

Putative signal peptide

Pru p 2.01A : MMKSQAALLGLTTLAI LFFSGAHAAKITFTNKC SYTVWPGT LTGDQK POLSLTGFELATGISNSVDAPSP : 70
 Pru du 2.01A : MMKSQAALLGLTTLAI LFFSGAHAAKITFTNKC SYTVWPGT LTGDQK POLSLTGFELATGISRSVDAPSP : 70
 Pru p 2.01B : MMKSQAALLGLTTLAI LFFSGAHAAKITFTNKC SYTVWPGT LTGDQK POLSLTGFELATGISRSVDAPSP : 70
 Pru du 2.01B : MMKSQAALLGLTTLAI LFFSGAHAAKITFTNKC SYTVWPGT LTGDQK POLSLTGFELATGISRSVDAPSP : 70
 Pru p 2.02 : MMKTLVAVLSLS-LTLLSEFGGAHAATMSFKNNCPYTVWPGT LTSDQK POLSLTGFELASQASFQLDTPVP : 66
 Pru du 2.02 : MMKTLVVFSL---TILSEFGGAHAATMSFKNNCPYTVWPGT LTSDQK POLSLTGFELASQASFSLDTPVP : 67
 Pru p 2.03 : MDRLLPSASVLTLLILSEF SEVNSASFKLVNKCRYEVPWPGVLSGANTABLSP TGFALKPKGSRTLSVPKA : 70
 Pru du 2.03 : MDRLLPSASVLTLLILSEF SEVNSASFKLVNKCRYEVPWPGVLSGANTABLSP TGFALKPKGSRTLSVPKA : 70
 Pru p 2.04 : MAPLASLLVSLLTILGLETSGLVSTTFTMVNKC BYTVWPGILT NAGVEBLPTTGFALQKGETKTISAPTS : 70
 Pru du 2.04 : MAPLASLLVSLLTILGLETSGLVSTTFTMVNKC BYTVWPGILT NAGVEBLPTTGFALQKGETKTISAPTS : 70

Pru p 2.01A : WSGREFGRTRCSTDASGKFTCATADCGSGQVSCNNGNAVPPATLVEITIAENGGQDFYDVSLVDGFNLPM : 140
 Pru du 2.01A : WSGREFGRTRCSTDASGKFTCATADCGSGQVSCNNGNAVPPATLVEITIAENGGQDFYDVSLVDGFNLPM : 140
 Pru p 2.01B : WSGREFGRTRCSTDASGKFTCATADCGSGQVSCNNGNAVPPATLVEITIAENGGQDFYDVSLVDGFNLPM : 140
 Pru du 2.01B : WSGREFGRTRCSTDASGKFTCATADCGSGQVSCNNGNAVPPATLVEITIAENGGQDFYDVSLVDGFNLPM : 140
 Pru p 2.02 : WSGREFWARTRCSTDASGKFVTCATADCDGQLMCNKGTGIPPATLAEFTIAAGGGQDFYDVSLVDGFNLPM : 136
 Pru du 2.02 : WNGREWARTGCSTDASGKFVTCATADCDGQVTCNAGAGIIPPATLAEFTIAGGGQDFYDVSLVDGFNLPM : 137
 Pru p 2.03 : WSGRIWARTLCTEYSPTNESC VTGDCGSGKIECAGSGAKPPATLAEFTLNGADGLDFYDVSLVDGYNLPM : 140
 Pru du 2.03 : WSGRIWARTLCTEYSPTNESC VTGDCGSGKIECAGSGAKPPATLAEFTLNGADGLDFYDVSLVDGYNLPM : 140
 Pru p 2.04 : WSGREWGRTLCSQDSTGKFSCTVTGDCGSGKVEACAGNAGAPPATLAEFTLDGSGGLDFFDVSLVDGYNLPM : 140
 Pru du 2.04 : WSGREWGRTLCSQDSTGKFSCTVTGDCGSGKVEACAGNAGAPPATLAEFTLDGSGGLDFFDVSLVDGYNLPM : 140

