

GCT --MWTNVFRIGGLHNVSWFQFLPSETELNPGFDRSSRAEQNEVATYLVLSSHLRLQKEGF 58
Hs MED13 MTAAANWVANGASLEDCHSNLFLSLAELTGIKWRRYNFGGHGDCGPIISAPAQDDPILLSF 60
:* . * . : . : : . . : * . . : : . . : : . *

GCT LTTWTNSFVGPWDPSQGLYNPDEKIKLWLFLPGRHSSISDKAQAAVS KLRVVASGIWVAP 118
Hs MED13 IRCLQANLLCVWRR---DVKPDKELWIFWWGDEPNLVG---VIHHELQVVEEGLWEN- 112
: : : * : : * * * * . . . : . . : * : * * * * *

GCT GDSEEISVAFSQSLRNCIERALSGISYMRFGDVFSKFS PQSEE-----YLR 165
Hs MED13 GLSYECRTLLFKAIHNLLERCLMDKNFVRIGKWFVRPYEKDEKPVNKSEHLSCAFTFFLH 172
* * * . : : : * * * . . . : * : * . * : : * : : : : *

GCT GQP-----TVEFIFAATEEAVFVHVII SAKNVRTLSSGDAERMLRSSL 208
Hs MED13 GESNVCTSVEIAQHQPYYLINEEHIHMAQSSPAPFQVLVSPYGLNGTLTGQAYKMSDPAT 232
* : . . * . * . * : * : * . . . : * : * * * : *

GCT KNSSYRLPAFRKCLGLAKSEDNRLCYINTSHRPMFLPPVIVSPHGMRG--SLTGFPCNDL 266
Hs MED13 RKLIEEWQYFYPMVLKKEESKEEDELGYDDDFPVAVEVIVGGVRMVYPSAFVLISQNDI 292
: : . * : * . * . . . : . . . : * * . * : : . . * * :

GCT VKQVYFSSGNLKTSTGYVGLP-----SHIGRGSRLINGNHCVVEV 306
Hs MED13 PVPQSVASAGGHIAGVQQGLGSVKDPSNCGMPLTPPTSPEQAILGESGGMQSAASHLVSQ 352
. : * . . : : * * * : : * . . . : . . * .

GCT TLGCCQNRN-DNTSQANSTFAVNLPHNQCEPSVSGKDRKQSDLSSVCEKKFIYPAEA 365
Hs MED13 DGGMITMHSFKRSKIPPKLHNHMVHRVWKECILNRTQSKRSQMSTPTLEEEPASNPAW 412
* : : . . : : * . * : . . : : * . . . : * : **

GCT VLVPIQLSFAKFLKRGDFDCLGASEN---KSDGFYEKNGYNSSGSSRNSSISSTS-- 420
Hs MED13 DFVDPTQRVSCSRSRHKLLKRCVAGPNRPPTVSQPGFSAGPSSSSSLPPPASKHKTAER 472
: * * . . * : : . : * * * . . * * * * * :

GCT -----SASSGSGWRMTSRTGDLADADSLTCRQSGLT 452
Hs MED13 QEKGDKLQKRPLIPFHHRPSVAEELCMEQDTPGQKLGLAGIDSSLEVSSSRKYDKQMAVP 532
. : * . : : . . * : : . . : *

GCT CNDDRLKMGSK-----RPRTGMAESFG--QVGIENDQIGWDWDADDD 492
Hs MED13 SRNTSKQMNLPMDSPHSPISPLPPTLSQPGRQETESLDPPSVPVNPALYGNGLQL 592
. . : : * : : : : * * : * * . . * : : * . : : :

GCT DDDREVGM DIKALLSEFGDFGDFENDALPFGEPPGTAESHVLVFPD SADVGSSP---- 548
Hs MED13 STLDDRTVLVGQRLPLMAEVSETALYCGIRPSNPESSEKWWHSYRLPPSDDAEFRPPELQ 652
. : : : * . : : : : . : : * : : : * * * . *

GCT -----VDMMDVSDQIVLPVGFSSFESEFNVPVPIIDECLIKSQEVLHSSITSVP--S 597
Hs MED13 GERCDAKMEVNSESTALQRLLAQPKNRFKIWQDKQPQLQPLHFLDPLPLSQPGDSLGEV 712
* : . . : * * . * : : : * : : : . * . . .

GCT NQMSISSTGEFDHLLKAEAMMTFAPEYGAVEAPMSEISSSTFFKSPYLPKSHKVESSNSRT 657
Hs MED13 NDPYTFEDGDIKYIFTANKKCKQGTEKDSLKKNKSEDFGFTKDVTTPGHSTPVPDGKNAM 772
* : . * : : : * : . . * : : : * * . . . : * * . . .

