





Abgebildet ist das vollständige Alignment des untersuchten GBV-C-E2 Aminosäuresequenzabschnitts (67 Sequenzen, 334 Aminosäuren). Die roten Balken gekennzeichnet den Grad der Konservierung in Prozent. Die schwarze Klammer kennzeichnet die vermutete Bindungsstelle, die roten Klammern die möglichen Phosphorylierungsstellen für die Proteinkinase C, die blauen Klammern die möglichen N-Glykosylierungsstellen, die braunen Klammern die möglichen Phosphorylierungsstellen für die Caseinkinase II und die die grüne Klammer die mögliche Phosphorylierungsstelle für die cAMP&cGMP-Proteinkinase. Die schwarzen Pfeile kennzeichnen die Genotyp-spezifischen Polymorphismen, identische Aminosäuren werden als Punkte angezeigt, nicht identifizierte Aminosäuren als Strich.