

>A1A2_ MrBayes_Raw

ATGAATTACTGCTCAACAGTATTCATACCTTCTTCCTTTTGGTTTGTTTGCAAATACTCTATAATATTATTTT
TCATTTCTTTTCTCTATTCAATTCAATATCCAAATTTCAATAGCTAATTCTCCTCAACGTGATCATGAAAACCT
CCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTCCCAACAATAACAATGCAGCAAATCCAGCCAAACTCGTATACACTCAA
CACGACCAATTGTATATGTCTGTCCTGAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTACCTCTGATACAACCCCCAA
AACCCTCGTTATTGTCACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGCCACTATTCTATGCTCCAAGAAAGTTGG
CTTGCAGATTTCGAACTCGAAGCGGTGGCCATGATGCTGAGGGTTTGTCTACATATCTCAATTAGTCCCATTT
GTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATTCGGTCAAAATAGATGTTTCATAGCCAAACTGCGTGGGTTGAAGCCG
GAGCTACCCTTGGAGAAGTTTATTATTGGATCAATGAGAAGAATGAGAATCTTAGTTTTCTCGGTGGGTATTG
CCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAATTATGGCCTCGCG
GCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAATGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCATGGGAGAAG
ATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAACCTTGGGAATCATTGCAGCATGGAAAATCAAACCTGGT
TGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTCAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGGGCTTGTCAAGTTATTT
AACAAATGGCAAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATTTAATACTCATGACTCACTTCATAACCAGGAATA
TTACAGATAATCATGGGAAGAATAGCAAGGAAAAGACTACAGTACATGGTTACTTCTCTTCCATTTTTTCATGG
TGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACAAGAGCTTTCCTGAGTTGGGTATTAAAAAACTGATTGCAAA
GAATTGAGCTGGATTGATACAACCATCTTCTACAGTGGTGTTGTAAATTACAACACTGCTAATGCTTTTTAAAA
AGGAAATTTTTGCTTGATAGATCAGCTGGGTTACAGAAGACGGCTTTACCTTTCTCAATTAAGTTAGACTATGT
TAAGAAACCAATTCCAGAAACTGCAATGGTCAAAATTTTTGGAAAAATTATATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGG
ATGTATGTGTTGTACCCCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTTCAAGATCAGCAATTCATTCCCTCATCGAG
CTGGAATCATGTATGAACTTTGGTACACAGCTACCTGGGATGAGAAGCAAGAAGATATTAATGAAAAAGCAGT
TGAAATTATTAAGCATATAAACTGGGTTTCAAGTGTTTATAATTTTACGACTCCTTATGTGTCCCAAAATCCA
AGAATGGCGTATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAACTAATCCTGAGAGTCCTAATAATTACACAC
AAGCACGTATTTGGGGTGAAAAAGTATTTTGGTAAAAACAATTTTAAACAGGTTAGTTAAGGTGAAAACCAAAGT
TGATCCCAATAATTTTTTTTAGAAACGAACAAAGTATCCCACCTCTTATGTCATTTCCATTGCGGCCGCGTCAT
CATTAATGAAATTAATATGGACCTTGATATGAGCTTTCTTATTATTATACTAGTTTCTGGACACGTAACCTCCC
ATTTGGCCATATGTAGGGCCATATACAATAAGTTGAAGTGTTTAAATGTAA

>A1A2a_MrBayes_Gap

ATGAAT---TGCTCAACA---TTC-----TCCTTTTGGTTTGTTTGCAA-----ATAATA---
TTTTTC-----TTTCTC---TCATTCAATATCCAAATTTCAATAGCTAAT---CCTCAA-----
GAAAACTTCCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTCCC-----AACAATGCAGCAAATCCA---
AAACTCGTATACACTCAACACGACCAATTGTATATGTCTGTCTGAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTCA
CCTCTGATACAACCCCCAAACCACTCGTTATTGTCACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGCCACTATTCT
ATGCTCCAAGAAAGTTGGCTTGCAATTGCAACTCGAAGCGGTGGCCATGATGCTGAGGGTTTGTCTACATA
TCTCAA---
GTCCCATTTGTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATTCGGTCAAAATAGATGTTTCATAGCCAAACTGCGTGGG
TTGAAGCCGGAGCTACCCTTGGAGAAGTTTATTATTGGATCAATGAGAAGAATGAGAATCTTAGTTTTCTGG
TGGGTATTGCCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAATTAT
GGCCTCGCGGCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAATGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCA
TGGGAGAAGATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAACTTTGGAATCATTGCAGCATGGAAAAT
CAAACCTGGTTGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGGGCTTGTC
AAGTTATTTAACAAATGGCAAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATTTAATACTCATGACTCACTTCATAA
CCAGGAATATTACAGATAATCATGGGAAGAAT-----
AAGACTACAGTACATGGTTACTTCTCTTCCATTTTTTCATGGTGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACA
AGAGCTTTCCTGAGTTGGGTATTAAAAAACTGATTGCAAAGAATTGAGCTGGATTGATACAACCATCTTCTA
CAGTGGTGTTGTAAATTACAACACTGCTAAT---TTTAAAAAGGAAATTTTGCTTGATAGATCAGCTGGG---
CAGAAGACGGCT-----
TTCTCAATTAAGTTAGACTATGTTAAGAAACCAATTCAGAAACTGCAATGGTCAAAATTTTGAAAAATTAT
ATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGGATGTATGTGTTGTACCCCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTTCAAGATC
AGCAATTCATTCCCTCATCGAGCTGGAATCATGTATGAACCTTGGTACACAGCTACCTGG---
GAGAAGCAAGAAGAT---AATGAA-----
AAGCATATAAACTGGGTTTCAAGTGTTTATAATTTTACGACTCCTTATGTGTCCCAAAATCCAAGAATGGCGT
ATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAACTAATCCTGAGAGTCCTAATAATTACACACAAGCACGTAT
TTGGGGTGAAAAGTATTTTGGTAAA---
AATTTTAAACAGGTTAGTTAAGGTGAAAACCAAAGTTGATCCCAATAATTTTTTTTAGAAACGAACAAAGTATCC
CACCTCTT-----CCA-----CCGCGTCATCATTA

>A1A2a_PAML_Nucleotide_Raw

ATGAATTACTGCTCAACAGTATTCATACCTTCTTCCTTTTGGTTTGTGGCAAATACTCTATAATATTATTTT
TCATTTCTTTTCTCTATTCAATTCAATATCCAAATTTCAATAGCTAATTCTCCTCAACGTGATCATGAAAACCT
CCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTTCCCAACAATAACAATGCAGCAAATCCAGCCAAACTCGTATACACTCAA
CACGACCAATTGTATATGTCTGTCTGAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTACCTCTGATACAACCCCCAA
AACCCTCGTTATTGTCTACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGCCACTATTCTATGCTCCAAGAAAGTTGG
CTTGACAGATTTCGAACTCGAAGCGGTGGCCATGATGCTGAGGGTTTGTCTACATATCTCAATTAGTCCCATTT
GTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATTTCGATCAAAATAGATGTTTCATAGCCAAACTGCGTGGGTTGAAGCCG
GAGCTACCCTTGAGAGAAGTTTATTATTGGATCAATGAGAAGAATGAGAATCTTAGTTTTCTGCTGGTGGGTATTG
CCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAATTATGGCCTCGCG
GCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAATGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCATGGGAGAAG
ATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAACCTTGGGAATCATTGCAGCATGGAAAATCAAACCTGGT
TGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTCAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGGGCTTGTCAAGTTATTT
AACAAATGGCAAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATTTATTACTCATGACTCACTTCATAACCAGGAATA
TTACAGATAATCATGGGAAGAATAGCAAGGAAAAGACTACAGTACATGGTTACTTCTCTTCCATTTTTTCATGG
TGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACAAGAGCTTTCCTGAGTTGGGTATTAAAAAACTGATTGCAAA
GAATTGAGCTGGATTGATACAACCATCTTCTACAGTGGTGTGTGTAATTAACAACACTGCTAATGCTTTTTAAAA
AGGAAATTTTTGCTTGATAGATCAGCTGGGTTACAGAAGACGGCTTTACCTTTCTCAATTAAGTTAGACTATGT
TAAGAAACCAATTCCAGAAACCGCAATGGTCAAAATTTTTGGAAAAATTATATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGG
ATGTATGTGTTGTACCCCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTTCAAGATCAGCAATTCATTCCCTCATCGAG
CTGGAATCATGTATGAACTTTGGTACACAGCTACCTGGGATGAGAAGCAAGAAGATATTAATGAAAAAGCAGC
TGAAATTATTAAGCATATAAACTGGGTTTCAAGTGTTTATAATTTTACGACTCCTTATGTGTCCCAAAATCCA
AGAATGGCGTATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAACTAATCCTGAGAGTCCTAATAATTACACAC
AAGCACGTATTTGGGGTGAAAAAGTATTTTGGTAAAAACAATTTTAAACAGGTTAGTTAAGGTGAAAACCAAAGT
TGATCCCAATAATTTTTTTTAGAAACGAACAAAGTATCCCACCTCTTATGTCATTTCCATTGCGGCCGCGTCAT
CATTAATGAAATTAATATGGACCTTGATATGAGCTTTCTTATTATTATACTAGTTTCTGGACACGTAACCTCCC
ATTTGGCCATATGTAGGGCCATATACAATAAGTTGAAGTGTTTAATGTAA

