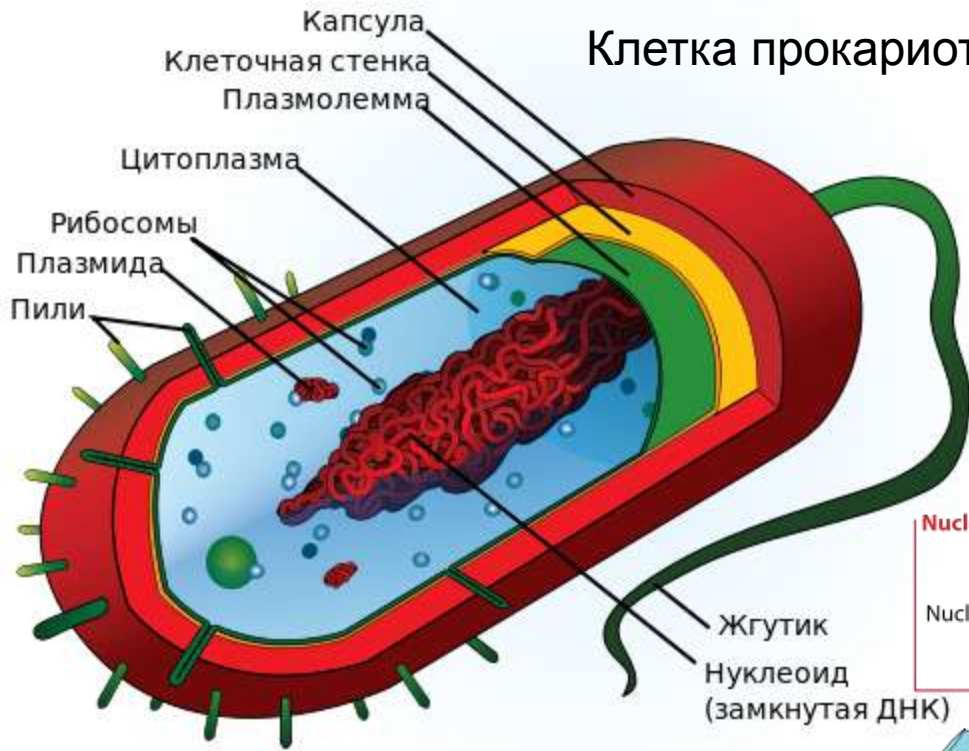


Исследование происхождения GAR-домена белков эукариот

Выполнили: Владимиров С.А.

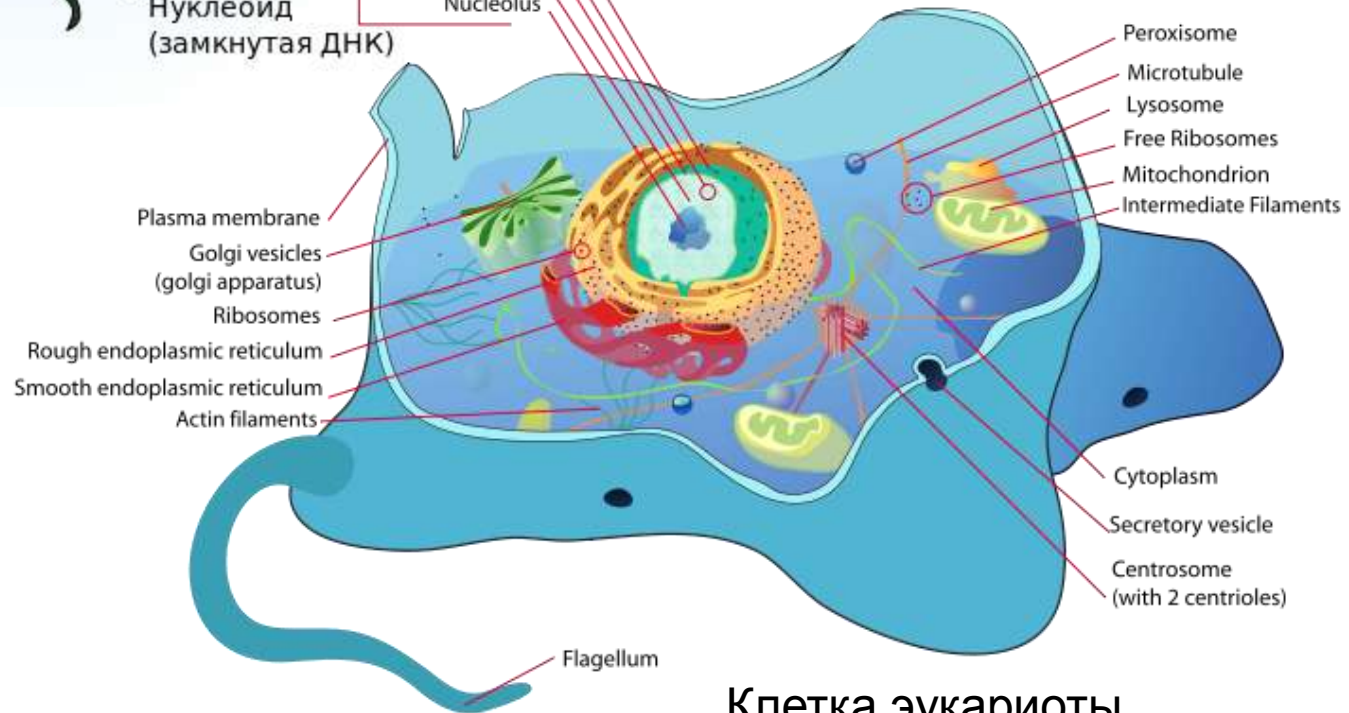
Зонов М.Н.

Клетка прокариоты

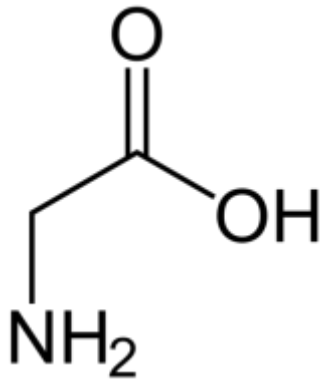


Nucleus

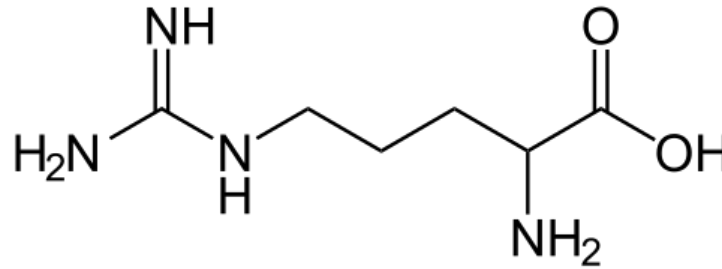
Nuclear pore
Chromatin
Nuclear envelope
Nucleus
Nucleolus



