

10	20	30	40	50
MSSSSWLLLS	LVAVTAAQST	IEEQAKTFLD	KFNHEAEDLF	YQSSIASWNY
60	70	80	90	100
NTNITEENVQ	NMNNAGDKWS	AFLKEQSTLA	QMYPLQEIQN	LTVKLQLQAL
110	120	130	140	150
QQNGSSVLSE	DKSKRLNTIL	NTMSTIYSTG	KVCNPDNPQE	CLLLEPGLNE
160	170	180	190	200
IMANSLDYNE	RLWAWESWRS	EVGKQLRPLY	EEYVVLKNEM	ARANHYEDYG
210	220	230	240	250
DYWRGDYEVN	GVDGYDYSRG	QLIEDVEHTF	EEIKPLYEHL	HAYVRAKIMN
260	270	280	290	300
AYPSYISPIG	CLPAHLLGDM	WGRFWTNLYS	LTVPFQKPN	IDVTDAMVDQ
310	320	330	340	350
AWDAQRIFKE	AEKFFVSVGL	PNMTQGFWE	SMLTDPGNVQ	KAVCHPTAWD
360	370	380	390	400
LGKGDFFRIL	CTKVTMDDFL	TAHHEMGHIQ	YDMAYAAQPF	LLRNGANEGF
410	420	430	440	450
HEAVGEIMSL	SAATPKHLKS	IGLLSPDFQE	DNETEINFL	KQALTIVGTL
460	470	480	490	500
PFTYMLEKWR	WMVFKGEIPK	DQWMKKWEM	KREIVGVVEP	VPHDETYCDP
510	520	530	540	550
ASLFHVSNDY	SFIRYYTRL	YQFQFQEALC	QAAKHEGPLH	KCDISNSTEA
560	570	580	590	600
GQKLFNMLRL	GKSEPWTIAL	ENVVGAKNMN	VRPLLNYFEP	LFTWLKDQNK
610	620	630	640	650
NSFVGWSTDW	SPYADQSIKV	RISLKSALGD	KAYEWNDEM	YLFSSVAYA
660	670	680	690	700
MRQYFLKVKN	QMILFGEEDV	RVANLKPRIS	FNFFVTAPKN	VSDIIPRTEV
710	720	730	740	750
EKAIRMSRSR	INDAFLRLND	SLEFLGIQPT	LGPPNQPPVS	IWLIVFGVVM
760	770	780	790	800
GVIVVGIVIL	IFTGIRDRKK	KNKARSGENP	YASIDISKGE	NNPGFQNTDE

VQTSE

Topology

Feature key	Position(s)	Description
Topological domain ⁱ	18 – 740	Extracellular Sequence analysis
Transmembrane ⁱ	741 – 761	Helical Sequence analysis
Topological domain ⁱ	762 – 805	Cytoplasmic Sequence analysis

האזור החוץ תאי, מתחיל משייר 19 (חומצה אמינית גלוטמין (Gln), ומסתיים בשייר 740 (חומצה אמינית סירין (Ser), מסומן בצבע צהוב.

האזור שחוצה את הממברנה, מתחיל משייר 741 (חומצה אמינית איזולאוצין (Ile), ומסתיים בשייר 761 (חומצה אמינית איזולאוצין (Ile), מסומן בצבע ירוק.

האזור התוך תאי, מתחיל משייר 762 (חומצה אמינית פניל אלנין (Phe) ו מסתיים בשייר 805 (חומצה אמינית פניל אלנין (Phe), מסומן באדום.