```
                                        exon \/ exon
CONSENSUS-A   M?erAdeEglqrklRLiRLLHQt......NPYPqgpGTAsQRRNRRRRwr?rWrql?ALAdkiytfPDPP     61
ROD           -N----------------------.....--------------------KQ----IL----S--------     64
NIHZ          -T----------------------.....--------------------KQ----IL----S--------     64
ISY           -T-------VR-------------.....------L---R---------ER--K-IL----R--------     64
ST            -N---E--E-R-------------.....--------------------KQ-----V-------------     64
BEN           -S---------G----L------.....--------------------R-RQ-LR-V---N-LCAV----     64
CAM2          -T----------------------.....--------------------Q----IL----R--------     64
D194          -RD--------E----------I......----H-Q------------R-RQ-FR-V---T-LH-I----     64
GH1           -H-K--G-E--ER----------.....----H--------------Q-R--LR-V-----L-------     64
KR            -NG----------Q---------.....------L---R--------RKQH----V---NS--------     64
UC2           -C-K----E---E----------.....----YR----G--------R-RQ-LR-L-----LH-A----     64
CONSENSUS-B   MtaR..E?DLQKgLRLLHLLHQT??????nPYPQgPGTASQRRNRRRRWKrRGLQILALADRIhslsdsP     61
UC1           --T-..-K---------------.....-----T----------------------------R------     62
EHOA          -N--..-R---------------SEYGTTD--------------------Q-------------P-P---     68
D205          ----..-G----E----------.....-----------------------------------F-TA-     62
CONSENSUS-SD  Mssh??EEELRrRLRLIHlLHQT......npYptGpGtANQRRrrRRWrqRWQQ?LAlADRIYSFPdPP     61
MM251         ----ER-----K------------.......S------------Q------R----L--------------     64
MMP11         ----ER-----K------------.......S------------Q------R----L--------------     64
MM32H         ----ER-----K------------.....TD-------------Q------R----L--------------     65
MM1A11        ----ER-----K------------.....ID-------------Q------R----L--------------     65
MM239         --N-ER-----K------------.....--------------Q-K----R----L--------------     64
MM142         -R--TG------------------.....------S-S-----QK----------L--------------     64
MNE           ----AE------------------.....--------------N-----------L--------------     64
SMMPBJ        ---N..------------------.....----D---------------------I--------------     62
SMMH9         ---N..------------F----......S--xx---------------x-----I--x-----------     62
SMMH4         ---T..------------F----.....----Q---------------------I--------------     62
SM62A         ---T..-----K------F----.....----Q---------------------I-----------N--     62
CONSENSUS-STM MSDQ..EEELRKRLRLIQFLHQT.....TDPYPQGPGTANQRRNRRRRWRQRWNQLLALANRIYSFPDPP     63
STM           ----..------------------....-------------------------------------------     63

CONSENSUS-A   aDspLdraIQhLQgLTIqeLPDPPT?l...pes????nsnQ?LAEt??SLPA?WVRVDPRS?PGP???Y?    114
ROD           ------QT-----------------H-...---........-R----                           100
NIHZ          ------------------D------N-...---PEST----R---A                            107
ISY           --P---QT--Q-------T------T...............-R----QG----V--------V---REG-K    120
ST            -----EQT------------------N-...---SESID-S-R---I                            107
BEN           T------------R-----------D-...---....----G----                             103
CAM2          --P----T-----E----D------HP...---........-R---A                            100
D194          T---------Q--------------D-...---....----G----                             103
GH1           T---------D--R---H-------D-...---....----G----                             103
KR            ----------R--------------N-...---SEST-N--G----YN----I--------A---CKD-E    131
UC2           ---S--W----------R-------D-...---....D---G----$                            103
CONSENSUS-B   tEePLdLAiQRLQnLtveDLPNPPtst???PTa...QA?tCiPPvWDQLVPRSnPSss?GcgRdSCE?r?    121
UC1           --------V----E-------------...---...--F------------------NE--E-----H-K    126
EHOA          --G------------IIK---------...---...--S-----I-------------Q--------RGE    132
D205          A----N-----------------PNLNQS--T...--PG-V-----------A--G-K-Y--N---C-R    129
CONSENSUS-SD  tdTPLDLaIQQLQnLAIEs?PdpPt?a...PEp......L?Dp?es?rSPQd                      99
MM251         -------------------I-----NT...--A......-C--TKGS-----                      107
MMP11         -------------------I-----NT...--A......-C--TKDS-----                      107
MM32H         -------------------I-----NT...--A......-CG-T-NS-----                      108
MM1A11        -------------------I-----NT...--A......-C--TKDS-----                      108
MM239         -------------------I-----NT...--A......-C--T-DS-----                      107
MM142         -------------------I-----NI...--A......-C--T-NS----A                      107
MNE           -N-----V-----------I-----NI...--I......-H--T-NP-----                      107
SMMPBJ        V------------R----EL-N--AS-...---.......-K-AA--P                           100
SMMH9         A------------G----xL-N--AS-...---.......-K-AA--P                           100
SMMH4         V------------G----EL-----S-...---.......-N-VAK-P                           100
SM62A         A------------G----EL--S--S-...---.......-N-AAK-S$                          100
CONSENSUS-STM ASTPLDLAVQQLQGLSIQDLPDPPPNL...PKD......LQDTAEN                              100
STM           ---------------------------...---......-------                              100

CONSENSUS-A   RDS?ER?E?LVGG?GT?R?G?T?SS?KDQAG?R?CPPVR???I??ETL$                          146
ISY           ---Y--G-E----S--N-K-D-R--T-----S-N-----DRD-SK---                            168
KR            ---C--V-R----N--D-Q-N-C--K-----G-T-----GSG-NR----                           179
CONSENSUS-B   dlmgssQesg?snHrdpQEdQTRt$                                                  144
UC1           SP-E---KDSG-------------                                                   150
EHOA          --V--P----RRD-CNT------G-                                                  156
D205          ----G-----E--------N----                                                   153
```