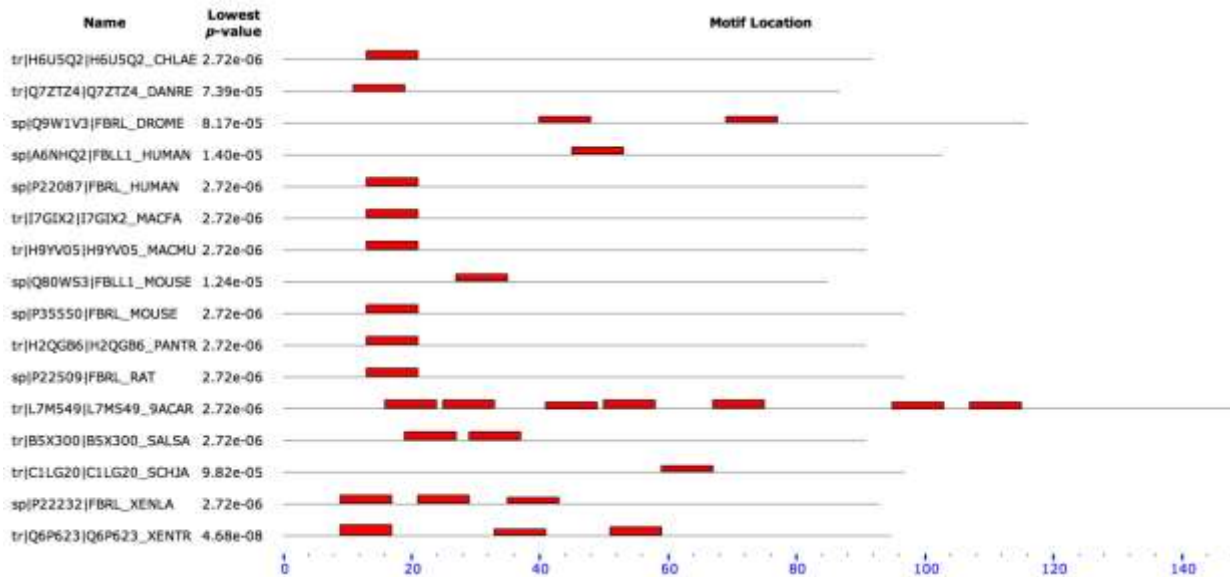
Клетка эукариоты



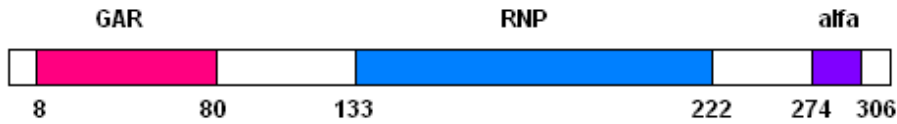
Глицин



Аргинин – положительно заряженная аминокислота



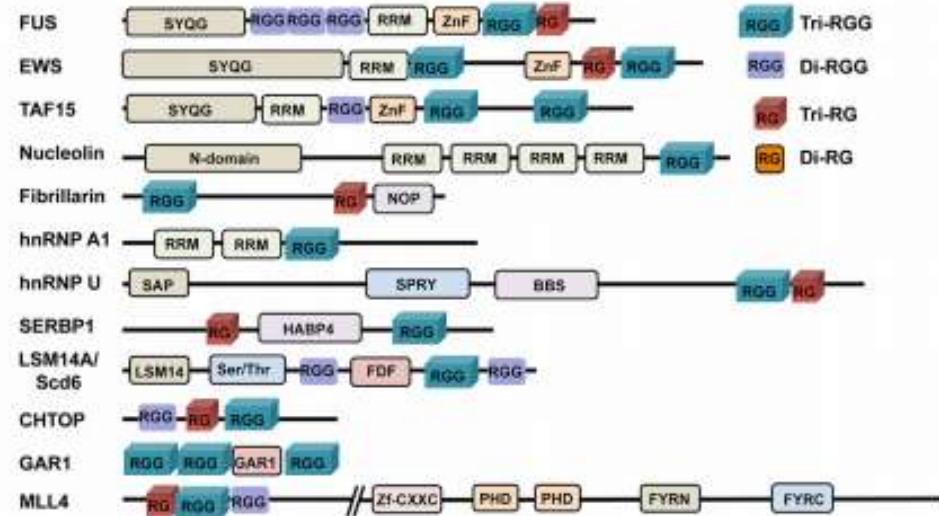
Расположение мотива GRGGFG[DG]R в последовательностях GAR- доменов белков животных.



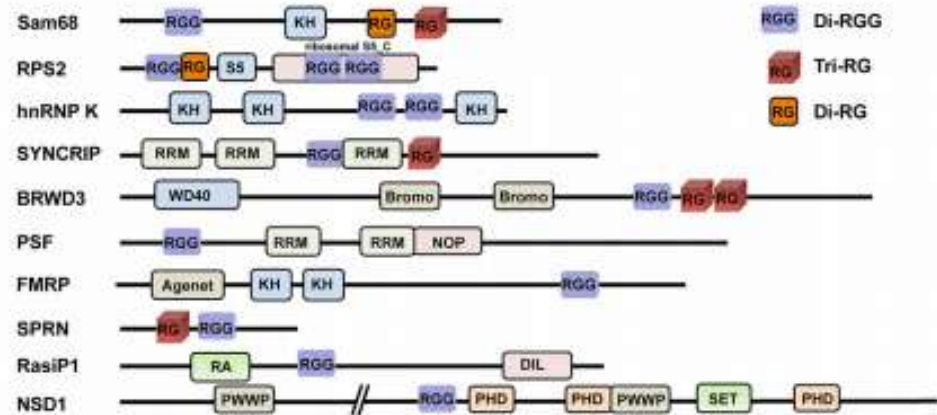
Доменная организация
фибрилларина:

GAR-домен, РНК-связывающий домен,
альфа-спиральный домен

A Tri-RGG motif proteins (12/31 shown)



B Di-RGG motif proteins (12/88 shown)



