mark>A</mark>	ADANAGSD	:	306
Thermobifida	:	Η	ASRRA-	a <mark>mka</mark>	ATI	ΝÆ	EEI	VKTL	RQA	NQA	RQZ	ETT.	NEISEI	VGGAD <mark>A</mark>	AAASAGSE	:	304
Acidothermus	:	L	AARRR-	a <mark>cka</mark>	ATI	ΝÆ	EEI	IRTY	RLA	NAA	RQI	\Ε <mark>ΙΤ</mark>	QEISEI	VGGAD <mark>A</mark>	VATGSE	:	300
Catenulispora	:	Η	AARRR-	AMKS	ATI	ΝA	SDI	IDNL	RQA	NAA	RQI	ÆΙΤ	QEISEI	VGGAN <mark>A</mark>	ADANVGSD	:	304
Saccharopolyspora	:	Η	AARRT-	AMKS	ATI	ΝÆ	DE	IRTL	SREA	NQA	RQ <i>I</i>	AQIT	Q <mark>EISEI</mark>	VGGVE <mark>A</mark>	SSAGSE	:	308
Pseudonocardia	:	S	ANRQR-	a <mark>mka</mark>	ATI	ΝÆ	NEI	IRSL	LEA	NQA	RQZ	AQ <mark>IT</mark>	QEISEIY	VGGVD <mark>A</mark>	ASAGSES-	:	332
Mycobacterium	:	S	ASRRR-	AMKS	ASI	ΝÆ	DDI	IKDL	ILMA	NRE	RQ:	Q <mark>IT</mark>	QEISEI	VGGAN <mark>A</mark>	ADAAKK	:	309
Rhodococcus	:	S	AARRT-	a <mark>mka</mark>	ATI	ΝA	NEI	VNTL	SRQA	NQA	RQI	\Q <mark>IT</mark>	QEISEI	VGGAN <mark>A</mark>	ASSAGSD-	:	326
Nocardia	:	S	AARRT-	AMKA	ATI	ΝÆ	NEI	ATDL	SRQA	SV	RQ <i>I</i>	AQIT	Q <mark>EISEI</mark>	VGGVN <mark>A</mark>	AASSDRD-	:	323
Corynebacterium	:	S	AARRT-	AMKS	ATI	ΝÆ	TEI	VKDL	SRVA	NQA	RQ <i>I</i>	AQIII	Q <mark>ETTET</mark>	VGGAG <mark>A</mark>	AESAESD-	:	327
Frankia	:	S	AARQR-	AMKS	ATI	ΝÆ	EDI	IKTY	RAA	NRA	RQI)A <mark>II</mark>	QEISEI	VGGAN <mark>A</mark>	ASGA	:	298
Dermacoccus	:	L	AARQR-	AMKS	ATI	ΝÆ	TEI	IKTY	RLA	NQA	RQI	ÆΙΤ	QEISEI	VGGASA	ADAS	:	304
Kytococcus	:	L	AARQR-	AMKS	ATI	ΝÆ	EDI	IKDY	RLA	NQA	RQ <i>I</i>	AD <mark>IT</mark>	Q <mark>EISEI</mark>	VGGSA <mark>A</mark>	ADAK	:	310
Kineococcus	:	L	AARQR-	AMKS	ATI	ΝA	DEI	IKKL	RLA	NA	RQ	AD <mark>IT</mark>	QEISEI	VGGAD <mark>A</mark>	ASSGSRA-	:	302
Arthrobacter	:	L	AARQR-	AMKS	AGI	ΝÆ	TDI	IKKY	RLR	TΑ	RQZ	\E <mark>IT</mark>	QELSEI	VAGAD <mark>A</mark>	NAS	:	297
Brevibacterium	:	Q	AARQQ-	A <mark>MKT</mark>	ATI	ΝÆ	DDI	IRTY	RLA	SA	RQI	ÆΙΤ	QEISEI	VGGAD <mark>A</mark>	AGAGSND-	:	311
Leifsonia	:	Η	AATQK-	AMKA	ASI	ΝÆ	DKI	ITDY	RLA	NA	RQI	ÆΙΤ	QQISEI	VGGAD <mark>A</mark>	SSAN	:	299
Clavibacter	:	Η	AARQK-	AMKS	ASI	ΝÆ	DKI	VTTY	RLR	NA	RQI	ľΕΙΤ	QQISEI	VGGAD <mark>A</mark>	ASSK	:	299
Nocardioidaceae	:	L	AQRQK-	AMKS	ATI	ΝÆ	DEI	IKKF	RVA	NQA	RQZ	\G <mark>IT</mark>	QEISEIY	VGGVN <mark>A</mark>	ADAQAAND	:	304
Nocardioides	:	L	AARQK-	AMKS	ATI	ΝÆ	DEI	IKKY	RIA	NQA	RQI	\G <mark>IT</mark>	QEISEI	VGGVN <mark>A</mark>	ADAQAGSE	:	303
Aercmicrobium	:	L	AARQK-	AMKS	ATI	ΝA	EDI	IQKY	RTA	NQA	RQI	\GIT	QEISEI	VGGAN <mark>A</mark>	ADATAGSE	:	310
Kribbella	:	L	ANRQR-	AMKS	ATI	ΝÆ	QDI	IERL	REA	NQA	RQ	AQIT	Q <mark>EISEI</mark>	VGGAG <mark>A</mark>	ADASAGSE	:	303
Actincmyces	:	L	ASRQQ-	AMHT	ATI	ΝÆ	EDI	INTY	RLA	NQA	RQG	DIT	Q <mark>EISEI</mark>	VSGAD <mark>A</mark>	AAE	:	314
Bifidobacterium	:	Т	ANRQN-	AMHT	ATE	NΑ	RSI	IDDL	RKL	NAS	RQ <i>I</i>	\S <mark>IT</mark>	QELTET.	IGSADA	NKKEE	:	302
Gardnerella	:	Т	ASRQN-	AMHT	ATI	ΝÆ	RN	VDDL	RKL	NAS	RQI	SIT	QELTEI.	IGSADA	NNEED	:	334
Parascardovia	:	т	ASRQN-	AMHT	ΑTΙ	ΝÆ	RKI	VDEL	RKL	NAS	RQI	SIT	QELTET!	VGSADA	KTEIE	:	331
Scardovia	:	Т	ASRQN-	AMHT	AΤΙ	ΝÆ	GKI	VDEL	RKL	NAS	RQZ	SIII	ETTET	GSADA	KTEIE	:	329

Fig. S8. Comparison of amino acid sequences of g-subunits of F_1 -part of F_0F_1 ATPase operon in various actinobacteria genera. Conserved residues are shown in black.