CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

HA_NCBI HA_pHW2000	LCALAAADADTSKSRG*FY*P*RLSLL*ATFYVWFSLKNFPEMTTARQRCAWDTMQCQTER**KQSRMTKL: *::*	19 54
HA_NCBI HA_pHW2000	ICIGYHANNSTDTVDTVLEKNVTVTHSVNLLEDSHNGKLCRLKGI K*LMLLSWFRVPQQVEYATVLTKSLMEKTAH**MLYWETHIVMASKIRNGTFLLNAAKPT : : : : * * : * * : * * : * * * : * * * : * * * : * * * * : * * : * * * : * * * : * * * : * * * : * * * : * * * : * * * : * : * * * : * * * : * * * : * * * : * * * : * * * : * * * : * : * * * : * * * : * : * * * : * : * * * : * : * * * : * * * : * * : * * * : * : * * * : * : * * * : * * : * * * : * * * : * : * * * : * : * * * : * : * * * : * : * * * : * : * * * : * * * : * : * * * : * : * * * : * : * * * : * : * * * : * : * * * : * : * * * : * : * * * : * : * * : * : * * : * : * * : * : * * : * : * * : * : * * : * : * * : * : * * : * : * * : * : * : * * : * : * : * : * : * : * * : * : * : * : * : * : * * :	64 111
HA_NCBI HA_pHW2000	APLQLGKCNIAGWLLGNPECDPLLPVRSWSYIVETPNSENGICYPGDFIDYEEL ATVTLMMCRIMPPLGH*LPHPAPWSLTMKASIGLESLRMEQALLAKGDLLTVSL- *: * *.* * .* * .* .* .* *::	118 164
HA_NCBI HA_pHW2000	REQLSSVSSFERFEIFPKESSWPNHNTTKGVTAACSHAGKSSFYRNLLWLTEKEGSYVD*IGCTN*NTDIQH*T*LCQTMTNLTNCTFGGFTTRVRT * : *:*:: *:	175 200
HA_NCBI HA_pHW2000	PKLKNSYVNKKGKEVLVLWGIHHPSNSKDQQNIYQNENAYVSVVTSNYNRRFTPEIAERP -VTKPAYIPHQGESQSLPKEANKL*SRIS-DPDPG*GVSPAE*A * :*: ::*: **	235 239
HA_NCBI HA_pHW2000	<pre>KVRDQAGRMNYYWTLLKPGDTIIFEANGNLIAPRYAFALSRGFGSGIITSNASMHECNTK SIGQ**NR-ETYF*LTAQGI*LLLGVTSKYEVGKAQ**GQMHPLTNA .: .* : *: * ** ****</pre>	295 279
HA_NCBI HA_pHW2000	CQTPLGAINSSLPFQNIHPVTIGECPKYVRSAKLRMVTGLRNIPSIQSRGLFGAI ILNASLQMEAFPMTNHFKM*TGSHMGPVPDMLSKTL*NWQQGCGMYQRNKLEAYSAQSRV . : *: : *: : * * . : : . * : ::: :	350 337
HA_NCBI HA_pHW2000	AGFIEGGWT-GMIDGWYGYHHQNEQGSGYAADQKSTQNAINGITNKVNSVIEKMN S*KMVGRE*WTVGTVSGIKILRAQDKQQILKALKQQSTKSTGN*IG*SRKRTRNSI-KLK : ** * : . * : *:* * . * : * : * *::	404 392
HA_NCBI HA_pHW2000	<pre>IQFTAVGKEFNKLEKRMENLNKKVDDGFLDIWTYNAELLVLLENERT-LDFHDSNVK KNSQK*KGEFRTSRNMLRTLK*ISGRTTRSFLLPWRTNIQLI*LTQK*TNCLKEQGSN*E</pre>	460 447
HA_NCBI HA_pHW2000	NLYEKVKSQLKNNAKEIGNGCFEFYHKCDNECMESVRNGTYDYPKYSEESKLNRE KMLRIWAMVVSKYTTNVTMPA*GQSEMELMTMMYTETKH*TTGSRS .:: * *:*. *: .:*: **.	515 491
HA_NCBI HA_pHW2000	<pre>KV-DGVKLESMGIYQILAIYSTVASSLVLLVSLGAISFWMCSNGSLQCRIC KVLS*SQDTKIGSYGFPLPYHVICFVLFCWGSLCGPAKKATLGATFAFECIN*KHPCFY- ** . : .:* * : * .: *</pre>	565 548
HA_NCBI HA_pHW2000	I 566 - 548	