

HSP90-like ATPase domain

<i>G.clav</i>	1 :	MS-----G	ETFEFQAEIS	QLLSLIINTVYS	NKEIFLRELVSNA	SDALDKIRYESL	SDPSKLD	SGKDLRIDII	PDQAKTLT	TIRDTG
<i>P.anse</i>	1 :	-M-----A	ETFEFQAEIS	QLLSLIINTVYS	NKEIFLRELVSNA	SDALDKIRYESL	SDPSKLD	TGKDLRIDII	PDKENKTLT	IQDTG
<i>P.bras</i>	1 :	MA-----S	ETFEFQAEIS	QLLSLIINTVYS	NKEIFLRELISNC	SDALDKIRYEAL	SDPGKLD	SNKDLRIDII	PDKTNKTLT	IQDTG
<i>A.derm</i>	1 :	MA-----S	ETFEFQAEIS	QLLSLIINTVYS	NKEIFLRELISNC	SDALDKIRYEAL	SDPSKLD	SNKDLRIDII	PDKENKTLT	ISDTG
<i>A.nidu</i>	1 :	MA-----S	ETFEFQAEIS	QLLSLIINTVYS	NKEIFLREIISNA	SDALDKIRYESL	SDPSKLD	SGKDLRIDII	PDENKTLT	TIRDTG
<i>S.cere</i>	1 :	MA-----S	ETFEFQAEIT	QLMSLIINTVYS	NKEIFLRELISNA	SDALDKIRYKSL	SDPKQLETE	PDLFIRITP	KPEQKVLEI	RDSG
<i>H.sapi</i>	1 :	MPEETQTQDQ	PMEEEEVETFA	FQAEIAQLMSLI	INTFYSNKEIFL	RELISNSSDALD	KIRYESLTDP	SKLDSGKELH	INLIPNKQDR	TLTIVDTG
<i>S.sche</i>	1 :	MS-----G	ETFEFQAEIS	QLLSLIINTVYS	NKEIFLRELVSNA	SDALDKIRYESL	SDPSKLD	SGKDLRIDII	PKDAKTLT	TIRDTG

<i>G.clav</i>	82 :	IGMTKADLVN	NLGTIARSGTK	OFMEALTAGAD	ISMIGQFGVGF	YSAYLVADQV	KVISKNNDDE	QYVWESSAGG	TFTIATDTE	GEPLGRGTK	ILH
<i>P.anse</i>	81 :	IGMTKADLVN	NLGTIARSGTK	OFMEALTAGAD	ISMIGQFGVGF	YSAYLVADRV	TVVSKNNDD	EQYIWESSAG	GTFNISPDN	-GPSIGRGTK	ILH
<i>P.bras</i>	82 :	IGMTKADLVN	NLGTIARSGTK	OFMEALTAGAD	ISMIGQFGVGF	YSAYLVADKV	TVISKHNDDE	QYIWESSAG	GTFKITQDT	DGESLGRGTK	MILH
<i>A.derm</i>	82 :	IGMTKADLVN	NLGTIARSGTK	OFMEALTAGAD	ISMIGQFGVGF	YSAYLVADKV	TVISKHNDDE	QYIWESSAG	GTFKITQDT	DGESLGRGTK	MILH
<i>A.nidu</i>	82 :	IGMTKADLVN	NLGTIARSGTK	OFMEALSAGAD	ISMIGQFGVGF	YSAYLVADRV	TVVSKHNDDE	QYIWESSAG	GTFKITQDT	TEGEPLGRGTK	MIFH
<i>S.cere</i>	82 :	IGMXKAELIN	NLGTIAKSGTK	AFMEALSAGAD	VSMIGQFGVGF	YSFLVADRVQ	OVISKNNDDE	QYIWESNAG	GSFTVTLD	DEVNERIGRG	TILRF
<i>H.sapi</i>	96 :	IGMTKADLVN	NLGTIAKSGTK	AFMEALQAGAD	ISMIGQFGVGF	YSAYLVAEKV	TVITKHNDDE	QYAWESSAG	GSFTVRTDT	-GEPMGRGTK	VILH
<i>S.sche</i>	82 :	IGMTKADLVN	NLGTIARSGTK	OFMEALTAGAD	ISMIGQFGVGF	YSAYLVADQV	KVISKNNDDE	QYIWESSAG	GTFKITQDT	TEGEPLGRGTK	ILH

