```
             <- vpX cds                                      tat cds ->
CONSENSUS-A   MtEAPtEfPPeDgTPpRepGdewvIeiLreikeEAlkHFDprLLiaLg?yIy?RHGdTlEgAReLIr?LQ     67
ROD           -A-----L--V----L-------I-----------------------K---T--------------KV--     70
NIHZ          -------L----R--------A---------E----R-------T---R---T--------------I--     70
ISY           -----A--------------------------------------T---Y---T--------------V--     70
ST            -------S----R-------------T-----$------------T--N---A----------G---I--     69
BEN           ---------------R-DL-SD----T---------R-----------Y--HN-------------KT--     70
CAM2          -------L---------------------D--------------T---GH--A-------R------V--     70
D194          ---------------R--L-ST----T-K------------C------N---N--------------V--     70
GH1           ---------------R--L-GD---R--G-------------------N--HS-----P--------I--     70
KR            -----A------E----G-------G----LR------------TT--N--CA-------S-----NV--     70
MDS           -------L-----------------------T--------RS--T---RH--T--------------I--     70
UC2           -M-             x-L--DC-x     -----$R----------DN---N---N---------KI--     51
CONSENSUS-B   MAEAaPEiPPEnenPQREPWEeWv?dvlEEIKQEALkHFDPRLLTALGNFIYsRHGdTLaGAGELIKiLQ     69
UC1           -------T-----S----------E--M--------R--------------------------------     70
D205          -----------------------IGEI-------------------------------------------     70
EHOA          ----V------DK--------Q--V--------------------------N---N--E-------L--     70
CONSENSUS-SD  M....eERPPEdEgPQREPWDEWvVEVLeElKEEALkhFDPRLLtALGNhIYnRHGDTlEGAGELIrILQ     66
MM251         -....------N-------------------------------------------------------     66
MM32H         -....------N-------------------------------------------------------     66
MM1A11        -....------N---$----G------------G-----------------------------------     65
MM316S        -....------N-------------------------------------------------------     66
MM239         -....------N-------------------------------------------------------     66
MM142         -....------N----------------K--------------------------------------     66
MNE           -....-------------------------------------------------------------K---     66
SMMPBJ        -....T-------A----------------I-----N------------Y--D-----------------     66
SMMH9         -....T-------A---------x------x-----Nx------x----Y--D-----------------     66
SMMH4         -....A-------A-----------------------------------Y--D-----------------     66
SM62A         -....A-------A-----------------------------------Y--D-----P-----------     66
CONSENSUS-STM M....THRPPEDEGPQREPWDEWVVEVLEEIKQEALRHFDPRLLSALGNYIYDRHGDTLEGAGELIKILQ     66
STM           -....-------------------------------------------------------------     66

CONSENSUS-A   RALf?HfRaGc??SRigqtRgrnPlsAiPTPRgM?$                                      98
ROD           ----T------GH--------G----------N-Q                                      105
NIHZ          ----A------GH--------G------------H                                      105
ISY           ----T------GH-----P-------------N-Q                                      105
ST            ---LL------GR-----P---------------R                                      104
BEN           ----V------NR----                                                         87
CAM2          ----T------NH--------G----------R-$                                      104
D194          ----V-I----DR--K----R-A-CP-A------H                                      105
GH1           ----V-L----NR---S---R-T-FP-A------Y                                      105
KR            ----V------KI--------ET-F---------Q-                                     105
MDS           ----T------GH--------G----------S-Q-                                     105
UC2           ---SM-L-V-GSR----$--R-T-CP-T------H-                                      85
CONSENSUS-B   RALFLHFRaGCQHSRIGQpGGGNPLSaIPPs$                                         100
UC1           -------------------------------                                          101
D205          ------------------S-------T---P                                          101
EHOA          --------G-----------------------                                         101
CONSENSUS-SD  rALFiHFRgGC?HSRIGQsgGgNPLstIPPsRgmL$                                     100
MM251         ----M------N------P------------                                           97
MM32H         ----M------N------P--------------V-                                      101
MM1A11        ----M------I------P--R----A-----S--                                      100
MM316S        ----M------I------P------x                                               92
MM239         ----M------I------P-------A-----S--                                      101
MM142         --------S--S------P-------------S--                                      101
MNE           ----M------T-------------------R--                                       101
SMMPBJ        -----------R--------------------V-                                       101
SMMH9         G----------R---------x--------x--V-                                      101
SMMH4         --------S--A-------R-------------V-                                       101
SM62A         --------S--A-------R----------------                                     101
CONSENSUS-STM RALFMHFRGGCRHSRIGQPGGGNPLATIPPTRGVL                                       101
STM           ----------------------------------                                       101
```