```
                                   motif I                                  motif II                                 motif III                                motif IV                                 motif V                                 motif VI
gi number,name,species      sssss        h----h---h-hhhh-hh     sss-sss    hhhhhhhhhh     hh--hh s---s-s----s        sssssss        hhhhhhhh--hh        sssssss  h  sssss
17374834 DNMT2_HUMAN     1 --MEPLRVLELYSGVR-G----M---H-HALR-ESCIPAQVVA-AIDV---NTVANEVYKYNF-----PHTQ--LLAK---T-I----EGI-TL---EE(5)FDMILMSPPc(17)nsFLHILDI---LPRLQKLPKYILLEnvkgfeVSSTRD
7299276  ART4_DROME     176 VDFQDKIVLDVGAGSR-I----L---S-FFAV-QAGA--AKVY-AIEA---SN-MAQYAQQLV(4)VQHKIS--VIPG---K-I----EEI-EL---PEKV--DVIISEPMg(5)ermLETYLHA---RKW-LKPQGKMYPTH(14)sEQYNKA
7299364  ART1_DROME      88 HLFQGKTVLDVGCGTR-I----L---S-MFAA-KAGA--AQVI-AVDC---SN-IIEFARQVV(4)LQDVIT--VVKG---K-I----EEI-EL---PN(4)VDIIISEWMg(5)esmLDTVLYA---RDKWLKKDGMMFPDRg--tlYITAIE
20093722 PCM_METKA      79 DPRPGHKVLEVGAGSR-Y----H---A-AVVA-ELVKPDGRVI-TVER---IPELADFARNNL(4)YDRFVK--VLVG---D-G----TKG-YP---PEAPY-DRILVTAG------APDVPES---LLEQLKPGGKMVIPV(17)eIRRRRH
21465733 GidB_ECOLI     62 PYLQGERFIDVGTGPR-L----P---G-IPLS-IVRPE-AHFT-LLDS---LGKRVRFLRQVQHELKLENIE--PVQS--R-V----EEF-PS---EPPF--DGVISRAFa-----sLNDMVSW---CHHLPGEQGRFYALK(17)eSVVKLQ
17552558 KOG3420_CAEEL  44 IGFEGKKLIDIGCGCR-M----L---M-TTAA-TMYEL-ETVL-GVDI---DDEALKICSRNL(4)VQDRCE--LLQA---D-I----LDP-ES---DL(4)FDVAVINPPf(5)agiDMQFVQI---GLQMVRPGGSVFSLH(4)rdYILKNA
15643511 Gcd14_THEMA     97 DVKEGDRIIDPGVGSA-A----M---C-AVLA-RAVGSSGKVF-AYEK---REEFAKLAESNL(4)LIERVT--IKVR---D-I----SEG-FD---EK(2)-DALFLDVP-------dPWNYIDK---CWEALKGGGRFATVC(5)vqETLKKL
14521938 COG2263_PYRAB  44 GDIEGKVIADLGAGTR-V----L---S-YGAL-SLGA--KKVY-AVEV---DEDAVEILKTNLKK-FEGKFE--VFIG---D-V----SSF-KV---RV----DTVIMNPPf(4)khaDRPFLLK---AFEIS---DVVYSIH(19)lITHRLT
17865746 HemK_SALTY    107 PVKT-CRILDLGTGT-A----I---A-LALA-CERPD-CEVT-AVDR---MPDAVALIRNAEHLAIRNVR--ILQS---C-W----FSA-LS---GQQF--DMIVSPPs(28)adLTHIIDN---ARQMLTPGGFLLLEH(7)vrAVFRRS
24212081 PEAM1_ARATH   279 NLKPGQKVLDVGCGIR-G----G---D-FYMA-EKFD--VHVV-GIDL---SVNMISFALERAIG-LSCSVE--FEVA---D-C----TTK-HY---PDNS-FDVIYSRDTilh-iqdKPALFRT---FFKWLKPGGKVLISD(49)fMQVLKR