HSP90 Domain

<i>G.clav</i>	177 :	LKDEQMEYL	NESKIKEVIKKH	SEFISYPIYL	HVKKETEKEI	PDEDA	V-----E	ETTEE	-----S	DDKKPKIEEV	SDD	EDGKEKE	-KKPKTK
<i>P.anse</i>	175 :	LKDEQTOYL	NESKIKEVIKKH	SEFISYPIYL	HVOKETEVEV	PDEEA	-----E	TVEE	-----G	DDKKPKIEEV	EDDE	EDKE	---KKPKTK
<i>P.bras</i>	177 :	LKDEQTEYL	NESKIKEVVKKH	SEFISYPIYL	HVKEVEKEV	VEDAE	-----E	VKDE	-----D	EDKAPKVEEV	DDDEE	EKK	---KEKTK
<i>A.derm</i>	177 :	LKDEQADYL	NESRIKEVVKKH	SEFISYPIYL	HVLKETEKEV	PDEAE	-----E	VKDE	-----G	DDKTPKVEEV	DDDEE	DKK	---KEKTK
<i>A.nidu</i>	177 :	LKDEQTEYL	QESRIKEVVRKH	SEFISYPIYL	HVLKETEKEV	PDEAE	-----T	KEEE	-----G	DEKKPKIEEV	DDDEE	EKK	---KEKTK
<i>S.cere</i>	177 :	LKDDOLEYL	EEKRIKEVIKRH	SEFVAYPIQ	LVTKEVEKEV	PIPEE	KKDEEKKD	EKKD	-----E	DDKKPKLEE	VDEEE	---	KKPKTK
<i>H.sapi</i>	190 :	LKEDQTEYL	ERRIKEIVKKH	SQFIGYPIT	LFVEKERDKE	VSDEAE	-----E	KEDKEE	EKEKEE	SEDKPEI	EDVGSDEE	EKKDG	DKKKK
<i>S.sche</i>	177 :	LKDEQMDYL	NESKVKEVIKKH	SEFISYPIYL	HVKKETEKEV	PDEAE	-----E	TTTED	-----S	DDKKPKIEEV	SDD	EDGEEK	DKKKTK

<i>G.clav</i>	258 :	KVKETTIEE	EELNKKOKPI	WTRNPQDIT	QEEYA	AFYKSLTND	WEDHLAVKH	FSVEGQLEF	RAVLFPKRA	PDLFETKKT	TNNIKLYV	RRVFITDD
<i>P.anse</i>	251 :	KVKEVKTEE	EELNKKOKPI	WTRNPQDIT	QEEYA	AFYKSLSND	WEDHLAVKH	FSVEGQLEF	KAILFVPKRA	PDLFETKKT	TNNIKLYV	RRVFITDD
<i>P.bras</i>	254 :	KIKESKIEE	EELNKKTKPI	WTRNPADIT	QEEYA	SFYKTLSD	NWEDHLAVKH	FSVEGQLEF	RAILFVPKRA	PDLFETKKT	TNNIKLYV	RRVFITDD
<i>A.derm</i>	254 :	KIKETKVEE	EELNKKTKPI	WTRNPADIT	QEEYA	SFYKTLSD	NWEDHLAVKH	FSVEGQLEF	RAILFVPKRA	PDLFETKKT	TNNIKLYV	RRVFITDD
<i>A.nidu</i>	252 :	TIKESKIEE	EELNKKTKPI	WTRNPADIT	TEEYA	SFYKSLSD	NWEDHLAVKH	FSVEGQLEF	RAILYVPKRA	PDLFETKKT	TNNIKLYV	RRVFITDD
<i>S.cere</i>	259 :	KVKEEVQEI	EELNKKTKPL	WTRNPSDIT	QEEYA	NAFYKSI	SNDWEDPL	YVKHFSVEG	QLEFRAILF	IPKRAPD	LFESKKK	TNNIKLYV
<i>H.sapi</i>	279 :	KIKEKYIDQ	EELNKKTKPI	WTRNPDDIT	NEEYGE	FYKSLTND	WEDHLAVKH	FSVEGQLEF	RALLFVPRRA	PDLFENRKK	KNNIKLYV	RRVFIMDN
<i>S.sche</i>	259 :	KVTETTIEE	EELNKKOKPI	WTRNPQDIN	QEEYA	SFYKSLTND	WEDHLAVKH	FSVEGQLEF	RAILFVPKRA	PDLFETKKT	TNNIKLYV	RRVFITDD

