

Prokineticin Receptor (PROKR1) in pcDNA3.1+
Sequence Range: 1 to 1203

>BamHI

```
|
|      10      20      30      40      50
GGATCCACCATGGAGACCACCATGGGGTTCATGGATGACAATGCCACCAA
      M E T T M G F M D D N A T N>
      _____PROKR1_____>

      60      70      80      90     100
CACTTCCACCAGCTTCCTTTCTGTGCTCAACCCTCATGGAGCCCATGCCA
      T S T S F L S V L N P H G A H A>
      _____PROKR1_____>

     110     120     130     140     150
CTTCCTTCCCATTTCAACTTCAGCTACAGCGACTATGATATGCCTTTGGAT
      T S F P F N F S Y S D Y D M P L D>
      _____PROKR1_____>

     160     170     180     190     200
GAAGATGAGGATGTGACCAATTCCAGGACGTTCTTTGCTGCCAAGATTGT
      E D E D V T N S R T F F A A K I V>
      _____PROKR1_____>

     210     220     230     240     250
CATTGGGATGGCCCTGGTGGGCATCATGCTGGTCTGCGGCATTGGAAACT
      I G M A L V G I M L V C G I G N>
      _____PROKR1_____>

     260     270     280     290     300
TCATCTTTATCGCTGCCCTGGTCCGCTACAAGAACTGCGCAACCTCACC
      F I F I A A L V R Y K K L R N L T>
      _____PROKR1_____>

     310     320     330     340     350
AACCTGCTCATCGCCAACCTGGCCATCTCTGACTTCCTGGTGGCCATTGT
      N L L I A N L A I S D F L V A I V>
      _____PROKR1_____>

     360     370     380     390     400
CTGCTGCCCCCTTTGAGATGGACTACTATGTGGTGCGCCAGCTCTCCTGGG
      C C P F E M D Y Y V V R Q L S W>
      _____PROKR1_____>

     410     420     430     440     450
AGCACGGCCACGTCTGTGCACCTCTGTCAACTACCTGCGCACTGTCTCT
      E H G H V L C T S V N Y L R T V S>
      _____PROKR1_____>

     460     470     480     490     500
CTCTATGTCTCCACCAATGCCCTGCTGGCCATCGCCATTGACAGGTATCT
      L Y V S T N A L L A I A I D R Y L>
      _____PROKR1_____>

     510     520     530     540     550
GGCTATTGTCCATCCGCTGAGACCACGGATGAAGTGCCAAACAGCCACTG
```

```

    A I V H P L R P R M K C Q T A T>
    _____PROKR1_____>

        560        570        580        590        600
    GCCTGATTGCCTTGGTGTGGACGGTGTCCATCCTGATCGCCATCCCTTCC
    G L I A L V W T V S I L I A I P S>
    _____PROKR1_____>

        610        620        630        640        650
    GCCTACTTCACCACCGAGACGGTCCTCGTCATTGTCAAGAGCCAGGAAAA
    A Y F T T E T V L V I V K S Q E K>
    _____PROKR1_____>

        660        670        680        690        700
    GATCTTCTGCGGCCAGATCTGGCCTGTGGACCAGCAGCTCTACTACAAGT
    I F C G Q I W P V D Q Q L Y Y K>
    _____PROKR1_____>

                                >EcoRI
                                |
        710        720        730        740        750
    CCTACTTCCTCTTTATCTTTGGCATAGAATTCGTGGGCCCCGTGGTCACC
    S Y F L F I F G I E F V G P V V T>
    _____PROKR1_____>

        760        770        780        790        800
    ATGACCCTGTGCTATGCCAGGATCTCCCGGGAGCTCTGGTTCAAGGCGGT
    M T L C Y A R I S R E L W F K A V>
    _____PROKR1_____>

        810        820        830        840        850
    CCCTGGATTCCAGACAGAGCAGATCCGCAAGAGGCTGCGCTGCCGCAGGA
    P G F Q T E Q I R K R L R C R R>
    _____PROKR1_____>

        860        870        880        890        900
    AGACGGTCCTGGTGCTCATGTGCATCCTCACC GCCTACGTGCTATGCTGG
    K T V L V L M C I L T A Y V L C W>
    _____PROKR1_____>

        910        920        930        940        950
    GCGCCCTTCTACGGCTTCACCATCGTGCGCGACTTCTTCCCCACCGTGTT
    A P F Y G F T I V R D F F P T V F>
    _____PROKR1_____>

        960        970        980        990        1000
    TGTGAAGGAGAAGCACTACCTCACTGCCTTCTACATCGTCGAGTGCATCG
    V K E K H Y L T A F Y I V E C I>
    _____PROKR1_____>

        1010       1020       1030       1040       1050
    CCATGAGCAACAGCATGATCAACACTCTGTGCTTCGTGACCGTCAAGAAC
    A M S N S M I N T L C F V T V K N>
    _____PROKR1_____>

        1060       1070       1080       1090       1100
    GACACCGTCAAGTACTTCAAAAAGATCATGTTGCTCCACTGGAAGGCTTC

```

D T V K Y F K K I M L L H W K A S>
____PROKR1____>

1110 1120 1130 1140 1150
TTACAATGGCGGTAAGTCCAGTGCAGACCTGGACCTCAAGACAATTGGGA
Y N G G K S S A D L D L K T I G>
____PROKR1____>

1160 1170 1180 1190 1200
TGCCTGCCACCGAAGAGGTGGACTGCATCAGACTAAAATAACTCGAGTCT
M P A T E E V D C I R L K *>
____PROKR1____>

AGA