Расположение RG и RGG мотива в различных белках эукариот. Мотивы разделены на tri-RGG, tri-RG, di-RGG и di-RG в зависимости от того, какая именно аминокислотная последовательность повторяется и как часто.

```

      *          20          *          40          *          60          *          80          *          100
Pyrococcus : -----*-----MVEMKKHKKPPGVYTVID : 17
Tetrahymena: -----MGKDFKSGGNAGGKPFNKCPGCPGCRP-----FNKCPGCPGGPGCKPFGGCRP-----GPGCKPFAKGRCPKPTIIVKHRLGQVF--IC : 78
Schizosacc : MAYTSGSRGGRGGSRGRERGF-----NGRGGPFGGRGGA-----RGGRRGARGGRGRGGARG-----RGGSSGGRGFAKGR--GAKVTIEPHRHAGVF--IA : 86
Human      : --MKPGFSPRGGGF-GDRGFGDRGGRRGRGGPFGGRGRGGGF--RGRGRGGGGGGGGGGGRGGGGFHSGGNRGRGRGGKRENQS--GKNVIVEPHRHGQVF--IC : 99
Nicotiana  : -MVAPTRGRGSGGFRGEREDGGRRGGRGERGCPFGGRGGGGSAMKRGGRCGGRRGGGGRRGGGG-----RG--GPFK-----GNKVIVEPHRHGQVF--IA : 89
      g g          g gg gg          g gg          g gg r g          gg g          g v 6 H4 GV5 I

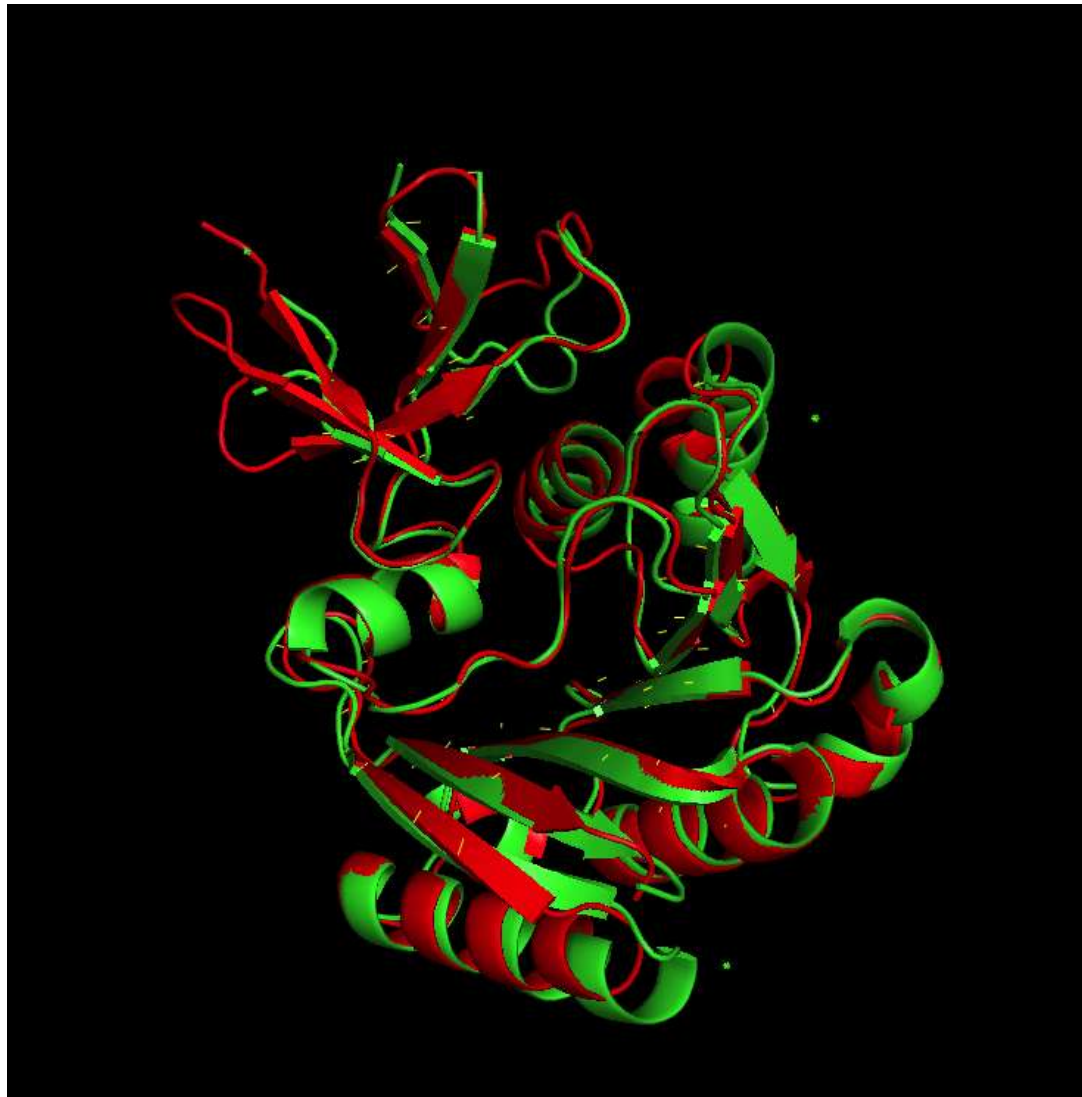
      *          120          *          140          *          160          *          180          *          200          *
Pyrococcus : DDGSERLATKNLVPGQRVYGERVTKW-EGE----EYRIWNPENRSKLGAAIMNGLKRFPIKPKGSVLYLGIABGTTASHVSDIVGMECKIPGIEFSPRVLRELVPIVEE : 120
Tetrahymena: KQQLDALVTKNFFPGESVYNKRMSEV-ENGEKIEYRWNPENRSKIAAAVVGGISDTHIKPGSKVLYLGCASGTTVSHVAQIVGTTGVVYAVEFSPHRSGRDLVNMMAK : 185
Schizosacc : RQKEDLVTRNLVPGESVYNKRIISVDSPDGTVKVEYRWNPENRSKLAAGILEGLDNIYKPGARVLYLGAANGTSVSHVAQVVGEGGLVYAVEFSPHRSGRDLINMAK : 194
Human      : RQKEDALVTKNLVPGESVYGEKRVISSEGD-DKIEYRWNPENRSKLAAPILGGVDCIHIKPGARVLYLGAASGTTVSHVSDIVGDDGLVYAVEFSPHRSGRDLINLAK : 206
Nicotiana  : KQKEDALVTKNLVPGESVYNKRIISVQNEGDTKVEYRWNPENRSKLAAPVLLGGVDDIHIKPGARVLYLGAASGTTVSHVSDIVGEGGVVYAVEFSPHRSGRDLVNMMAK : 197
      g 6 T4NlvPG2 VY B4r6s          k EYR WNP R8K6aAa66gG6 i IKPG VLYLG AsGT3vSHV D6VgP G 65a6EF8hRsgRdL6n6akk

      220          *          240          *          260          *          280          *          300          *          320
Pyrococcus : RRNIVPIIGDATKPEEYRALVPKVDVIFEDVAQPTQAKIILIDNAEVLKRGYGMIAVKRSRSDIVTKEPEQVF-REVERELSEYFEVIERLNLEPYEKDHALFVVRKT : 227
Tetrahymena: RTNVVPIIGDARKPEQYREFLVGIVDVVFADVAQPDQARIMGNQCQYFLKNSCHELISIKACCIDSTNEPAVVEAAEVQKLEEGTRPEQQQLTLEPYERDHAMVLSYR : 293
Schizosacc : RTNVIPIVEDARHVQKYRMLVGVVDVVFADVAQPDQARIVALNAAAFLLKNEGGVVISVKASCIDSTADAAVVEAREVKKIQBEKIKPCEQLTLEPYERDHCIVGKQL : 302
Human      : RTNIIPIVEDARHFKYRMLIAIVDVVFADVAQPDQARIVALNAHTFLRNGGHEVVISIKANCIDSTABAEAVFASEVKKIQQENMFPCEQLTLEPYERDHAVVGVYR : 314
Nicotiana  : RTNVIPIIEDARHFAKYRMLVGVVDVVFSDVAQPDQARILALNASYFLKAGGHEVMSIKANCIDSTVPAAEAVFAQEVKKIQAEQFKEMEQVTLPEPFDHACVVGAYR : 305
      RtN66P66 Dar p YR L6 mVDV6F DVAQPDQa4I6 Na 5L4 gG 66s6Ka cIDst VFa EV 4 E kp 2q6tLBP5E4DHa 6g y

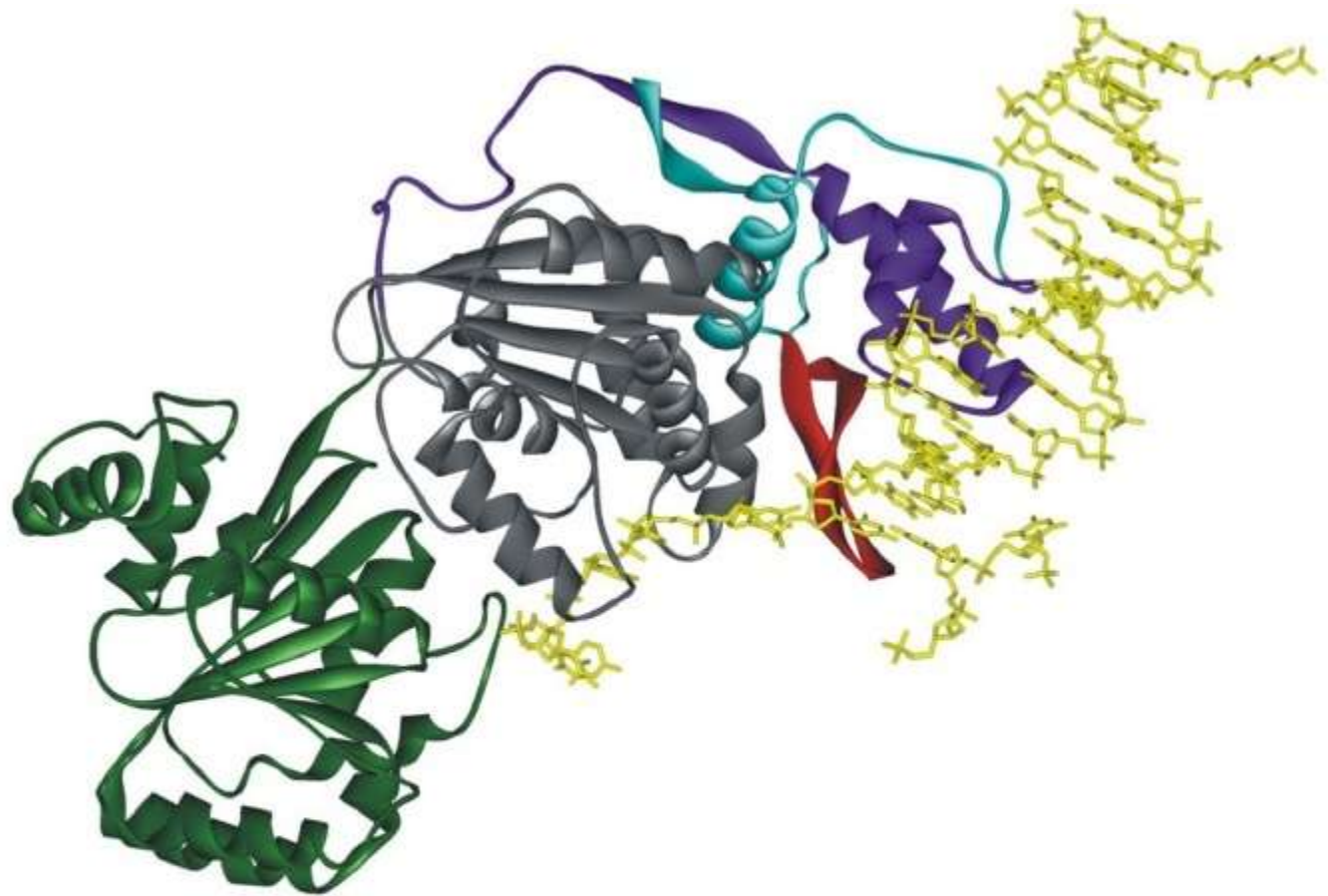
      *
Pyrococcus : ----- : -
Tetrahymena: A----- : 294
Schizosacc : RHQ----- : 305
Human      : PPPKVKN-- : 321
Nicotiana  : VPKKQKAAA : 314

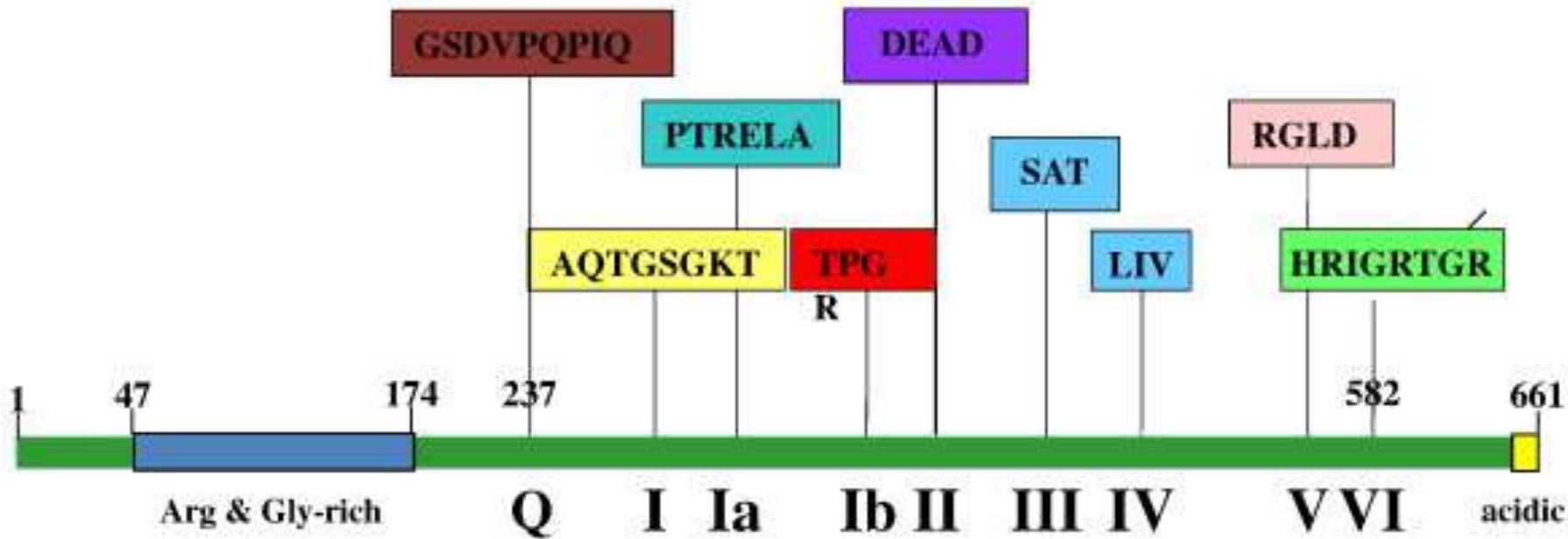
```