23200293 COMT_MEDSA    197 GFEGLKSLVDVGGGTR-A----V---I-NTIV-SKYPT-IKGI-NFDL---PHVIEDA--PSY-----PGVE--HVGG---D-M----FVS-IP---KA----DAVFMKWIc(4)dehCLKFLKN---CYEALPDNGKVIVAE(30)kERTQKE
14520947 Met-10+_PYRAB  179 MAQEGEVVFDMFAGVR-P----F---S-ILLA-KKA---ELVF-ACDI---NPWAIKYLEENIKLNKVNNVV--PILG---D-S----REI-EV---KA----DRIIMNLPk-----yAHEFLEH---AISCINDGGVIHYYG(26)eVLGKRV
21431825 PIMT_ARATH     80 HLKPGMRVLDVGSGTR-Y----L---T-ACFA-VMVGTEGRAI-GVEH---IPELVASSVKNI(11)RSLAV--HV-G---D-G----RQG-WA---EFAPY-DAIAVGAA------APEIPEA---LIDQLKPGGRLVIPV(5)dlQVVDKN
15669418 COG2521_METJA  131 KVKKGEKVIDTCMGLR-Y----T---A-IEAY-RRG---AEVI-TIEK---NPNVLELAKINP(5)FKGGIK--IILG---D-A----YDV-IK---RF(4)FDVVIHDPPr(5)hlySEEFYKE---IFRVLKPGGRLFHYV(16)mERLRKV
13473166 COG0500_RHILO  41 LSLEGKTVLDIGCGSR-G----I---T-LHLV-ERHGA-ARAT-GFDV---EQPVIEAARRRA(4)LSDRAS--FVQA-----------P-PG---AL(6)FDAVFSKDA------LLHVPDK(6)TVRLKPGGVFAASN(15)yIAAEGL
15613250 TrmA_BACHD    307 NLTGSETVIDAYCGIR-T----I---S-LFLA-QQA---KHVY-GVEI---VPEAISDAKRNARLNGFANVQ--FAVG---D-A----EKV-MP---WW(7)-DVIVVDPPrk---gcDEALLKT---ILN-MKPDRVVYVSCn---pATLARD
731019   TEMT_MOUSE     52 GGVGGDVLIDIGSGPT-I----Y---Q-LLSA-CEVF--REII-VTDY---TPQNLQELQKWL(34)RTVTR--VLRC---D-V----TKT-PP---LG(5)LADCVLTFLa(7)idtYRAALRR---LAGLLKPGGHLVTLV(20)kEVVEKA
22001590 FlpA_METKA     73 PFEEGSKVLYLGAAGR-T----T---T-P-SHVS-DIIKESGVEY-CVEF---ASRMMQELIPVC-E-KRPNMI--PILG---D-A----TKP-HG---YA(5)VDVIYQDIAqp---kqAEVVADN---AEAFLRPGGYVIVAIka-rsIDVTKE
16079790 YrrM_BACSU     51 SVKQPKKIIEIGTAIR-Y----S---A-IRMA-LELPS-AEIY-TIER---NEKRHEEAVNNI(4)LDDRIH--VFYG---D-A----LEL-AD---AV(5)YDVIFIDAAk----gqYQNFFHL---YEPMLSPDGVITDN(20)rLVAKID
15237618 KOG2904_ARATH 197 EWFKKDIWADLTGGSA-A----I---A-IGIA-KVLGSRGRVI-ATDL---SPVAIAVAGHNV(4)LEGMIE--VREG---S-W----FEP-LK---DL(4)VGLSNPPy(29)dsLFHLCHG---ASRMLQPGGFFVFET(5)skMIVDYM
732118   RsmC_ECOLI     193 TPHTKGKVLDVGCGAR-V----L---S-VAFA-RHSPK-IRLT-LCDV---SAPAVEASRATLAA-NGVEGE--VFAS---N-V----FSE-VK---GRF---DMIISNPPf(7)ldaAQTLIRG---AVRHLNSGGELRIVA(15)fHEVIAQ
15899066 CbiT_SULSO     37 RIKKGDKVLDIGCGTR-S----I---T-VEAS-LLVGNSGRVY-GIDK---EEKAINLTRRNA(4)VLNNIV--LIKG---E-A----PAI-LS---TINEKFDRIFIGGGs----ekIKEIISA---SWEIINKGGRIVIDAil-leTVNNAL
