

CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

AAA63187.1	MSETAPAAPAPAPAEKTPVKKKARKSAGAAKRKASGPPVSELITKAVAASKERSGVSLA	60
XP_019210164.1	MSEEAPAPAPAPA-----KAAK-KKTTASKPKKVGPSVGELIVKAVAASKERSGVSAA	52
XP_019209845.1	MSEEAPAPAPAPA-----KAAKKKTTASKPKKVGPSVGELIVKAVAASKERSGVSTA	53
	*** ** *	
AAA63187.1	ALKKALAAAGYDVEKNNSRIKLGLKSLVSKGTLVQTKGTGASGSFKLNKKAASGEAKPKA	120
XP_019210164.1	ALKKALAAAGGYDVDKNKARVKTAIKSLVAKGTLVQTKGTGASGSFKMNMKATESKAKKPA	112
XP_019209845.1	ALKKALAAAGGYDVDKNKARVKTAIKSLVAKGTLVQTKGTGASGSFKMNMKATESKAKKPA	113
	*****.****.*:.*.*.:****.*****.*****.*****.:.:** *	
AAA63187.1	K-----KAGAAKAKKPAGAAKKPKKATGAATPKKSAKKTPKKAKKPAAAAGAKKAKSP	173
XP_019210164.1	KKAAPKAKKPAAAKAKKPAAAKKSPKKAAPKAAKSPKKAKKPAAAKK-VTKSP	171
XP_019209845.1	KKAAPKAKKPAAAKAKKPAAAKKSPKKAAPKAAKSPKKAKKPAAA-KK-APKSP	171
	* * .*****.**** * :.*. :***.***** **	
AAA63187.1	KKAKAAKPKKAPKSPAKAKAVKPKAAK---PKTAKPKAAKPKKAAAKKK-----	219
XP_019210164.1	K-----KAAKSPKKVLKKAPAAKKSPAKKAAKPKVKAAT-AAKKKCLRFI	216
XP_019209845.1	K-----KAAKSPKKVLKKAPAAKKSPAKKAAKPKVKAAT-AAKKK-----	211
	* ** ** * * * *.*****. * .*****	