CLUSTAL O(1.2.4) multiple sequence alignment

MntB --RPLMISTFDPTFSRMSGLN-------- 19

SirC -IPKMKISILDDPVAIGLGLHVQRMK--- 25

IsdF -----NLLNLDDIQARSIG---------- 14

FhuG KSNTLNIIHTGDNIARGLGVRLSRERLIL 29

SirB ----INILMTSDDIATGLG---------- 15

HtsC ---QLDVLNLGDAVATALGLKVKTIK--- 23

FhuB ----LTILNLGESLAKGLGQ--------- 16

HtsB ------IMELGDDIAKGLGQNINKVR--- 20

: . : \*