Выравнивание последовательностей фибрилларина организмов разных систематических групп. Несмотря на общую консервативность белка, можно заметить, что GAR-домен полностью отсутствует у фибрилларина археи, а у эукариот он сильно варьируется.



Выравнивание структур фибрилларина человека и бактерии. Структура белка очень консервативна. GAR-домена не видно, так как он не обладает консервативной третичной структурой и не проявляется на Рентген-структурном анализе.





Карта консервативных мотивов DeaD-бокс РНК-хеликазы подсемейства DDX4/VASA. Число – номер аминокислоты в последовательности.

>sp|Q9NQI0|DDX4_HUMAN Probable ATP-dependent RNA helicase DDX4 OS=Homo sapiens GN=DDX4 PE=1 SV=2

MGDEDWEAEINPHMSSYVPIFEKDRYSGENGNDFNRTPASSSEMDDGSPRRDHFMSKSGFA
SGRNFGNRDAGECNKRDNTSTMGGFGVGVKSGFGRGFSNSRFEDGDSGGFWRESSNDCEDN
PTRNRGFGFSKRGGYRDNNSSEASGPYRGGRGSGFRGCRGGFGLGSPNNDLDPDECMQRTGG
LFGSRRPVLSTGNGDTSQSRSGSGSERGGYKGLNEEVITGSGKNSWKSEAEGGESSDTQ
GPKVTYI PPPPEDEDSIFAHYQTGINFDKYDTILVEVSGHDAPPAILT FEEANLCQTLN
NNIAKAGYTKLTPVQKYSIPIILAGRDLMACAQTGSGKTA AFLLPILAHMMHDGITASRF
KELQEPECIIVAPTRELVNQIYLEARKFSFGTAVRAVVIYGGTQLGHSIRQIVQGCNILC
ATPGRLMDIIGKEKIGLKQIKYLVLDEADRMLDMGFGPEMKKLISCPGMPKSKEQRQTLMF
SATFPEEIQRLAAEFLKSNYLFVAVGQVGGACRDVQQTIVLQVGQFSKREKLVEILRNIGD
ERTMVVETKTKKADFIATFLCQEKISTTSIHGDREQREREQALGDFRFGKCPVLVATSV
A RGLDIENVQHVINFDLPSTIDEYVHRIGRTGRCGNTGRAISFFDLESDNHLAQPLVKVL
TDAQODVPAWLEEIAFSTYIPGFSGST RGNVFASVDTRKKGKSTLNTAGFSSSOAPNFVDD