GCT SNYVYGATPPTDSDGAG----DMILFGSKSCIGNAGR TLYHSREHYTQVEGRKGRHD 712
Hs MED13 SIFSSATKTDVQRDNAAGRAGSSSLTQVTDLAPSLHLDNIFDNSDDDELGAVSPALRSS 832
* : : : * * . . : : . . : : * : . . * .

GCT KLPTVISDNS-----STKEGVSQSIHSHKSAANAVK 743
Hs MED13 KMPAVGTEDRPLGKDGRAAVPYPTVADLQRMFPTPPSLEQHPAFSPVMNYKDGISSETV 892
* : * * : : : . . * : : *

GCT VVQGGKTDGISAVVSTLLSSK TLLATD-----VGSVMFQA 778
Hs MED13 TALGMMESPMVSMVSTQLTEFKMEVEDGLGSPKPEEIKDFSYVHKVPSFQPFVGSMSFAP 952
. . * . : : * * * * . . : . * * * * *

GCT FCMRMRHII TSSKHSSPVSLTR-----LSGNFFLNQLSNEPSTLTDNISAR 824
Hs MED13 LKMLPSHCLLPLKIPDACLF RPSWAIPPKEQLPMPPAATFIRDGYNNVPSVGLADPDY 1012
: * : . * . . . : : : * : : . * ** . : .

GCT NEIYKKDIPTR IAGDFDGGMLDS-HMSAPVGVWRTVSVPKTAKPASSPNI EAGSS----- 878
Hs MED13 LNT PQMNTPVTLNSAAPASNSGAGVLPSPATPRF SVPTPRTPRTPRTPRGGGTASGQGSV 1072
: : : * . : . . . : : : * . : * . * : * . . . : *

GCT -----LPHSSFSEDSL SYQRQPLQDLLDGIALLVQQATS-----FVDLALDSDC 924
Hs MED13 KYDSTDQGS PASTPSTTRPLNSVEPATMQPIPEAHSLYVTLILSDSVMNIFKDRNFDSCC 1132
* * : * * . : . : * : : . : * * * * * * * * : * * *

GCT GDGP-----YGWLALEELWRRELSCGP-----SAGHAGCGGTLASCHSLDIAG---- 967
Hs MED13 ICACNMNIK GADVGLYIPDSSNEDQYRCTCGFSAIMNRKLGYN SGLFLEDELDFGKNSD 1192
. * : . . : * : * . . * . . * * . * * * *

GCT -----VKLVDP LSAEVFPSSVITLLQSDIKTALKSA-----FGQSDG 1004
Hs MED13 IGQAAERRLM MCQSTFLPQVEGTTKKPQEPPI SLLLLLQHQHTQPFASLNFLDYISSNNRQ 1252
: : . . . : * * : : * * . : . : * . . .

GCT PLSVTDWCKGRNQSGDGGSI SEGF TAE----- 1032
Hs MED13 TLP CVSWSYDRVQADNNDYWTECFNALEQGRQYVDNPTGGKVDEALVRSATVH SWPHSNV 1312
.* . * . * * : . . . : * * . *

GCT -ALSEVNGVNI SDDFIIDKYFGKQAVSNAIDGGK GDETAQSQDIYSSELLR----- 1082
Hs MED13 LDISMLSSQDVVRMLLSLQPFLODAIQKRRTGRTWENIQHVQGPLTWQOFHKMAGRGTYG 1372
: * . . . : : : : * : : : : * . : : : * . : : : :

GCT --PTLFVLPSPAILVGYQDDWLKISTNSLTHWEKAPFEPYALPKSINYAVVCPDIDPLTC 1140
Hs MED13 SEESPEPLPIPTLLVGYDKDFLTISPFSLPFWERLLLLPYGGHRDVAYIVVCPENEALLE 1432
: * * * : : * * * : * * . * * . * * : : * * . : : * * * * : : *

GCT AATDF FQQLGTGESTLSL FVKEVMLKHDRNWLGTHLPQSLGNQMEKDVGR LSSSGFVLLD 1200
Hs MED13 GAKTFFRDL SAVYEMCRLGQHKPICKVLRD GIMRVGKTVAQKLTDELVSEWFNQPSGEE 1492
.* * * : * . : . . : : * * : : : : : * . . . : :

GCT CPQSMKIESNNTSLLGSLSDYFLSLSNGWNVNSYLKSLSKALKGLKLGSGLYTNQKEGSG 1260
Hs MED13 NDNHSRLKLYAQVCRHHLAPYLATLQLDSSLLIPP KYQTPPAAAQQA TPGNAGPLAPNG 1552
: : : * : * : * . . . : * : . . . : . . . *

GCT SPCVVVYIVCPFPDPSAVLRTIVESSIALG SVIQSDRRRSILNSQVARAFSSSTAVDEA 1320
Hs MED13 SAAPPAGSAFNPTSNSSSTNPAASSSASGSSVPPVSSSASAPGISQIS--TTSSSGFSGS 1610
* * : . . . * * : * * . . : * * : : * * : : * * : : *

