

Gblocks 0.91b Results

Processed file: **ClectinNov18.v2.fas**

Number of sequences: **20**

Alignment assumed to be: **Protein**

New number of positions: **55** (selected positions are underlined in blue)

	10	20	30	40	50	60	
SpEchinoidin-L1	<u>CPPL</u> <u>WT</u> AFQNN <u>CYRY</u> F	SVKNITWLG	<u>AEMH</u> <u>CSG</u> F	SVPCSDVDSTINL	<u>GHL</u> <u>TS</u>	IHSKEKMTF	
SpEchinoidin-L	<u>CPPL</u> <u>WT</u> AFQNN <u>CYRY</u> F	SVKNITWLG	<u>AEMH</u> <u>CSG</u> F	SVPCSDVDSTISL	<u>GHL</u> <u>TS</u>	IHSKEEMTF	
SpEchinoidin	<u>CPKL</u> <u>WT</u> GFRNH <u>CYRF</u> F	SHELTWLA	<u>AENF</u> <u>CRS</u> F	TVPSWGEVTRTNS	<u>GHL</u> <u>VS</u>	IHSQPEQDF	
OwSM20	<u>CRPL</u> <u>WT</u> RFQNN <u>CYRF</u> F	GEATTWKE	<u>AESS</u> <u>CRQ</u> F	FV-TV-----	SKP <u>GHL</u> <u>VS</u>	IHSKDENDF	
Sp-clect-p	<u>CP</u> <u>TF</u> <u>WT</u> GYGNY <u>CYRY</u> F	NDVKTWLE	<u>AEFY</u> <u>CRT</u> F	FG-AG-GCMGQTGQA	<u>H</u> <u>LV</u> <u>S</u>	IHSQDENDF	
OwSM21	<u>CPPL</u> <u>WT</u> SGPKG <u>CYRY</u> F	AKARTWEA	<u>ARDH</u> <u>CSG</u> F	FS-SC----	VGNSI <u>G</u> <u>N</u> <u>LV</u> <u>S</u>	I ⁺ GSQAENDY	
OwSM22	<u>CPPL</u> <u>WT</u> KLGAD <u>CYRY</u> F	GFPRPMRI	<u>AERV</u> <u>CAQ</u> F	FT-SC-SDAGTTAVA	<u>H</u> <u>L</u> <u>S</u>	IANGAQN ⁺ TY	
OwSM24	<u>CPPL</u> <u>WT</u> HLGDS <u>CYRF</u> F	PDRLRWED	<u>AKTT</u> <u>CGQ</u> F	FA-PC----	SAEAL <u>G</u> <u>Q</u> <u>L</u> <u>V</u> <u>K</u>	IADAQVNEF	
Sp-clect-14	<u>CI</u> <u>P</u> <u>G</u> <u>WT</u> NFGKY <u>CYK</u> <u>F</u> F	NQRMNWLQ	<u>AQRE</u> <u>CNK</u> <u>YS</u>	AL---NGTTPR	<u>G</u> <u>Y</u> <u>L</u> <u>M</u> <u>T</u> <u>S</u> <u>K</u> <u>D</u> <u>Q</u> <u>H</u> <u>N</u> <u>N</u> <u>F</u>		
Spclect-13	<u>CQ</u> <u>P</u> <u>G</u> <u>WT</u> NFGKF <u>CYK</u> <u>Y</u> <u>F</u>	YERLPFME	<u>AQMQ</u> <u>CLS</u> F	FR-AS----	PLAPR <u>G</u> <u>Y</u> <u>L</u> <u>I</u> <u>T</u> <u>A</u> <u>K</u> <u>D</u> <u>Q</u> <u>T</u> <u>H</u> <u>N</u> <u>R</u> <u>F</u>		
SpSM29	<u>CL</u> <u>P</u> <u>G</u> <u>WT</u> NFGNF <u>CYK</u> <u>Y</u> <u>I</u>	WQRLPYDE	<u>ANMF</u> <u>CAR</u> F	FS-AQRPGFGMPPR	<u>G</u> <u>H</u> <u>L</u> <u>I</u> <u>V</u> <u>T</u> <u>K</u> <u>D</u> <u>M</u> <u>M</u> <u>H</u> <u>N</u> <u>K</u> <u>F</u>		
SpSM50	-----	MRVPYRM	<u>A</u> <u>S</u> <u>E</u> <u>F</u>	CEMVT-PC--	GNGPAKM <u>G</u> <u>A</u> <u>L</u> <u>A</u> <u>S</u> <u>V</u> <u>S</u> <u>S</u> <u>P</u> <u>O</u> <u>E</u> <u>N</u> <u>M</u> <u>E</u>		