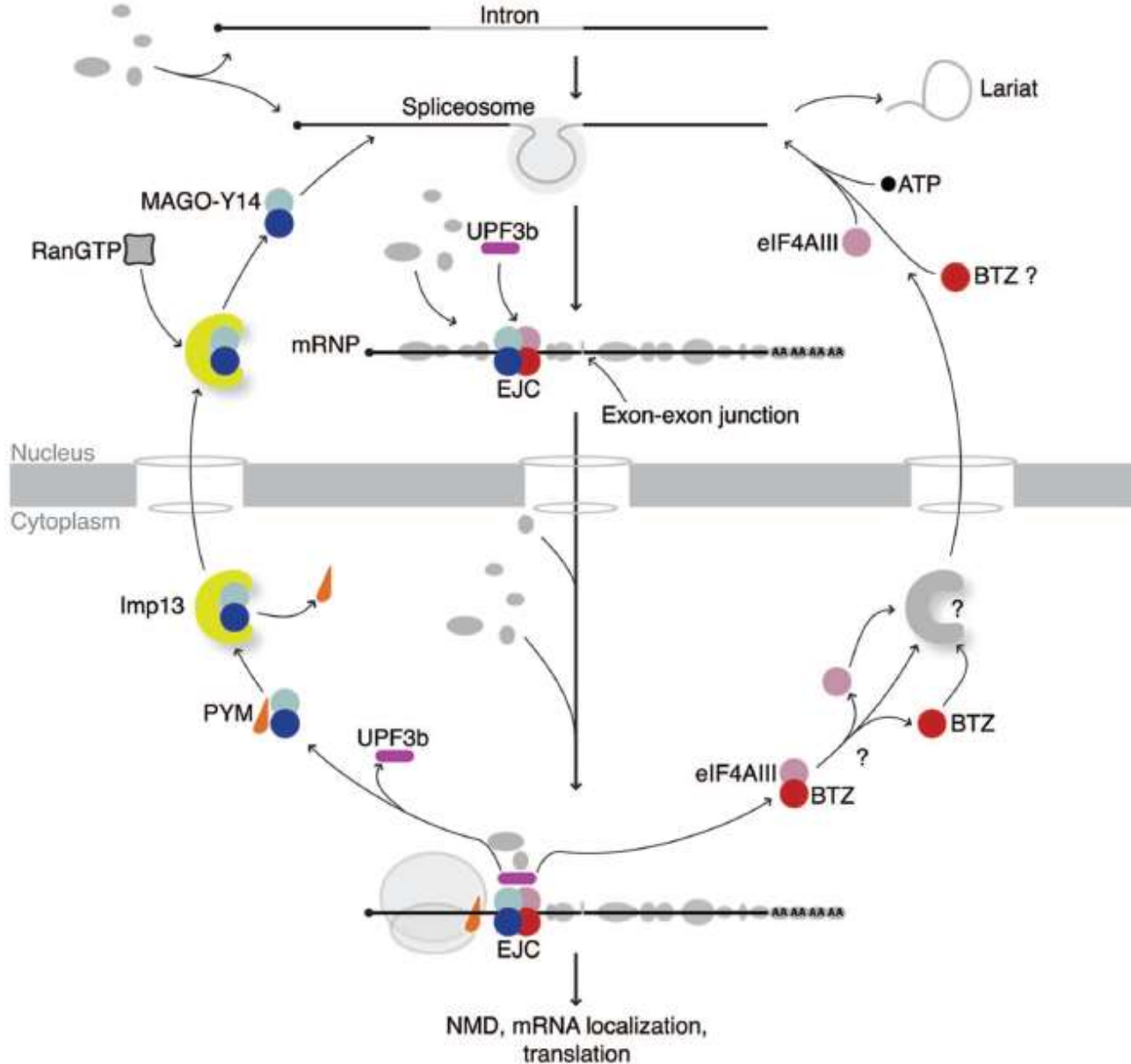
Хеликаза DDX4
человека. GAR-домен
на N-конце.

ESWD
1 -----MPSL--PVA 7 Q650T9 RH7_ORYSJ
1 MPGKLRSDAGLESDTAMKKGETLRKQTEEEKKPKSKDTEEIAEEEEETVFPKAKQVKK 60 Q9NR30 DDX21_HUMAN
8 AAEFMAVDESASK--KSKRKLKAAEVEVEASSRKKKKEKRRKAKEPSPSSS-----S 59 Q650T9 RH7_ORYSJ
61 KAEPSEVDMNSPKSKKAKKKEEPSQNDISP--K----TKSLRKKKEPIEKVVSSSKTKKV 114 Q9NR30 DDX21_HUMAN
60 S E E E E R S S S D E P A P A A K K A K K E K T K E K V V -----V E E E E E D D -----D E 100 Q650T9 RH7_ORYSJ
115 T K N E E P S E E E I D A P K P K --K M K K E K E M N G E T R E K S P K L K N G F P H P E P D C N P S E A A S E S N 172 Q9NR30 DDX21_HUMAN
101 G E L T A S G D E D P A D P N A L A N F R I S E S L R E K L K S K G I K A L F P I Q A T T F D L V L D G H D L V G R A R 160 Q650T9 RH7_ORYSJ
173 S E I E - Q E I P V E Q K E G A F S N F P I S E E T I K L K G R G V T F L F P I Q A K T F H H V Y S G K D L I A Q A R 231 Q9NR30 DDX21_HUMAN
161 T G Q G K T L A F V L P I L E S L V N G T H K A S R R T D Y G R P P T V L V L L P T R E L A K Q V H T D F A F Y G A T F 220 Q650T9 RH7_ORYSJ
232 T G T G K T F S F A I P L I E K L H G E L ----Q D R K R G R A P Q V L V L A P T R E L A N Q V S K D F S D --I T K 285 Q9NR30 DDX21_HUMAN
221 G L S A C C V Y G G S D Y R S Q E M A I R K G V D I V V G T P G R V K D F E V E K G T L N F R S L K F R V L D E A D E M L 280 Q650T9 RH7_ORYSJ
286 K L S V A C F Y G G T P Y G G Q F E R M R N G I D I L V G T P G R I K D H I Q N G K I D L T K L K H V V L D E V D Q M L 345 Q9NR30 DDX21_HUMAN
281 N M G F V D D V E L I L G K V ---E D V T K V Q T I L L F S A T I P E W W K K L S R F L K S G K K T V D L V G D E K L 337 Q650T9 RH7_ORYSJ
346 D M G F A D Q V E E I L S V A Y K K D S E D N Q T I L L F S A T C P H W V F N V A K K Y M K S T Y E Q V D L I G K K T Q 405 Q9NR30 DDX21_HUMAN
338 K A S A S V R H L A L P C N R A A R A Q V I P D I I R C Y S R -G G R T I I F T E T K E S A S D L S ---G L I A G S R 393 Q650T9 RH7_ORYSJ
406 K T A I T V E H L A K C H W T Q R A A V I G D V I R V Y S G H Q G R T I I F C E T K K E A Q E L S Q N S A I K Q D A Q 465 Q9NR30 DDX21_HUMAN
394 A L H G D V A Q A Q R E V I L A G F R S G K F L V L V A T N V A A R C L D I N D V Q L I I Q C E P P R D V E A Y I H R S 453 Q650T9 RH7_ORYSJ
466 S L H G D I P Q K Q R E I T L K G F R N G S F G V L V A T N V A A R C L D I P E V D L V I Q S S P P K D V E S Y I H R S 525 Q9NR30 DDX21_HUMAN
454 G R T G R A G N T G V A V M L F E P R Y K F N V N R I E R S G V K F E H I S A P Q P T D V A Q S A G T E A A E A I S S 513 Q650T9 RH7_ORYSJ
526 G R T G R A G R T G V C I C F Y Q H K E E Y Q L V Q E Q K A G I K F K R I G V P S A T E I I K A S K D A I R L L D S 585 Q9NR30 DDX21_HUMAN
514 V S D S V I P V F R E Q A E Q L L N S S G M S A V D L L A K A L A K A V G Y T D I K K R S L L S M D N H T T L L L Q T 573 Q650T9 RH7_ORYSJ
586 V P P T A I S H F K Q S A E K L I E E K G --A V E A L A A L A H I S G A T S V D Q R S L I N S N V G F V T M I L Q C 643 Q9NR30 DDX21_HUMAN
574 G R S V Y A A G F V L S T L K R F M P E E R L A D V R G I T I T A D G T G A V F D V P S A E V E D Y I Q G A Q N A A M V 633 Q650T9 RH7_ORYSJ
644 S I E M P N I S Y A W K L E Q L G E E I D S K V R G M V F L K G L G V C F D V P T A S V T E I Q E K W H D S R R W 703 Q9NR30 DDX21_HUMAN
634 T V E E V K L P L P L Q E R E -Q S G G S R G -----G G R F G N R R F S G G G G R G G C C R G F G C C R G 683 Q650T9 RH7_ORYSJ
704 Q L S V A T E Q P E L E G P P R E G Y G G R R G Q R E G S R C F R C Q R D G N R R F R G Q R E -----G S R C P R C 756 Q9NR30 DDX21_HUMAN
684 R C G G G G N R F N K R Y ----- 696 Q650T9 RH7_ORYSJ
757 Q R S G G G N K S N R S Q N K Q K R S F S K A F G Q 783 Q9NR30 DDX21_HUMAN