>A1A2a_PAML_Nucleotide_Gap

ATGAAT---TGCTCAACA---TTC-----TCCTTTTGGTTTGTGGCAA-----ATAATA---
TTTTTC-----TTTCTC---TCATTCAATATCCAAATTTCAATAGCTAAT---CCTCAA-----
GAAAACTTCCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTTCC-----AACAATGCAGCAAATCCA---
AAACTCGTATACACTCAACACGACCAATTGTATATGTCTGTCTGAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTCA
CCTCTGATACAACCCCCAAACCACTCGTTATTGTCTACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGCCACTATTCT
ATGCTCCAAGAAAGTTGGCTTGACAGATTGCAACTCGAAGCGGTGGCCATGATGCTGAGGGTTTGTCTACATA
TCTCAA---
GTCCCATTTGTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATTTCGATCAAAATAGATGTTTCATAGCCAAACTGCGTGGG
TTGAAGCCGGAGCTACCCTTGAGAGAAGTTTATTATTGGATCAATGAGAAGAATGAGAATCTTAGTTTTCTGG
TGGGTATTGCCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAATTAT
GGCCTCGCGGCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAATGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCA
TGGGAGAAGATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAACTTTGGAATCATTGCAGCATGGAAAAT
CAAACCTGGTTGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGGGCTTGTC
AAGTTATTTAACAAATGGCAAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATTTATTACTCATGACTCACTTCATAA
CCAGGAATATTACAGATAATCATGGGAAGAAT-----
AAGACTACAGTACATGGTTACTTCTCTTCCATTTTTTCATGGTGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACA
AGAGCTTTCCTGAGTTGGGTATTAAAAAACTGATTGCAAGAATTGAGCTGGATTGATACAACCATCTTCTA
CAGTGGTGTGTGTAATTACAACACTGCTAAT---TTTAAAAAGGAAATTTTGCTTGATAGATCAGCTGGG---
CAGAAGACGGCT-----
TTCTCAATTAAGTTAGACTATGTTAAGAAACCAATTCAGAAACCGCAATGGTCAAAATTTTGGAAAAATTAT
ATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGGATGTATGTGTTGTACCCCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTTCAAGATC
AGCAATTCATTCCCTCATCGAGCTGGAATCATGTATGAACCTTTGGTACACAGCTACCTGG---
GAGAAGCAAGAAGAT---AATGAA-----
AAGCATATAAACTGGGTTCGAAGTGTTTATAATTTTACGACTCCTTATGTGTCCCAAAATCCAAGAATGGCGT
ATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAACTAATCCTGAGAGTCCTAATAATTACACACAAGCACGTAT
TTGGGGTGAAAAGTATTTTGGTAAA---
AATTTTAAACAGGTTAGTTAAGGTGAAAACCAAAGTTGATCCCAATAATTTTTTTTAGAAACGAACAAAGTATCC
CACCTCTT-----CCA-----CCGCGTCATCATTA

>A1A2a_PAML_Codon_Raw

ATGAATTACTGCAAAACAGTATTCATACCTTCTTCCTTTTGGTTTGTTTGCAAATACTCTATAATATTATTTT
TCATTTCTTTTCTCTATTCAATTCAATATCCAAATTTCAATAGCTAATTCTCCTCAACGTGATCATGAAAACCT
CCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTCCCAACAATAACAATGCAGCAAATCCAGCCAAACTCGTATACACTCAA
CACGACCAATTGTATATGTCTGTCTGAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTACCTCTGATACAACCCCCAA
AACCCTCGTTATTGTCTACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGCCACTATTCTATGCTCCAAGAAAGTTGG
CTTGAAAATTCGAACTAAAAGCGGTGGCCATGATGCTGAGGGTTTGTCTACATATCTCAATTAGTCCCATTT
GTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATAAAGTCAAAATAGATGTTTCATAGCCAAACTGCGTGGGTTGAAGCCG
GAGCTACCCTTGAGAGAAGTTTATTATTGGATCAATGAGAAGAATGAGAATCTTAGTTTTCTGCTGGTGGGTATTG
CCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGAAAAATTATGGCCTCGCG
GCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAATGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCATGGGAGAAG
ATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAACCTTGGGAATCATTGCAGCATGGAAAATCAAACCTGGT
TGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTCAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGGGCTTGTCAAGAAATTT
AACAAAAAACAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATAAATTACTCATGACTCACTTCATAACCAGGAATA
TTACAGATAATCATGGGAAGAATAGCAAGGAAAAGACTACAGTACATGGTTACTTCTCTTCCATTTTTTCATGG
TGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACAAGAGCTTTCCTGAGTTGGGTATTAAAAAACTGATTGCAAA
GAATTGAGCAAATTGATACAACCATCTTCTACAGTAAAGTTGTAAATTACAACACTGCTAATGCTTTTTAAAA
AGGAAATTTTTGCTTAAAAGATCAGCTGGGTACAGAAGACGGCTTTACCTTTCTCAATTAAGTTAGACAAAGT
TAAGAAACCAATTCCAGAAACCGCAATGGTCAAAATTTTTGAAAAATTATATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGG
ATGAAAGTGTTGTACCCCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTTCAGAAAAAGCAATTCATTCCCTCATAAAG
CTGGAATCATGTATGAACTTAAATACACAGCTACCAAAGATGAGAAGCAAGAAGATATTAATGAAAAAGCAGC
TGAAATTATTAAGCATATAAACTGGGTAAAAGTGTTTATAATTTACGACTCCTTATGTGTCCAAAAATCCA
AGAATGGCGTATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAACTAATCCTGAGAGTCCTAATAATTACACAC
AAGCAGTATTTGGGGTGAAAAGTATTTTGGTAAAAACAATTTTAACAGGTTAGTTAAGGTGAAAACCAAAGT
TGATCCCAATAATTTTTTTAGAAACGAACAAAGTATCCCACCTCTTATGTCATTTCCATTGCGGCCGCGTCAT
CATAAAAAAATAAATATGGACCTAAATATGAGCTTTCTTATTATTATACTAGTTTCTGGACACGTAACCTCCC
ATTTGGCCATATGTAGGGCCATATACAATAAGTTGAAGTGTTTAATGAAA

>A1A2a_PAML_Codon_Gap

ATGAAT---TGCAAAACA---TTC-----TCCTTTTGGTTTGTTTGCAA-----ATAATA---
TTTTTC-----TTTCTC---TCATTCAATATCCAAATTTCAATAGCTAAT---CCTCAA-----
GAAAACTTCCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTCCC-----AACAATGCAGCAAATCCA---
AAACTCGTATACACTCAACACGACCAATTGTATATGTCTGTCTGAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTCA
CCTCTGATACAACCCCCAAACCACTCGTTATTGTCTACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGCCACTATTCT
ATGCTCCAAGAAAGTTGGCTTGAAAATTCGAACTAAAAGCGGTGGCCATGATGCTGAGGGTTTGTCTACATA
TCTCAA---
GTCCCATTTGTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATAAAGTCAAAATAGATGTTTCATAGCCAAACTGCGTGGG
TTGAAGCCGGAGCTACCCTTGAGAGAAGTTTATTATTGGATCAATGAGAAGAATGAGAATCTTAGTTTTCTGG
TGGGTATTGCCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGAAAAATTAT
GGCCTCGCGGCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAATGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCA
TGGGAGAAGATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAACTTTGGAATCATTGCAGCATGGAAAAT
CAAACCTGGTTGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGGGCTTGTC
AAGAAATTTAACAAAAACAAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATAAATTACTCATGACTCACTTCATAA
CCAGGAATATTACAGATAATCATGGGAAGAAT-----
AAGACTACAGTACATGGTTACTTCTCTTCCATTTTTTCATGGTGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACA
AGAGCTTTCCTGAGTTGGGTATTAAAAAACTGATTGCAAAGAATTGAGCAAAATTGATACAACCATCTTCTA
CAGTAAAGTTGTAAATTACAACACTGCTAAT---TTTAAAAAGGAAATTTTGCTTAAAAGATCAGCTGGG---
CAGAAGACGGCT-----
TTCTCAATTAAGTTAGACAAAGTTAAGAAACCAATTCAGAAACCGCAATGGTCAAAATTTTGAAAAATTAT
ATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGGATGAAAGTGTTGTACCCCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTTCAGAAAA
AGCAATTCATTCCCTCATAAAGCTGGAATCATGTATGAACTTAAATACACAGCTACCAAA---
GAGAAGCAAGAAGAT---AATGAA-----
AAGCATATAAACTGGGTAAAAGTGTTTATAATTTACGACTCCTTATGTGTCCAAAAATCCAAGAATGGCGT
ATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAACTAATCCTGAGAGTCCTAATAATTACACACAAGCACGTAT
TTGGGGTGAAAAGTATTTTGGTAAA---
AATTTTAACAGGTTAGTTAAGGTGAAAACCAAAGTTGATCCCAATAATTTTTTTTAGAAACGAACAAAGTATCC
CACCTCTT-----CCA-----CCGCGTCATCATAAA

