

```

Pp_CPRc  -----MTTTTGMALIS-----FMPPFFSIFEVWACLLLVGTVAFFVWRQ-----
Pp_CPRd  -----MATSAMALIS-----FMPPFFSIFEVWACLLLVGTIVFFFWRPY-----
Pp_CPRa  -----MTSVKMALIS-----FMPPAFSIFEVWASVLLVTAVAFFLWRQ-----
Pp_CPRb  -----MALIAVVIS-----VMPPFFSIFEIWACVLLFATVGFLLYRQ-----
Ca_CPR1  --MESSS--ELVR-----SIESAIGVSLG-----SDAVLMLTTTSFAVIVG--LVVFFLKRS--SD-----
Ph_CPR1  --MESSSSELFK-----SIESAFGVSL-----TDTLIVLLTTTSFALIVG--LIVFLLKRS--SD-----
Ce_CPR1  --METKL--ELVR-----SIESALGVSLGED-----GDKVILVLTTSFAVIVG--LVVFLWKRS--SD-----
Op_CPR1  --MDTKL--ELIR-----SIESALGVSLGDD-----VN-QILLVLTTSFAVIVG--LLMFLWKRS--GD-----
Gm_CPR1  ---MASNSELVRT-----VVESVLGVS-----VSDSVMVIAATSVLALVIG--LLVFWWRKS--SD-----
Vr_CPR1  ---MASNSDLVR-----AVESFLGVSLGDS-----VSDSLLIATTSAAVVG--LLVFLWKKS--SD-----
Vs_CPR1  --MTSSNSDLVR-----TIESALGISLGD-----VSDSVVIAATTSAAVIG--LLVFLWRKS--PD-----
Pt_CPR1  --MSSGGSNLAR-----FVQSVLGISFGDS-----LSDSVVVIITTSFAALVG--LVVFLWKRS--SD-----
Rc_CPR1  --MSFSGSDLVR-----YIESVLGVELGGSP-----MSDSVVIIITTSFAVIG--LLVFLWKRS--SD-----
Gh_CPR1  --MSS--SDLVG-----FVESVLGVSLGEGS-----VTDSMIVIAATTSFAVILG--LLVFFWKKSGSE-----
At_ATR1  MTSALYASDLFK-----QLKSIMGTDLSLSD-----DVVLVIAATTSALVAG--FVVLWKKTTAD-----
Ha_CPR1  ---MSSGSEWVE-----WALGVG-----TDSVLVITTSLVAVIGVVALFLWKRS--SD-----
Pso_CPR1 ---MGSNNLAN-----SIESMLGISIGSEY-----ISDPFIMVTTVASMIG--FGFFACMK-----
Am_CPR2  ---MAGESL-----ATS--LP-----ATLLENRDLLMLTTTSIAVLIGCAVVLWRRSS-----
Pc_CPR2a ---MGGESL-----ATS--LP-----ATLLENRDLLMLTTTSIAVLIGCAVVLWRRSS-----
Pc_CPR2b ---MQSSESM-----EVS PFDL L A S I L-----KIDSVESMTLLLENRDVLMMLTTTSFAVLIGLGLVMMWRRSSTTM-----
Aa_CPR2  ---MQSTTSV-----KLS PFDL M T A L L N-----G-----KVSFDTSNTSDTNIPLAVFMENRELLMLTTTSIAVLIGCVVVLWRRSS--S-----
Ht_CPR2b ---MQSDSV-----KVS PFDL V S A A M N-----GKAMEKLNASESEDPTTLPALKMLVENRELLTLFTTSFAVLIGCLVFLMWRSS--S-----
Ht_CPR2a -----
Cro_CPR2 ---MDSSE-----KLS PFDL M S A I L K-----GAKLDGSNSSDSGVAVSPAVMAMLENKELVMIITTSIAVLIGCVVLIWRRSS-----
Cb_CPR2  ---MESTIE-----KLS PDL M T A I L K-----GVKLDNSNGSAG--VEHPAVVAMLMENKDLMMMILTTSVAVLIGLVVYLWRRGA-----
Ph_CPR2  ---MDSTAE-----KLSAFDFMSA L N K G-----GKIFDQLNTSSGDSTSPDSVATLLMDNKELMMILTTSVAVLIGCAVLIWRRSS-----
Gh_CPR2  ---MDS S S S S S-----GPS PDL M S A L V K A K-----MDPSNASSDS--AAQVTVL FENREFVMIITTSIAVLIGCVVLIWRRSASQ-----
Rc_CPR2  ---MQP S S S S A G S I-----MKV S PFDL I S A V I K G N-----LDPSNVSESS--AVEVATMLYENREFVMIITTSIAVLIGCVVVLWRRSGSQ-----
Pt_CPR2b ---MSS S S S-----IKV S PDL M Q A I I K G K-----VDPANVSSESGGSVAEVATLILENREFVMIITTSIAVLIGCVVLIWRRSSGY-----
Pt_CPR2a ---MQS S S S-----MKV S P L E M Q A I I K G K-----VDPTNVSESGGSAAEMATLIRENREFVMIITTSIAVLIGYVVLIWRRSSGY-----
Vv_CPR2  ---MQS S V K-----V S PFDL M S A I I K G S-----MDQSNVSESG--GAAAMVLENREFIMIITTSIAVLIGCVVLIWRRS--GQ-----
Lj_CPR2  ---ME S S S M-----K I S PDL M S A M I K G T-----LDPSNVSTSG--AGSVFLENREFVMILTTTSIAVLIGCVVFIWRRSTGN-----
Psa_CPR2 ---MQD S T M-----K F S PDL M T A I I K G K-----FNPSNDSSQAP--A-SIIFENREFVMIITTSIAVLIGCVVLIWRRSNSN-----
At_ATR2  ---MSS S S S-----S T S M I D L M A A I I K G E P V I V S D P A N A S A Y E S-----VAAELSSMLIENRFAMIVTTTSIAVLIGCIVMLWRRSGSG-----
Ec_CPR2  ---MEQTAV-----K V S L F D L F S S I N G K-----LDPSNFSSDS--AAILIENREILMILTTAIAVFIGCGFLYWRRSS-----
Os_CPR2a ---MDSGGGGGGGGG-----AALRPSALDLVAALLTGRGR-----PEEEGWPPSLAENRHLLVLLTTSIAVLIGCGVALLVRRSSIS-----
Sb_CPR2a ---MDSAS-----A-----AALKPSALD L L A A L L T G R E D-----PEGG--AHWAENRHLLLLTTSIAVLIGCGVALLVRRSSAP-----
Ta_CPR2a ---MDSAA-----AGMRDSALD L L A A L L T G R A P-----PAAA--DGDQNRRLAL L A T S L A V L I G C G V A L L F R R S S-----
Sb_CPR2b ---MDSATT-----SGAMELVAALLRGRVP-----PELMGG--DGAEGR--ALVATLAAAVLGAALFVLWRRRAAGKRRKRE-----
Zm_CPR2b1 ---MDSAT-----SGAMELVAALLRGRVP-----PELGG--DGAEGR--ALVATLAAAVLGAALFVLWRRRAAGKRRKRE-----
Zm_CPR2b2 ---MDSAT-----SGAMELVAALLRGRVP-----PELGG--EGAAGR--AVVATLAAAVLGAALFVLRRRAAGNKRKTE-----
Os_CPR2b ---MSSA-----GPMELVAALLRGLTPR-AEQLLQLSSGGGEEAAG--GAEAR--AAVATVAAAL L G C A F L V L W R R V S A G R K R K R E-----
Sb_CPR2c -----MAALEAARSWAGSVIP-----PELAA--AAGGDPLAALAAATAALVAGLLILAVWFRSGGG-----
Zm_CPR2c -----MAALEAVRSWAVSVIP-----PELAA--AAGGDPLAALAAATAALVAGLLILAVWFRSGGG-----
Os_CPR2c -----MALALEAARSWAASVLP-----PELAA--AAGGDPLAALAAATAALVAGVILAVWFRSGGG-----
Ta_CPR2c -----MTSHARVRKLG-----SRAAAL L A G L L V L A F W L R S G G S-----
    
```

```

Tch_CPR  --MQANSNTVEGASQ--GKSLLDISRLDHFAL1LNGKGG-----DLGAMTGSALILTENSQNLMI2TTIALAVLVACVFFFVWRRGGSD-----
Tcu_CPR  --MQANSNTVEGASQ--GKSLLDISRLDHFAL1LNGKGG-----DLGAMTGSALILTENSQNLMI2TTIALAVLVACVFFFVWRRGGSD-----
Pm_CPR   --MQSNSNTVESGTQGLGKSLLEISRLDHVFS1LVNGKG-----DLGGMMESAVVLRENSELLMV2TTSLAVLIACVLLFWRRGGSA-----
Sm_CPRb  -----MESSVDLVLAI1GKIG-----MASATIPPYL2FLLGLALIFASAALFLWRRADSS-----
Sm_CPRC  -----MESSLDFVLAL1GVKG-----MASTNISPLT2LLSALLLVAGALFLWKAADAG-----
Sm_CPRa  -----
Cre_CPR  -----MDLNVA2IACVFLVIAALALLSIRRKSSG-----
consensus 1.....10.....20.....30.....40.....50.....60.....70.....80.....90.....