GCT SISHIPVLSGFSVPKLVLQVSVDSIFRITSPSFNELVILKDTAFSVYNKARRISRGMPN 1380
Hs MED13 VGGQNPSTGGISADRTQGNIGCGG----DTPGQSSSQPSQDQESVTERERIGIPTEPD 1666
. : * . * : * . : : . . * . * . . : * * * : : * * * :

GCT DAFFSSSLPSRSSSALTPMNSISGIWKDCGGSMRTGSTHPRDGEIDVSLRTSGWDTSTSW 1440
Hs MED13 SADSHAHPPAVVIYMVPFTYAAEEDSTSGNFWLLSLMRCYTEMLDN--LPEHMRNSFIL 1724
.* : * : * : * . : . . * . : . : * * . . *

GCT QIPRSGGLSCDPNRNGDFYLNDEIFYLFEPLFILSEPGSV ERGVSPFTSLGSESSKPIP 1500
Hs MED13 QIVPCQYMLQTMKDEQVFIQYLYKSMAFSVYCQRRPLPTQIHIKSLTGFGPAASIEMTL 1784
** . : : : * * : * . * . * : : . . : * * :

GCT EDGGRGSGPGMNS----MEGITSGSSSQGDV SQLEKAI PSLHCCYGWTE DWRWLVS IWT 1556
Hs MED13 KNPERPSPIQLYSPFFILAPIKDKQTELG ETFGEASQKYNVLFVGYCLSHDQRWLLASCT 1844
: : * * : * : * . . . * : . : * . * : * * * : * *

GCT DAR-VLQQGCQILQACSSPDN-----GSFKPRDFVITRIGNFFELEYQEWQKAIYS 1606
Hs MED13 DLHGELLETCVVNIALPNRRSRKVSARKIGLQKLWEWCIG-IVQMTSLPWRVVIGRLGR 1903
* : * : * : * * * : : * * : : * * : : *

```

GCT          AGGPEIKKWPIQLRRSAPSGIATNSNGSSLQQQDLSLIQERASSTSTLYSSHSKQSTFVK 1666
Hs MED13    LGHGELKDWISILLGECSLQTIISKLLKDVCRMCG-ISAADSPSILSACLVAMEPQGSFVVM 1962
            *  *:*:*:* *  ..: . *::: . . . . . :*  .. :  :: * :  ..: *  .*

GCT          G---SMGQSAGRKQIMGGQTIISGTPRGLFQVWHISISFASISLDHSLHFVLP-AELVSAGG 1722
Hs MED13    PDAVTMGSVFGRSTALNMQSSQLNTPQDASCTHILVFPTSSTIQVAPANYPNEDGFSPPN 2022
            :**  **  .. * :  . . . . . . * : * : * :  *  : * . . .

GCT          GQSSTGMSSVNYIEGFTPVKSLG--STAFSYMIPSPNMRFLHPSPLQLPTCLTAESPPL 1780
Hs MED13    DDMFVDLPFPDDMDNDIGILMTGNLHSSPNSSPVSPGSPSGIGVGSHFQHSQSQGERLL 2082
            .:  . . . . :  :: .  *  :: .  :***.  . . . . . :  . :  .  *

GCT          AHELLHSGYAIPLSTGFVVS----KAVPSMRKDSRINVKKEWPSVLSVSLIDYGGYDNA 1836
Hs MED13    SREAPEELKQQPLALGYFVSTAKAENLPQWFSSCPQAQNQCPLFLKASLHHHIS--VAQ 2140
            ::  .:  ** : * : * *  : : * .  . *  : : : : *  . * . * *  . : .

GCT          HDKILQGIVKQGGGKETRDFEVESHLLILESIAAELHALSWMTVSPAYLDRRTALPFHCD 1896
Hs MED13    TDELLPARNSQRPVPHPLDSKTTSD---VLRFVLEQYNALSWLTCNPATQDRTSCLPVHFV 2197
            *::*  .  .*  .  :  : * .  :  : :***:*  .*  **  :***.*

GCT          MVLRLRRLHMFADKEVSRIPTKTV 1921
Hs MED13    VLTQLYNAINIL----- 2210
            :: : *  . :

```

identical residues (*) 313/1921 = 16%

highly conserved residues (same color) (:) 358/1921 = 19%

semi-conserved residues (.) 353/1921 = 18%

Alignment made with Clustal W <http://www.ebi.ac.uk/clustalw/>

Colors:

Red = Small and hydrophobic residues (AVFPMILW)

Blue = Acidic residues (DE)

Magenta = Basic residues (RK)

Green = Hydroxyl + Amine (STYHCNGQ)