

# Signature Sequences Ser-tRNA Synthetase

Griffiths, E. and Gupta, R.S. (2004) J. Bact. 186:3097-3107

285

336

## Proteobacteria

E. coli NP\_415413  
 Sal. typhimurium NP\_459939  
 H. influenzae NP\_438284  
 X. fastidiosa NP\_299565  
 Pas. multocida NP\_245195  
 Pse. aeruginosa NP\_251302  
 V. cholerae NP\_230755  
 Buch. sp. APS NP\_240135  
 Ral. solanacearum NP\_520458  
 Nel. meningitidis NP\_274688  
 Nit. europaea NP\_840274  
 Burk. fungorum ZP\_00029558  
 C. crescentus NP\_420806  
 R. prowazekii NP\_221133  
 A. tumefaciens NP\_354691  
 Des. desulfuricans ZP\_00129484  
 Geo. metallireducens ZP\_00080426  
 Camp. jejuni NP\_281579  
 Hel. pylori NP\_208271  
 Aqu. aeolicus NP\_213207

## Aquifex, Chlamydiae, CFBG

Cb. tepidum NP\_661506  
 Cyt. hutchinsonii ZP\_00118581  
 Bact. thetaiotaomicron NP\_813223  
 Chl. trachomatis NP\_220248  
 Chlam. pneumoniae NP\_445536

## Spirochetes, Cyanobacteria, GNS Bacteria

Lep. interrogans NP\_714519  
 Tre. pallidum NP\_219084  
 Bor. burgdorferi NP\_212360  
 Syn. sp. WH 8102 NP\_897985  
 Pro. marinus NP\_895201  
 Tri. erythraeum ZP\_00075337  
 Sy. sp. PCC 6803 NP\_440547  
 Nostoc sp. PCC 7120 NP\_488016  
 Thermosyn. elongatus NP\_682342

## Deinococcus-Thermus

Cfx. aurantiacus ZP\_00019553  
 D. proteolyticus \* AY453857  
 D. radiodurans NP\_295000  
 The. thermophilus 1SRY\_A  
 The. aquaticus P34945  
 Mei. silvanus \* AY452782  
 T. maritima NP\_229180

## Gram(+)ve Bacteria

Bif. longum NP\_696787  
 Cor. glutamicum NP\_602083  
 Thermobif. fusca ZP\_00057154  
 Str. coelicolor NP\_628145  
 Str. avermitilis NP\_823470  
 Myc. tuberculosis NP\_338495  
 Tro. whipplei NP\_787854  
 L. lactis NP\_267868  
 Fuso. nucleatum NP\_603020  
 U. urealyticum NP\_077937  
 Bac. subtilis NP\_387894  
 Oce. iheyensis NP\_690933  
 Strep. mutans NP\_722195  
 Clo. acetobutylicum NP\_346664  
 Lis. innocua NP\_472218  
 Thermo. tengcongensis NP\_621737  
 Ent. faecalis NP\_816887  
 Sta. aureus NP\_644824  
 M. genitalium NP\_072665

HQFDKVEVMQIVRP  
 -----D  
 ---E---L-SVCK-  
 -----L---A-  
 -----D-  
 -----L---T-  
 -----L---K-  
 -----Q-  
 -----H-  
 -----L---TH-  
 -----A-  
 ---Y---L-S-TT-  
 ---G---L-S-TT-  
 ---W-C-L-S-TDA  
 ---T---RFAFH-  
 ---N---L-KFTH-  
 ---E---L-S-TK-  
 -----L-A-TH-  
 -----L-K-H-  
 ---N---RFT-  
 -----L---AT-  
 -E-S---L-R-DK-  
 ---H---FAFTT-  
 ---H---FAFTT-  
 ---Q---L-KFCK-  
 ---T-L-FAYCT-  
 ---S---FCFCKA  
 ---N---LYWFAH-  
 ---N---LYWF-H-  
 ---N---K-H-  
 ---N---L-KL-K-  
 ---N---L-KV-H-  
 ---N---L-KF-H-  
 -----YMF-T-  
 -E-R---QYV-C-  
 -E-R---QYVLC-A  
 ---H---QYVLT  
 ---H---QYVLT  
 ---R---QYVLT  
 -----L-WVTT-  
 -----FVYAKQ  
 -----FVYCK-  
 ---N---FVYAH-  
 -----FSY-L-  
 ---E---L-RVCA-  
 -----GFVYCT-  
 ---S-L-FSY-H-  
 ---H---KFAK-  
 ---N---K-TDA  
 ---H---L-KLCK-  
 ---N---L-KF-K-  
 ---N---L-NF-K-  
 ---H---KFAK-  
 ---N-I-F-YTK-  
 ---N---L-F-K-  
 ---H---L-KFTE-  
 ---H---KFSDA  
 -----RFEQ-  
 ---Q-T-L-KFCK-