```

```

Pp_CPRc  -----GAKPVKPVVVVAKPVAPIEDVEEENSSVKKRVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKSRYEG--SAVFKVLDLDDYAADDEQYAAARLKKKEKFFALFMVAT
Pp_CPRd  -----APKP-----VVVVKPAMVVEEDVEEDSRVKKRVVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKSRYEG--TAVFKVMDPDDYGADNERYAARLKKKEKFFALFMVAT
Pp_CPRa  -----GEKKAVETKPVVAKPVQLDEEVEE--DSSVKKRVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKSRYDSSSVFKVVDLDDYGADDEQYAAARLKKKESLALFMVAT
Pp_CPRb  -----GSKGAEP-QPLQAKKVEEIEEELPEDIIONHVSFFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKSRYD--SVEFKVLDLDEYGAADDDQYAAAKLKRERIAFFAVAT
Ca_CPR1  ---RSKEVKPVVFPK--SLNVEPEEIEVEPVGKVKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVSEETIKARYE--KAVFKVMDDDYAADDDLYEEKLKKETIAFFMVAT
Ph_CPR1  ---RSKEVKPVVFTK--SLNTEPEEIELEPVGKVKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVSTAEETIKARYE--KAVFKVMDDDYAADDDLYEEKLKKETIAFFMVAT
Ce_CPR1  ---RSRETKSVVVKLVLTALQEEEEVEVDLDPSSVKKRVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKTRYE--KAVFKVLDLDDYAADDDQYEEKLKKETIAFFMVAT
Op_CPR1  ---RGKEIKPVGCSQGCALLVEEKEE--EVDPTKVKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVSEETIKARYE--KAVFKVFDLDDYAADDDQYEEKLKKETIAFFMLAT
Gm_CPR1  ---RSKEQKPLAVPKLLVKEDDEE--VDAGSGKTRVAVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAAVKVADLDDYAMDDQYEEKLKKESLAFVFLAT
Vr_CPR1  ---RSKEVKPVVPRDLMME--EEEE--VDVAAGKTKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAAVKVLDLDDYAADDDLYEEKLKKESLVFFMLAT
Vs_CPR1  ---RSRELRPVIVPKFTVKH--EDDE--VEVDRGKTKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAVFKVMDDDYATDDQYEEKLKKETIAFFMLAT
Pt_CPR1  ---RSKDVKPLVVPKSLSVKDEEDE--SEALGGKTKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAAVKVFDLDDYAMDDQYEEKLKKETIAFFMLAT
Rc_CPR1  ---RSKEVTPLVVPKSLSVKDEEDE--AETLAGKTKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAAVKVLDLDDYAMDDQYEEKLKKETIAFFMVAT
Gh_CPR1  ---RSRDVKPLVAPKPVSLKDEEDDDAVIAAGKTKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAAVKVLDLDDYAMDDQYEEKLKKETIAFFMVAT
At_ATR1  ---RSGELKPLMIPKSLMAKDEDDD--LDLGSKTRVSVFFGTQTGTAEFGAKAVSEETIKARYE--KAAVKVLDLDDYAADDDQYEEKLKKETIAFFCVAT
Ha_CPR1  ---RGKDPKTLVVPKPLSLKEEEE--EDEAEGKTKVCFVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAVFKVLDLDDYALDDQYEEKLKKETIAFFMVAT
Pso_CPR1  ---SSSQKPIETYKPP--IIDKEEEIEVEPDPGKIKLTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAVFKVLDLDDYAAEDDQYEEKLKKESLVFFMVAT
Am_CPR2  -----LRSVKSVPEPKLIVPKVEIE--DEVDGKKKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAKFRVLDLDDYAAEDDEYEEKFKKESFAFFFLAT
Pc_CPR2a  -----LRSVKSVPEPKLIVPKVEIE--DEVDGKKKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAKFRVLDLDDYAAEDDEYEEKFKKESFAFFFLAT
Pc_CPR2b  -----TKSAKKLEPAKIVIPKFEME--EVDGKKKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--DAIFKTVLDLDDYAGDDDEYETIKLKKESMVFFFLAT
Aa_CPR2  -----A-AKKAESPVIIVPKVTE--DEVDGGRKKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAVFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKESLAFVFLAT
Ht_CPR2b  -----A-AKKAESPVIIVPKVTE--DEVDGGRKKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAVFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKESLAFVFLAT
Sr_CPR2  -----KKLVQDPVPQIVVKKKEKE--SEVDGKKKKVSIFVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KTSFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKESLAFVFLAT
Ht_CPR2a  -----KKLVQDPVPQIVVKKKEKE--SEVDGKKKKVSIFVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAVFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKESLAFVFLAT
Cro_CPR2  -----GSGKKVVEPKLIVPKSVMEPEEIEDEGKKKFTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAVIKVLDLDDYAAEDDEYEEKFRKETIAFFMLAT
Cb_CPR2  -----GSAKKVVPEPKLIVPKGPMVEVEVDGKKKKVTIFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--QANFKVMDDDYAADDEYEEKLKKETIAFFFLAT
Ph_CPR2  -----TSAKKVVDPKLVVPKSVMEPEEIEDEGKKKVTIFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAVFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKETIAFFFLAT
Gh_CPR2  -----KPKQIQLP-LKPSIIEKEPE--LEVDGKKKKVTIIFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KATFNTVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKDNLAFVFLAT
Rc_CPR2  -----KSKSVAIEPLKPLVVKPEPE--PEPDDGKIKLTVFFGTQTGTAEFGAKAVSEEAARYE--KATFKVLDLDDYAAEDDEYETIKLKKESLAFVFLAT
Pt_CPR2b  -----QRPKVPVP-PKPLIVKDL--E--PEVDGKKKKVTIIFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KATFKTVLDLDDYAGDDDEYEEKLKKEDLVIFFLAT
Pt_CPR2a  -----QKPKVPVP-PKPLIVKDL--E--PEVDGKKKKVTIIFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KATFKTVLDLDDYAGDDDEYEEKLKKESLAFVFLAT
Vv_CPR2  -----KQSKTPEP-PKPLIVKDL--E--VEVDGKIKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KATFKVLDLDDYAGDDDEYEEKLKKETIAFFFLAT
Lj_CPR2  -----KAKSIEPP--KRVVEKLSDE--AEVDGGRKKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAKFKTVLDLDDYAGDDDEYEEKLKKETIAFFFLAT
Psa_CPR2  -----KSKQIEVP--KLVIKKLP--E--LDVDGKKKKVTIIFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KAKFRVMDDDYAADDDDEYELKLRKRETMALFFLAT
At_ATR2  -----NSKRVEPL--KPLVIKPR--E--EIDDGKIKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KTRFKTVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKEDVAFVFLAT
Ec_CPR2  -----NKSSKIVETQKLIVEKEPEP--EVDGKKKKVTIIFGTQTGTAEFGAKAVVEEIKARYE--KATFKVLDLDDYAGDDDEYEEKLKKETIAFFFLAT
Os_CPR2a  --APAARAQEPQPRAPAPAKRKQEAEPDPPDGRQRVAVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKSRYD--KAVFKVLDLDEYAAEDDEYEQKLLKEIIFVFLAT
Sb_CPR2a  --RAAAAAASQAPPRSLAAKPKD--EPDPPDGRPRVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKARYD--KAVFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKESLAFVFLAT
Ta_CPR2a  --GAAPLAHKSAAAKPLAAKDDQ--EPDPPDGRQRVAVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKARYD--KAVFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKENIAFFFLAT
Sb_CPR2b  AAAAAVAEATEVKARAAG--GEDEKAADDGRRKKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKARYD--KATFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKELAFVFLAT
Zm_CPR2b1  --AAVAAEATQAKARGGKA--AEIEKPADGRRKKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKSRYD--KASFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKELAFVFLAT
Zm_CPR2b2  --GAAATEATRAKARGVKVSAEIEEIEKPADGRRKKVTVFFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKARYD--KATFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKELAFVFLAT
Os_CPR2b  EAERSAAAAGVGGKGNASAAAG--EAGGADGRKRVTIIFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKSRYD--KATFKVLDLDEYAAEDDEYEEERLKKELISLFFVAT
Sb_CPR2c  -----APSKPVAAVPRPPPVK--VDADADVDDGRRKRVTIIFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKARYE--KAVFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKETVAFVFLAT
Zm_CPR2c  -----APSKPVATPLRPPPVK--VDADADVDDGRRKRVTIIFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKARYE--KAVFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKETVAFVFLAT
Os_CPR2c  -----APPKAAAAPPRPPPVK--IEADADADDGRRKRVTIIFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKARYE--KAVFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKETVAFVFLAT
Ta_CPR2c  -----APPKAAAAPPRPPPVK--VDAD--DADDGRRKRVTIIFGTQTGTAEFGAKAVVEEAKARYE--KAVFKVLDLDDYAAEDDEYEEKLKKETVAFVFLAT
    
```

```

Tch_CPR  -----TQKPAVKPTPLVK-EED EEEEDDSAKKKVTIFFGTRTGTAEGFAKALAEAAKARYE--KAVFKVVDLDNYAADDEQYEEKLKKKELAFFMLAT
Tcu_CPR  -----TQKPAVRPTPLVK-EED EEEEDDSAKKKVTIFFGQTGTAEFGAKALAEAAKARYE--KAVFKVVDLDNYAADDEQYEEKLKKKELAFFMLAT
Pm_CPR   -----PSKLPEKPTPLGRVEEE EEEEDDSGKKKVTIFFGQTGTAEFGAKALVEAAKARYD--KAVFKVVDLDDYAADDEQYEEKLKKKELAFFMLAT
Sm_CPRb  -----KRESEPVKVVKPVVEIEEE-GDELDGFSNKVTVFFGTQTGTAEFGAKALAEAAKARYE--KVLFKIVDLDNYAADDETYQLKLLKENFAIFMLAT
Sm_CPRc  -----KRVAEPPTVVTPIVEAEE EADDLAGYTSKVTVFFGTQTGTAEFGAKALVEAAKARYD--RVLFKAVDLDNYAADDDHYRLRLKKEKLAIFMLAT
Sm_CPRa  -----MFKKPTIEVEPE-DDDPD--KKKVSVFFGTQTGTAEFGAKALVEAAKARYD--KVLFKIVDLDNYAADDETYQLKLLKENFAIFMLAT
Cre_CPR  -----NATAVSTAPPITRTSISAE---DPSKPCVRIYGTQTGTAEERFSKLANELRGKYG-DSTAVDVRDVETYPK-----ERLGSEKLVVMCMAT
consensus 101.....110.....120.....130.....140.....150.....160.....170.....180.....190.....