G.clav 353 : ATDLVPEWLSFVKGVVDSEDLPLNLSREITLQONKIMKVIKKNIVKKSIELEFNEIAEDKEQFDKFYA AFSKNLKLGIHEDSONR PALAKLLRFNST
P.anse 346 : ATDLIPEWLSFVKGVVDSEDLPLNLSREITLQONKIMKVIKKNIVKKALELFTEIAEDKEQFDKFYTA FSKNIKLGIHEDSONRNTLAKLLRFNST
P.bras 349 : ATDLIPEWLSFIKGVVDSEDLPLNLSREITLQONKIMKVIKKNIVKKTLELFTEIAEDREQFDKFYSA FSKNIKLGIHEDAONR PALAKLLRFNST
A.derm 349 : ATDLIPEWLSFIKGVVDSEDLPLNLSREITLQONKIMKVIKKNIVKKTLELFNEIAEDREQFDKFYSA FSKNIKLGIHEDAONR PALAKLLRFNST
A.nidu 347 : ATDLIPEWLGFVKGVVDSEDLPLNLSREITLQONKIMKVIKKNIVKKTLELFNEIAEDREQFDKFYSA FSKNIKLGIHEDAONRNTLAKLLRYOST
S.cere 354 : AEDLIPEWLSFVKGVVDSEDLPLNLSREMLOONKIMKVIKKNIVKKLIEAFNEIAEDSEQFEKFYSA FSKNIKLGVHEDTONRAALAKLLRYNST
H.sapi 374 : CEELIPEYLNFIKGVVDSEDLPLNISREMLOOSKILKVIKKNIVKKCLELFTELAEDKENYKFFYEQFSKNIKLGIHEDSONRKKLSELLRYYTS
S.sche 354 : ATDLVPEWLSFIKGVVDSEDLPLNLSREITLQONKIMKVIKKNIVKKSIELEFTEISEDKQFDKFYTA FSKNIKLGIHEDTONR PALAKLLRFNST

G.clav 448 : KSGDELTSLSDYITRMPEHQKNIIYYITGESIKAVTRSPFLDSLKEKGFEVLFLVDPIDEYAMTQLKEFESKKLVDITKD-FDLEETEEEEKTSREA
P.anse 441 : KSGDEQTSLSYVTRMPEHQKNMYYITGESIKAVSKSPFLDSLKEKGFEVLFLVDPIDEYAMTQLKEFEGKKLVDITKD-FELEETEEEEKKQREA
P.bras 444 : KSGDETTSLADYVTRMPEHQKNMYYITGESLKAVQKSPFLDTLKEKNFEVLFLVDPIDEYAMTQLKEFDGKKLVDITKD-FELEETDEEKKTTREA
A.derm 444 : KSGDETTSLADYVTRMPEHQKNMYYITGESLKAVQKSPFLDTLKEKNFEVLFLVDPIDEYAMTQLKEFDGKKLVDITKD-FELEETEEEEKKAREA
A.nidu 442 : KSGDETTSLTDYVTRMKEHQKQIYYITGESIKAVAKSPFLDTLKQKDFEVLFLVDPIDEYAFITQLKEFDGKKLVDITKD-FELEETDEEKAEREK
S.cere 449 : KSVDELTSLTDYVTRMPEHQKNIIYYITGESLKAVEKSPFLDALAKNFEVLFLVDPIDEYAFITQLKEFEGKTLVDITKD-FELEETDEEKAEREK
H.sapi 469 : ASGDEMVS LKDYCTRMKENOKHIIYYITGETKDOVANS AFVERLRKHGLEVIYMI EPIDEYCVQOLKEFEGKTLVSVTKEGLELPEDDEEKKKQEE
S.sche 449 : KSGDEQTS LADYVTRMPEHQKNMYYITGESIKAVSRSPFLDSLKAKGFEVLFLVDPIDEYAMTQLKEFEGKKLVDITKD-FELEETDEEKKTTREA