16764439 YccW_SALTY    224 RYVENQRVLNCFSYTR-G----F---A-VSAL-M-GGC-RQVV-SVDT---SQDALDIARQNV(5)DLSKAE--FVRD---D-V----FKL-LR---AY(6)FDVIIMDPPk(12)rgYKDINML---AIQLLNPGGILLTFS(11)kIIADAA
455655   PrmA_ECOLI     155 DLTG-KTVIDFGCGSR-I----L---A-IAAL-KLGA--AKAI-GIDI---DPQAIQASRDNA(4)VSDRLE--LYLP---K-D----QPE-EM---KA----DVVVANIla-----gpLRELAPL---ISVLPVSGGLLGLSG(29)rITGRKN
14549159 FBRL_HUMAN    156 HIKPGAKVLYLGAASR-T----T---V-SHVS-DIVGPDGLVY-AVEF---SH-RSGRDLINLAK-KRTNII--PVIE---D-A----RHP-HK---YR(5)VDVIFADVAq---pdQTRIVAL--nAHTFLRNGGHFVISI(10)aEAVFAS
12230965 RrmJ_PSEAE     45 ILRPGMTVVDLGAAPR-G----W---S-QVTS-RVIGDRGRLI-ASDI---L----EM--DSI-----PDVT--FIQG---D-F----TED-AV---FA(11)DLVSDMAp(14)yLCELALDL---AGRVLRPGGDFLIKI(13)rEMFDKV
16799285 COG4123_LISIN  45 PIRK-GKIIDLCSGNR-I----I---P-LLLS-TRTK--AQIV-GVEI---QERLADMAKRSV(4)LEDQIE--IIEY---D-L----NHI-TD---LI(5)-DIVTCNPPy(23)ctLEDTIRV---AASLLKQGGKANFVH(36)lVEGIKD
3023819  YD76_METJA     43 VIKPGKIVLDLGCAPR-G----W---M-QVAR-EIVGDKGFVI-GIDL---QP--VKPFEY------DNVV--AIKG---D-F----TLE-EN---LN(13)DVVISDASp(14)dlVTTALQI---ATEMLKERGNFVAKV(34)vYVIAKR
15669643 COG4076_METJA  31 VVDEDDVVFDLGTGSR-I----L---A-MIAA-KKA---KKVY-AIEL---DPFTYDYAKENIKVNGFNNIE--IIEG---D-A----STY-NF----KEKA--DVVIAELLd(8)vkvMNSIIER---GFL--KEDVKIPAK-----AISTIQ
15615070 SUN_BACHD     249 APRPGERILDACAAPR-G----K---S-THMA-ERMDGEGTIV-SLDM---HRHKVKLIEEQA(5)DNIKAQ--TLDA---RkA----REV-FA---DEPF--DRILVDAPc(25)nvQLDLISS---VAKLVKPGGLLIYST(6)enEQVIAE
21362981 TAM_RHILO      28 PVDFPRRVVDIGCGPR-N----S---T-ELFV-QRWPD-AQVS-GFDT---SPDMIEKARVRL-----PNVS--FDLA---D-A----STW-QP---AEPV--NVIFANAVfqw-lptHPAVFQR---LMGFLAPGGALAVQM(43)sPLADRL
21363063 UbiG_RHIME     61 QPLEGLRVVDIGCGGR-L----L---S-EPMA-RMG---ADVV-GADA---SEKNIGIARTHA(4)VSVDYR--AVTA---E-A----LAE-AG---ES(4)LNMEVVEHV------aDVEFFMT--tCAHMVRPGGLMFVATin-rtLKAAAL
20139025 MrsW_LISIN     57 EVKPDGIYVDATLGGA-G----H---S-EYLL-NKLNEQGHLF-AFDQ---DQTAIDNAKIKLAE-YSDRVT--FIKS---N-F----RYM-KE---AL(7)VDGIYDLGv(115)aVEDSLEN---ALTLLKPGGRISVIT(56)rARSAKL
3122431  NodS_RHITR      77 AQGPIANALEVGCAAR-A----F---T-EKLA-PHC---QRLT-VIDV---VPEAIDRTRRRM-N-KPAHIS--WVVS---D-V----QQF-SS---EELF--DLIVVAEVl(5)iaeMRMAVGN---LLRMLAPGGHLVFGS(16)tVIAILT