```

Pp_CPRc YGDGEPTDNAARFYHWFTEEN-GELELEL----HISELRFVGFGLGNRQYEHFNKVAKVIDTAFAKHGAKRIVEVGLGDDDDQSIETEDDFAAWKEKLWPELDV-
Pp_CPRd YGDGEPTDNAARFHNWFTEEN-EELELEL----GLNELNFGVFGGLGNRQYEHFNKVAKEIDKALAKQGAKRILECGLGDDDDQCIEDDFTAWKEKLWPELDA-
Pp_CPRa YGDGEPTDNAARFYKWFVES-GEDDQI----GLDGLKYAVFGLGNRQYEHFNKVAKVIDEALTOQGAQRIVEVGLGDDDDQSIEDDFTAWKEKLWPELDG-
Pp_CPRb YGDGEPTDNAARFHKWLVDS-SEDNDF----KLGKMGKFGVFGGLGNRQYEHFNKVAVQIDEALKEYGGERLVOVGLGDDNDQCIEDDFAAWKLLWLPALDE-
Ca_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-QERGV----WLQHLTYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEQLSEQGAKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWREQLWPELDQ-
Ph_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-QERGV----WLQHLTYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEQLSEQGAKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWREQLWPELDQ-
Ce_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFSEV-KEREP----WLQQLTYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDDOLIEQGAKRITVPLGLGDDDDQCIEDDFAAWRDQLWPELDK-
Op_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-KEREP----WLQQLTYGVFGLGNRQYEHFNKIGNVIHEQLSEQGAKRITVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWREQLWPELDQ-
Gm_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEGKDERGI----WLQQLTYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEELSEQGAKRLVPLGLGDDDDQSIEDDFAAWKESLWSELDDQ-
Vr_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEGKDERGI----WLQQLTYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEELAEQGAKRILVAVGLGDDDDQSIEDDFAAWKESLWSELDDQ-
Vs_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEGKERGT----WLQQLTYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEDLIEQGAKRILVPVGLGDDDDQSIEDDFAAWKETLWPELDQ-
Pt_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-NERGI----WLQQLSYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDDLIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWKEFLWPELDQ-
Rc_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEE-HERGV----WLQQLTYGTFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEQLNEQGAKRITVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWRELWPELDN-
Gh_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-NERLP----WLQQLTYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEQLSEQGAKRITVAVGLGDDDDQCIEDDFTAWRELWPELDQ-
At_ATR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEE-NERDI----KLQQLAYGVFALGNRQYEHFNKIGTVIDEELCKKGAKRILIEVGLGDDDDQSIEDDFAAWKESLWSELDDK-
Ha_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEE-HERGV----WLQQLKFGVFGGLGNRQYEHFNKIGKVIDEQLFCEQGAKRITVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWRELWPELDP-
Pso_CPR1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEQE-HERGE----WLQQLTYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEQLGKQGAKRITVAVGLGDDDDQCIEDDFTAWRELWPELDQ-
Am_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFSEGE-EEKGE----WLNKLOYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDDGLADQGAKRITVEVGMGDDDDQCIEDDFTAWRESVWPELDK-
Pc_CPR2a YGDGEPTDNAARFYKWFSEGE-EEKGD----WLNKLOYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDDGLADQGAKRITVEVGMGDDDDQCIEDDFTAWRELWPELDK-
Pc_CPR2b YGDGEPTDNAARFYKWFCEG-KERGE----WLNKLOYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDDGLVEQGAKRILVPVGMGDDDDQCIEDDFTAWRELWPELDQ-
Aa_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-EEKGE----WLEKLOYAVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEKLVEQGAKRILVPVGMGDDDDQCIEDDFTAWKELWPELDQ-
Ht_CPR2b YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-EPKGE----WLNKLOYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDDGLVEQGAKRILVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWKELWPELDQ-
Sr_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-DDKGE----WLNKLOYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDDGLTEQGAKRILVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWKELWPELDQ-
Ht_CPR2a YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-DDKGV----WLEKLOYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEGLTEQGAKRILVPVGLGDDDDQSIEDDFAAWKELWPELDQ-
Cro_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFVEG-NDRGD----WLNKLOYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEKVAEQGGKRITVPLVGLGDDDDQCIEDDFAAWRENWPELDN-
Cb_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFSEGE-KDRGD----MFKNLOYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDDGLFEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFAARRDNWPELDN-
Ph_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFVEG-KERGD----YFKNLOYGVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEELAEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWRDWLWPELDK-
Gh_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-KERGE----WLNQMKYGTIFGLGNRQYEHFNKIGKVIDEELTEQGAKRITVPLGLGDDDDQCIEDDFTAWRELWPELDQ-
Rc_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-KERGE----WLQDLKFGVFGGLGNRQYEHFNKIGKVIDDELIEQGAKRILVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWKESLWPELDQ-
Pt_CPR2b YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-NERGE----WLKDLPYAVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDDKIFADQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWRELWPELDQ-
Pt_CPR2a YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-NERGE----WLKDLPYAVFGLGNRQYEHFNKIGKVIDKILGNQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWRELWPELDQ-
Vv_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFVEG-KERGE----WLQNLKYGVFGLGNRQYEHFNKVAKVDDIIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWRELWPELDQ-
Lj_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFVEG-DEKEEG----WLRNLEYAVFGLGNRQYEHFNKVAIVDDKILADFGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWKEELWLPALDE-
Psa_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFTEE-YEGEED----SFKNLSYGVFGLGNRQYEHFNKVAKVDDKILIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWKEELWLPALDE-
At_ATR2 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-NDRGE----WLNKLOYGVFGLGNRQYEHFNKVAKVDDIIEQGAQRILVOVGLGDDDDQCIEDDFTAWREALWPELDT-