SpSM32	<u>CP</u> <u>A</u> <u>Y</u> <u>S</u> <u>Q</u> <u>S</u> <u>G</u> <u>Q</u> <u>S</u>	<u>CYRY</u> <u>F</u>	NIPLAYQW	<u>A</u> <u>S</u> <u>E</u> <u>F</u>	CEMVT-PC--	GNGPAVM <u>G</u> <u>T</u> <u>L</u> <u>A</u> <u>A</u> <u>P</u> <u>K</u> <u>S</u> <u>P</u> <u>O</u> <u>E</u> <u>N</u> <u>M</u> <u>E</u>	
SpAggrecan	<u>CP</u> <u>H</u> <u>A</u> <u>WT</u> QRNGY <u>CYRY</u> F	DDMLPWSV	<u>AESR</u> <u>CHE</u> <u>H</u> <u>F</u>	DS-----	DGIA <u>H</u> <u>L</u> <u>V</u> <u>S</u>	IHDQAENDF	
Spclect-25	<u>CP</u> <u>F</u> <u>G</u> <u>W</u> <u>S</u> <u>Q</u> <u>S</u> <u>G</u> <u>R</u> <u>S</u>	<u>CYK</u> <u>V</u> <u>S</u>	QMAATYEQ	<u>A</u> <u>A</u> <u>M</u> <u>L</u>	<u>C</u> <u>S</u> <u>Q</u> <u>Q</u> <u>S</u>	SC----ETGFG <u>G</u> <u>H</u> <u>L</u> <u>V</u> <u>S</u>	IITDFEKQQ
SpPM27	<u>CK</u> <u>G</u> <u>G</u> <u>W</u> <u>F</u> <u>L</u> <u>I</u> <u>G</u> <u>Q</u> <u>Q</u>	<u>C</u> <u>F</u> <u>K</u> <u>M</u>	SRALKWND	<u>A</u> <u>E</u> <u>L</u> <u>M</u>	<u>C</u> <u>E</u> <u>Q</u> <u>N</u> <u>A</u>	PC----GTPVL <u>G</u> <u>G</u> <u>V</u> <u>M</u> <u>T</u>	I ⁺ PDIQTSNA
SpClect	<u>CA</u> <u>P</u> <u>Y</u> <u>F</u> <u>T</u> <u>Y</u> <u>N</u> <u>N</u> <u>G</u> <u>S</u>	<u>CYR</u> <u>M</u> <u>S</u> <u>R</u> <u>L</u> <u>E</u> <u>G</u> <u>M</u> <u>P</u> <u>F</u> <u>A</u> <u>Q</u>	<u>A</u> <u>N</u> <u>L</u> <u>F</u>	<u>C</u> <u>G</u> <u>Q</u> <u>C</u> <u>H</u>	PG-----	A <u>H</u> <u>L</u> <u>V</u> <u>V</u> <u>I</u> <u>S</u> <u>D</u> <u>A</u> <u>A</u> <u>E</u> <u>H</u> <u>E</u> <u>F</u>	
SpSM30a	<u>CA</u> <u>K</u> <u>F</u> <u>W</u> <u>V</u> <u>Q</u> <u>E</u> <u>G</u> <u>N</u> <u>S</u>	<u>CY</u> <u>L</u> <u>F</u> <u>D</u> <u>N</u> <u>E</u> <u>N</u> <u>G</u> <u>L</u> <u>F</u> <u>Q</u> <u>A</u> <u>A</u>	<u>A</u> <u>N</u> <u>M</u> <u>Y</u>	<u>C</u> <u>G</u> <u>Q</u> <u>M</u> <u>H</u>	PN-----	AS <u>L</u> <u>V</u> <u>T</u> <u>V</u> <u>N</u> <u>S</u> <u>L</u> <u>A</u> <u>E</u> <u>N</u> <u>N</u> <u>F</u>	
SpSM37	<u>CP</u> <u>P</u> <u>S</u> <u>W</u> <u>V</u> <u>K</u> <u>V</u> <u>E</u> <u>N</u> <u>S</u>	<u>CYR</u> <u>A</u> <u>F</u>	GQLKTYDM	<u>A</u> <u>S</u> <u>Q</u> <u>S</u>	<u>C</u> <u>K</u> <u>T</u>	FT-GC----	DGISP <u>G</u> <u>H</u> <u>L</u> <u>A</u> <u>A</u> <u>P</u> <u>T</u> <u>T</u> <u>F</u> <u>E</u> <u>R</u> <u>R</u> <u>A</u>
Spclect-76	-----	MTFNE	<u>A</u> <u>T</u> <u>F</u> <u>F</u>	<u>C</u> <u>N</u> <u>R</u> <u>Y</u> <u>G</u>	-----	<u>G</u> <u>S</u> <u>L</u> <u>Y</u> <u>A</u> <u>L</u> <u>D</u> <u>S</u> <u>P</u> <u>S</u> <u>K</u> <u>N</u> <u>R</u> <u>I</u>	