15219724 KOG1271_ARATH 166 KYLSSWNVLDLGTGNR-L----L---L---L-HQLA-KEGF--SDLT-GTDY---SDGAVELAQHLSQRDGFPNIR-FMVD---D-I----LDT-KL---EQ(11)DAIGLHPDgp---vkRVMYWDS---VSKLVAPGGILVITS(72)tVAFLRK
12643830 TRM1_SCHPO    120 DNIAGFTILEALSATR-L----R---S-IRYA-KELPNVKRIL-ANDL---LENAVKTIEKNV(4)VSDIVI--PNKG---D-A----NAV-MH---MNKFHYDVIDLPYg-----saAPFLDA---AVQSVSKDGLLCITC(29)hEQAVRH
15223976 KOG3178_ARATH 213 GFEDVNTLVDVGGGNR-T----V---L-GLVT-SKYPH-IKGV-NFDL---AQVLTQA--PFY-----PGVE--HVSG---D-M----FVE-VP---KG----DAVFMKWIl(4)dedCIKILKN---CWKSLPEKGKIIVE-----FVTPKE
16766858 YhhF_SALTY     49 PVMVDAHCLDCFAGSR-A----L---G-LEAL-SRYA--AQAT-LLEM---DRAVSQQLQKNLATLKANNAR--VVNT---N-T----LTF-LS---QPGTPHHVVFVDPPfr--kgLLEETLQLl-eTQGWLADDALIYVES-----EVENGL
17536951 KOG2899_CAEEL 148 DWFEHKQALDIGCNAR-F----L---T-LSIA-KDFSP-RRIIGI-DEHL---DVAEIRNVL(46)KENYV--LESD---E-M----LDM-IQ---PEF---DVIALASIt(8)ddgMRRFFRR---AYAQLHPGGRLIIEP(14)eLKANYS
17988577 UbiE_BRUME     78 SKRPGWTSLDVAGGTR-D----I---A-FRIV-EASGRQAHVT-ILDI---NGSMLGVGRERA(4)LIDNLE--FVEA---N-A----EEL-PF---EDNS-FDAYTIAFGirn-vphIDKALSE---AYRVLKPGGRFLCLE(4)elPVLDKV
12721903 pf03602_PASMU  54 PYIVDATCLDCFAGSR-A----L---G-FEAL-SRQA--KQVT-FLEL---DKNVATQLSKNL(5)NAEQAN--VINQ---N-S----LQF-LN---QP(5)FDVFIDPPfhflaqQTVDLA---RHNWLKPDALVYVET(13)iLKEKIT
7296118  KOG2198_DROME 287 QVKPGERVLDACASPR-G----kS---L-LMLQ-TLHL--DHLV-CNDI---QESRLNKLRKVM(14)--RLI--LSQS---D-A----RNL-DQ---YEQF--DKILVDVPc(27)elQAGIALAN---CLRLLRPGGSLVYST(12)hMALQKV
15964087 COG3963_RHIME  51 DPESGLPVLELGPGTR-V----I---T-KATL-ERGIEPEKLV-SIEY---STDFYKQLKAHF-----DGVH--FING---D-A----FDL-SR---TL(7)FDSVISAVPll--nfpMHRRVEL----IEDLL---SRIPFGR-----PVVQIS
17232307 COG0270_ANASP   4 REQP--IAIDLFAGAR-G----F---G-LGFE-MAGF--SVPL-SVEI---DTWACDTLRYNR-----PDVS--VIQN---D-I----GNF-ST---EN(10)DIIIGGPPc(18)glFINFAQW---IKF-L-EPKAFVMENv--kgLLSRKN
30580330 CaMT4_ARATH    88 KLVNAKNTMEIGVYTR-Y----S---L-LATA-LALPEDGKIL-AMDV---NRENYELGLPII(4)VAHKID--FREG(4)V-L----DEI-VA---DE(5)YDFIFVDADk----dnYINYHKR---LIDLVKIGGVIGYDN(25)vLELNKA
68127775 DREV_LEIMA    111 SDFQFDSLLDIGAGDR-G----V---T-ANIA-PLF---KKVY-VTEF---SVSMRWRLRRRGYE-VLPHDD--PFHM---N-T----AEQ-LL---DRRY-FDVIACNNVldr-admPETLLRE---MRDSLKPNGLLVLAV(50)fEVVRWT