Ec_CPR2 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-KEREM----WLQNLQFGVFGGLGNRQYEHFNKVAKEVDEILIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWRELWPELDQ-
Os_CPR2a YGDGEPTDNAARFYKWFGEG-NERGE----WLSNLRFGVFGGLGNRQYEHFNKVGKVDQDLAEQGGKRITVPLGLGDDDDQCIEDDFAAWKELWPELDK-
Sb_CPR2a YGDGEPTDNAARFYKWFVEG-NERGE----WLNKLOYGVFGLGNRQYEHFNKVGKVDQDLAEQGGKRITVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWKELWPELDK-
Ta_CPR2a YGDGEPTDNAARFYKWFSEGE-NERGE----WLSNLRFGVFGGLGNRQYEHFNKVGKVDQDLAEQGGKRITVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWKELWPELDK-
Sb_CPR2b YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-NERGV----WLNDFEYAVFGLGNRQYEHFNKVAKVDEILIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWKEALWPELDR-
Zm_CPR2b1 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-NERGV----WLNDFEYAVFGLGNRQYEHFNKVAKVDEILIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWKEALWPELDR-
Zm_CPR2b2 YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-NERGI----WLHDFEYAVFGLGNRQYEHFNKVAKVDEILIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFTWKTWPELDR-
Os_CPR2b YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-NERGV----WLNDFOYATIFGLGNRQYEHFNKVAKVDEILIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFAAWKETLWPELDQ-
Sb_CPR2c YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-KEKEV----WLKALIKYGTIFGLGNRQYEHFNKVAKVDEILIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWKELWPELDQ-
Zm_CPR2c YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-KEKEV----WLKDLIKYGTIFGLGNRQYEHFNKVAKVDEILIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWKELWPELDQ-
Os_CPR2c YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-KEKEV----WLKDLIKYAVFGLGNRQYEHFNKVAKVDEILIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWKEQWPELDQ-
Ta_CPR2c YGDGEPTDNAARFYKWFTEG-KEKEV----WLKDFNLYAVFGLGNRQYEHFNKVAKEVDEILIEQGGKRLVPVGLGDDDDQCIEDDFTAWKELWPELDQ-

```

Tch_CPR  YGDGEPTDNAARFYKWFLEGG-KEREP-----WLSDLTYGVFGLGNRQYEHFNKVAKAVDEVLIIEQGAKRLVPVGLGDDDQCIEDDFTAWREQVWPELDQ-
Tcu_CPR  YGDGEPTDNAARFYKWFLEGG-KEREP-----WLSDLTYGVFGLGNRQYEHFNKVAKAVDEVLIIEQGAKRLVPVGLGDDDQCIEDDFTAWREQVWPELDQ-
Pm_CPR   YGDGEPTDNAARFYKWFSETEKERGP-----WLSNLPYGVFGLGNRQYEHFNKVACTVDEALNEQGGKRLVPVGLGDDDQCIEDDFTAWREQVWPELDQ-
Sm_CPRb  YGDGEPTDNAARFYKFLTEGGERGS-----WLSSEMTYGITFGLGNRQYEHFNKVAMVDEELEKQGAKRLVPCGAGDDDQCIEDDFTAWREQLWPELDT-
Sm_CPRC  YGDGEPTDNAARFYKFLTEGGDERGL-----WLNEMTYAVFGLGNRQYEFNKGKDVDEELEKQGAKRLVPCGVGDDDQCIEDDFSARREQLWPELDA-
Sm_CPRa  YGDGEPTDNAARFYKWFVEGG-EEKEP-----WLGNLSYAVFGLGNRQYEHFNKVAVEVDEALEKQGAKRLKCGGLGDDDQCIEDDFTAWREQLWPELDV-
Cre_CPR  YGDGEPTDNAAVFYSWLLKEAEAVENGDKPEFLQGVSYAVFGLGNKQYEHFNSVGGKVFKAMKACGATALCRRGDGDDGVIIDDDFEKWCTELYEALDKS
consensus ***** ** * ..... * ** * * * ..... * ..... * ..... * ..... * ..... * ..... * ..... * .....
201.....210.....220.....230.....240.....250.....260.....270.....280.....290.....
    
```

Pp_CPRc --LLKDPEDSQATTPKTAVLAAVA EYRTVITYEPGTKLHVE---EYSGKKIGQAAVDVHPC--KAEVAFVKELHSPESGRSCTHLEFDIANTGLSYETGD
Pp_CPRd --LLKDPEDTTASTPKTPYHAAVA EYRTVITYEAGTKLHVE---EYAAKKTGOAGYDTLHPC--KSEVAFVKELHTSESDRSCTHSEFDIANTGLSYETGD
Pp_CPRa --LLTT--EDAPTTPHAPYQAAVA EYRLVITYEPGTKLYVE---EYAAKNGQAVYDALHPC--RADVAFVKELHKPLSDRSCTHLEFGIANTGLSYETGD
Pp_CPRb --ILGT---GQTTPTATVYAAVA EYRLVITYEAGTEVHEE---SYEARKNGQGVFDVSHPC--KAEVAFVKELHTALSDRSCTHFEFDIANTGITYETGD
Ca_CPR1 --ILRDEDDASSASTP--YTAATLE YRVLVTHDITMS-LED---KHASMANGNTTYDIHPC--KVNNAVQRELHTPESDRSCTHLEFDISGTGIFYETGD
Ph_CPR1 --ILRDEDDANSAATP--YTAATPE YRVLVTHDHTAAN-PED---KHAMVNGTTAYDIHPC--KVNNAVQRELHTPESDRSCTHLEFDISGTGISYETGD
Ce_CPR1 --ILRDEDDSSAAVATP--YTAATHE YRVVTHDSSADSIEH---KQLNMMNGNTSYDIQHPC--LVNAVQRELHTPESDRSCTHLEFDIAGTGIKYETGD
Op_CPR1 --ILRDEDDATSATP--YTAATLE YRVVTHNSEAASYED---KQFSMANGNSSYDIHPC--IVNAVQRELHKPESDRSCTHLEFDISGTGINYETGD
Gm_CPR1 --LLRDEDDVNTVSTP--YKAATPE YRVVTHDSTVTSKND---NHLNVANGNAVFDIHPHPC--RVNVAQRELHKPESDRSCTHLEFDISGTGIIYETGD
Vr_CPR1 --LLRDEDDANTVSTP--YTAATLE YRVVTHDPTAASTYD---NHSTVANGNTEFDIHPHPC--RVNAVQRELHKPESDRSCTHLEFDISGTGIIYETGD
Vs_CPR1 --LLRDEDDVNTASTP--YTAATSE YRVVTHDPTVSPSYE---NHFNVANGGVAFDIHPHPC--RVNAVRRRELHKPQSDRSCTHLEFDISGTGIIYETGD
Pt_CPR1 --LLRDEDDVNAPSTP--YTAATPE YRVLVTHDPSIISVED---KFSNLANGNVSFDIHPHPC--RVNAVQRELHKAESDRSCTHLEFDITGTGITYETGD
Rc_CPR1 --LLRDEDDVNGASTP--YTAATPE YRVVTHDASATSCED---K-SVLENGNTSIDIHPHPC--RVNAVQRELHKPESDRSCTHLEFDISGTGIIYETGD
Gh_CPR1 --LLRDEDDENATSTP--YTAATPE YRVVTHDPAVMHVEE---NYSNKANGNATYDLHPHPC--RVNAVQRELHKPESDRSCTHLEFDISGTGITYETGD
At_ATR1 --LLRDEDD-KSVAATP--YTAATPE YRVVTHDPRFTTQKS---MESNVANGNTTIDIHPHPC--RVDVAVQRELHTHESDRSCTHLEFDISRTGITYETGD
Ha_CPR1 --LLRDEDDNANAASTP--YTAATLE YRVVTHDPTTSLVED---KFNLANGNATFDAQHPHPC--RVNAVQRELHKPESDRSCTHLEFDISGTGIRYEAGD
Pso_CPR1 --LLRDEDDAAPSVAATP--YTAATVPE YRVVTHETTVAALDD---KHINTANGDVAFDIHPHPC--RTIVAQRELHKPKSDRSCTHLEFDISGSSLTETGD
Am_CPR2 --LLLD-EDDTSAAATP--YTAAVLE YRVVYDQPDAT--LDQSLSTONGHTVHDAQHPC--RSNVAVKELHKPASDRSCTHLEFDISHTGLAYETGD
Pc_CPR2a --LLLD-EDDTSAAATP--YTAAVLE YRVVYDQL-DTAT--LDRSLSTONGHTVHDAQHPC--RSSVAAKELHKPASDRSCTHLEFDISHTGLAYETGD
Pc_CPR2b --LLLD-EESKAAATP--YTAAVLE YRVQFYNT-DTSSP-LVRSMSKLNHAVYDAQHPC--RANVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDISSTGLAYETGD
Aa_CPR2 --LLRD-EDDTSVATP--YTAAVA EYRVVFHDKP-ETYD----QDQ-LTNGHAVHDAQHPC--RSNVAVKELHSPLSDRSCTHLEFDISNTGLSYETGD
Ht_CPR2b --LLRD-DDDTSVATP--YTAAVA EYRVVFHEKP-DMYD----ENS-QTNGHAVHDAQHPC--RANVAVKELHSSSESDRSCTHLEFDISHTGLSYETGD
Sr_CPR2 --LLRD-EDDTSVITP--YTAAVLE YRVVYHDKPADSYA---EQDHTNGHVHDAQHPS--RSNVAVKELHTSQSDRSCTHLEFDISHTGLSYETGD
Ht_CPR2a --LLLD-EDDKTAATP--YTAATPE YRVVVFHDKP-DTFS----ENHSQTNGHTVHDAQHPC--RSNVAVKELHTPESDRSCTHLEFDISHTGLSYETGD
Cro_CPR2 --LLRD-EDDITVSTT--YTAATPE YRVVFPDKSDSLISEANGHANGYANGNTVYDAQHPC--RSNVAVKELHTPASDRSCTHLEFDIAGTGLSYGTGD
Cb_CPR2 --LLRD-EDYPPVSTP--YTAAVLE YRVVVFHDQSDLPSE-NLANGRANGHASYDAQHPC--KVNNAVKELHTPLSDRSCTHLEFDISGTGLEYETGD
Ph_CPR2 --LLMDGDDATTVAATP--YTAAVLE YRVVTHEKSN--LDNELSNANGHANGHAVIDAQHPC--SANVAVKELHTPASDRSCTHLEFDISGTGLVYETGD
Gh_CPR2 --LLRDEDD-ATVSTP--YTAAVLE YRVVVFYDPAAPLED---KNWSNANGHATYDAQHPC--RSNVAVKELHAPESDRSCTHLEFDIAGTGLSYETGD