G.clav 542 : EEKEYEGLAKALKNILGDKVEKVVVSHKLVGAPCAIRTGQFGWSANMERIMKAQALRDTSMSSYMSSKKTFEISPKNSIIKELKKKVETDGEDDK
P.anse 535 : EEKEYDGLAKALKNVLGDKVEKVVVSHKLVGAPCAIRTGQFGWSANMERIMKAQALRDTSMSSYMSSKKTFEISPKSPIIKELKOKVEADGENDK
P.bras 538 : EEKEFEGLAKALKNVLGDKVEKVVVSHKLIGSPCAIRTGQFGWSANMERIMKAQALRDTSMSSYMSSKKTFEISPRSPIIKELKKKVADGENDR
A.derm 538 : EEKEYEGLAKSLKNVLGDKVEKVVVSHKLIGSPCAIRTGQFGWSANMERIMKAQALRDTSMSSYMSSKKTFEISPKSPIIQELKKKVADGENDR
A.nidu 536 : EEKEFENLAKSLKNILGDKVEKVVVSHKLIGSPCAIRTGQFGWSANMERIMKAQALRDTSMSSYMSSKKTFEISPKSPIIKELKKKVADGESDR
S.cere 543 : ETKEYEPLTKALKEILGDQVEKVVVSXYLLDAPAAIRTGQFGWSANMERIMKAQALRDSMSSYMSSKKTFEISPKSPIIKELKKRVDEGGAQDK
H.sapi 564 : KKTKFENLCKIMKDILEKKVEKVVVSNRLVTSPCCIVTSTYGWTANMERIMKAQALRDNSTMGYMAAKKHLEINPDHSIIETLRQAEAD-KNDK
S.sche 543 : EEKEYEGVAKALKNILGDKVEKVVVSHKLIGSPCAIRTGQFGWSANMERIMKAQALRDTSMSSYMSSKKTFEISPOSPIIKELKKKVADGEDDK

G.clav 637 : TVKSIVQLLFETSLLVSGFTIDEPASFSERIHKLVSGLNIDEEPET--E---AAPT DAGASAAET--GD-SAMEEVD
P.anse 630 : TVKSIVQLLFETSLLVSGFTIEEPAGFAERIHKLVALGLNIDEEPEAAAD---APAADAGVAAAET--SD-NAMEEVD
P.bras 633 : TVKSITQLLFETSLLVSGFTIEEPAGFAERIHKLVSLGLNVDEESEKE--GGDSTDKEAAPAAAE LA--GE-SAMEEVD
A.derm 633 : TVKSITQLLFETSLLVSGFTIEEPAGFAERIHKLVSLGLNIDEEFAETT---EEKETEEAAAPAEVA--GE-SAMEEVD
A.nidu 631 : TVKSITQLLYETSLLVSGFTIEEPASFAERIHKLVSLGLNIDEEFAEA-----EPASTE EAPAAATT--GE-SAMEEVD
S.cere 638 : TVKDLTKLLYETALLTSGFSLDEPTSFASRINRLISGLNIDEEDEETE-T--APEASTAAPVEEVP--AD-TEMEEVD
H.sapi 658 : SVKDLVILLYETALLSSGFSLEDPQTHANRIYRMIKLGLGIDEDDPTA--D-DTSAAVTEEMP PLEGDDTSRMEEVD
S.sche 638 : TVKSIVQLLFETSLLVSGFTIDEPASFAERIHKLVSLGLNIDEEPEI--D---DAAPTETPAVADA--GD-SAMEEVD