>AlA2a_PAML_AminoAcid_Raw

MNYCSTVFIPSSFWFVCKYSIILFFISFLYSFNIQISIANSPQREHENFLKCF SQYIPNNNNPANPAKL VYTQ
HDQLYMSVLNSTIQNLRFTSDTTPKPLVIVTPSNVSHIQATILCSKKVGLQIRTRSGGHD AEGMSYISQLVPF
VIVDLRNMHSVKIDVHSQTAWVEAGATLGEVYYWINEKNENLSFPGGYCPTVGAGGHFSGGGYGALMRNYGLA
ADNIIDAHLNVNDGKVLDRKSMGEDLFWAIRGGGGENFGIIAAWKIKLVAVPSKSTIFSVKKNMEIHGLVKLF
NKWQNIAYKYDKDLLMTHFITR NITDNHGKNSKEKTTVHGYFSSIFHGGVDSLVDLMNKSFP ELGIKKTDC
ELSWIDTTIFYSGVVNYNTANAFKKEILLDRSAGSQKTALPFSIKLDYVKKPIPETAMVKILEKLYEEDVGVG
MYVLYPYGGIMDEISESAIPFP HRAGIMYELWYTATWEEKQEDINEKAAEIIKHINWVR SVYNFTTPYVSQNP
RMAYLNYRDLDLGKTNPESPNNYTQARIWGEKYFGKNNFNRLVKVKT KVDPNNFFRNEQSI PPLLSFPLRPRH
HKGNNYGPGEYSYYTTSFWTRNSHLAICRAIYNKLKCLMLL

>AlA2_PAML_AminoAcid_Gap

MN-CST-F---SFWFVCK--II-FF--FL-SFNIQISIAN-PQ---ENFLKCF SQYIP--NNPANP-
KL VYTQHDQLYMSVLNSTIQNLRFTSDTTPKPLVIVTPSNVSHIQATILCSKKVGLQIRTRSGGHD AEGMSYI
SQ-
VPFVIVDLRNMHSVKIDVHSQTAWVEAGATLGEVYYWINEKNENLSFPGGYCPTVGAGGHFSGGGYGALMRNY
GLAADNIIDAHLNVNDGKVLDRKSMGEDLFWAIRGGGGENFGIIAAWKIKLVAVPSKSTIFSVKKNMEIHGLV
KLFNKWQNIAYKYDKDLLMTHFITR NITDNHGKN---
KTTVHGYFSSIFHGGVDSLVDLMNKSFP ELGIKKTDCKELSWIDTTIFYSGVV----AN-FKKEILLDRSAG-
QKTA--
FSIKLDYVKKPIPETAMVKILEKLYEEDVGVGMYVLYPYGGIMDEISESAIPFP HRAGIMYELWYTATW-
EKQED-NE-----KHINWVR SVYNFTTPYVSQNP RMAYLNYRDLDLGKTNPESPNNYTQARIWGEKYFGK-
NFNRLVKVKT KVDPNNFFRNEQSI PPL---P--PRHHK

>Ca_MrBayes_Raw

ATGAAGTACTACTCAACAGTATTCATACCTTCTTCCTTTTGGTTTGTTTGCAAGTACTCTATAATATTATTTT
TCATTTCTTTTCTCTATTCAATATCCAACTTCAATAGCTAATTCTCCTCAACGTGATCATGAAACTT
CCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTC CCAACAATAACAATGCAACAAATCTAGCCAAACTCGTATACACTCAA
AACGACCAATTGTATATGTCTGTCTTAAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTACCTCTGACACAACCCCAA
AACCCTTGTTATCGTCACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGGCACTATTCTATGCTCCAAGAAAGTTGG
CTTGCAAGATTCGAACTCGAAGCGGTGGTCATGATTCTGAGGGCATGTCCTACATATCTCAATTAGTCCCATT
GTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATTTCGATCAAAATAGATGTTTCATAGCCAAACTGCATGGGTTGAAGCCG
GAGCTACCTTGAGAAAGTTTATTATTGGATTAATGAGAAAAATGAGAATCTTAGTTTTCTTGCTGGGTATTG
CCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAATTATGGCCTCGCG
GCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCATGGGGGAAG
ATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAGCTTTGGAATCATTGTAGCGTGGAATTAGACTGGT
TGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTCAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGAGCTTGTCAGTTAGTT
AACAAATGGCAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATTTATTACTCATGACTCACTTCATAACTAGGAATA
TTACAGATAATCAAGGGAAGATAGCAAGGAAAAGACAACAATACACACTTACTTCTCTCCATTTTCTTGG
TGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACAAGAGCTTTCCTGAGTTGGGTATTAAAAAACAGATTGCAAA
CAATTGAGCTGGATTGATACTATCATCTTCTACAGTGGTGTGTAAATTACAACACTGCTAATGCTTTTAAAA
AGGAAATTTTGCTTGATAGATCAGCTGGGTACAGAAGGGGGCTTTACCTTTCAAGATTAAGTTAGACTACGT
TAAGAAACCAATTCCAGAACTGCAATGGTCAAAATTTTGAAAAATTATATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGG
ATGTATGTGTGTACCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTGAGAATCAGCAATCCATTCCCTCATCGAG
CTGGAATCATGTATGAAATTTGGTACATATCTACCTGGGATGAGAAGCAAGAAGATATTAATGAAAAGCAGT
TGAAATTATTAAGCATATAAACTGGATTGGAATGTTTATAATTTTCATGACTCCTTATGTGTCCCAAAATCCA
AGAATGGCATATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAAAATAATCCCAAGAGTCCTAATAATTACACAC
AAGCACGTATTTGGGTGAAAAGTATTTGGTAAAAACAATTTTAACAGGTAGTAAAAGTGAAAACCAAGGT
TGATCCCAATAATTTTTTTAGAAACGAACAAAGCATCCCACCTCTTATGTCATTTCCATTGCGGCCGCGTCAT
CATTAATGAAATTAATATGGACCTTGATATGAGCTTCTTATTATTATACTAGTTTCTGGACACGTAACCTCC
ATTTGGCCATATGTAGGGCCATATACAATAAGTTGAAGTGTTTAATGTAA

>Ca_MrBayes_Gap

ATGAAG---TACTCAACA---TTC-----TCCTTTTGGTTTGTTTGCAAG-----ATAATA---
TTTTTC-----TTTCTC---TCATTCAATATCCAACTTCAATAGCTAAT---CCTCAA-----
GAAACTTCCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTCCC-----ACAATGCAACAAATCTA---
AAACTCGTATACACTCAAAACGACCAATTGTATATGTCTGTCTTAAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTCA
CCTCTGACACAACCCCAAAACCACTTGTTATCGTCACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGGCACTATTCT

ATGCTCCAAGAAAGTTGGCTTGCAGATTGAACTCGAAGCGGTGGTCATGATTCTGAGGGCATGTCCTACATA
TCTCAA---
GTCCCATTTGTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATTTCGATCAAAATAGATGTTTCATAGCCAACTGCATGGG
TTGAAGCCGGAGCTACCCTTGGAGAAGTTTATTATTGGATTAATGAGAAAAATGAGAATCTTAGTTTTCTGC
TGGGTATTGCCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAATTAT
GGCCTCGCGGCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCA
TGGGGGAAGATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAGCTTTGGAATCATTGTAGCGTGGAAAAT
TAGACTGGTTGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTTCAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGAGCTTGTC
AAGTTAGTTAACAAATGGCAAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATTTATTACTCATGACTCACTTCATAA
CTAGGAATATTACAGATAATCAAGGGAAGAAT-----
AAGACAACAATACACACTTACTTCTCTTCATTTTCTTGGTGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACA
AGAGCTTTCCTGAGTTGGGTATTAAAAAACAGATTGCAACAATTGAGCTGGATTGATACTATCATCTTCTA
CAGTGGTGTGTAAATTACAACACTGCTAAT---TTTAAAAAGGAAATTTTGCTTGATAGATCAGCTGGG---
CAGAAGGGGGCT-----
TTCAAGATTAAGTTAGACTACGTTAAGAAACCAATTCCAGAACTGCAATGGTCAAAAATTTTGAAAAATTAT
ATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGGATGTATGTGTTGTACCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTCAGAATC
AGCAATTCATTCCCTCATCGAGCTGGAATCATGTATGAAATTTGGTACATATCTACCTGG---
GAGAAGCAAGAAGAT---AATGAA-----
AAGCATATAAACTGGATTTCGAAATGTTTATAATTTTCATGACTCCTTATGTGTCCCAAAATCCAAGAATGGCAT
ATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAAATAATCCCAAGAGTCCTAATAATTACACACAAGCACGTAT
TTGGGGTGAAAAGTATTTTGGTAAA---
AATTTTAACAGGTTAGTAAAAGTGAAAACCAAGGTTGATCCCAATAATTTTTTTTAGAAACGAACAAAGCATCC
CACCTCTT-----CCA---CGGCCGCGT---CATTA

>Ca_PAML_Nucleotide_Raw

ATGAAGTACTACTCAACAGTATTCATACCTTCTTCTTTTGGTTTGTGCAAGTACTCTATAATATTATTTT
TCATTTCTTTTCTCTATTTCATTCAATATCCAACTTCAATAGCTAATTCTCCTCAACGTGATCATGAAAACCT
CCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTCCTCAACAATAACAATGCAACAAATCTAGCCAACTCGTATACACTCAA
AACGACCAATTGTATATGTCTGTCTGAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTACCTCTGACACAACCCCCAA
AACCCTTGTATCGTCACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGGCACTATTCTATGCTCCAAGAAAGTTGG
CTTGCAGATTCGAACTCGAAGCGGTGGTCATGATTCTGAGGGCATGTCCTACATATCTCAATTAGTCCCATTT
GTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATTTCGATCAAAATAGATGTTTCATAGCCAACTGCATGGGTTGAAGCCG
GAGCTACCTTGGAGAAGTTTATTATTGGATTAATGAGAAAAATGAGAATCTTAGTTTTCTTGCTGGGTATTG
CCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAATTATGGCCTCGCG
GCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCATGGGGGAAG
ATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAGCTTTGGAATCATTGTAGCGTGGAAAATTAGACTGGT
TGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTTCAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGAGCTTGTCAAGTTAGTT
AACAAATGGCAAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATTTATTACTCATGACTCACTTCATAACTAGGAATA
TTACAGATAATCAAGGGAAGATAGCAAGGAAAAGACAACAATACACACTTACTTCTTCCATTTTCTTGG
TGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACAAGAGCTTTCCTGAGTTGGGTATTAAAAAACAGATTGCAAA
CAATTGAGCTGGATTGATACTATCATCTTCTACAGTGGTGTGTAAATTACAACACTGCTAATGCTTTTAAAA
AGGAAATTTTGCTTGATAGATCAGCTGGGTACAGAAGGGGGCTTTACCTTTCAAGATTAAGTTAGACTACGT
TAAGAAACCAATTCCAGAAACCGCAATGGTCAAAATTTTGAAAAATTATATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGG
ATGTATGTGTGTACCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTGAGAATCAGCAATTCATTCCCTCATCGAG
CTGGAATCATGTATGAAATTTGGTACATATCTACCTGGGATGAGAAGCAAGAAGATATTAATGAAAAGCAGC
TGAAATTATTAAGCATATAAACTGGATTGCAATGTTTATAATTTTCATGACTCCTTATGTGTCCCAAAATCCA
AGAATGGCATATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAAATAATCCCAAGAGTCCTAATAATTACACAC
AAGCACGTATTTGGGGTGAAAAGTATTTTGGTAAAAACAATTTTAACAGGTTAGTAAAAGTGAAAACCAAGGT
TGATCCCAATAATTTTTTTTAGAAACGAACAAAGCATCCACCTCTTATGTCATTTCCATTGCGGCAGCGTCAT
CATTAATGAAATTAATATGGACCTTGATATGAGCTTCTTATTATTATACTAGTTTCTGGACACGTAACCTCC
ATTTGGCCATATGTAGGGCCATATACAATAAGTTGAAGTGTTTAATGTAA

>Ca_PAML_Nucleotide_Gap

ATGAAG---TACTCAACA---TTC-----TCCTTTTGGTTTGTGTTGCAAG-----ATAATA---
TTTTTC-----TTTCTC---TCATTCAATATCCAACTTCAATAGCTAAT---CCTCAA-----
GAAACTTCCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTCCT-----ACAATGCAACAAATCTA---
AAACTCGTATACACTCAAAACGACCAATTGTATATGTCTGTCTGAAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTCA
CCTCTGACACAACCCCAAAACCACTTGTATCGTCACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGGCACTATTCT

ATGCTCCAAGAAAGTTGGCTTGCAGATTGCGAACTCGAAGCGGTGGTCATGATTCTGAGGGCATGTCCTACATA
 TCTCAA---
 GTCCCATTTGTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATTTCGATCAAAATAGATGTTTCATAGCCAACTGCATGGG
 TTGAAGCCGGAGCTACCCTTGGAGAAGTTTATTATTGGATTAATGAGAAAAATGAGAATCTTAGTTTTCTGC
 TGGGTATTGCCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAATTAT
 GGCCTCGCGGCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCA
 TGGGGGAAGATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAGCTTTGGAATCATTGTAGCGTGGAAAAT
 TAGACTGGTTGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTTCAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGAGCTTGTC
 AAGTTAGTTAACAAATGGCAAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATTTATTACTCATGACTCACTTCATAA
 CTAGGAATATTACAGATAATCAAGGGAAGAAT-----
 AAGACAACAATACACACTTACTTCTCTTCATTTTCTTGGTGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACA
 AGAGCTTTCTTGAGTTGGGTATTAAAAAACAGATTGCAACAATTGAGCTGGATTGATACTATCATCTTCTA
 CAGTGGTGTGTAAATTACAACACTGCTAAT---TTTAAAAAGGAAATTTTGCTTGATAGATCAGCTGGG---
 CAGAAGGGGGCT-----
 TTCAAGATTAAGTTAGACTACGTTAAGAAACCAATTCCAGAAACCGCAATGGTCAAAAATTTTGAAAAATTAT
 ATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGGATGTATGTGTTGTACCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTCAGAATC
 AGCAATTCCATTCCTCATCGAGCTGGAATCATGTATGAAATTTGGTACATATCTACCTGG---
 GAGAAGCAAGAAGAT---AATGAA-----
 AAGCATATAAACTGGATTTCGAAATGTTTATAATTTTCATGACTCCTTATGTGTCCCAAAATCCAAGAATGGCAT
 ATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAAATAATCCCAAGAGTCCTAATAATTACACACAAGCACGTAT
 TTGGGGTGAAAAGTATTTTGGTAAA---
 AATTTTAACAGGTTAGTAAAAGTGAAAACCAAGGTTGATCCCAATAATTTTTTTTAGAAACGAACAAAGCATCC
 CACCTCTT-----CCA---CGGCAGCGT---CATTA