Pru p 2.01A : SVAPO--GGTG-ECKASTCPADINKVCPAELQVKGSDG-SVIACKSACLALNQPQYCCCTPPNDKPETCPP : 206
 Pru du 2.01A : AVAPO--GGTG-ECKASTCPADVNVKCPAQLQVKGSDG-SVIACKSACLALNQPQYCCCTPPNDKPETCPP : 206
 Pru p 2.01B : SVAPO--GGTG-KCKASTCPADINKVCPAPLQVKGSDG-SVIACKSACLALNQPQYCCCTPPNDKPETCPP : 206
 Pru du 2.01B : SVAPO--GGTG-KCKASTCPANVNAACPAQLQVKGSDG-KVIACKSACLALNQPQYCCCTPPNDKPETCPP : 206
 Pru p 2.02 : SVTPQ--GGTG-TCKMGSCAANVNLVCPSELQKIGSDG-SVACL SACVKEGEPQYCCCTPPQETKEKCPP : 202
 Pru du 2.02 : SVTPQPQGGTG-DCKTATCPANVNAVCPSELQKIGSDG-SVACL SACAQEGDPQYCCCTPPQETKEKCPP : 205
 Pru p 2.03 : LVVPR--GGTRGGCSATGCLVDLNGKCPRALRVAREGEVGRVACRSACEABGDPQFCCSEAYATEDTCQP : 208
 Pru du 2.03 : LVVPR--GGTRGGCSATGCLVDLNGKCPRALRVAREGEVGRVACRSACEABGDPQFCCSEAYATEDTCQP : 208
 Pru p 2.04 : LVVPO--GGSGTNCSNTGCVVDLNGLCPSELKVT SADGREGVACKSACEABQPPQYCCSGAYGTEDTCKP : 208
 Pru du 2.04 : LVVPO--GGSGTNCSNTGCVVDLNGLCPSELKVT SADGREGVACKSACEABQPPQYCCSGAYGTEDTCKP : 208

Pru p 2.01A : TDYSKLFKTKQCPQAYSAYDDKSSSTFTCSGRPDYLTIFCP----- : 246
 Pru du 2.01A : TDYSKIFKTKQCPQAYSAYDDKSSSTFTCSASPDYLTIFCP----- : 246
 Pru p 2.01B : TDYSKLFKTKQCPQAYSAYDDKSSSTFTCSGRPDYLTIFCP----- : 246
 Pru du 2.01B : TDYSRFFKTKQCPQAYSAYDDKSSSTFTCNCRPDYLTIFCP----- : 246
 Pru p 2.02 : TNYSQIFHEQC PDAYSAYAFDDNKGLFTCSGGPNYLTIFCP----- : 242
 Pru du 2.02 : TNYSQIFHDKCPDAYSAYDDNQGLFTCSGGPNYLTIFCP----- : 246
 Pru p 2.03 : SVESLFFKHACPRAYSAYDDKTSTYTCASA-DYTIIFCPLPYTRYNHVTHIL----- : 260
 Pru du 2.03 : SVESLFFKHACPRAYSAYDDKTSTYTCASA-DYTIIFCPLPYTRYNYMLHIYCDVLFNFSGTKFYMG : 277
 Pru p 2.04 : SSYSQIFKNACPHAYSAYDDRTSTFTCAAA-DYTIIFCPS PSTSKKASQGQNTQPQPTNTTTGTGTPSS : 277
 Pru du 2.04 : SSYSQIFKNACPHAYSAYDDRTSTFTCAAA-DYTIIFCPS PSTSEKASQGQNTQPQPTNTTTGTGTPSS : 277

Pru p 2.01A : ----- : -
 Pru du 2.01A : ----- : -
 Pru p 2.01B : ----- : -
 Pru du 2.01B : ----- : -
 Pru p 2.02 : ----- : -
 Pru du 2.02 : ----- : -
 Pru p 2.03 : ----- : -
 Pru du 2.03 : ----- : -
 Pru p 2.04 : TSSSPEPINNTMEYEGASYDQSEALSSTRTTSHAIAAGLVTVLALAIQLLSQLFF- : 330
 Pru du 2.04 : TSSSPEPINNTMEYEGASYDQSEASSSTRTTSHAIAAGLVTVLALAIQLLSQLFF- : 330