	70	80	90	100	110	120														
SpEchinoidin-L1	LSGLHESLRSKLVSTTT	-----	Y	<u>V</u> <u>W</u> <u>I</u> <u>G</u> <u>L</u>	HDQTTEDSWE	<u>W</u> <u>S</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>S</u> <u>S</u> <u>L</u> <u>D</u>														
SpEchinoidin-L	LSVLYESIRSKVVTSTT	-----	Y	<u>V</u> <u>W</u> <u>I</u> <u>G</u> <u>L</u>	HDKTTEASWE	<u>W</u> <u>S</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>S</u> <u>S</u> <u>Q</u> <u>D</u>														
SpEchinoidin	VTALYESSRKKGDENA	-----	G	<u>H</u> <u>W</u> <u>F</u> <u>G</u> <u>L</u>	HDTSTDGTFE	<u>W</u> <u>T</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>T</u> <u>P</u> <u>V</u> <u>D</u>														
OwSM20	V---YTLWQSHLISGLRDS	DPGVVDRTN	A	<u>V</u> <u>L</u> <u>I</u> <u>G</u> <u>L</u>	NDLATEGTYA	<u>W</u> <u>S</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>T</u> <u>L</u> <u>V</u> <u>D</u>														
Sp-clect-p	L---FSYFDTVRNKLPPA	IGPIRDE	R	<u>L</u> <u>W</u> <u>L</u> <u>G</u> <u>L</u>	TDKKQEGFWT	<u>W</u> <u>S</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>T</u> <u>N</u> <u>L</u> <u>D</u>														
OwSM21	V---KLLRESSILATPAP	-----	S	<u>I</u> <u>W</u> <u>T</u> <u>A</u> <u>G</u> <u>N</u> <u>D</u> <u>R</u> <u>I</u> <u>R</u> <u>E</u> <u>G</u> <u>N</u> <u>W</u> <u>Q</u>	<u>W</u> <u>A</u> <u>N</u> <u>G</u> <u>Q</u>	<u>P</u> <u>W</u> <u>D</u>														
OwSM22	L---YNLIESVAPELPPA	-----	P	<u>V</u> <u>W</u> <u>I</u> <u>G</u> <u>L</u>	NDIVREGDFR	<u>W</u> <u>P</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>T</u> <u>Q</u> <u>Y</u> <u>V</u>														
OwSM24	L---GIYLN ⁺ SFVPQPPAT	-----	D	<u>F</u> <u>W</u> <u>I</u> <u>G</u> <u>A</u> <u>S</u> <u>D</u> <u>L</u> <u>G</u> <u>L</u> <u>E</u> <u>G</u> <u>R</u> <u>F</u> <u>T</u> <u>N</u> <u>V</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>T</u>	<u>P</u> <u>V</u> <u>T</u>	-----														
Sp-clect-14	Q---HNWLRYTGGGLN	-----	K	<u>V</u> <u>W</u> <u>L</u> <u>G</u> <u>L</u>	SEKTNN-NYFW	<u>A</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>T</u> <u>P</u> <u>L</u> <u>L</u>														
Spclect-13	Q---HNFLTFTGGANN	-----	K	<u>V</u> <u>W</u> <u>M</u> <u>G</u> <u>L</u>	AERQYNVFW	<u>W</u> <u>A</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>T</u> <u>P</u> <u>F</u> <u>R</u>														
