



(p3) BmorCSP9 KGQCTAEGKELKSHIKEAL--ETNCAKCTK
 p3 ALSVEEDCAK
 AGY49267 QGKCTPDGKELKSHIREAL--EEDCAKCTK
 * * *

(p4) BmorCSP6 AEKYTDKYDNIDVDEILENRKLLVPYIKCVLD
 p4 KLLVPYLK
 AGY49271 AETYTDRYDHINIDEIENRKLLVPYIKCTLD
 *

(p1) BmorCSP10 EEWAKLASRWDPGTGFT-RYFEDYLAKEHFNTI
 p1 YFESQKK
 NP_001039285 DYWKALEAKYDPDGYTKKRYFESQKDEVSKVEA

(p2) BmorCSP14 RCTPDGKALKETL-PDALEHECVK
 p2 LVPDALS NK
 AAC25400 NCTADGKELKKA-VPDALSNECAK
 * *

(p5) BmorCSP6 MKCLTIAALLFVAGLSIAEKYTDK-YDNIDVDEILEN-RKLLVPYIKCVL
 p5 WMAVDVACL-TDPGYDNLVDVDELL-DQR
 AGD80085 MVGKLSVLLIGAVGMVLAELYTDK-YDNIDVDEILENQR-LYQKYFDCIQ
 *

(p6) BmorCSP6 MKCLTIAALLFVAGLSIAEKYTDKYDNIDVDEILENRKLLVPYIKCVL
 p6 SLGYESKYDNLVDVEELLENR
 NP_001039288 MIPLIAIAGILAVSAAPAEFYESRYDHLDOVESILNNRMVNYYAACLL
 *

(p7) BmorCSP4 MFMLFIISFIIVPVLKCCGTETSTYTTQYDEVDIKEIMGNERLLVAYIGCL
 BmorCSP6 MKCLTIAALLFVAGLSIAEKYTDKYNIDVDEILENRKLLVPYIKCV
 p7 TQY--SDVDELLENR
 EHJ70185 MKVVIILATLITLVLTQDTYSSDLENFDIDELLENDRLLESYGKCL
 *

(p8) BmorCSP10 TKCIRCTERQKRTSVKVRRLKNEYPEEWAKLASRWDPGTGF
 p8 VLRHLLDNKPEMNAK
 NP_001039286 TDCAKCNEKVKANVRKVLHHLIDNKPDMKQLEAKYDPSGEY
 * *

(p9) BmorCSP17 RQQSYPRNDNININAILQNDRIILGYFKCVMDRGPCCTKDGTFRKRA
 p9 LLTNDRLFLNYFK
 CBA11329 EEQYTTKFDNIDVDEILASDRLFDNYFKCLVDEGKCTPEGRELKRS
 NP_524966 EDKYTTKYDNIDVDEILKS DRLFGNYFKCLVDNGKCTPEGRELKKS
 BAF91717 EDKYEDIEDNFNQLLENDRLLTGYIKCLLNKGPCTPEVKKIKEK
 * *

(p10) p10 Signal peptide TQLSRPEDVK
 AGE97646 TMKVVFVIAICVCAALARPEDVKVENKP