Rc_CPR2 --VLRGDEDDAATVSTP--YTAAVLE YRVVVFYDPEAPLED---KRWSNANGHAVYDAQHPC--RANVAVKELHTPASDRSCTHLEFDIAGTGLSYETGD
Pt_CPR2b --LLLDGDDPTAVSTP--YTAATVSE YRVVVFHSPEDAPLED---DNWSNANGHAYDAQHPC--RANVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDISGTGLAYGTGD
Pt_CPR2a --LLLDGDDPTGVSTP--YTAAVA EYRVVTHDPEAPLED---DNWSNANGHATYDAQHPC--RANVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDISGTGLVYGTGD
Vv_CPR2 --LLRDEDDATTVSTP--YTAAVLE YRVVVFHDPEGASLQD---KSWGANGHTVHDAQHPC--RANVAVKELHTPASDRSCTHLEFDISGTGLTYETGD
Lj_CPR2 --LLRGDD-ITVSTP--YTAAVLE YRVVTHDPLDASVDE---KKWHNVNGHATVDAQHPV--RSNVAVKELHTPVSDRSCTHLEFDISGTGVAYETGD
Psa_CPR2 --LLRDEDD-TPVATP--YTAAVSE YRVVTHDPLDATVDE---KKRHNVNGHAVYDAQHPV--RANVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDISGTGLVYETGD
At_ATR2 --ILREEDG-TAVATP--YTAAVLE YRVVTHDSEDAKFND---INMANGNGYTVFDAQHPY--KANVAVKRELHTPESDRSCTHLEFDIAGSGLTYETGD
Ec_CPR2 --LLRDESDKTSVSTP--YTAATVPE YRVVVFHDATDASLQD---KNWSNANGYTVYDVQHPHPC--RANVAVKELHTPVSDRSCTHLEFDISGTGLTYETGD
Os_CPR2a --LLRVEDDKSAAPT--YTAATPE YRVVVLKPEEAMHIN---KSFSLSNGHAVYDIQHPC--RANVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDISGTGLTYETGD
Sb_CPR2a --LLROEDDSSTAPT--YTAATPE YRVVVFVKPEDAMHIN---KSFTLSNGHAVYDIQHPC--RANVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDITGTGLKYETGD
Ta_CPR2a --LLRVEDNNSSTAQSP--YTAATPQ YRVVLTKPEDATHIN---KSFSLSNGHVYDSQHPHPC--RANVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDIAGTSLTYETGD
Sb_CPR2b --LLRDEDDASTGTT--YTAATPE YRVVFEFKPEEAAHLE---RNFLSANGHAVHDAQHPC--QANVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDIAGTGLTYETGD
Zm_CPR2b1 --LLRDEDDASPGTT--YTAATPE YRVVFEFKPEEAAHLE---RNFLSANGHAVHDAQHPC--QANVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDIAGTGLTYETGD
Zm_CPR2b2 --LLGDDNDISTGTT--YTAATPE YRVVFEFMGPEEAAHLE---RNSSLANGHAVHDAQHPC--KFRADVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDIAGTGLTYETGD
Os_CPR2b --LLRDEDDVSTGTT--YTAATPE YRVVFEFKPEEAAHLE---RNFLSANGYAVHDAQHPC--RANVAVRRELHTPASDRSCTHLEFDIAGTGLTYETGD
Sb_CPR2c --LLRDEDDITGASTP--YTAATPE YRVVVFIDKSDLFQD---RSWTLANGTGVIDIHPHPC--RANVAVKELHKPASDRSCTHLEFDISGTGLVYETGD
Zm_CPR2c --LLRDEDDTNGASTP--YTAATPE YRVVVFIDKSDLFQD---RSWTLANGTGVIDIHPHPC--RANVAVKELHKPASDRSCTHLEFDISGTGLVYETGD
Os_CPR2c --LLRDEDDITGASTP--YTAATPE YRVVVFIDKSDVSFQD---KSWSLANGSGVIDIHPHPC--RSNVAVKELHKPASDRSCTHLEFDISGTGLVYETGD
Ta_CPR2c --LLRDEDDITGATTP--YTAATPE YRVVVFIDKSDLFED---KSWTLANGNGVIDIHPHPC--RANVAVKELHKPASDRSCTHLEFDISGTGLVYETGD

Pp_CPRc HVGVYVENSRRDVEEAAYKLGMPDLDTIFSLHVDAAEEGQLLAGS--LPPFPFGPLLLETALRRYTDLLNPPRKAVLMALAAFASDPPEEAERLTYLASLKGK
Pp_CPRd HVGVYVENNOEDVEEAARHLGMPDLDTIFSLHVDAAEEGQLLAGS--LPPFPFGPLLLETALRRYADLLNPPRKAVLNVLAVFASDPPEEVERLKYMASLQGG
Pp_CPRa HVGVYVENSQEDVEEAAKHLGYPDLDTIFSLHVDAAEEGQLLAGS--LPPFPFGPLLLETALRRYADLLSPPRKSVLSVLAAFASDPPEEAERLKHLSASLLGK
Pp_CPRb HVGVYVENSSEEDVEEAARLLGVDRDMIFSLHVDAAE---AASN--LPQFPFGPLTVDTALRRYADLLNPPRKATLSILAAYADPEEAERLKFLASVDGK
Ca_CPR1 HVGVYFAENSEETVEEAARLLGQSLDLVFSIHADKEDGTALGGS--LPPFPFGPCTLRALARYADLLNPPRKATLVALAAHATEPSEAEKLFKLASPOGK
Ph_CPR1 HVGVYAENCEETVEEAARLLGQSLDLVFSIHTDKEDGTALGGS--LPPFPFGPCTLRALARYADLLNPPRKATLIALAAHAAEPSEAEERLKFLASPOGK
Ce_CPR1 HVGVYAENCEENVEEAARLLGQSLDLVFSIHADKEDGTPLGGS--LAPPFPGPCTLRALARYADLLTPPKKATLIALAAHSSSEPSEAEERLKFLSSQOGK
Op_CPR1 HVGVYAENCDGTVEQAAYKLGQPLDLVFSIHADKEDGTSLGG--LPPFPFGPCTLRALARYADLLNPPRKAAALVALAAHASEPSEAEERLKFLSSPOGK
Gm_CPR1 HVGVYFAENGDETVEEAAGLLGQPLDLVFSIHTNNEEDGTPLGGS--LPPFPFGPCTLRALARYADLLNPPRKASLVALAAHTSEPSEADRITFLSSPOGK
Vr_CPR1 HVGVYAENCNETVEETGKLLGQNLDLVFSIHTDKDGTSLGGS--LPPFPFGPCTLRALARYADLLNPPRKAALLALATHASEPS-DEERLKFLSSPOGK
Vs_CPR1 HVGVYAENCDETVEEAAGLLGQSLDLVFSIHTDKEDGTSLGG--LPPFPFGPCTLRALARYADLLNPPRKAATVALAAHASEPSEAEERLKFLSSPOGK
Pt_CPR1 HLGVYAENSDETVEEAAGLLDKPLDLLVFSIHADNEDGTALGGS--LPPFPFGPCTLRALARYADLLSPPKKAALLALAAHASEPSEADRILKFLSSPOGK
Rc_CPR1 HVGVYAENFEENVEEAAGLLGQPLDLLVFSIHADNEDGAPLGG--LAPPFPGPCTLRALARYADLLNPPRKAALLALAAHASEPSEAEERLYLSSPEGK
Gh_CPR1 HVGVYADNCVETVEEAARLLGQPLDLLVFSIHTDNEDGTSAGS--LPPFPASPCTLRMALARYADLLNPPRKAALLALAAHATEPSEAEKLFKLSSPOGK
At_ATR1 HVGVYAENHVEETVEEAAGLLGHSLDLVFSIHADKEDGSPLESA--VPPFPFGPCTLRGLARYADLLNPPRKSALVALAAAYATEPSEAEKLLKHLTSPDGK
Ha_CPR1 HVGVYENCAENVEEAGRLLGQPLDLVFSVYTEKEDGTPLGG--LPPFPFGPCTLRGLARYADLLNPPRKAALLALAAHASEPSEAEERLKFLSSPOGK
Pso_CPR1 HVGVYAENCDETVEEAAGLLGQSLDLLVFSIHTDKEDGSPGGS--LPPFPFGPCTLRALARYADLLNPPRKSALIALAAHASEPSEAEERLFLSSPLGK
Am_CPR2 HVGVYCNLVEITVEEAELKLGMPNNTYFSVHTDNEDGTPITGG--SLPPFP-PCTVRSALARYADLLSSPKKSALLALAAHASDPTTEADRRLFLASPAGK
Pc_CPR2a HVGVYCNLVEITVEEAELKLGMPNNTYFSVHIDDEDGTPLITGG--SLPPFP-PCTVRSALARYADLLSSPKKSALLALAAHASDPTTEADRRLFLASPAGK
Pc_CPR2b HVGVYCNLVEITVEEAERLLDITSPDITYFSIHTENEDGTPISGG--SLPPFP-PCSFRTALTRYADLLSTPKKSALLALAAHASDPTSEAEERLFLASPVGK
Aa_CPR2 HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLPPHTYFSVHADNEDGTPLGGA--SLPPFP-PCTLRKALARYADLLSSPKKSALLALAAHATDSTEADRILKFLASPAGK
Ht_CPR2b HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLPPDITYFSIHTDKEDGTPLGGA--SLAPPFP-PCTLRKALARYADLLSSPKKSALLALAAHATDPAEADRILKFLASPDGK
Sr_CPR2 HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLSPDITYFSVHADKEDGTPLGGA--SLPPFP-PCTLRDALARYADLLSSPKKVALALAAHASDPTTEADRILKFLASPAGK
Ht_CPR2a HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLPADITYFSIHTDNEDGTPLGGP--TLQPPFP-PCTLRKALARYADLLSSPKKSTLALAAHASDPTTEADRILQFLASREGK
Cro_CPR2 HVGVYCNLSEVVEEAERLLNLPDITYFSIHADKEDGTPLAGS--SLPPFP-PCTLRALARYADLLNTPPKKSALLALAAHASDPTNEADRILKYLASPAGK
Cb_CPR2 HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLSPDITYFSVHTDKEDGTPLGGS--ALPPFP-PCTLRALARYADLLSAPKKAALLALAAHASDPTVEAEERLTHLVSPAGK
Ph_CPR2 HVGVYCNLSEVVEEAERLLNISPDIFFSIHTDKEDGTPLGGS--SLPSFP-PCTLRALARYADLLSSPKKSALLALAAHASDPTKEADRILRYLASPAGK
Gh_CPR2 HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLSPDITYFSVHTDKEDGTPLGGS--SLPSFP-PCTLRALARYADLLSSPKKAALLALAAHASDPTTEADRILRHLASPAGK
RC_CPR2 HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLSPDITYFSIHTDKEDGTALGGS--SLPAPPFP-PCTLRALARYADLLSSPKKSALLALAAHATDPTTEADRILRHLASPAGK
Pt_CPR2b HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLSPDITYFSIHTDNEDGTPLSGG--ALPPFP-PSTLRALARYADLLSLPKKSALLALAAHATDPTTEADRILRHLASPAGK
