

CLUSTAL 2.1 Multiple Sequence Alignments

Sequence type explicitly set to Protein
Sequence format is Pearson
Sequence 1: Climicola 243 aa
Sequence 2: Ctepidum 244 aa
Sequence 3: Dicty 265 aa
Start of Pairwise alignments
Aligning...

Sequences (1:2) Aligned. Score: 68
Sequences (1:3) Aligned. Score: 20
Sequences (2:3) Aligned. Score: 18
Guide tree file created: [clustalw.dnd]

} 서열간의 identity (%)

There are 2 groups
Start of Multiple Alignment

Aligning...
Group 1: Sequences: 2 Score: 3698
Group 2: Delayed
Alignment Score 1318

CLUSTAL-Alignment file created [clustalw.aln]

clustalw.aln

CLUSTAL 2.1 multiple sequence alignment

```
Climicola MRHIILITGAGKGIGKAI ALEFARYAERNPSFEPVIVLASRTPGDLEATAAECRNSGAET
Ctepidum MKHILLITGAGKGIGRAIALEFARAARHHPDFEPVIVLSSRTAADLEKISLECR AEGALT
Dicty -KVLAIIVTGASKGFGKAI AQEIIVKCNP-NKNQLIDLVL FARS LDGLKSTKES IETISTNA
      : : : : *** : ** : * : * : * : * : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Climicola DCITTDIADAANALHLGETVVERYG-----TVDCLVN NAG----VGRFKPFAELT--E
Ctepidum DTITADISDMADVRLTTHIVERYG-----HIDCLVNNAG----VGRFGALSDLT--E
Dicty KVIDLQSLDMSNIPDVELKF KSVLENIKWEEYSKICFFNNHGTLVHLGRIEDFSDFKNIQ
      . * : : * : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
Climicola EDFDYTVATNLKGTFFLTQKLF PVMEKQK-KGHIFVVT SIAAEKAFKTS SIYCMTKFAQK
Ctepidum EDFDYTMNTNLKGTFFLTQALFALMERQH-SGHIEFFIT SVAATKAFRHSSIYCM SKFGQR
Dicty KDNDTNTTSFVVTTSLLVKKLKLKELGSQYSSEVTI VNSSSLCAIKAFPTWSLYC SSRAYRD
      : * * . : : : : * : * : : * : : : : : : : * : : * : * * * * : * : * : : :
Climicola GLEALRLYARECN-VRITNVMPGAVYTPMWGEVPEEQAMMMMPEDIAAAVSGAYFLPQ
Ctepidum GLVETMRLYARKCN-VRITDVQPGAVYTPMWGKVDDMQALMMMPEDIAAPVVQAYLQPS
Dicty MFFQALSLEYKLNDKFKVLNYS LGVLDTDMQSQVREECSEDDKS-FYVGLKNDGKLINPN
      : : : : * : : : : : : : * : : * * : * : * : : : : : : : : : : * .
Climicola R-TSVEELVIRPVG DINE-----
Ctepidum R-TVVEEII LRPTSGDIQDD-----
Dicty RSASICSNLVYSHKFETGSHLDYYDLK
      * : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :

```

4가지 등급의 유사성: */./