Хеликазы
DDX21/DDX50 риса и
человека. GAR-домен
на C-конце.

```
>sp|C8V8H4|DED1_EMENI ATP-dependent RNA helicase ded1 OS=Emericella nidulans
MADGLNMGSLTLNDSQHAPAPGGPPSGGRAAYIPPHLRQRQVNANGDGASAPPPGPTGGS
WGGPRGFRGGNWANANAPDFNRGPNGNTINTNSGWTATEAGRPLENPNAYGNPBGHGGGYA
GASARGSGDGQWRDGKHIPGPPNPRLELEFGVPNDPTKQNTGINFANYDDIPVEASGHD
VPEPVNTFTNPPLDDHLISNIALARYQTPTPVQKYSIPIVMNGRDLMACAQTGSGKTGGF
LFPILSQAYQNGPAAPPPSAAGQFGRQRKAYPTSLILAPTRELVSQIFDEARKFAYRSWV
RPCVVYGGADIGSQLRQIERGCDLLVATPGRLVDLIERGRISLVNIKYLILDEADRMLDM
GFEPQIRRIVEGEDMPNVNDRQTLMFSAIFPRDIQMLARDFLKDYVFLSVGRVGSISENI
TQKVEYVEDHDKRSVLLDILHTHGTTGLTLIFVETKRMADALSEFLINQRFPATAIHGDR
TQRERERALEMFRSGRYPILVATAVARGLDIPNVTHVINYDLPTDIDDYVHRIGRTGRA
GNTGIATAFFNRGRGVVRDLIDLLKEAHQEVPSFLESIAREGSGYGGRGRGRGRGAN
ATRDMRRMGGGMGGPPSYGGGSGFGAPASNYGGGYGGAPSYGGAGYGGGYGGGGYGNPSG
STGPSSWW
```

Хеликаза DDX3 у представителя царства грибов. GAR-домены как на N-, так и на C-концах.



Механизм работы EJC. eIF4AIII – белок с хеликазной активностью, а Y14 отвечает за распознавание РНК, причём механизм неизучен.

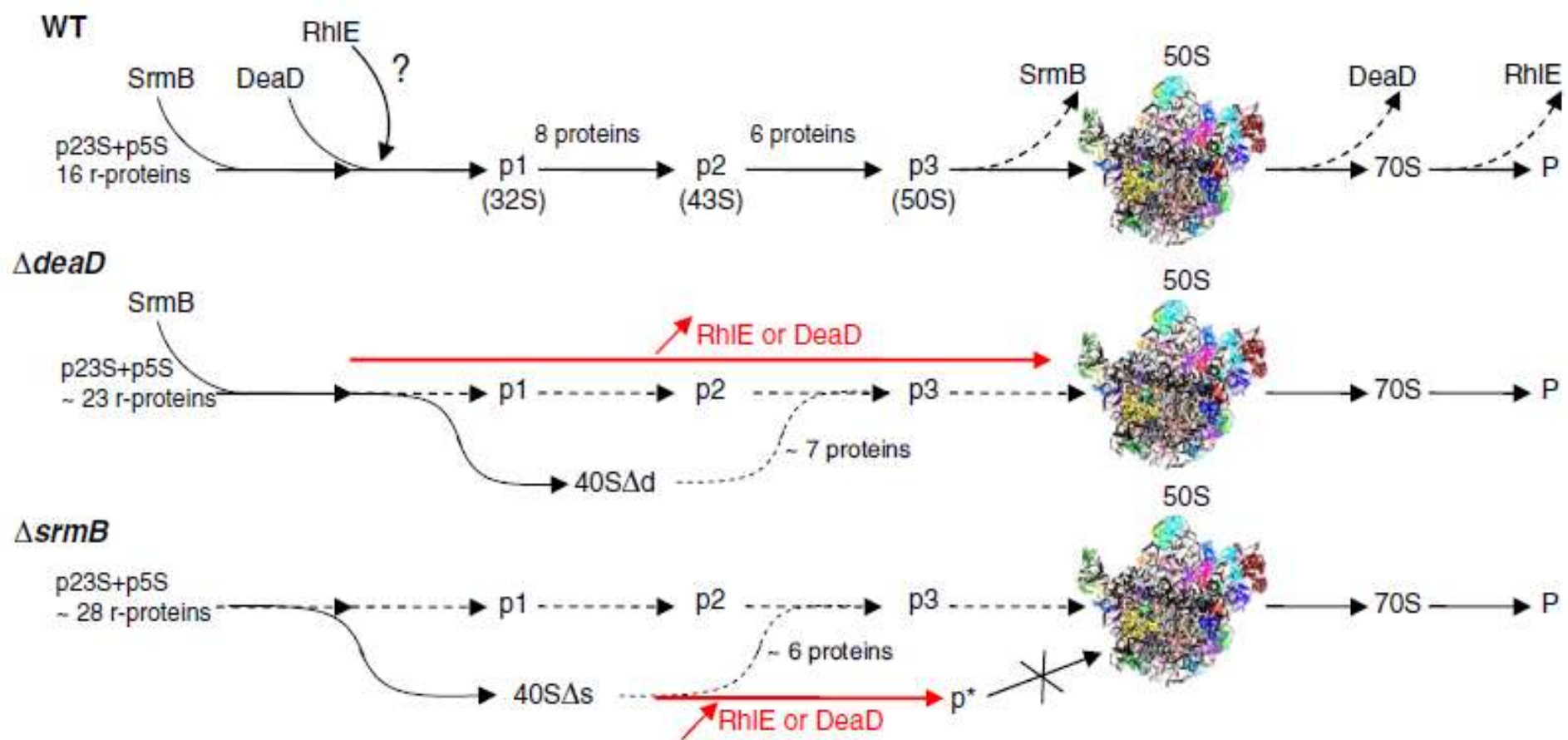
Итоги работы

1. Временные рамки в периоде эволюционного развития, когда происходили изменения в расположении GAR-домена РНК-хеликаз DEAD – от существования общего предка эукариот до изоляции общих предков различных царств.
2. Вероятная первичная функция GAR-домена в белках прокариот и вторичная в белках эукариот – неспецифичное связывание с нуклеиновыми кислотами.

Спасибо за внимание!