>Ca_PAML_Codon_Raw

ATGAAGTACTACAAAACAGTATTCATACCTTCTTCCCTTTTGGTTTGTGTTGCAAGTACTCTATAATATTATTTT
 TCATTTCTTTTCTCTATTTCATTCAATATCCAACTTCAATAGCTAATTCTCCTCAACGTGATCATGAAAACCTT
 CCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTCCTCAACAATAACAATGCAACAAATCTAGCCAACTCGTATACACTCAA
 AACGACCAATTGTATATGTCTGTCTGAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTACCTCTGACACAACCCCCAA
 AACCCTTGTATCGTCACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGGCACTATTCTATGCTCCAAGAAAGTTGG
 CTTGAAAATTCGAACTAAAAGCGGTGGTTCATGATTCTGAGGGCATGTCCTACATATCTCAATTAGTCCCATTT
 GTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATAAAATCAAAATAGATGTTTCATAGCCAACTGCATGGGTTGAAGCCG
 GAGCTACCTTGGAGAAGTTTATTATTGGATTAATGAGAAAAATGAGAATCTTAGTTTTCTTGCTGGGTATTG
 CCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGAAAAATTATGGCCTCGCG
 GCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCATGGGGGAAG
 ATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAGCTTTGGAATCATTGTAGCGTGGAAAATTAGACTGGT
 TGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTTCAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGAGCTTGTCAAGAAAGTT
 AACAAAAACAAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATAAATTACTCATGACTCACTTCATAACTAGGAATA
 TTACAGATAATCAAGGGAAGATAGCAAGGAAAAGACAACAATACACACTTACTTCTCTTCCATTTTCTTGG
 TGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACAAGAGCTTTCTTGAGTTGGGTATTAAAAAACAGATTGCAAA
 CAATTGAGCAAAATTGATACTATCATCTTCTACAGTAAAGTTGTAAATTACAACACTGATAATGCTTTTAAAA
 AGGAAATTTTGCTTAAAAGATCAGCTGGGTACAGAAGGGTGCTTTACCTTTCAAGATTAAGTTAGACAAAGT
 TAAGAAACCAATTCCAGAACTGCAATGGTCAAAATTTTGAAAAATTATATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGG
 ATGAAAGTGTGTACCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTGAGAAAAGCAATTCCATTCCTCATAAAG
 CTGGAATCATGTATGAAATTAAATACATATCTACCAAAGATGAGAAGCAAGAAGATATTAATGAAAAGCAGC
 TGAAATTATTAAGCATATAAACTGGATTAAAAATGTTTATAATTTTCATGACTCCTTATGTGTCCAAAAATCCA
 AGAATGGCATATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAAATAATCCCAAGAGTCCTAATAATTACACAC
 AAGCACGTATTTGGGGTGAAAAGTATTTTGGTAAAAACAATTTTAACAGGTTAGTAAAAGTGAAAACCAAGGT
 TGATCCCAATAATTTTTTTTAGAAACGAACAAAGCATCCACCTCTTATGTCATTTCCATTGCGGCATCGTCAT
 CATAAAAAAATAAATATGGACCTAAATATGAGCTTCTTATTATTATACTAGTTTCTGGACACGTAACCTCCC
 ATTTGGCCATATGTAGGGCCATATACAATAAGTTGAAGTGTTTAATGAAA

>Ca_PAML_Codon_Gap

ATGAAG---TACAAAACA---TTC-----TCCTTTTGGTTTGTGTTGCAAG-----ATAATA---
 TTTTTC-----TTTCTC---TCATTCAATATCCAACTTCAATAGCTAAT---CCTCAA-----
 GAAACTTCCTTAAATGCTTCTCGCAATATATTCCC-----ACAATGCAACAAATCTA---
 AAACCTGTATACACTCAAAACGACCAATTGTATATGTCTGTCTGAATTCGACAATACAAAATCTTAGATTCA
 CCTCTGACACAACCCCAAAACCACTTGTTATCGTCACTCCTTCAAATGTCTCCCATATCCAAGGCACTATTCT

ATGCTCCAAGAAAGTTGGCTTGAAAATTCGAACTAAAAGCGGTGGTCATGATTCTGAGGGCATGTCCTACATA
TCTCAA---
GTCCCATTTGTTATAGTAGACTTGAGAAACATGCATAAAATCAAAATAGATGTTTCATAGCCAAACTGCATGGG
TTGAAGCCGGAGCTACCCTTGGAGAAGTTTATTATTGGATTAATGAGAAAAATGAGAATCTTAGTTTTCTGC
TGGGTATTGCCCTACTGTTGGCGCAGGTGGACACTTTAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGAAAAATTAT
GGCCTCGCGGCTGATAATATCATTGATGCACACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTAGATCGAAAATCCA
TGGGGGAAGATCTGTTTTGGGCTATACGTGGTGGTGGAGGAGAAAGCTTTGGAATCATTGTAGCGTGGAAAAT
TAGACTGGTTGCTGTCCCATCAAAGTCTACTATATTTCAGTGTTAAAAAGAACATGGAGATACATGAGCTTGTC
AAGAAAGTTAACAAAAACAAAATATTGCTTACAAGTATGACAAAGATAAATTACTCATGACTCACTTCATAA
CTAGGAATATTACAGATAATCAAGGGAAGAAT-----
AAGACAACAATACACACTTACTTCTCTTCATTTTCTTGGTGGAGTGGATAGTCTAGTCGACTTGATGAACA
AGAGCTTTCCTGAGTTGGGTATTAAAAAACAGATTGCAACAATTGAGCAAAATTGATACTATCATCTTCTA
CAGTAAAGTTGTAAATTACAACACTGATAAT---TTTAAAAAGGAAATTTTGCTTAAAAGATCAGCTGGG---
CAGAAGGGTGCT-----
TTCAAGATTAAGTTAGACAAAGTTAAGAAACCAATTCCAGAAACTGCAATGGTCAAAAATTTTGGAAAAATTAT
ATGAAGAAGATGTAGGAGTTGGGATGAAAGTGTTGTACCTTACGGTGGTATAATGGATGAGATTTTCAGAAAA
AGCAATTCATTCCCTCATAAAGCTGGAATCATGTATGAAATTAAATACATATCTACCAA---
GAGAAGCAAGAAGAT---AATGAA-----
AAGCATATAAACTGGATTAAAAATGTTTATAATTTTCATGACTCCTTATGTGTCCAAAAATCCAAGAATGGCAT
ATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTAGGAAAAATAATCCCAAGAGTCCTAATAATTACACACAAGCACGTAT
TTGGGGTGAAAAGTATTTTGGTAAA---
AATTTTAACAGGTTAGTAAAAGTGAAAACCAAGGTTGATCCCAATAATTTTTTTTAGAAACGAACAAAGCATCC
CACCTCTT-----CCA---CGGCATCGT---CATAAA

>Ca_PAML_AminoAcid_Raw

MKYYSTVFIPSSFVFWCKYSIILFFISFLYSFNIQTSIANSPQREHENFLKCF SQYIPNNNNVTNLAKLVYTQ
NDQLYMSVLNSTIQNLRFTSDTTPKPLVIVTPSNVSHIQGTILCSKKVGLQIRTRSGGHDSEGMSYISQLVPF
VIVDLRNMHSIKIDVHSQTAWVEAGATLGEVYYWINEKNENLSFPAGYCPTVGAGGHFSGGGYGALMRNYGLA
ADNIIDAHLNVNDGKVLDRKSMGEDLFWAIRGGGGESFGIIVAWKIRLVAVPSKSTIFSVKKNMEIHELKLV
NWKQNIAYKYDKDLLMTHFITRNI TDNQKNSKEKTTIHTYFSSIFLGGVDSLVDLMNKSFP ELGIKKT DCK
QLSWIDTIIIFYSGVVNYNTANAFKKEILLDRSAGSQKALPFIKLDYVKKPIPETAMVKILEKLYEEDVGVG
MYALYPYGGIMDEISESAIPFPHRAGIMYELWYIASWEEKQEDINEKAAEIIKHLNWIRNVYNFMT PYVSQNP
RMAYLNYRDL DLGKNNPKSPNNYTQARIWGEKYFGKNNFNRLVKVKTKVDPNNFFRNEQSIPPLLSFPLRHRH
HKGNNYGPYELSYYYTSFWTRNSHLAICRAIYNKLKCLMLL

>Ca_PAML_AminoAcid_Gap

MK-YST-F---SFWFVCK--II-FF--FL-SFNIQTSIAN-PQ---ENFLKCF SQYIP--NNVTNL-
KLVYTQNDQLYMSVLNSTIQNLRFTSDTTPKPLVIVTPSNVSHIQGTILCSKKVGLQIRTRSGGHDSEGMSYI
SQ-
VPFVIVDLRNMHSIKIDVHSQTAWVEAGATLGEVYYWINEKNENLSFPAGYCPTVGAGGHFSGGGYGALMRNY
GLAADNIIDAHLNVNDGKVLDRKSMGEDLFWAIRGGGGESFGIIVAWKIRLVAVPSKSTIFSVKKNMEIHEL
KLVNWKQNIAYKYDKDLLMTHFITRNI TDNQKNN---
KTTIHTYFSSIFLGGVDSLVDLMNKSFP ELGIKKT DCKQLSWIDTIIIFYSGVV----AN-FKKEILLDRSAG-
QKGA--
FKIKLDYVKKPIPETAMVKILEKLYEEDVGVGMYALYPYGGIMDEISESAIPFPHRAGIMYELWYIASW-
EKQED-NE-----KHLNWIRNVYNFMT PYVSQNP RMAYLNYRDL DLGKNNPKSPNNYTQARIWGEKYFGK-
NFNRLVKVKTKVDPNNFFRNEQSIPPL---P-RHR-HK