12620207 KOG1253_HUMAN 272 EERKPLECLDAFGATR-I----M---G-LQWA-KHLGNAVKVT-INDL---NENSVTLIQENC(29)NIKVT--KMDA---N-V----LMH-LR---SF----DFIHLDPFg-----tSVNYLDS---AFRNTR--NLGIVSV(12)qHVARRH
7295917  KOG3191_DROME  39 DRLQPSLCVELGSGSR-V----I---I-TALA-KKLAG-FSLClATDI---NPKACNATRRTA---TRNGAR--LDSI---R-C----SLA-DA---LRPRSVDVLLFNPPy(35)rrVTDILLK--qLDDILSPRGVLYLLL(5)peEIIKYL
4506567  RNMT_HUMAN    194 KKKRDITVVDLGCGKR-G----D---L-LKWK-KGRI--NKLV-CTDI---ADVSVKQCQQRY(11)IFSAE--FITA---D-S----SKE-LL---IDKFR-DPQMCFDIc(13)eqADMMLRN---ACERLSPGGYFIGTT(23)tVKFQKK
6320673  Rmt2_YEAST     238 EATNSATILNGFGMPR-I----I---D-TFIQ-ARKP--YRHY-ICEA---HPDVLAKMKM--(6)--DNVV--ILEG---R-W----QDT-LN---NL(7)FDGIYYDTFs----ehYQDILDlydvVVGLIKPEGVFSFFN----gLGADRS
25407988 KOG1677_ARATH 566 DLGPDTLLFDVCCGTR-T----I---G-LTLA-HRV---GMVI-GIEM---NASAVADAERNA(106)DN-----EQK---D-S----SSL-EP---EK(8)V-VAIVDPPrsglhpaVIKALRT---HPRLKR---LVYISC(25)nYRGRKK
418431   YE05_YEAST     34 DGER-KLLVDVGCGPR-T----A---T-LQMA-QELKPFEQII-GSDL---SATMIKTAE-VI(17)SDDFK--FLGA---D-S----VDK-QK---IDMI--TAVECAHWf-----dFEKFQRS---AYANLRKDGTIAIWG(77)pLLIRKQ
12230777 TRM1_PYRAB     48 NVLKPRIVVDALSATR-I----R---G-IRFA-LETPA-EEIW-MNDI---SEDAYNLMKKNV(18)SEKTL--VVNH---D-D----ANR-LM---AE(4)FHFIDLDPFg-----sPMEFLDT--aLRSVKRKGLGLGITAT(36)gVVARYA
18202486 AB140_YEAST   430 KDAEPVTIFEIGCGAR-N----T---F-FPIL-KDN(4)LRIIR-AADF---APRAVELVKNSE(7)HATVWD--LANP---D-G----NLP-DG---VEPHSVDIAVMIFVf(4)pnqWDQAMDN---LHKLKPGGKIIFRD(6)tqVRFKKN
14521755 CheR_PYRAB    100 KGSRSLKIWSAACSTR-QepysI---A-MSLY-EVL(4)-SGF-RVSI(5)DKEALQIAMKGE(33)KRLVT--FRWF---N-L----LSS-VY---PKGF--DVIFIRNVl(4)keaQEEIFRK---LYDSLEDHGYLILGKt--etILGKSA
15240639 PIMT_ARATH    119 ERDGGKFEALMFVGTR-Y----L---T-GCFA-LMVGAEGRVV-GVDH---IPELVDMSIKNI(10)KGSLS--LHVG---D-G----RKG--W---QEFAPYDAIHVGAA------ASEIPQP---LLDQLKPGGRMVIPLg--tyFQELKV
20137529 ANMX_HUMAN     62 RGQK-ALVLDIGTGTR-L----L---S-MMAV-TAGA--DFCY-AIEV---FKPMADAAVKIV(4)FSDKIK--VINK---H-S----TEV-TV---GPEG--DMPCRANIl(27)enCEAVPHRa-tVYAQLVESGRMWSWNkl-fpIHVQTS
15895346 COG1189_CLOAB  79 LGLKDKVCFDIGASTR-G----F---T-DCML-QNGA--SKVF-AIDV-----GYGQFAWKLR-T-DPRVVC--MERT---N-V----RYV-TP---ED(3)----FGNFAs(4)fisLKKVIPV---VINLLKDDGEIVALI(22)hIEVINT