>tr|Q8NR96|Q8NR96_CORGL ATP-dependent RNA helicase DeaD OS=Corynebacterium glutamicum
MSNTENVNGDVEQPNNVVISSESQETPQGDSASADFALETPTNTVEDAPASEGSEEITRVA
DTSEDADSADADNASNVINENEDSSEGANQPSNESSSTEAKSGFDALGLPERVLDAVRKV
GYETPSPIQAQTIPILMEGQDVVGLAQTGTGKTAAFALPILARIDKSVRSPQALVLAPTR
ELALQVADSFQSFADHVGGLNVLPIYGGQAYGIQLSGLRRGAHIVVGTPGRIIDHLEKGS
LDISGLRFLVLDEADEMLNMGFQEDVERILEDTPDEKQVALFSATMPNGIRRLSKQYLNN
PAEITVKSETRTNTNITQRFLNVAHRNKMDALTRILEVTEFEAMIMFVRTKHETEEVAEK
LRARGFSAAAINGDIAQAQRERTVDQLKDGRLDILVATDVAARGLDVERISHVLNFDIPN
DTESYVHRIGRTGRAGRTGEAILEFVTPRERRMLRSIERATNAPLHEMELPTVDQVNDFRK
VKFADSITKSLEDKQMDLFRTLVKEYSQANDVPLEDIAAALATQAQSGDFLLKELPPER
ERNDRRRDRDFDD**RGGR**RGRDRDRGDRGDRGSRFDRDENLATYRLAVGKRQHIRPGAIVG
ALANEGGLNSKDFGRITIAADHTLVELPKDLPQSVLDNLRDTRISGQLINIERDSGGRPP
RRFERDD**RGGRGG**FRGDRDD**RGGR**RGRDRDDRGS**RGGR****FRGG**RDRDD**RGGRGG**FRGRDDRGD
RGGRGGYRGGRD

DEAD box
helicase family.
DeaD subfamily.



Варианты механизмов процессинга пре-рРНК прокариот и роль РНК-хеликаз DeaD

1	MGDEDWEAEILKPHVSSYVVFVEKDKYSSGANGDTFNRTSASSSEMEDGSPGRDHFMRSG	60	Q64060	DDX4_RAT
1	MGDEDWEAEI-NPHVSSYVVFIFEKDGYS--GENGDKFNRTTASSSEMDDGSPGRDHFMRSG	58	Q6GWX0	DDX4_PIG
1	--MEENWDTEIET-EKPTYVPNFSTLETENTDNYSAYSNN-----DINNQN	43	Q91372	DDX4_XENLA
61	FSSGRNLGNRDIGESSKRE----TTSTTGGFGRGKGFGRNGLNFKFEEGDSSGFWKEST	116	Q64060	DDX4_RAT
59	FTSGRSYGKRDRAGESENKRE----NTSTTGGFVGKSGFGRNGLNFKFEEGDSSGFWKEST	114	Q6GWX0	DDX4_PIG
44	YDSERSFGNRGGYRSERSRPSNFRNRSRTERGRGRGFGTNRNDM-----YSSERD	93	Q91372	DDX4_XENLA
117	NDCEDTQTRSRGFSKRGGYPDGNDSSEASGPFRRGGRD-----S	154	Q64060	DDX4_RAT
115	NDCEDNTTRNRGFSKRGGSRDGNKSEASGPFRRGGRGSFRGCRGGFG--LGSQ-----NS	167	Q6GWX0	DDX4_PIG
94	VFGDDERDQRRGFPRGGYNGNEDGQKPNAFRGRGGFRNENEQRRGFGERGGFRSENGQR	153	Q91372	DDX4_XENLA
155	EY-----DQDQSSQRRGGGLFGSRKPAASDSGSGDTFQSRSGNARGAYKGLNEEV	203	Q64060	DDX4_RAT
168	EL-----DPDQGMQRGGGLFGSGRPAASDTNGDITYQSRSGRGRGGYKGLNEEV	216	Q6GWX0	DDX4_PIG
154	NFDNRGDFGNSGEEEDRPRS YGRGGFNNS----DTGGRGRRGGRGGGSQYGGYKGRNEEV	209	Q91372	DDX4_XENLA
204	VTGSGKNSWKSEAEAGGESSDIQGGPKVTYIPPPPEDEDSIFAHYQTGINFDKYDTILVEV	263	Q64060	DDX4_RAT
217	VTGSGKNSWKSEAEAGGESSDTQGGPKVTYIPPPPEDEDSIFAHYQTGINFDKYDTILVEV	276	Q6GWX0	DDX4_PIG
210	GVESGKSQ-----EEGNEKDEKPKVTYIPPPPEDEDNIFRQYQSGINFDKYDEILVDV	264	Q91372	DDX4_XENLA
264	SGHDAPPAILTFEEANLCQTLNNNIAKAGYTKLTPVQKYSIPIVLAGRDLMACAQTGS GK	323	Q64060	DDX4_RAT
277	SGHDAPPAILTFEEANLCQTLNNNIAKAGYTKLTPVQKYSIPIILAGRDLMACAQTGS GK	336	Q6GWX0	DDX4_PIG
265	TGKDVPPAILTFEEANLCETLRRNVARAGYVVKLTPVQKHSIPIIMAGRDLMACAQTGS GK	324	Q91372	DDX4_XENLA
324	TAAFLLPILAHMMRDGITASRFKELQEPECIIVAPTRELINQIYLEARKFSPGTCVRAVV	383	Q64060	DDX4_RAT
337	TAAFLLPILAHMMHDGITASRFKELQEPECIIVAPTRELINQIYLEARKFSPGTCVRAVV	396	Q6GWX0	DDX4_PIG
325	TAAFLLPILSYMMNEGITASQYLQLEPEAIIIAPTRELINQIYLDARFKFSYGT CVRPVV	384	Q91372	DDX4_XENLA
384	IYGGTQFGHSIRQIVQGCNILCATPGRMLDIIIGKEKIGLQKVKYLVLDEADRMLDMGF GP	443	Q64060	DDX4_RAT
397	IYGGTQLGHSIRQIVQGCNILCATPGRMLDIIIGKEKIGLQKIKYLVLDEADRMLDMGF GP	456	Q6GWX0	DDX4_PIG
385	VYGGIQPVHAMRDVEKGCNILCATPGRLLDIVSKEKIGL SKLRYLVLDEADRMLDMGF AP	444	Q91372	DDX4_XENLA
444	EMKKLISCPGMPSPKEQRQTLLFSATFPPEIQRLAGEFLKSNYLFVAVGQVGGACRDVQQS	503	Q64060	DDX4_RAT
457	EMKKLISCPGMPSPKEQRQTLMFSAATFPPEIQRLAAEFLKSNYLFVAVGQVGGACRDVQQA	516	Q6GWX0	DDX4_PIG
445	EIEKLMTKPGMPTREKRQTLMFSAATYPEEIRRLASNYLKS EHLFVVVGLVGGACSDVAQT	504	Q91372	DDX4_XENLA
504	ILQVGPFVFKRKLVEILRNIGDERFMVVFETKKKADFIATFLCQEKISTTSIHGDREQRE	563	Q64060	DDX4_RAT
517	DLQVGQYSKREKLEILRNIGDERTMVFVETKKKADFIATFLCQEKISTTSIHGDREQRE	576	Q6GWX0	DDX4_PIG
505	VLEMRENGRMEKLEILKSSSEKERTMIFVMTKKKADFIAGYLCQEKFSSTSIHGDREQYQ	564	Q91372	DDX4_XENLA
564	REQALGDFRCGKCPVLVAT SVAARGLDIENVQHVINFNLPSTIDEYVHRIGRTGRCGNTG	623	Q64060	DDX4_RAT
577	REQALGDFRFGKCPVLVAT SVAARGLDIENVQHVINFNLPSTIDEYVHRIGRTGRCGNTG	636	Q6GWX0	DDX4_PIG
565	RESALWDFRTGKCTIVIVCTA VAARGLDIENVQHVINFNLPSTIDEYVHRIGRTGRCGNTG	624	Q91372	DDX4_XENLA
624	RAISFFDTESDNHLAQPLVKVLSDAQDQDVPALWEEIAFSSYAPPSFSNSTRGAVFASFDT	683	Q64060	DDX4_RAT
637	RAISFFDLESDNHLAQPLVKVLTDAQDQDVPALWEEIAFSTYIP-GFSGSTRGNVFASVDT	695	Q6GWX0	DDX4_PIG
625	KATSFVNVQDDHVIARPLVKILTDAHQEVPALWEEIAFGGHGALNS-----FYAADS	676	Q91372	DDX4_XENLA
684	RKNFQGNLNTAGISSAQAPNPVDESWD	713	Q64060	DDX4_RAT
696	RK---GKSTLNTAGFSSSQAPNPVDESWD	722	Q6GWX0	DDX4_PIG
677	MGEQAGGNVATTP-----SFAQEEASWD	700	Q91372	DDX4_XENLA