>HCa_MrBayes_Raw

ATGAAGTACTACTCAACAGTATTCATACCTTCTTCTTTTGGTTTCTTTGCAAATACTCTATATTATTAGTTT
ATATTTCTCTTCTCTATTCTCTATCCAAACTTCTCAAGCTAATTCTCCTCACCGTGATCATGAAGACTT
CCTTCAATGCTTCTCCCAACATATCTCCAACAATAACAATAACAACCCTTGCCAAACTCATATACACTCCA
AACGACCCGTCGTATATCTCTGTCTAAATTCGACCATACAAAACCTTAGATTCTCTTCTCCTTCAACCCCAA
AACCACCTCGTTATCGTCACACCTTCAAATGCCTCCCATGTCCAAGCCTCTGTTTTATGCTCCAAGAAATATGG
CTTGCAGATTTCGAACTCGAAGCGGCGGCCATGACTTTGAGGGTGTCTCCTACGTGTCTGAATTAGTCCCATT
GTCATAGTAGACATGAGAAACCTACGTTTCGATCACTGTAGACGTAGATAACAAAACCTGCATGGGTTGAAGCTG
GAGCTACCTTGGAGAAGTTTATTATAGGATTGCTGAGAAAAATGAGAATCTCAGTTTTCTGCTGGCTATTG
CCATACTGTTGGCGTAGGTGGGCACTTCAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAAATATGGCCTTGCA

GCTGATAATATCATTGATGCTCACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTTGACCGAAAATCTATGGGGGAAG
ATCTGTTTTGGGCCATACGTGGTGGTGGAGGAGCAAGCTTTGGAATCATTCTCGCTTGGAAAATTAGATTGGT
TCCTGTCCCATCAAAGTTACTATATTCAGTGTAAATAAGAACTTGGAGATAAATGAAACCGTGAAGCTTGTT
AACAAGTGGCAAAATATTGCTCACAAGTTTGACAAAGATTTGTAAATCTTTGTTAGGTTCACTAATATGAATT
CTACTGATGAACAAGGGAAGAATAGCAAGGAAAAGACAACAATACAAGCTTCATTCTCTTCTATTTTCCTTGG
TGGAGTGGATAGTCTACTTGCCCTGATGGAAAAGAGCTTTCCTGAGTTGGGTGTGAAAAGAAAAGATTGCATC
GAAATGAGCTGGATTGAAACTATCTTTTACTTCAACGGATTCTCAAATTACAACACTAGTGGGGCTGATAAAT
TGGAAGTTTTGCTTGATAGAACAACCTGAATTACAAAAGGGTTTTTTTACCTTTCAAGGCGAACTAGACTACGT
TAAGAAGCCAATTCCAGAACTGTAATGGTCAAAATTTTGGAGAAGTTATATGAAGAAGATGTAGGAGTGGGA
TTGATTCAATTGTACCCTTATGGTGGTAAAATGGACGAGATTCTGAATCAGCAATTCATTCCCTCACCGAG
CTGGAATCATGTACAAAATTTTGTACTTGTCTCAATGGGATGAGAAAGAAGAAGATATTGGTGAAAAAGCAGC
TGAAATTATTAGGCATATGAATTGGGTTCGAAGTGTTTACAATTACATGACTCCCTATGTGTCCAAAAATCCA
AGAGCTGCATATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTGGGAACAAATAACGACAAGGGTCTACTAGTTATGCAC
AAGCAAGTATTTGGGGAAAAAGTATTTCCGTAAAAACAACTTTAAGAGGTTAGTTCATGTGAAAACCAAGGT
TGATCCCCTAATTTCTTCAGGAACGAACAAAGCATCCCACCTCTTCTGTCAATTTCCGTTGCGACGTGTCAAG
CTCTAAAGTAATTAATATGGACCTTGATATGAGCTTTCTTATTATTATACTAGTTTCTGGACACGTAACCTCC
ATTTGGCCATATGTAGGGCCATATACAATAAGTTGAAGTGTTTAATGTAA

>HCa_MrBayes_Gap

ATGAAG---TACTCAACA---TTC-----TCTTTTTGGTTTCTTTGCAAA-----ATATTA---
GTTTAT---TCTCTTCTC---TCATTCTCTATCCAAACTTCTCAAGCTAAT---CCTCAC-----
GAAGACTTCCTTCAATGCTTCTCCCAACATATCTCC-----AACAAT---
ACAACCCCTTGCCAACTCATATACACTCCAAACGACCCGTCGTATATCTCTGTCTTAAATTCGACCATACAAA
ACCTTAGATTCTCTTCTCCTTCAACCCCAAAACCACTCGTTATCGTCACACCTTCAAAATGCCTCCCATGTCCA
AGCCTCTGTTTTATGCTCCAAGAAATATGGCTTGCAGATTTCGAACCTCGAAGCGGCGGCCATGACTTTGAGGGT
GTCTCCTACGTGTCTGAA---
GTCCCATTTGTCATAGTAGACATGAGAAACCTACGTTTCGATCACTGTAGACGTAGATAACAAAACCTGCATGGG
TTGAAGCTGGAGCTACCCTTGGAGAAGTTTATTATAGGATTGCTGAGAAAAATGAGAATCTCAGTTTTCTGC
TGGCTATTGCCATACTGTTGGCGTAGGTGGGCACTTCAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAAATAT
GGCCTTGCAGCTGATAATATCATTGATGCTCACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTTGACCGAAAATCTA
TGGGGGAAGATCTGTTTTGGGCCATACGTGGTGGTGGAGGAGCAAGCTTTGGAATCATCTCGCTTGAAAAAT
TAGATTGGTTCCTGTCCCATCAAAGGTTACTATATTCAGTGTAAATAAGAACTTGGAGATAAATGAAACCGTG
AAGCTTGTTAACAAGTGGCAAAATATTGCTCACAAGTTTGACAAAGATTTGTAAATCTTTGTTAGGTTTCATAA
CTATGAATTCTACTGATGAACAAGGGAAGAAT-----
AAGACAACAATACAAGCTTCATTCTCTTCTATTTTCTTGGTGGAGTGGATAGTCTACTTGCCTTGATGGAAA
AGAGCTTTCCTGAGTTGGGTGTGAAAAGAAAAGATTGCATCGAAATGAGCTGGATTGAACTATCTTTTACTT
CAACGGATTCTCA-----AGTGGG---GATAAATTGGAAGTTTTGCTTGATAGAACAACCTGAA---
CAAAAGGGTTTT-----
TTCAAGGCGAACTAGACTACGTTAAGAAGCCAATTCCAGAACTGTAATGGTCAAAATTTTGGAGAAGTTAT
ATGAAGAAGATGTAGGAGTGGGATTGATTCAATTGTACCCTTATGGTGGTAAAATGGACGAGATTCTGAATC
AGCAATTCATTCCCTCACCGAGCTGGAATCATGTACAAAATTTTGTACTTGTCTCAATGG---
GAGAAAGAAGAAGAT---GGTGAA-----
AGGCATATGAATTGGGTTCGAAGTGTTTACAATTACATGACTCCCTATGTGTCCAAAAATCCAAGAGCTGCAT
ATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTGGGAACAAATAACGACAAGGGTCTACTAGTTATGCACAAGCAAGTAT
TTGGGGAAAAAAGTATTTTCGGTAAA---
AACTTTAAGAGGTTAGTTCATGTGAAAACCAAGGTTGATCCCCTAATTTCTTCAGGAACGAACAAAGCATCC
CACCTCTT-----CCG---CGACGT-----CTCTAA

>HCa_PAML_Nucleotide_Raw

ATGAAGTACTACTCAACAGTATTCATACCTTCTTCTTTTTGGTTTCTTTGCAAATACTCTATATTATTAGTTT
ATATTTCTCTTCTCTATTCTCTATCCAAACTTCTCAAGCTAATTCTCCTCACCGTGATCATGAAAACCTT
CCTTCAATGCTTCTCCCAACATATCTCCAACAATAACAATACAACAACCTTGCCAACTCATATACACTCCA
AACGACCCGTCGTATATCTCTGTCTTAAATTCGACCATACAAAACCTTAGATTCTCTTCTCCTTCAACCCCAA
AACCCTAGTTATCATCACACCTTCAAATGCCTCCCATGTCCAAGCCTCTGTTTTATGCTCCAAGAAATATGG
CTTGCAGATTTCGAACCTCGAAGCGGCGGCCATGACTTTGAGGGTGTCTCCTACGTGTCTGAATTAGTCCCATT
GTCATAGTAGACATGAGAAACCTACGTTCAATCACTGTAGACGTAGATAACAAAACCTGCATGGGTTGAAGCTG
GAGCTACCTTGGAGAAGTTTATTATAGGATTGCTGAGAAAAATGAGAATCTCAGTTTTCTGCTGGCTATTG
CCATACTGTTGGCGTAGGTGGGCACTTCAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAAATATGGCCTTGCA

GCTGATAATATCATTGATGCTCACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTTGACCGAAAATCTATGGGGGAAG
ATCTGTTTTGGGCCATACGTGGTGGTGGAGGAGCAAGCTTTGGAATCATTCTTGCTTGGAAAATTAGATTGGT
TCCTGTCCCATCAAAGTTACTATATTCAGTGTAAATAAGAACTTGGAGATAAATGAAACCGTGAAGCTTGTT
AACAAGTGGCAAAATATTGCTCACAAGTTTGACAAAGATTTGTAAATCTTTGTTAGGTTCACTAATATGAATT
CTACTGATGAACAAGGGAAGAATAGCAAGGAAAAGACAACAATACAAGCTTCATTCTCTTCTATTTTCCTTGG
TGGAGTGGATAGTCTACTTGCCCTGATGGAAAAGAGCTTTCCTGAGTTGGGTGTGAAAAGAAAAGATTGCATC
GAAATGAGCTGGATTGAAACTATCTTTTACTTCAACGGATTCTCAAATTACAACACTAGTGGGGCTGATAAAT
TGGAAGTTTTGCTTGATAGAACAACCTGAATTACAAAAGGGTTTTTTTACCTTTCAAGGCGAACTAGACTACGT
TAAGAAGCCAATTCCAGAACTGTAATGGTCAAAATTTTGGAGAAGTTATATGAAGAAGATGTAGGAGTGGGA
TTGATTCAATTGTACCCTTATGGTGGTAAAATGGACGAGATTCTGAATCAGCAATTCATTCCCTCACCGAG
CTGGAATCATGTACAAAATTTTGTACTTGTCTCAATGGGATGAGAAAGAAGAAGAAATTAGTGAAAAAGCAGC
TGAAATTATTAGGCATATGAATTGGGTTCGAAGTGTTCGAATTACATGACTCCCTATGTGTCCAAAAATCCA
AGAGCTGCATATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTGGGAACAAATAACGAAAAGGGTCTACTAGTTATGCAC
AAGCAAGTATTTGGGGAAAAAAGTATTTCCGTAAAAACAACTTTAAGAGGTTAGTTCATGTGAAAACCAAGGT
TGATCCCCTAATTTCTTCAGGAACGAACAAAGCATCCCACCTCTTCTGTCAATTTCCGTTGCGACGTGTCAAG
CTCTAAGGTAATTAATATGGACCTTGATATGAGCTTTCTTATTATTATACTAGTTTCTGGACACGTAACCTCCC
ATTTGGCCATATGTAGGGCCATATACAATAAGTTGAAGTGTTTAATGTAA

>HCa_PAML_Nucleotide_Gap

ATGAAG---TACTCAACA---TTC-----TCTTTTTGGTTTCTTTGCAAA-----ATATTA---
GTTTAT---TCTCTTCTC---TCATTCTCTATCCAAACTTCTCAAGCTAAT---CCTCAC-----
GAAAACCTTCCTTCAATGCTTCTCCCAACATATCTCC-----AACAAT---
ACAACCCCTTGCCAACTCATATACACTCCAAACGACCCGTCGTATATCTCTGTCTTAAATTCGACCATACAAA
ACCTTAGATTCTCTTCTCCTTCAACCCCAAAACCACTAGTTATCATCACACCTTCAAAATGCCTCCCATGTCCA
AGCCTCTGTTTTATGCTCCAAGAAATATGGCTTGCAGATTTCGAACCTCGAAGCGGCGGCCATGACTTTGAGGGT
GTCTCCTACGTGTCTGAA---
GTCCCATTTGTCATAGTAGACATGAGAAACCTACGTTCAATCACTGTAGACGTAGATAACAAAACCTGCATGGG
TTGAAGCTGGAGCTACCCTTGGAGAAGTTTATTATAGGATTGCTGAGAAAAATGAGAATCTCAGTTTTCTGC
TGGCTATTGCCATACTGTTGGCGTAGGTGGGCACTTCAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGCGAAAATAT
GGCCTTGCAGCTGATAATATCATTTGATGCTCACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTTGACCGAAAATCTA
TGGGGGAAGATCTGTTTTTGGGCCATACGTGGTGGTGGAGGAGCAAGCTTTGGAATCATCTTGCTTGAAAAAT
TAGATTGGTTCCTGTCCCATCAAAGGTTACTATATTCAGTGTAAATAAGAACTTGGAGATAAATGAAACCGTG
AAGCTTGTTAACAAGTGGCAAAATATTGCTCACAAGTTTGACAAAGATTTGTAAATCTTTGTTAGGTTTCATAA
CTATGAATTCTACTGATGAACAAGGGAAGAAT-----
AAGACAACAATACAAGCTTCATTCTCTTCTATTTTCTTGGTGGAGTGGATAGTCTACTTGCCTTGATGGAAA
AGAGCTTTCCTGAGTTGGGTGTGAAAAGAAAAGATTGCATCGAAATGAGCTGGATTGAACTATCTTTTACTT
CAACGGATTCTCA-----AGTGGG---GATAAATTGGAAGTTTTGCTTGATAGAACAACCTGAA---
CAAAAGGGTTTT-----
TTCAAGGCGAACTAGACTACGTTAAGAAGCCAATTCCAGAACTGTAATGGTCAAAATTTTGGAGAAGTTAT
ATGAAGAAGATGTAGGAGTGGGATTGATTCAATTGTACCCTTATGGTGGTAAAATGGACGAGATTCTGAATC
AGCAATTCATTCCCTCACCGAGCTGGAATCATGTACAAAATTTTGTACTTGTCTCAATGG---
GAGAAAGAAGAAGAA---AGTGAA-----
AGGCATATGAATTGGGTTCGAAGTGTTTACAATTACATGACTCCCTATGTGTCCAAAAATCCAAGAGCTGCAT
ATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTGGGAACAAATAACGAAAAGGGTCTACTAGTTATGCACAAGCAAGTAT
TTGGGGAAAAAAGTATTTTCGGTAAA---
AACTTTAAGAGGTTAGTTCATGTGAAAACCAAGGTTGATCCCCTAATTTCTTCAGGAACGAACAAAGCATCC
CACCTCTT-----CCG---CGACGT-----CTCTAA

>HCa_PAML_Codon_Raw

ATGAAGTACTACAAAACAGTATTCATACCTTCTTCTTTTTGGTTTCTTTGCAAATACTCTATATTATTAGTTT
ATATTTCTCTTCTCTATTCTCTATCCAAACTTCTCAAGCTAATTCTCCTCACCGTGATCATGAGAACTT
CCTTCAATGCTTCTCCCAACATATCTCCAACAATAACAATACAACAACCTTGCCAACTCATATACACTCCA
AACGACCCGTCGTATATCTCTGTCTTAAATTCGACCATACAAAACCTTAGATTCTCTTCTCCTTCAACCCCAA
AACCACCTCGTTATCGTCACACCTTCAAATGCCTCCCATGTCCAAGCCTCTGTTTTATGCTCCAAGAAATATGG
CTTGAAAATTCGAACTAAAAGCGGTGGCCATGACTTTGAGGGTGTCTCCTACGTGTCTGAATTAGTCCCATTT
GTCATAGTAGACATGAGAAACCTACGTAAAATCACTGTAGACGTAGATAACAAAACCTGCATGGGTTGAAGCCG
GAGCTACCTTGGAGAAGTTTATTATAGGATTGCTGAGAAAAATGAGAATCTCAGTTTTCTGCTGGCTATTG
CCCTACTGTTGGCGTAGGTGGGCACTTCAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGAAAAAATATGGCCTTGCA

GCTGATAATATCATTGATGCTCACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTTGACCGAAAATCTATGGGGGAAG
ATCTGTTTTGGGCCATACGTGGTGGTGGAGGAGCAAGCTTTGGAATCATTCTCGCTTGGAAAATTAGATTGGT
TCCTGTCCCATCAAAGTTACTATATTCAGTGTAAATAAGAACTTGGAGATAAATGAAACCGTGAAGAAAGTT
AACAAGAAACAAAATATTGCTCACAAGTTTGACAAAGATAAATTAATCTTTGTTAGGTTTCATAACTATGAATT
CTACTGATGAACAAGGGAAGAATAGCAAGGAAAAGACAACAATACAAGCTTCATTCTTTTCTATTTTCTTTGG
TGGAGTGGATAGTCTACTTGGCTTTGATGGAAAAGAGCTTTCCTGAGTTGGGTGTGAAAAGAAAAGATTGCATC
GAAATGAGCAAAATTGAAACTATCTTTTACTTCAATAAATCTCAAATTACAACATTAGTGGGGCTGATAAAT
TGGAAGTTTTGCTTAAAAGAACAACCTGAATTACAAAAGGGTTTTTTTACCTTTCAAGGCGAACTAGACAAAGT
TAAGAAGCCAATTCCAGAACTGTAATGGTCAAAATTTTGGAGAAGTTATATGAAGAAGATGTAGGAGTGGGA
TTGAAACAATTGTACCCTTATGGTGGTAAAATGGATGAGATTCCTGAAAAGCAATTCATTCCCTCACAAAG
CTGGAATCATGTACAAAATTAAATACCTTGTCTCAAAAAGATGAGAAAGAAGAAGATATTAGTGAAAAGCAGC
TGAAATTATTAGGCATATGAATTGGGTAAAAGTGTTTACAATTACATGACTCCTTATGTGTCCAAAAATCCA
AGAGCTGCATATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTGGGAACAAATAACGAAAAGGGTCTACTAGTTATGCAC
AAGCAAGCATTTGGGGAAAAAGTATTTCCGTAAAAACAACTTTAAGAGGTTAGTTCATGTGAAAACCAAGGT
TGATCCCCTAATTTCTTCAGGAACGAACAAAGCATCCCACCTCTTATGTCATTTCCATTGCGACGTCTTAAG
CTCAAAAAAATAAATATGGACCTAAATATGAGCTTTCTTATTATTATACTAGTTTCTGGACACGTAACCTCCC
ATTTGGCCATATGTAGGGCCATATACAATAAGTTGAAGTGTTTAATGAAA

>HCA_PAML_Codon_Gap

ATGAAG---TACAAAACA---TTC-----TCTTTTTGGTTTCTTTGCAAA-----ATATTA---
GTTTAT---TCTCTTCTC---TCATTCTCTATCCAAACTTCTCAAGCTAAT---CCTCAC-----
GAGAACTTCCTTCAATGCTTCTCCCAACATATCTCC-----AACAAT---
ACAACCCCTTGCCAACTCATATACACTCCAAACGACCCGTCGTATATCTCTGTCTCTAAATTCGACCATACAAA
ACCTTAGATTCTCTTCTCCTTCAACCCCAAAACCACTCGTTATCGTCAACACCTTCAAAATGCCTCCCATGTCCA
AGCCTCTGTTTTATGCTCCAAGAAATATGGCTTGAAAATTCGAACTAAAAGCGGTGGCCATGACTTTTGAGGGT
GTCTCCTACGTGTCTGAA---
GTCCCATTTGTCATAGTAGACATGAGAAACCTACGTAAAAATCACTGTAGACGTAGATAACAAAACCTGCATGGG
TTGAAGCCGGAGCTACCCTTGGAGAAGTTTATTATAGGATTGCTGAGAAAAATGAGAATCTCAGTTTTCTGC
TGGCTATTGCCCTACTGTTGGCGTAGGTGGGCACTTCAGTGGAGGAGGCTATGGAGCATTGATGAAAAAATAT
GGCCTTGCAGCTGATAATATCATTGATGCTCACTTAGTCAACGTTGATGGAAAAGTTCTTGACCGAAAATCTA
TGGGGGAAGATCTGTTTTGGGCCATACGTGGTGGTGGAGGAGCAAGCTTTGGAATCATCTCGCTTGAAAAAT
TAGATTGGTTCCTGTCCCATCAAAGGTTACTATATTCAGTGTTAATAAGAACTTGGAGATAAATGAAACCGTG
AAGAAAGTTAACAAGAAACAAAATATTGCTCACAAGTTTGACAAAGATAAATTAATCTTTGTTAGGTTTCATAA
CTATGAATTCTACTGATGAACAAGGGAAGAAT-----
AAGACAACAATACAAGCTTCATTCTTTTCTATTTTCTTGGTGGAGTGGATAGTCTACTTGCTTTGATGGAAA
AGAGCTTTCCTGAGTTGGGTGTGAAAAGAAAAGATTGCATCGAAATGAGCAAAATTGAACTATCTTTTACTT
CAATAAATTCTCA-----AGTGGG---GATAAATTGGAAGTTTTGCTTAAAAGAACAACCTGAA---
CAAAAGGGTTTT-----
TTCAAGGCGAACTAGACAAAGTTAAGAAGCCAATTCCAGAACTGTAATGGTCAAAATTTTGGAGAAGTTAT
ATGAAGAAGATGTAGGAGTGGGATTGAAACAATTGTACCCTTATGGTGGTAAAATGGATGAGATTCCTGAAAA
AGCAATTCATTCCCTCACAAAGCTGGAATCATGTACAAAATTAAATACTTGTCTCAAAA---
GAGAAAGAAGAAGAT---AGTGAA-----
AGGCATATGAATTGGGTAAAAGTGTTTACAATTACATGACTCCTTATGTGTCCAAAAATCCAAGAGCTGCAT
ATCTCAATTATAGGGACCTTGATTTGGGAACAAATAACGAAAAGGGTCTACTAGTTATGCACAAGCAAGCAT
TTGGGGAAAAAAGTATTTTCGGTAAA---
AACTTTAAGAGGTTAGTTCATGTGAAAACCAAGGTTGATCCCCTAATTTCTTCAGGAACGAACAAAGCATCC
CACCTCTT-----CCA---CGACGT-----CTCAA

>HCa_PAML_AminoAcid_Raw

MKYYSTVFIPSSFWFLCKYSILLVYISLLYSFSIQTSQANSPhREHEDFLQCFsqHISNNNNNTTTLAKLIYTP
NDPSYISVLNSTIQNLRFSspSTPKPLVIITPSNTSHVQASVLCsKKYGLQIRTRSGGHDFEGVSyVSELVPF
VIVDLRNLRSITVDVDNKTAWVEAGATLGEVYYRIAeKNENLSFPAGYCPTVGvGGHfSGGGYGALMRKYGLA
ADNIIDAHLVNVDGKVLDRKSMGEDLFWAIRGGGGASFGIILAWKIRLVPVPSKVtIFSVNKNLEINETVKLV
NKWQNIaHKFDKLLIFVRfMTVNSTDGQgKNSKEKtTIQASFFSIFLGGVDSLsLMEKsFPeLGvKRKDCf
EMSWIETIfYfNGfSNYNLSGADKLEVLDRtSQSQKGfLPfKAKLDYVKKPIpETVMVKLLeKLYEEDVGLG
LIQMPYgGKMDEIPESAIPfPhRAGfMYKILYLSQWEEKEEDISeKAEIIRHLNWVRSVYNymTPYVSKNP
RAAYLNyRDLdLGKNNEKgPTsYAQASIWgKKYfGKNnFKRLVhVKTKVDPTnFFRNeQSiPPLLSfPLRRVK
LKGNnyGPgyELsYYTsFWTRnSHLaICRAIYNKLKCLMLL

>HCa_PAML_AminoAcid_Gap

MK-YST-F---SFWFLCK--IL-VY-SLL-SFSIQTSQAN-PH---EDFLQCFSEQHIS--NN-
TTLAKLIYTPNDPSYISVLNSTIQNLRFSSTPKPLVIITPSNTSHVQASVLCSSKKYGLQIRTRSGGHDFEG
VSYVSE-
VPFVIIVDLRNLRSITVDVDNKTAWVEAGATLGEVYYRIAENENLSFPAGYCPTVGVGGHFSGGGYGALMRKY
GLAADNIIDAHLVNVDGKVLDRKSMGEDLFWAIRGGGGASFGIILAWKIRLVPVPSTIFSVNKNLEINETV
KLVNKKWQNIHAKFDKDLLIFVRFMTVNSTDGQGN---
KTTIQASFFSIFLGGVDSLLSLMEKSFPELGVKRKDCFEMSWIETIFYFNGFS-----SG-DKLEVLLDRTSQ-
QKGF--
FKAKLDYVKKPIPETVMVKLLEKLYEEDVGLGLIQMYPYGGKMDEIPESAIPFPHRAGFMYKILYLSQW-
EKEED-SE-----RHLNWVRSVYNYMTPYVSKNPRAAYLNYRDLDLGKNNEKGPTSAYAQASIWGKKYFGK-
NFKRLVHVKTQVDPTNFFRNEQSIPPL---P-RR--