116930   Coq3_YEAST     123 DKRPEVSVDLGVGGSR-I----L---S-ESLA-RLKWV-KNVQ-GDLI---TRDCIMVAKEHA(5)LEGKIN--YECK---A-L----EDV-TG---QF----DIITCMEMleh-vdmPSEILRH---CWSRLNPEKGILFLS-----TINRDL
534839   CheR_RHIME     121 KNGGRVRIWSAACSDR-QepysI---A-LTVL-SLL(7)FRIL-ATDI---DPKILALARAGA(32)DRVKR--LITF---N-E----LNL-MA---QW(5)FDVIFCRNVv(4)eptQMKIWSR---FAGVLDNGGHLYIGH(15)gITTYRH
1353083  Coq5_YEAST     108 NSTTPLNFIDVAGGSR-D----I---A-FGLL-DHAE--SKFG-DTES---TMDIVDINPDML(15)DPRVR--FLVS---N-G----EKL-EE---IDSDS-KDIYTVSFgirnftdIQKGLNT---AYRVLKPGGIFYCLE(6)plMDFAYQ
27151492 DIMH_HUMAN     53 ALRPTDVVLEVGPGTR-N----M---T-VKLL-EKA---KKVV-ACEL---DPRLVAELHKRV(4)VASKLQ--VLVG---D-V----LKT-DL---PFF---DTCVANLPy(4)pfvFKLLLHR--pFFR-C---aILMFQR----eFALRLV
15925700 GidB_STAAM     66 DFNQPISCDVGAGAR-F----P---S-IPLK-IMFPQ-LKVT-IVDS---LNKRIQFLN-HL(4)QLQDVS--FIHD---R-A----ETF-GK---GV(4)YDVVTARAV------aRLSVLSE--lCLPLTKKGGQFVALK(38)mFIIDKK
9910861  Rrm2_CAEEL     38 ILKGVRRAVDLCAAPR-S----W---S-QVLS-KRL(6)AKIV-AIDL(5)IPGVIQLQGDIT-----SVD--TANQ---V-I----KHF-SG---EKS---DIVICDGAp(14)eIlLAAFNI--TSHVLKEGGNFLAKI-----FRSRNS
6323315  Nnt1_YEAST     79 ELIKGKTVLEGLAAAA-L----P---S-VICA-LNGA--QMVV-STDY--PDPDLMQNIDYNI(18)GNDYS--PLLA---H-I----EKI-GN---NNGK-FDLIILSDLvfn-hteHHKLLQT---TKDLLAEKGQALVVF(14)fELAKNE
6325100  Tgs1_YEAST     94 CMPNAERILDVFCGGR-G----N---T-IQFA-MQFP---YVY-GVDY---SIEHIYCTAKNA(4)VDDRIW--LKRG---S-W----KKL-VS---KQ(6)YDCVFGSPPw(19)mgITKMLKS---FLKLSP--nVIMFLP(22)kVLYVKE
33301727 TrmA_VIBVU    207 TQESQGDLLELYGGEA-K----N---F---S-LALA-QNF---ERVL-ATEL---AKPSVESAQVIAANKIENVQ--IIRM---S-A----EEF-TE---AM(11)NGIDLKSYn(7)pprSGMDVDT---CKMVQGYERILYISCn---pETLKEN
1723920  YGN6_YEAST      69 KNRTDQRILDLGYAPR-A----W---S-QVAR-QRSSPNSMIL-GVDI(5)PHGVNISQANIL(54)DDIYE--TPNT---N-S----TLI-ER---EKFPV-DVIISDMYe(35)dlCDAALVT---AIDLLRPLGSFVCKL(36)yIGLKKK
1169870  Gcd14_YEAST    107 NCSPHSRVIEAGTGSR-S----F---S-HAFA-RSV---GHLF-SFEF---HHIRYEQALEEF(5)IDDNVT--ITHR---D-V----CQG-GF---LIKKG-DTTSYEFGn(41)spCIEQVDK---TLDVLE--KYGWTDV(7)rqYESRRQ
7298980  KOG1541_DROME   48 DDDESRLIDIGCGSR-L----S---G-SVLE-DSE---HMWI-GIDI---SKSMLDIAVERE-----VAGD--VILG---D-M----GEG-MP---FKPGTFDGAISISAl(107)aCREARGK---APKKSR--DWILAKK(14)kYTARKR
585375   KsgA_BACSU      45 EVTEKTGVEIGPGIR-A----L---T-EQLA-KRA---KKVV-AFEI---DQRLLPILKDTL-S-PYENVT--VIHQ---D-V----LKA-DV---KS(12)-MVVANLPy----yvTTPIMKl-lEEHLPLKGIVVMLQK-----EVAERM