SpSM29	Q---HNWLRYTGGGAN	-----	K	<u>I</u> <u>W</u> <u>M</u> <u>G</u> <u>L</u>	AELPSAPRYFW	<u>A</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>T</u> <u>E</u> <u>F</u> <u>F</u> <u>F</u> <u>T</u> <u>R</u> <u>N</u> <u>F</u> <u>V</u>														
SpSM50	I---YQLVAGFSQDNQMEN	-----	E	<u>V</u> <u>W</u> <u>L</u> <u>G</u> <u>W</u> <u>N</u> <u>S</u> <u>Q</u> <u>S</u>	---PFFW	<u>E</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>T</u> <u>P</u> <u>A</u> <u>Y</u> <u>P</u> <u>N</u> <u>G</u> <u>F</u> <u>A</u> <u>A</u>														
SpSM32	I---YRLVASFSQDNQMER	-----	E	<u>V</u> <u>W</u> <u>L</u> <u>G</u> <u>W</u> <u>N</u> <u>S</u> <u>M</u> <u>N</u>	---PFMW	<u>E</u> <u>N</u> <u>G</u> <u>A</u> <u>P</u> <u>A</u> <u>P</u> <u>H</u> <u>G</u> <u>F</u> <u>S</u> <u>A</u>														
SpAggrecan	I---FDIFNSANGDHGDL	DI	T	N	P	G	T	L	P	T	G	M	<u>W</u> <u>T</u> <u>G</u> <u>L</u>	HQEV	R	D	G	P	W	<u>W</u> <u>S</u> <u>D</u> <u>G</u> <u>S</u> <u>S</u> <u>N</u>
Spclect-25	V---TDILNFNQMARN	-----	E	<u>T</u> <u>W</u> <u>L</u> <u>G</u> <u>L</u>	--RTYNG	PLR	<u>W</u> <u>A</u> <u>S</u> <u>G</u> <u>E</u> <u>P</u> <u>L</u> <u>N</u>	-----	PA											
SpPM27	V---INHLKSL ⁺ SSTAMAIDI	-----	P	<u>F</u> <u>W</u> <u>T</u> <u>G</u> <u>L</u>	HNKRYEG	W	<u>W</u> <u>P</u> <u>A</u> <u>G</u> <u>Q</u> <u>P</u> <u>L</u> <u>R</u>	-----												
SpClect	L---YNNFYGFEP	-----	E	<u>V</u> <u>W</u> <u>V</u> <u>G</u> <u>L</u>	FFNSTTLAWE	<u>W</u> <u>V</u> <u>N</u> <u>G</u> <u>E</u> <u>P</u> <u>A</u>	-----													
SpSM30a	L---YEWAVRMMVEPE	-----	P	<u>V</u> <u>W</u> <u>I</u> <u>G</u> <u>L</u>	HA-GPMGQWQ	<u>W</u> <u>Y</u> <u>S</u> <u>G</u> <u>E</u> <u>P</u> <u>V</u> <u>T</u>	-----													
SpSM37	VKIRFDLLRPIGGNRIGEG	QRLRPS	N	<u>V</u> <u>W</u> <u>M</u> <u>G</u> <u>F</u> <u>R</u>	LGQGANS	<u>W</u> <u>D</u> <u>S</u> <u>T</u> <u>E</u> <u>Q</u> <u>Y</u> <u>D</u>	-----	NLL												
Spclect-76	M---LSYLT ⁺ TVFGQRRQ	-----	K	<u>F</u> <u>W</u> <u>T</u> <u>G</u> <u>F</u> <u>Y</u> <u>K</u> <u>A</u> <u>E</u> <u>N</u> <u>A</u> <u>L</u> <u>G</u> <u>W</u> <u>R</u> <u>W</u> <u>S</u> <u>T</u> <u>G</u> <u>S</u> <u>T</u> <u>S</u> <u>Q</u>	-----															