EDSMAALEEMTGHAEKVLQLLGLPYRKIIILCTGDMGFACKTYD  
 -----S-----  
 DK--E---L-----N-----VL-----S-----  
 QE-EGEHQR--RC--T--EM-----L-----A-T-----  
 -T--QV---L--Q-----E-----VL-----S-----  
 AT-YE---GL-AN--R-----E---VLA-----T-----  
 -----L-----V-----S-----  
 -K-YE---KL-N-----N-----ML-----T--A-V-----  
 -T-FE--DA--H--NI-RK-E--F-TVV-----ST-----  
 -K-YET---V---NI-KA-E---V-T-----A-----  
 -K-HE---SLV---I--K-EL-----VML-----S-A-----  
 -T-YD---Q-V---TI--K-E---V-T-----S-A-----  
 DQ-E-EHQR-VEC--T--KK-E--F-TML-----K-----  
 -E-KNEH-YI-NAS-TI-KK-D---VML-----A-K-----  
 -SAV-EH-R-AC--E--KR--HF-TLT-----S-R-----  
 -K-FEE--KLR--VL--K--H--VVT--S-----S-A-----  
 ST-Y-E--RLLAN--E--RQ--H--VVE-----S-A-----  
 -Q-DSVFN--LEC-SDL-SS--AH-HLM-----L--S-A--V-  
 KE-DVMQ-H-LES-SEI-KA-E--H-FVQ--S--L--S-SN-I-  
 DT-YDE--KLVKD--E-----VVE-----L--S-A-----  
 -A-YE---IL---AI-VA-KI---V-T--S--ISAN-A-C--  
 -T-Y-I---KK-VQGL-EK-E---ILH--G--S-TSAL-F-  
 -H-KESHQQ-LD-V-GL--K-E---ILR--G--S-T-ALCF-  
 -QEEVVYQK-LHVV-EI-SE-Q---QLSL-S---S-T-K-I-  
 NQDDI-Y-K-LSIV-EM-TE-K---LSL-S---S-T-S-I-  
 ---EEEEKK-LS---NI-KK-E---V---S--ISANSSTI---  
 S--ECLH-RLRSLE-EIFTA-EI-F-VVEV-A--L-AP-YRWK-  
 -E-GVIHD-FLSIQ-QIFTE-EI---VUNI-SF-L-SP-Y-K-  
 DH-AE-HAQI-AD--A--A-E---VLDL--A-I--S-QR--  
 DHSQ--HAQITAD--A--A-E---V-E---L--SSSR--  
 -T-EEEEHKLQVAD--AI--A-K---ILE--S--L--S-A-C-  
 -E-A-EHQALVAD--AI--A-E---VVE-----L--S-A-C-  
 ST-FDE--KLV-N--AI--A-K---V-N-----L---T---  
 -T-A-EH-ALVAD--FI--A-K---V-E---L--A-M-C-  
 DQ-YQ---KLRRD--ECARR---F-TKL-----L--ST---  
 ---G--WF-KLLAN--GI--A-E---VVQNS-----L-KHLM-  
 -EGLKWF-RLLSN--GL--A-E---V-QN-----A-KVLM--  
 -A-DR-FQ-LLEN--EI-R-E---LVEVA-----P-KWRQV-  
 -A-DR-FQ-LLEN--EI-R-E---LVEVA-----P-KWRQV-  
 -E-NRWF-R-LANS-I--A-E---VVEVS-----L-KYRQV-  
 -R-FED--LVKD--TI-RK-E---VVS-----L--TSA---  
 ---YKEH-HLLAMEQEM-AKVEV---I-DTAA--L-SS-ARKF-  
 --AEDVHQQLL-MEKEM-AAIEV---V-DVAG--L-AS-ARKF-  
 DEAEHEHLRLLAWEREM-D-IEV---VVDIAA--L-TS-ARK-  
 ---Q-EHQRLLEWEKQW-TS-E--F-V-DVASA-L-SS-ARK-  
 --AP-Q--L-V---EC-RR-E-S--VVQ-PA--L--S-RM--  
 A-AEHEH-RLL-WQRQM-ARIEV---V-DVAA--L-SS-ARKF-  
 QQ-TRE--HIVSMQ--M-N--EI---VSDIAAEEL-TS-SRK-  
 DQ-YDE--K--AN--NI--K--A--VVA-S-----S-A-----  
 -S-YDE--K-VNN--TI--R-E---V-Q--S--L--S-A-----  
 ---FKE--S--RQ--SI-EA-E---R-V-----L--SSA-----  
 ---YEE--KL-NQ--R-----E---VMSM-----L--T-A-K-----  
 ---YDV--RL--E-----K---VMSM-----L--T-S-K-----  
 ---YNE--K--AN--NI--K-E---V-T-----S-A-----  
 ---D-----LI-K--LVKG--H--LSK-AAA-CSASMA-----  
 ---Y---KL--C--E--RR-E---VLSM--A-L--T-A-K-----  
 DK-YEE--K--RD--E--A---VVAI-----L--T-S-K-----  
 -H-YEE--K--NN-GDI-EK-----V-T-S-----S-A-----  
 --WN-----TN--AI-EE-----RV-----I--S-S-----  
 -NAINE--A-VRD--QI-KA-K--F-RLL-----S-E-----