14335102 pf03141_ARATH 204 ENGTVRTALDTGCGVA-S----W---G-AYLW-S-----RNVR-AMSF---APRDSHEAQVQF-A-LERGVP--AVIG---V-L----GTI-KL---PY(4)FDMAHCSRClipwganDGMYLME---VDRVLRPGGYWILSG(74)dVWYKKM
17017991 FtsJ3_HUMAN    41 FLQKARALLDLCAAPR-G----W---L-QVAA-KFMPVSSLIV-GVDL---VP---IKPLPNV(4)EDITTE--RCRQ---A-L----RKE-LK---TWKV--DVVLNDGAp(14)hlTLMALRL---ACDFLARGGSFITKV(70)eLVTKKK
16126496 COG4798_CAUCR  59 GLKPKQTVIEVSPGGP-Y----W---T-AILA-PYA---KATG-GTYV---AG-VADLANPKL-----SEGAR--KGRA---D-F----EAR-FA---DEAKYGKPQFANFGp(27)gvADKVFAD---FFAVLKPGGVLAVEE(20)tVIAIAE
15964298 COG4976_RHIME  144 RFRH---VTDLGCGTR-L----F---G-ERIR-DRA---DFLE-GFDL---SANMLAKAEAKG-----VYD-RLAQ---A-D----LSL-AP---ED----SGVFGALEq(15)gnLEGVFVI---ADRLLAPGGLFAFSV(6)dgFVLRPS
127447   MTE1_HERAU      1 --MQQFRFILDFAGIR-G----F---R-LGLE-AVGG--VCVA-SAEI---DQQAIKVYWQNW---PTDGVD--HNLG---D-I----TQI-QQ---LPAH--DVLVGGVPc(16)gqLWADVIR---LVQ-INAFIFEN-----VKGLVD
6320522  Oms1_YEAST     238 MKHCQGDVEVESCGTR-R----N---I-KYLD-MSRI--NSIT-FLDS---SENMEMITHKKF(5)KYKKVA--FVVG---K-A(13)LEN-EK---ENQVKYDTIVEAFGlcs-hedPVKALNN---FGKLLKPDGRIILLE(5)ydFINKIL
19113289 COG1041_SCHPO 234 MAAPGKLIYDPFVGTR-S----F---L-YTCS-FFG---AHTL-GSDI(5)RGKNGRSIKSNF(5)SPFFLD--TFTG---D-V----TNC-PL---RKNLLLDAIVCDPPy(36)dmVYDIICF---ASDRLVDGGRLVLWL(28)tHWSRRL
17389500 TFB1M_HUMAN    52 GNLTNAYYVEVGPGPR-G----I---T-RSIL-NADV--AELL-VVEK---DTRFIPGLQMLSDA-APGKLR--IVHG---D-V----LTF-KV---EK(5)LKRPWEDDPp(11)vsTPLIIKW---LENISCRDGPFVYGRtq-mtLTFQKE
17552504 KOG1331_CAEEL  45 QQSAGSIILDVGCGEA-K----Y---T---SQ-K-----SHVI-GFDT---CSEVLSSSKK-------DDID--LCLA---D-A----INI-PI---RD(8)VSVIHHLATt----arRRQVLQE---CSRCLRIGGQMLIY(132)MLGRRL
21112457 TpmT_XANCP     34 QLPAHARVLVPLCGKT-L----D---L-HWLA-AQG---HRVL-GVEI---S----PLAVTQF(21)-GPIE--IICG---D-A----FTL-DA---SVLGDCTAVYDRAAL(4)aalRQRYLET---VYARLPAGCRGLLIT(56)vYRLQRD
19115526 COG3129_SCHPO  70 GQKDKKRIIGLDIGTR-A----S---C-IYPL-L--G--CRMY-SYDF(5)DKFSFETAKSNI(6)SQIKIV--LRSK---Q-D----CLL-PD---TE(4)FTFVMCNPPf----yeHEEDFIN---FKQ--NPPSGVCTGV(11)gFANKIL
7292846  KOG1540_DROME   97 GPTHGMRLLDMAGTdI----T---F-RYLR-YLN(9)SHVT-VSDI---NQHMLNVGEERA(11)NCTVA--WQCA---D-A----EKL-PF---PD(5)-YTIAFGIRnc---thVDKVLSE---AYRVLQPGGRFMCLE(4)tnETMQWL