	130	140	150	160	170	180
SpEchinoidin-L1	Y-EI W EP-- G Q P SSHN---G--N Q D C V M FFSS-----N K Y K W NDL A C					
SpEchinoidin-L	Y-EI W AS-- G Q P NNYG---G--N Q D C G V FSST-----S E Y K W ND F A C					
SpEchinoidin	F-TH W KP-- G Q P DNYPNHVG--N E N C G V MRSH-----S G S Q W KD G R C					
OwSM20	FGPY W KP--D Q P NNYG---G--N Q D C SS M H K RDG-----T D D G W ND I V C					
Sp-clect-p	Y-AN W RA-- G E P NNNG---G--N E D Y A Q MS V EIN-----H E G L W FD M T D					
OwSM21	Y-AN W EQ-- G Q P NN Q G---G--A E N C L R F P G Q R-----S V D Q W DD F D C					
OwSM22	F-K N W ER-- G H P NN Q G-----N S D C V A M P G E R-----P G A G W V S M N C					
OwSM24	F-T N W AQ-- G Q P D N G A Q S T G Q--P E N C V M Y G G-----E T K L W S D A S C					
Sp-clect-14	W-N K W KI--D Q P Q L NA-----H I Q G V H T F D N M V -----D M T W V T S F Y					
Spclect-13	W-N L F K P--D Q P Q Q NH-----H I D G V F T F D N Y-----P Y Q T W V T S S H					
SpSM29	F-N R F K P--D Q P Q Q NA-----H R Q A V H S F N N R-----P D N S W V T T S V					
SpSM50	F S S S W P V N P Q N P M S G P-----P G R A P V M K R Q N P P V R P G Q G R Q I P Q G--V G P Q W E A V E V					
SpSM32	F D S G W P V N T R N P F G M P-----P G F A P V M R R E L G T I P G R Q G P N R R M I P A S Q G P V W Q V A E L					
SpAggrecan	Y-TH W LP-- G Q P D N G Y H A R G R L N E D C V I I W R N D D N G S E -----S T R Q W D D I G C					
Spclect-25	L T N P W H P -- G N P M R G-----P N M C T V S-----F Q N R W A T R N C					
SpPM27	F-V N W A P --R E P N N Q L L D Q Q --H S Y C A R M N -----R M G Q W Y V V R C					
SpClect	L N V P W E P F Y G E P L V T H -----Q G A A M M Y V S E V I D Q Q T T L K Y G-----Y G I E V S D Y L V					
SpSM30a	Y-T N W ER M -T A P M A E P-----G L G A M I F D A D I I A Q M F N N Q V E-----I T P Q W V P E Q A					
SpSM37	L D Q H W G P --N R P N M P G Q R P Q A Q A F D C M T L P G Q M Q M N G-----A V Q K W G H I A C					
Spclect-76	Y-T D W E A -- G K P A T T N -----E A I G A V A W G-----G T H H W S D T W Q					

	190
SpEchinoidin-L1	D S D G D T A Y H G S A Y V C K L
SpEchinoidin-L	D S D G D S P H H A T A Y V C K L
SpEchinoidin	V Q P S D S A I H Y --F I C K T
OwSM20	G A G D E G P L P---Y I C K I
Sp-clect-p	A H G D Y I V H ---Y I C K M
OwSM21	L T E L P-----Y I C H L
OwSM22	M E E F A-----Y I C K M
OwSM24	A M M P -----Y I C M M
Sp-clect-14	K T E M S-----F I C Q Y
Spclect-13	E T Q M S-----F T C Q Y
SpSM29	E T E V S-----F I C Q Y
SpSM50	T A M R A-----F V C E V
SpSM32	T G P T H A -----F V C E V
SpAggrecan	D I Q G G M P-----Y V C K M
Spclect-25	N M R R Q-----F I C E M
SpPM27	D E P M Y-----F A C S M
SpClect	S E L G E E P L P---F I C E Y
SpSM30a	I N D R H A -----L I C E Y
SpSM37	N M Q A A-----Y M C E I
Spclect-76	D E P L S A S F A---F I C Q A