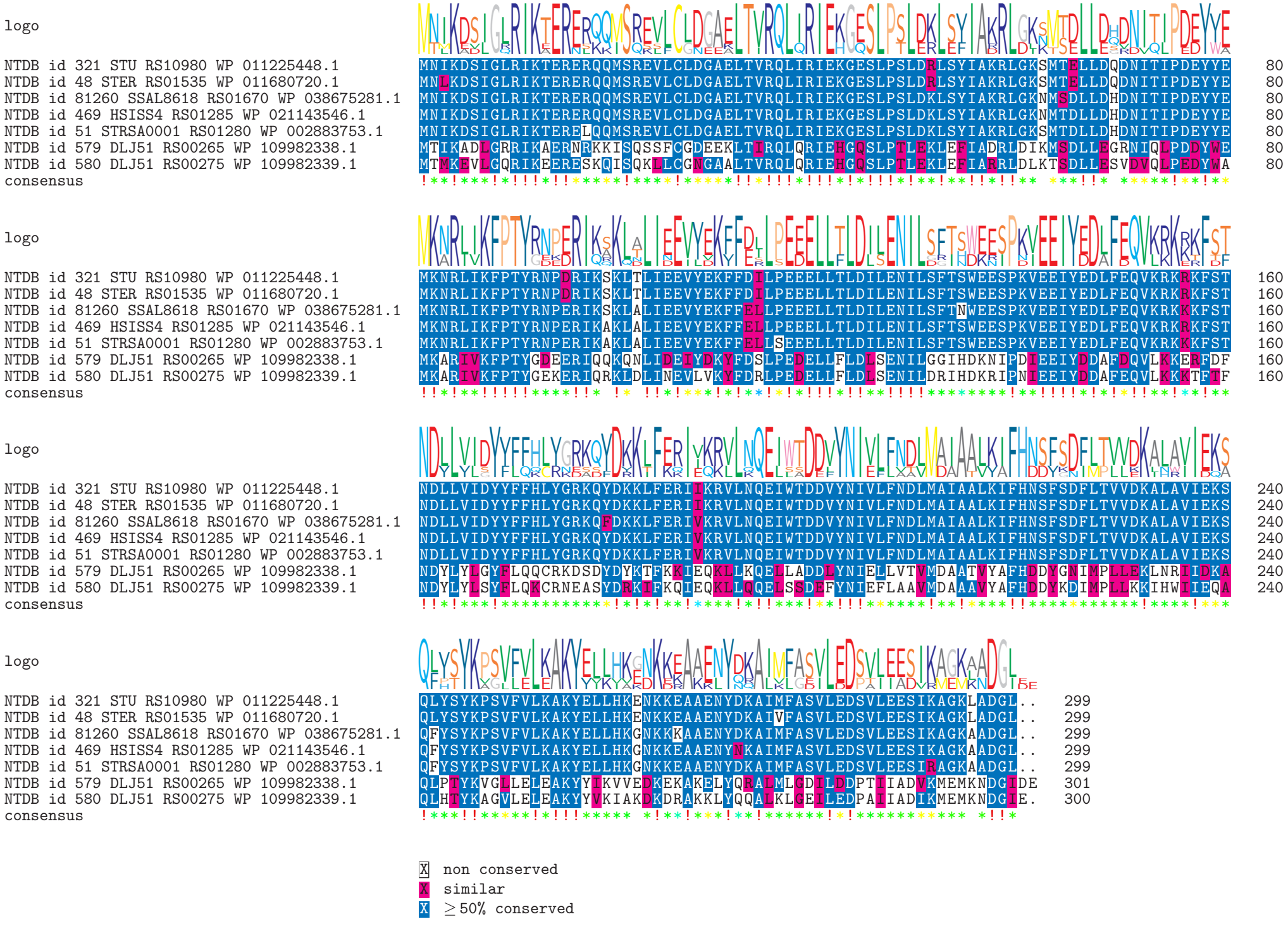

logo
NTDB id 321 STU RS10980 WP 011225448.1
NTDB id 48 STER RS01535 WP 011680720.1
NTDB id 81260 SSAL8618 RS01670 WP 038675281.1
NTDB id 469 HSISS4 RS01285 WP 021143546.1
NTDB id 51 STRSA0001 RS01280 WP 002883753.1
NTDB id 579 DLJ51 RS00265 WP 109982338.1
NTDB id 580 DLJ51 RS00275 WP 109982339.1
consensus
MNIKDSIGLRIKTERERQQMSREVLCLDGAELTVRQLIRIEKGESLPSLDKLSYIAKRLGKSMTELLDQDNITIPDEYYE 80
MNLKDSIGLRIKTERERQQMSREVLCLDGAELTVRQLIRIEKGESLPSLDRLSYIAKRLGKSMTELLDQDNITIPDEYYE 80
MNIKDSIGLRIKTERERQQMSREVLCLDGAELTVRQLIRIEKGESLPSLDKLSYIAKRLGKNMSDLLDHDNITIPDEYYE 80
MNIKDSIGLRIKTERERQQMSREVLCLDGAELTVRQLIRIEKGESLPSLDKLSYIAKRLGKNMTDLLDHDNITIPDEYYE 80
MNIKDSIGLRIKTERELQQMSREVLCLDGAELTVRQLIRIEKGESLPSLDKLSYIAKRLGKSMTDLLDHDNITIPDEYYE 80
MTIKADLGRRIKAERNRKKISQSSFCGDEEKLTIRQLQRIEHGQSLPTLEKLEFIADRLDIKMSDLLEGRNIQLPDDYWE 80
MTMKEVLGQRIKEERESKQISQKLLCGNGAALTVRQLQRIEHGQSLPTLEKLEFIARRLDLKTSDLLESVDVQLPEDYWA 80
MKNRLIKFPTYRNPERIKSKLALIEEVYEKFFELLPEEELLTLDILENILSFTSWEESPKVEEIYEDLFEQVKRKRKFST 160
MKNRLIKFPTYRNPERIKSKLALIEEVYEKFFELLPEEELLTLDILENILSFTSWEESPKVEEIYEDLFEQVKRKRKFST 160
MKNRLIKFPTYRNPERIKSKLALIEEVYEKFFELLPEEELLTLDILENILSFTNWEESPKVEEIYEDLFEQVKRKKKFST 160
MKNRLIKFPTYRNPERIKAKLALIEEVYEKFFELLPEEELLTLDILENILSFTSWEESPKVEEIYEDLFEQVKRKRKFST 160