DEAD box
helicase family.
DDX4/VASA
subfamily


```

1  ----MAD--GL--NMGLTLNDSQHAPAPG--GPPSGGRAAYIPPHLRQRQVNWANGDGA 49 C8V8H4 DED1_EMENI
1  MSHVAEDELGLDQLAGLDLT---SRDSQS--GGSTASKGRYIPPHLRNREAAKAFY-- 53 P16381 DDX3L_MOUSE
1  MSS-----NSWADVSESERAPSGGGWGYSRPSRTINVPVPHLRSRTPSSEFVAP 48 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .
50  SAPPFGPTGGSWGGRGPRGGRN----WANANAPDFNPRGPNNGTNTNSGWTATEAGRPLF 105 C8V8H4 DED1_EMENI
54  ----DKDGRSRWSKDKDAYSSFGSRSDTRAKSSFFSDRGGSGSRGR-----FDERGRS-- 101 P16381 DDX3L_MOUSE
49  SPG--NNDRGGYGGANSGYGGRGQ----- 70 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .
106 NPNAVGNPFGGGYAGAS--ARGSGDQWRDQ----KHIPGPPNPLERELFGVNDPTK 159 C8V8H4 DED1_EMENI
102 ---DYESVGRSRGRSGFGKFERGGNSRWCDKADEDWWSKPLPPSERLEQELFSG----- 152 P16381 DDX3L_MOUSE
71  --GYGG--RGSYGG--RGGFVGGWNRAS--GGWDRRDTEINPFGNDGNADPAVNEQ 119 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .
160 QNTGINFANYDDIPVEASGHVPEPVNTFTNPPDLLHLISNIALARVQTFTPVQKYSIPI 219 C8V8H4 DED1_EMENI
153 GNTGINFERKYDDIPVEATGNMCPPHIESFSFDVEMGEIIMGNIELTRYRTPFPVQKHAIFI 212 P16381 DDX3L_MOUSE
120 ENTVINFEAYEDIPDIETSGDNVFPVNTFAEIDLGEALNLNIQRCKVVKFTPVQRNAIFI 179 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .
220 VMNGRDLMACAQTGSGKTIQGLFPILSQAYQNGPAAPPF--SAAGQFGRQRKAYPTSLIL 277 C8V8H4 DED1_EMENI
213 IKEKRDLMACAQTGSGKTA AFLLPILSQTITDGPGEALRAMKENGKYGR-RKQYPIISLVL 271 P16381 DDX3L_MOUSE
180 LAAGRDLMACAQTGSGKTA AFCFPIISGIMKQDQIERPRG-----VRGVYPLAVIL 230 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .
278 APTRELVSQIFDEARKFAYRSVWRPCVVYGGADIGSQLRQIERGCDLLVATPGRLVDLIE 337 C8V8H4 DED1_EMENI
272 APTRELAVQIYEARKFSYRSRVWRPCVVYGGADIGQQIRDLERGCHLLVATPGRLVDMME 331 P16381 DDX3L_MOUSE
231 SPTRELACQIHDEARKFSYQTVGVVVVAYGGT FVNQQIRELERGVLDILVATPGRINDLLE 290 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .
338 RGRISLVNIKYLILDEADRMLDMGFEPQIRRIVEGEDMPNVNDRQTLMFSAFPFRDIQML 397 C8V8H4 DED1_EMENI
332 RGKIGLDFCKYLVLDEADRMLDMGFEPQIRRIVEQDTMFPKGVVHTMMSATFPKEIQML 391 P16381 DDX3L_MOUSE
291 RGRVSLQVVRFLALDEADRMLDMGFEPQIRKIVQQMDMFPVGVVQTLMFSAFPFREIQRL 350 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .
398 ARDFLKDYVFLSVGRVSGTSENITQKVEYVEDHDKRSVLLDILHTH-----GTTGLTIL 451 C8V8H4 DED1_EMENI
392 ARDFLDEYIFLAVGRVSGTSENITQKVVVVEEADKRSFLLDLLNAT-----GKDSLILV 445 P16381 DDX3L_MOUSE
351 ASDFLSNYIFLAVGRVGSSTDLIVQRVEFVHDSDKRSHLMDLLHAQRENGNQKQALTLV 410 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .
452 FVETKRMADALSEFLINQRFPAIAIHGDRQQRERERALEMFRSGRYPIILVATAVAARGLD 511 C8V8H4 DED1_EMENI
446 FVETKKGADSLDFLYHEGYACTSIHGDRSQDRREEALHQFRSGKSPILVATAVAARGLD 505 P16381 DDX3L_MOUSE
411 FVETKKGADSLNWLCLINGFPATTIHGDRSQQEREVALRSFKTGRTPILVATDVAARGLD 470 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .
512 IPNVTHVINYDLPTIDIDDYVHRIGRTGRAGNTGIATAFNRGNRGVVVDLIDLLEAKHQE 571 C8V8H4 DED1_EMENI
506 ISNVKRVINFDLPSDIEEYVHRIGRTGRVGNLGLATSFNERNINIKDLDLLEAKHQE 565 P16381 DDX3L_MOUSE
471 IPHVAHVNFDLNDIDDYVHRIGRTGRAGNSGLATAFNDNNTTMAKPLAELMQEANQE 530 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .
572 VESFLESIAREGSGYGGRRGGRGGR--GRGANATRDMMRMGG--GMGGPPSYGGGSGFGAPA 628 C8V8H4 DED1_EMENI
566 VPSWLENMAFEHHYKGGSRGRSKSRFSGGFGARDYRQSSG--ASSS--SFS--SGRASNS 619 P16381 DDX3L_MOUSE
531 VPDWLTRYASRASFGGKRRRSGRGF---GGRDFRRESFSRGGGGGADYGGGGYGGVVP 586 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .
629 S-----NYGGGYGGAAPSYYGGAGY----GGGYGGGYGNPFSG---STGPS3WW- 668 C8V8H4 DED1_EMENI
620 R-----SGGSHGSSRGFGGGSY---GGFYNSDGYGGNYS---SQG-VDWWG 659 P16381 DDX3L_MOUSE
587 GGGYGAMPGGYGPVPGGGYGNVPGGGYAPYGRGGGAYYGGGYGTVPNQYGYGPGVASAWD 646 Q9M2F9 RH52_ARATH
      . . . . .

```

DEAD box
helicase family.
DDX3/DED1
subfamily.

```

669 - 668 C8V8H4 DED1_EMENI
660 N 660 P16381 DDX3L_MOUSE
647 - 646 Q9M2F9 RH52_ARATH

```

