

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

DGC <i>Ht</i>	MSKPAPSLHDKLNQLRERFIEQLPSRLAQTAEWQQSRTTSEEQARLAPELHRFFHSLKG	60
WspR <i>Pa</i>	-----	0
PleD <i>Cc</i>	-----	0
DGC <i>Ht</i>	TGRSLGFERLAQLADQAQEALTTSPARADIDTFISQLLLMGHEQQHLRSHQGOQALAA	120
WspR <i>Pa</i>	-----MHNPHESKTDLG-----	12
PleD <i>Cc</i>	-----	0
DGC <i>Ht</i>	VNSFELSSQVEPLRNKRQRLIYLCDDEPEQVDQLIHHLR-CFGHEVVQFIDTDTFFNAVL	179
WspR <i>Pa</i>	-----APLD--GAVMVLVDDQAMIGEAVRRSLASEAGIDFHFCSDPQQAVAVAN	60
PleD <i>Cc</i>	-----MSARILVDDIEANVRLLEAKLT-AEYVEVSTAMDGPTALAMAA	43
	: : ** : * : . * . .	
DGC <i>Ht</i>	TRRPDAVIMDVFQFPQQTAGTETLTSLNKLTG---QPLPAIVLSAHSDFHSRLSAVRAG	235
WspR <i>Pa</i>	QIKPTVILQDLVMP----GVDGLTLLAAYRGNPATRDIP IIVLSTKEEPTVKSAAFAAG	115
PleD <i>Cc</i>	RDLPDI ILLVMMP----GMDGFTVCRKLDKDDPTTRHIPVVLITALDGRGDRIQGLESG	98
	* : : * : * * : * . : * : : : : . : . . * :	
DGC <i>Ht</i>	CGGYFTKPKVPLDLMLAVDEL TAPAAE-----E-----PLKVLV	269
WspR <i>Pa</i>	ANDYLKLPDAIELVARIRYHSRSYIALQQ---RDE-----	148
PleD <i>Cc</i>	ASDFLTKPIDDVMLFARVRSLTRFKLVIDELRQREA SGRRMGVIAGAAARLDGLGGRVLI	158
 * . : * . : :	
DGC <i>Ht</i>	VDDEPEAAAYHALLLEESGMLTHQVHH-PADALTVMERFSPDLLLV D VYMPVCSGEELAS	328
WspR <i>Pa</i>	-----AYRALR---	154
PleD <i>Cc</i>	VDDNERQAQRVA---AELGVEHRPVI ESDPEKAKISAGGPVDLVIV N AAAAKNF DGLRFTA	215
	. .	
DGC <i>Ht</i>	IIRQQPEHLGLPIIYLSSETDSQKQISAMSAGVEAFLTKPVQPEELVSAVQLRAE-----	383
WspR <i>Pa</i>	-----ESQQ	158
PleD <i>Cc</i>	ALRSEERTQLPVLAMVDPDDRGRMVKALEIGVNDILSRPIDPQELSARVKTQIQRKRYT	275
DGC <i>Ht</i>	-----RLRLLRSLMTRDSMTGLYNHSTTTELINKNLAQAHRDNSQHAMAMIDIDHFKHVN	438
WspR <i>Pa</i>	QLLETNL-VLQRLMNSDGLTGLSNRRHFDEYLEMEWRRSLREQSLSLLMIDVDYFKSYN	217
PleD <i>Cc</i>	DYLRNNLDHSLELAVTDQLTGLHNRRYMTGQLDSLVKRATLGGDPVSALLIDIDFFKKIN	335
	. * * * : *** * : : : : . : : *** * * * *	
DGC <i>Ht</i>	DTHGHLAGDQVIITLARLLKS-RLRLSDIIGRYGGEFFVLLKGINAEKAATLIDSLRED	497
WspR <i>Pa</i>	DTFGHVAGDEALRQVAGAIREGCSRSSDLAARYGGEFFAMVLPGTSPGGARLLAEKVRRT	277
PleD <i>Cc</i>	DTFGHDIGDEVLREFALRLAS-NVRAIDLPCRYGGEFFVIMPDTALADALRIAERIRMH	394
	** ** ** : : . * : . * * : ***** : : . * : : * :	
DGC <i>Ht</i>	FALIDFHT--GEVFRCTFSAGISSFPAQ---PSTEPLRLSADQALYRAKHQGRNQVVIS	552
WspR <i>Pa</i>	VESLQISHDQPRPGSHLTVSIGVSTLVPGGGQTFRVLIEADQALYQAKNNGRNQVGLM	337
PleD <i>Cc</i>	VSGSPFTVAHGRENLTISIGVS--ATAGEGDTPEALLKRADEGVYQAKASGRNAVVGK	452
	. : . * * * * : . * ** : : * * * * *	
DGC <i>Ht</i>	PELADDR---	559
WspR <i>Pa</i>	EQPVPPAPAG	347
PleD <i>Cc</i>	AA-----	454

Percent Identity Matrix - created by Clustal2.1

DGC <i>Ht</i>	100.00	28.30	27.94
WspR <i>Pa</i>	28.30	100.00	34.17
PleD <i>Cc</i>	27.94	34.17	100.00