MKNRLIKFPTYRNPERIKAKLALIEEVYEKFFELLSEEELLTLDILENILSFTSWEESPKVEEIYEDLFEQVKRKKKFST 160
MKARIVKFPTYGDEERIQQKQNLIDEIYDKYFDSLPEDELLFLDLSENILGGIHDKNIPDIEEIYDDAFDQVLKKERFDF 160
MKARIVKFPTYGEKERIQRKLDLINEVLVKYFDRLPEDELLFLDLSENILDRIHDKRIPNIEEIYDDAFEQVLKKKTFTF 160
NDLLVIDYYFFHLYGRKQYDKKLFERIKRVLNQEIWTDDVYNIVLFNDLMAIAALKIFHNSFSDFLTVVDKALAVIEKS 240
NDLLVIDYYFFHLYGRKQYDKKLFERIKRVLNQEIWTDDVYNIVLFNDLMAIAALKIFHNSFSDFLTVVDKALAVIEKS 240
NDLLVIDYYFFHLYGRKQFDKKLFERIVKRVLNQEIWTDDVYNIVLFNDLMAIAALKIFHNSFSDFLTVVDKALAVIEKS 240
NDLLVIDYYFFHLYGRKQYDKKLFERIVKRVLNQEIWTDDVYNIVLFNDLMAIAALKIFHNSFSDFLTVVDKALAVIEKS 240
NDLLVIDYYFFHLYGRKQYDKKLFERIVKRVLNQEIWTDDVYNIVLFNDLMAIAALKIFHNSFSDFLTVVDKALAVIEKS 240
NDYLYLGYFLQQCRKDSDYDYKTFKKIEQKLLKQELLADDLYNIELLVTVMDAATVYAFHDDYGNIMPLLEKLNRIIDKA 240
NDYLYLSYFLQKCRNEASYDRKIFKQIEQKLLQQELSSDEFYNIEFLAAVMDAAAVYAFHDDYKDIMPLLKKIHWIIEQA 240
QLYSYKPSVFVLKAKYELLHKENKKEAAENYDKAIMFASVLEDSVLEESIKAGKLADGL.. 299
QLYSYKPSVFVLKAKYELLHKENKKEAAENYDKAIVFASVLEDSVLEESIKAGKLADGL.. 299
QFYSYKPSVFVLKAKYELLHKGNKKKAAENYDKAIMFASVLEDSVLEESIKAGKAADGL.. 299
QFYSYKPSVFVLKAKYELLHKGNKKEAAENYNKAIMFASVLEDSVLEESIKAGKAADGL.. 299
QFYSYKPSVFVLKAKYELLHKGNKKEAAENYDKAIMFASVLEDSVLEESIRAGKAADGL.. 299
QLPTYKVGLLELEAKYYIKVVEDKEKAKELYQRALMLGDILDDPTIIADVKMEMKNDGIDE 301
QLHTYKAGVLELEAKYYVKIAKDKDRAKKLYQQALKLGEILEDPAIIADIKMEMKNDGIE. 300
X non conserved
X similar
X ≥ 50% conserved