CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

NP_NCBI NP_pHW2000	MASQGTKRSYEQMETDGDRQNATEIRASVGKMIDGIGRFYIQMCT SKSRVNNHSLSDIKIMASQGTKRSYEQMETDGDRQNATEIRASVGKMIDGIGRFYIQMCT ************************************	45 60
NP_NCBI NP_pHW2000	ELKLNDYEGRLIQNSLTIEKMVLSAFDERRNKYLEEHPSAGKDPKKTGGPIYRRVDGKWM ELKLSDYEGRLIQNSLTIEKMVLSAFDERRNKYLEEHPSAGKDPKKTGGPIYRRVDGKWM ****.********************************	105 120
NP NCBI	RELVLYDKEEIRRIWRQANNGEDATAGLTHMMIWHSNLNDATYQRTRALVRTGMDPRMCS	165
NP_pHW2000	RELVLYDKGEIRRIWRQANNGEDATAGLTHMMIWHSNLNDTTYQRTRALVRTGMDPRMCS ******* *****************************	180
NP NCBI	LMQGSTLPRRSGAAGAAVKGIGTMVMELIRMVKRGINDRNFWRGENGRKTRSAYERMCNI	225
рHW2000	LMQGSTLPRRSGAAGAAVKGIGTMVMELIRMVKRGINDRNFWRGENGRKTRSAYERMCNI ************************************	240
NP NCBI	LKGKFOTAAORAMVDOVRESRNPGNAEIEDLIFLARSALILRGSVAHKSCLPACVYGPAV	285
NP_pHW2000	LKGKFQTAAQRAMVDQVRESRNPGNAEIEDLIFLARSALILRGSVAHKSCLPACVYGPAV ************************************	300
NP NCBI	SSGYDFEKEGYSLVGIDPFKLLQNSQVYSLIRPNENPAHKSQLVWMACHSAAFEDLRLLS	345
 NP_рHW2000	SSGYDFEKEGYSLVGIDPFKLLQNSQVYSLIRPNENPAHKSQLVWMACHSAAFEDLRLLS **********************************	360
NP NCBI	FIRGTKVSPRGKLSTRGVQIASNENMDNMGSSTLELRSGYWAIRTRSGGNTNQQRASAGQ	405
NP_pHW2000	FIRGTKVSPRGKLSTRGVQIASNENMDNMGSSTLELRSGYWAIRTRSGGNTNQQRASAGQ ************************************	420
NP NCBI	ISVOPTFSVORNLPFEKSTVMAAFTGNTEGRTSDMRAEIIRMMEGAKPEEVSFRGRGVFE	465
 NP_pHW2000	ISVQPTFSVQRNLPFEKSTVMAAFTGNTEGRTSDMRAEIIRMMEGAKPEEVSFRGRGVFE ************************************	480
NP NCBI	LSDEKATNPIVPSFDMSNEGSYFFGDNAEEYDN 498	
NP_pHW2000	LSDEKATNPIVPSFDMSNEGSYFFGDNAEEYDN*GKNTLVST 521 ************************************	