127420   MtbA_BACAR      1 ---MKIKFVDLFAGIR-G----I---R-IGFE-RAAK--RFEL-ETEC(6)DKKACETYALNF-------KE--EPQG---D-I----HEI-TS---FPEF--DFLLAGFPc(20)feVERVLRDnrpKAFLL-ENVRGLVTH(6)ktIISKLE
14023803 MetW_RHILO    17 LIPPQSRVVDVGSGDR-S----L---L-ELLQ-DTKQ--VDGR-GLEL---SQRGVNECVA-------RGLS--VIQG---D-A----DKD-LE---FY(4)FDFVVLSQTl-----qATRNPKL--VLDELLRIGNRAIVSF(10)sLFVKGR
15828869 COG2189_MYCPU 472 GTEKNDLVVDFHLGSR-T----T---T-AVAH-KMG---RKYI-GIEQ---MDYIQDI--TIE-----RMKK--VIDG---E-Q----GGI-SK---NV(6)-SFVYFELLe(17)reRAETIST---IKNEIYNDERIVPYI(15)nTEEKKK
27151628 NAS3_ARATH   121 GFVP-KSVAFIGSGPL-P----L---TsIVLA-SFHLKDTIFH-NFDI---DPSANSLASLLV(5)ISQRMF--FHTV---D-I----MDV-TE---SLKS-FDVVFLAALvgmnkeeKVKVIEH---LQKHMAPGAVLMLRS(35)vVISKKH
2507512  Y116_HAEIN    186 GWQVGSPLVDPMCGSR-T----L---L-IEAA-QME(8)RLHW-GFDF(4)NQSAWEKVKNEA(6)KQREIQphFYGF---D-L----DHR-VL---KK(6)-NAGVSHLIk-----wQQADVAA---LKN-PRLNEVGTVIC(10)tPALIAL
7291671  KOG3987_DROME 122 SGQEPVTLLDIGAGDR-E----I---S-LRVA-NTV(8)LRVF-ATEA---SWTMRDRLKK-------LNF--NVIT---E-I----DGL-QN---LE-----LILCNLVldr-cfdSFKLLED---IHLALAPNGRAVVAL(4)mhYVETNT
1170712  KsgA_HAEIN      36 QPNQ--FLVEIGPGLR-A----L---T-EPVG-ELV---DHLT-VVEL---DRDLAERLRHHP-F-LHQKLT--VIET---D-A----MQF-DF(5)KE(8)L-RVFGNLy(4)plmFHLF--K--YHDVI-QDMHFMLQK-----EVVKRL
2497109  YMA5_YEAST    272 PDICNNDVVDLYAGIR-Y----F---T-FSYL-TKGA--RTLF-AFEL---NPWSVEGLKRGL------KAN--GFNK---S-G----NCH-VF---QE(2)-EMCVQRLTe(4)npgFRLRIRH---INL------GLLPSSKq--gwPLAIKL
68223981 Skb1_LEIMA    697 PDERILHLVLGCGRR-P----LideC-LHAV-SAL(4)-RIF-AIEK---NRLAAAFTR-MR(14)GHTLE--VIVA---D-G----RTIaTA---AE(7)ADFGLCDLIV(10)elSPECLEA---FHAQLE--DIQLSRG----IAFNPH
7387561  MTS1_RHIME    220 STKPGDVVDPFFGSR-T----T---G-AVAK-RLG---RHFV-GIER---EQDYIDAAAERI(4)PLGKAT--LSVM---T-G----KKA-EP---RVAF--NTLVESG-----------------LIKPGTV-----------------
71998392 KOG3673_CAEEL 283 RSEDLFYFADVCAGPR-G----F---S-EYMLWRKGFYNAKGF-GFTL---AG---KDDFKLF------KFT--ASSQ--Y-F----FET-FY---GTKD--NGDVMDPVni---dsLEAHISR---GTSGL--GVHLMMAD(12)eILSKRL
CONSERVED:                                  * * *                                   *                                                                                   * *
```