Pt_CPR2a HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLSPDITYFSIHTDNEDGTPLSGG--ALPPFP-SSTLRALARYADLLSSPKKSALLALAAHATNPTTEADRILRHLASPAGK
Vv_CPR2 HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLSPDITYFSIHTEREDGTPLSGG--SLSPFP-PCTLRALARYADLLSSPKKSALLALAAHASDPTSEADRILKYLASPSGK
Lj_CPR2 HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLSPDITYFSVHTDDEDGKPLSGG--SLPPTFP-PCTLRALARYADLLSSPKKSVALALAAHASNPSEADRILRHLASPAGK
Psa_CPR2 HVGVYCNLSDTVEEAERLLGLSPDITYFSIHTDDEEGKPLGGS--SLPPFP-PCTLRALARYADLLSSPKKSALLALAAHASDPTSEADRILRHLASPAGK
At_ATR2 HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLSPDITYFSIHTDDEDGTPIS-S--SLPPFP-PCNLRALARYADLLSSPKKSALLALAAHASDPTTEADRILKHLASPAGK
Ec_CPR2 HVGVYCNLSEVVEEAERLLGLSPDITYFSIHTDDEDGSPISGS--ALAPPFP-PCTLRALARYADLLNSPKKAALLALAAHASDPTKEADRILRYLASPAGK
Os_CPR2a HVGVYAENCTETVEEVENLLGYSPDITYFSIHADQEDGTPIFGG--SLPPFP-SPCTVRSALARYADLLSFPKKSALLALASHASDPTKDAERILRHLASPAGK
Sb_CPR2a HVGVYAENCTETVEEAERLLGLSPDITYFSIHADQEDGTPHCGG--SLPPFP-SPCTVRSALARYADLLNSPKKSALLALAAHASDPTKEADRILRHLASPAGK
Ta_CPR2a HVGVYAENSIETVEEAERLLDYSPTDITYFSIYADQEDGTPIFGG--SLPPFP-SPCTVRSALARYADLLNSPKKSVALALAAHASDPTKEADRILRHLASPAGK
Sb_CPR2b HVGVYENCPVEVVEEAERLLGYSPDITYFSIHTADKEDGTPLSGG--SLAPPFP-SPITVRSALARYADLLNSPKKTSVALATYASDPTTEADRILRFLASAAGK
Zm_CPR2b1 HVGVYENCPVEVVEEAERLLGYSPDITYFSIHTADKEDGTSLGGS--SLAPPFP-SPITVRSALARYADLLNSPKKSVALALATYASDPTTEADRILRFLASAAGK
Zm_CPR2b2 HVGVYENCPVEVVEEAERLLGYSPDITYFSIHTADRDGGS-----PPFP-SPITVRSALARYADLLNSPKKSVALALATYASDPTTEADRILRFLASAAGK
Os_CPR2b HVGVYENCLEVVEEAERLLGYSPDITYFSIHTADKEDGTPLGCG--SLAPPFP-SPITVRSALARYADLLNSPKKSVALALATYASDPTTEADRILRFLASPAGK
Sb_CPR2c HVGVYAENSVETVEEAERLLDLSPDITYFSIHADAEDGSPRKGGS--LAPPFP-SPCTLRALARYADLLNPPKKAALLALASHASDPTTEADRILRFLASPAGK
Zm_CPR2c HVGVYAENSVETVEEAERLLDLSPDITYFSIHADAEDGSPRKGGS--LAPPFP-SPCTLRALARYADLLNPPKKAALLALASHASDPTTEADRILRFLASPAGK
Os_CPR2c HVGVYSENATETVEEAERLLDLSPDITYFSIHADAEDGSPRKGGS--LAPPFP-SPCTLRALARYADLLNPPKKAALLALAAHASDPTTEADRILRFLASPAGK
Ta_CPR2c HVGVYSENATETVEEAERLLDLSPDITYFSIHADAEDGSPRKGGS--LAPPFP-SPCTLRALARYADLLNPPKKAALLALAAHASDPTTEADRILRFLASPAGK

Pp_CPRc EEYSKMWVQSQRSLTEVLAAFSSVKLPLGVFFASVAPRLQPRFYSSISSPKLSPSRIHVTCALVHGSPSTGRIHRGVCSTWMKNAQSNFACSADGCS-WA
Pp_CPRd ADYSKMWVQSQRSLTEVLSAFPSVKLPLGVFFGSAVAPRLQPRFYSSISSPKVSPSRIHVTCALVYGPSTGRIHRGVCSTWMKNAQSKESHSADECS-WA
Pp_CPRa EEYTKMWVASQRSLTEVLAAFPSVKLPLGVLFACVAPRLQPRFYSSISSPKFSPTRIHVTCALVYGPSTGRIHRGVCSTWMKNARSKDTYSGADDCS-WA
Pp_CPRb DEYAQWVVASQRSLLETLAAFPKAVPLGVFFAGVAPRLQPRFYSSISSPAIHPTRIHVTCALVYKSPSTGRIHRGVCSTWMKNANSTIKSGPDKCS-SA
Ca_CPR1 DEYSQWVVASQRSLVEVMAEFPSAKPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSPRFAPARVHVTALVYGPSTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHNCS-SA
Ph_CPR1 DDYSTWIVASQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSSPRFAPTRVHVTALVNGPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHNCS-SA
Ce_CPR1 DDYSQWIVGQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRFVFNRVHVTALVYGPSTPTGRIHRGVCSTWMKNAVPSER--SHDSS-QA
Op_CPR1 DEYAQGTIVGNQKSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAAMAPRLQPRYSSISSSPRFAPNRVHVTALVYGPSTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPSER--SHECS-KA
Gm_CPR1 DEYSKMWVGSQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAAVAPLQPRYSSISSSPRFSPQKVHVTALVCGPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SRDCS-WA
Vr_CPR1 DEYSKMWVGSQRSLVEVMAEFPSAKPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRFAPQRVHVTALVYGPSTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SODCS-SA
Vs_CPR1 DEYSKMWVGSQRSLLEVMADFPKAPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRFAPQRVHVTALVYGPSTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-RA
Pt_CPR1 NEYSHWVMSQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRYTPNRVHVTALVYGPSTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SYECS-WA
Rc_CPR1 DEYSQWIVGQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRFALSRVHVTALVYGPSTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDSS-WA
Gh_CPR1 DEYSQWVVASQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSSPRFVAPRVHVTALVYGPSTPTGRIHRGVCSTWMKNAVPLEK--SNDCS-WA
At_ATR1 DEYSQWIVASQRSLLEVMAAFPSAKPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRLAPSRVHVTALVYGPSTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPAEK--SHECS-GA
Ha_CPR1 DEYAQWVVTQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRYAPHRVHVTALVYGPSTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SSDCS-WA
Pso_CPR1 NEYSKMWVGSQRSLLEVMADFPKAPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRFAPQRVHVTALVYGPSTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-RA
Am_CPR2 DEYAQWIVASQRSLLEVLAEFPSAKPPLGVFFASVAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Pc_CPR2a DEYAQWVVAHQRSLLLEVLAEFPSAKPPLGVFFASVAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Pc_CPR2b DEYAQWIVASQRSLLEVLAAFPSAKPPLGVFFASVAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Aa_CPR2 DEYAQWIVASQRSLLEVLAEFPSAKPPLGVFFASVAPRLQPRYSSISSSPRFAPNRVHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Ht_CPR2b DEYSQWIVASQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFASVAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Sr_CPR2 DEYAQWIVANQRSLLEVMQSFPSAKPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSSPKMAPNRVHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Ht_CPR2a DEYAQWIVANQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPKMAPNRVHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Cro_CPR2 DEYAQSLVANQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAATAPRLQPRFYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Cb_CPR2 EEYAQWVVASQRSLLEVMADFPKAPPLGVFFAATAPRLQPRFYSSISSPKIAPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Ph_CPR2 EEYAQWIVASQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAATAPRLQPRFYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Gh_CPR2 DEYAQWIVANQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSSPRLAPSRVHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Rc_CPR2 DEYTQWIVAAQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAGVAPRLQPRFYSSISSPKIAETRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Pt_CPR2b DEYAQWIVANQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFASVAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Pt_CPR2a DEYAQWIVANQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFASVAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Vv_CPR2 DEYAQWIVASQRSLLEVMADFPKAPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSSPKMAPNRVHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Lj_CPR2 DEYSQWIVASQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAATAPRLQPRFYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Psa_CPR2 DEYAQWIVASQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
