

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

```
O26027|MURE_HELPY      MKLKKTLTYQNHTYSFLSDNTHEVLENPKIELFVKTPLNEKYSHLIAEKNLAILDNFELK      60
Q9ZJC6|MURE_HELPJ      MKLKKTLTYQHAYSFLSDNTNEVLENPKIELFVKTPLNEKYAPLIAEKNLAILDNFELK      60
*****:*:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****

O26027|MURE_HELPY      NYFDFKIKIVGITGTNGKTTTASLMYSLLLDLNKKTALLGTRGFFINNERIKEKGLTTP      120
Q9ZJC6|MURE_HELPJ      NYFDFKIKIVGITGTNGKTTTASLMYSLLLDLNKKTALLGTRGFFIDDKHIKEKGLTTP      120
*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****

O26027|MURE_HELPY      LLELYSDLEEAVRLKCEYFIMEVSSHAIVQKRIAGLDFALKILTNTITSDHLDFHQSIENY      180
Q9ZJC6|MURE_HELPJ      LLELYSDLEEAIRLKCEYFIMEVSSHAIVQKRIAGLDFALKILTNTITSDHLDFHQNIENY      180
*****:*:*****:*****:*****:*****:*****:*****

O26027|MURE_HELPY      RDAKNSFFKDEGLKVINRDETNALFNPVNAHTYALDKKAHLNVQAFSLNPSISASLCYQQ      240
Q9ZJC6|MURE_HELPJ      RDAKNSFFKDEGLKVINRDETNALFNPINARTYALDKKAHLNVQAFSLNPSISASLCYQH      240
*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****

O26027|MURE_HELPY      DLDRPNFKEIALMHSPLLGRYNYLNILAGVLGVKLLTQLPLETIVPLENFYGVKGRLEI      300
Q9ZJC6|MURE_HELPJ      DLDRPNLKETALIHSPLLGRYNYLNILAGVLGVKLLTQLPLETIAPLENFYGVKGRLEI      300
*****:*:*:*:*****:*****:*****:*****:*****:*****

O26027|MURE_HELPY      VHSKPLVVVDFAHTIDGMQQVFESFKNQKITALFGAGGDRDKTKRPEMGAIASYAHKII      360
Q9ZJC6|MURE_HELPJ      VHSKPLVVVDFAHTTIDGMQQVFESFKNQKITALFGAGGDRDKTKRPMGAIASCYAHQII      360
*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****

O26027|MURE_HELPY      LTSNPRSENEEDIKDKILKGINSSKVIVEKDRKKAILNALENLKDDEVLLILKGDEN      420
Q9ZJC6|MURE_HELPJ      LTSNPRSENEEDIKDKILKGINSSKVIVEKDRKKAILNALENLKDDEVLLILKGDEN      420
*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****:*****

O26027|MURE_HELPY      IQIFKDKTIFFSQEVVKSYQHLKQG      447
Q9ZJC6|MURE_HELPJ      IQIFKDKTIFFSQEVVKDYLLNLKQG      447
*****:*****:*****:*****:*****:*****
```