CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

NP_NCBI

NP_pHW2000	SKSRVDNHSLSDIKIMASQGTKRSYEQMETDGERQNATEIRASVGKMIGGIGRFYIQMCT ************************************	60
NP_NCBI NP_pHW2000	ELKLSDYEGRLIQNSLTIERMVLSAFDERRNKYLEEHPSAGKDPKKTGGPIYRRVNGKWM ELKLSDYEGRLIQNSLTIERMVLSAFDERRNKYLEEHPSAGKDPKKTGGPIYRRVNGKWM	105 120
NP_NCBI NP pHW2000	RELILYDKEEIRRIWRQANNGDDATAGLTHMMIWHSNLNDATYQRTRALVRTGMDPRMCS RELILYDKEEIRRIWRQANNGDDATAGLTHMMIWHSNLNDATYQRTRALVRTGMDPRMCS	165 180
	**************************************	225
NP_NCBI NP_pHW2000	LMQGSTLPRRSGAAGAAVKGVGTMVMELVRMIKRGINDRNFWRGENGRKTRIAYERMCNI LMQGSTLPRRSGAAGAAVKGVGTMVMELVRMIKRGINDRNFWRGENGRKTRIAYERMCNI ************************************	240
NP_NCBI NP_pHW2000	LKGKFQTAAQKAMMDQVRESRDPGNAEFEDLTFLARSALILRGSVAHKSCLPACVYGPAV LKGKFQTAAQKAMMDQVRESRNPGNAEFEDLTFLARSALILRGSVAHKSCLPACVYGPAV ************************************	285 300
NP_NCBI NP_pHW2000	ASGYDFEREGYSLVGIDPFRLLQNSQVYSLIRPNENPAHKSQLVWMACHSAAFEDLRVLS ASGYDFEREGYSLVGIDPFRLLQNSQVYSLIRPNENPAHKSQLVWMACHSAAFEDLRVLS ************************************	345 360
NP_NCBI NP_pHW2000	FIKGTKVVPRGKLSTRGVQIASNENMETMESSTLELRSRYWAIRTRSGGNTNQQRASAGQ FIKGTKVLPRGKLSTRGVQIASNENMETMESSTLELRSRYWAIRTRSGGNTNQQRASAGQ ******:******************************	405 420
NP_NCBI NP_pHW2000	ISIQPTFSVQRNLPFDRTTVMAAFTGNTEGRTSDMRTEIIRMMESARPEDVSFQGRGVFE ISIQPTFSVQRNLPFDRTTIMAAFNGNTEGRTSDMRTEIIRMMESARPEDVSFQGRGVFE ************************************	465 480
NP_NCBI NP_pHW2000	LSDEKAASPIVPSFDMSNEGSYFFGDNAEEYDN 498 LSDEKAASPIVPSFDMSNEGSYFFGDNAEEYDN*RKIPLFL 520 ************************************	

-----MASQGTKRSYEQMETDGERQNATEIRASVGKMIGGIGRFYIQMCT 45