At_ATR2 DEYSKMWVGSQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAGVAPRLQPRFYSSISSPKIAETRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Ec_CPR2 DEYAQWIVASQRSLLEVMADFPKAPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Os_CPR2a KEYSQWIVSSQRSLLEVMTEFPKAPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Sb_CPR2a KEYSQWIVTSQRSLLEVMSEFPKAPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Ta_CPR2a KEYSQWIVTSQRSLLEVMSEFPKAPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Sb_CPR2b DEYAQWVVASQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSSPMAATRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Zm_CPR2b1 DEYAQWVVASQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSSPMAATRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Zm_CPR2b2 DEYAQWVVASQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSSPMAATRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Os_CPR2b DEYAQWVVASQRSLLEVMAEFPSAKPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSSPMAATRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Sb_CPR2c DEYSQWIVTSQRSLLEVMADFPKAPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Zm_CPR2c DEYSQWIVTSQRSLLEVMADFPKAPPLGVFFAATAPRLQPRYSSISSSPRMVPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Os_CPR2c DEYSQWVVASQRSLLEVMAAFPSAKPPLGVFFAAVAPRLQPRYSSISSPKMAPSRHVTALVYGPSTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA
Ta_CPR2c DEYAQWIVASQRSLLEVMAAFPSAKPPLGVFFAATAPRLQPRFYSSISSPKIAPSRIHVTALVYKPTPTGRIHKGVCSTWMKNAVPLEK--SHDCS-WA

Pp_CPRc PIFVROSNFRLPADSSTPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERAALES GSGMLGPAKLFFGCRSRTODFIYEDELKSYVEKG-VMELTVAFSREGSKKEYVQDKM
Pp_CPRd PIFVROSNFRLPLNSNTPVVMVGP GTGLAPFRGFLQERAALES GFTLGPAKLFFGCRTRAHDFIYDNEELKSFVEKG-VTELTVAFSREGPKKEYVQDKM
Pp_CPRa PIFVROSNFRLPADSTIPIVMVGP GTGLAPFRGFLQERAALES GSTLGPAKLFFGCRTRTODFIYEELNAFVEKG-ITELTVAFSREGPRKEYVQDKM
Pp_CPRb PIFVRKSSFRLPADPATPIVMVGP GTGLAPFRGFLQERDALES GATLGPAKLFFGCRSSDKDFIYEDELNDYKNG-ITETVAFSRQNSQKEYVQDKM
Ca_CPR1 PIFFTRPSNFKLPDPSIPIVMVGP GTGLAPFRGFLQERAALES GAOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVDQGVISELITAFSREGPOKEYVQHKM
Ph_CPR1 PIFFTRPSNFKLPADPSIPIVMVGP GTGLAPFRGFLQERAALES GAOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVDQGVISELITAFSREGPOKEYVQHKM
Ce_CPR1 PVFTRTNSFKLPADPSIPIVMVGP GTGLAPFRGFLQERFVLEKEGAOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSYVEKG-VMELTVAFSREGPOKEYVQHKM
Op_CPR1 PIFFTRPSNFKLPADPSIPIVMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVDQGVISELITAFSREGPOKEYVQHKM
Gm_CPR1 PIFFTRTNSFKLPADHSIPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPEKEYVQHKM
Vr_CPR1 PIFFTRPSNFKLPVDHSIPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERVLEKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGAEKEYVQHKM
Vs_CPR1 PIFFTRPSNFKLPADHSIPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPEKEYVQHKM
Pt_CPR1 PIFFTRTNSFKLPADPSIPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPOKEYVQHKM
Rc_CPR1 PVFTRTNSFKLPDPSIPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPOKEYVQHKM
Gh_CPR1 PIFFTRPSNFKLPADPSVPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPOKEYVQHKM
At_ATR1 PIFFTRPSNFKLPANPSTIPIVMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPOKEYVQHKM
Ha_CPR1 PIFFTRPSNFKLPANPSTIPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPOKEYVQHKM
Pso_CPR1 PIFVRTNSFKLPADPSIPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPEKEYVQHKM
Am_CPR2 PIFVROSNFKLPDSTKVPPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Pc_CPR2a PIFVROSNFKLPDSTKVPPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Pc_CPR2b PIFVROSNFRLPTDSKVPPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRRMDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPAKEYVQHKM
Aa_CPR2 PIVVRTNSFRLPSDPKVPVIMIGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGATKEYVQHKM
Ht_CPR2b PIVVRTNSFRLPSDPKVPVIMIGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Sr_CPR2 SIFVRTNSFRLPSDPKVPVIMIGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Ht_CPR2a PIFVRTNSFRLPADPKVPVIMIGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGASKEYVQHKM
Cro_CPR2 PIFVROSNFKLPADPKVPVIMIGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Cb_CPR2 PVFVRTNSFRLPADPKVPVIMIGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPAKEYVQHKM
Ph_CPR2 PIFVROSNFKLPADNKVPPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPNKEYVQHKM
Gh_CPR2 PIFVROSNFKLPDSTKVPPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Rc_CPR2 PIFVROSNFKLPADTKVPPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Pt_CPR2b PVFVROSNFKLPADAKVPPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGSELGSSVFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Pt_CPR2a PIFVROSNFKLPADTKVPPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Vv_CPR2 PIFVROSNFKLPADASVPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Lj_CPR2 PIFVROSNFKLPADNKVPPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Psa_CPR2 PIFVROSNFRLPADNKVPVIMIGP GTGLAPFRGFLQERLALKEGAVOGLPALLFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSRDGPPTKEYVQHKM
At_ATR2 PIFVROSNFKLPDSDKVPPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Ec_CPR2 PIFVROSNFKLPADSTVPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGATKEYVQHKM
Os_CPR2a PIFVROSNFKLPDPTVPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPSKEYVQHKM
Sb_CPR2a PIFVROSNFKLPADPTVPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Ta_CPR2a PIFVROSNFKLPADPTVPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Sb_CPR2b PIFVROSNFKLPADPSVPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Zm_CPR2b1 PIFVROSNFKLPADPSVPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPLAKEYVQHKM
Zm_CPR2b2 PIFVROSNFKLPADPSVPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Os_CPR2b PVFVROSNFKLPADPSVPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Sb_CPR2c PIFVROSNFKLPADPSIPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Zm_CPR2c PIFVROSNFKLPADPSIPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM
Os_CPR2c PIVVROSNFKLPADPTIPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPAKEYVQHKM
Ta_CPR2c PIFVROSNFRLPADPSIPIIMVGP GTGLAPFRGFLQERLALKEAGTELGSILFFGCRNRKDFIYEELKSFVEQGLSELIVAFSREGPTKEYVQHKM

Pp_CPRc LEQAGEVWSLIKGGGYYVCGDAKGMARDVHRMLHTTIVQEEGAEGSKAEATVKKQLQVDGRYL RDVW
 Pp_CPRd LEQAGDVWRLIRGGGYYVCGDAKGMARDVHRMLHTTIVQEESEVSSKAEATVKKQLQVDGRYL RDVW
 Pp_CPRa LEQAGEVWKLIRGGGYYVCGDAKGMARDVHRMLHTTIVQEEGVTSSEAEAVVKKLSLDGRYL RDVW
 Pp_CPRb QQHASDIWRLLSADGYYVCGDAKGMARDVHRVHSLIVQEDGVDSKAEATVKKQLQVDGRYL RDVW
 Ca_CPR1 MEKASEVWSLISQGGYYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQENANSSKAEATVKKQLQMDGRYL RDVW
 Ph_CPR1 MEKASHVWSLISQEGYYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQEKADSSKAEATVKKQLQMDGRYL RDVW
 Ce_CPR1 MEKAAETWSSLISQEGYYVCGDAKGMARDVHRALHTTIVQEQEKTSSKAEATVKKQLQMDGRYL RDVW
 Op_CPR1 TEKAAQFWSLISQVGYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQENVDSKAEATVKKQLQTDGRYL RDVW
 Gm_CPR1 MDKAAANLWNLISQGGYYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQENVDSKAEATVKKQLQMDGRYL RDVW
 Vr_CPR1 MDKAAHLWSSLISQGGYYVCGDAKGMARDVHRTLHSIVQEQENVDSKAEATVKKQLQMDGRYL RDVW
 Vs_CPR1 MDKAEYLWSSLISQGGYYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQENADSSKAEATVKKQLQMDGRYL RDVW
 Pt_CPR1 VDRAAETWTLISQGGYFYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGGLDSSKTESMVKKLQMEGRYL RDVW
 Rc_CPR1 MDKAAQIWSLISERGYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGNLSSKTESMVKKLQMDGRYL RDVW
 Gh_CPR1 MDKAADLWNLISKGGYYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQENVDSKAEATVKKQLQMDGRYL RDVW
 At_ATR1 MEKAAQVWDLIKEEGYLYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQEGVSSSEAEATVKKQLQTEGRYL RDVW
 Ha_CPR1 MDKAAAYIWEVLSQGAHTIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGNLSSKTEL FVKKLQMDGRYL RDVW
 Pso_CPR1 MEKATDVWNLISQGGYYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGPMSSAAEAATVKKQLQVEGRYL RDVW
 Am_CPR2 LQKASEIWNLMISEGAYIYVCGDAKGMARDVHRMLHTTIAEQEQALDSSKAEATVKKLQMTGRYL RDVW
 Pc_CPR2a LQKASEIWNLMISEGAYIYVCGDAKGMARDVHRMLHTTIAEQEQALDSSKAEATVKKLQMTGRYL RDVW
 Pc_CPR2b SQKASEIWDMLSHGAYIYVCGDAKGMARDVHRMLHTTIAEQEQALDSSHAESLVKNLHMSGRYL RDVW
 Aa_CPR2 TQKASDIWNLLISEGAYLYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSKAEATVKKLQMAGRYL RDVW
 Ht_CPR2b NEKASDLWKLISEGAYLYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSKAEATVKKLQCRGRYL RDVW
 Sr_CPR2 SQKASDIWKLISEGAYLYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSKAEATVKKLQMSGRYL RDVW
 Ht_CPR2a SQKASDIWNMLISEGAYLYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGNLSSKAEATVKKLQMSGRYL RDVW
 Cro_CPR2 AEKASDIWRMISDGAYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIAEQEQSMDSIQAGFVKNLQMTGRYL RDVW
 Cb_CPR2 AOKAWDVWNLISEGGYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSKTESFVKNLQMTGAVL RDVW
 Ph_CPR2 TEKAAADIWNMLISQGGYYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIAEQEQGSLDSSKAEATVKKLQTTGRYL RDVW
 Gh_CPR2 MEKAKDIWDMISQGGYYVCGDAKGMARDVHRALHTTIVQEQGSLDSSKAEATVKKLQMSGRYL RDVW
 RC_CPR2 SEKALDIWNMLISQGGYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQ-----
 Pt_CPR2b MQKASDIWNMLISQGGYYVCGDAKGMARDVHRALHTTIVQEQGSLDSSKTESFVKSLQMNGRYL RDVW
 Pt_CPR2a MQKASDIWNMLISQGGYYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSKTESFVKGLQMNGRYL RDVW
 Vv_CPR2 MEKASDIWNMLISQGGYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSKAEATVKKLQMTGRYL RDVW
 Lj_CPR2 MEKASDIWNMLISQGAYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSKAEATVKKLQMTGRYL RDVW
 Psa_CPR2 MEKASDIWNMLISQGAYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSKTESMVKKLQMTGRYL RDVW
 At_ATR2 MDKASDIWNMLISQGAYLYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIAEQEQSMDSIQAGFVKNLQTSGRYL RDVW
 Ec_CPR2 AEKASYIWEMLISQGAYLYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIAEQEQGSLDSSKTESLVKNLQMDGRYL RDVW
 Os_CPR2a AEKAPETWSTIISPGGYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSNTESYVKS LQMEGRYL RDVW
 Sb_CPR2a AOKAAELWSTIISQGGYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSMDSKTESYVKS LQMEGRYL RDVW
 Ta_CPR2a AEKAAELWSTIISQGGYYVCGDAKGMARDVHRALHTTIVQEQGSLDSSKAEATVKKLQMEGRYL RDVW
 Sb_CPR2b AOKASEIWDMLISQGAYIYVCGDAKGMARDVHRMLHTTIVQEQGSLDSSKAEATVKKLQMEGRYL RDVW
 Zm_CPR2b1 AOKASEIWDMLISQGAYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSKAEATVKKLQMEGRYL RDVW
 Zm_CPR2b2 AOKASEIWDMLISQGAYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSKAEATVKKLQMEGRYL RDVW
 Os_CPR2b SQKASEIWDMLISQGGYIYVCGDAKGMARDVHRTLHTTIVQEQGSLDSSKAEATVKKLQTEGRYL RDVW
 Sb_CPR2c VEKATEIWNMLISHGGYYVCGDAKGMARDVHRMLHTTIVQEQGSLDSSKTESYVKS LQMEGRYL RDVW
 Zm_CPR2c VEKATEIWNMLISHGGYYVCGDAKGMARDVHRMLHTTIVQEQGSLDSSKTESYVKS LQMEGRYL RDVW
 Os_CPR2c TEKATEIWNMLISQGGYIYVCGDAKGMARDVHRALHTTIVQEQGSLDSSKTESYVKS LQMDGRYL RDVW
 Ta_CPR2c VDKATEIWNMLISQGGYIYVCGDAKGMARDVHRALHTTIVQEQGSLDSSKTEL FVKKLQMEGRYL RDVW

```

Tch_CPR  LEKASDTWSLIAQGGYLYVCGDAKGMARDVHRTLHTIVQEQESVDSSKAEFLVKKLQMDGRYLRTIW
Tcu_CPR  LEKASDTWSLIAQGGYLYVCGDAKGMARDVHRTLHTIVQEQESVDSSKAEFLVKKLQMDGRYLRTIW
Pm_CPR   TEKGSYIWNLIAQGGYLYVCGDAKGMARDVHRTLHSIVQEQESVDSTSAEATVKKLQTEGRYLRDVW
Sm_CPRb  MEKAVDMWKLISDGAYLYVCGDAKGMARDVHRTLHTIVKQEG--NVSEPEAFVKQLQNDGRYLRDVW
Sm_CPRc  QDKATDLWRLISNGAYLYVCGDAKGMARDVHKLITIVQTEG--NVKEAFAFKQLQNDGRYLRDVW
Sm_CPRa  MKKANQLWDIISGDGYLYVCGDAKGMARDVHRTLHTIVQEQQSLDSSKTEAFVKKLQMDGRYLRDVW
Cre_CPR  GREAAALWPIIGQGAHLYVCGDAKGMARDVHKAFAVLEKGGKCSGTOAEMFVKELTDAGRYQRDVW
consensus .....*.....*****..**..***.....
701.....710.....720.....730.....740.....750.....760.....
    
```