Protein Alignment Summary Table (**Env**)

Name(s)	Accession No.	Region	First Author	Reference
ROD	M15390	complete genome	Guyader M	*Nature* **326**(6114) 662–669 (1987)
NIHZ	J03654	complete genome	Zagury JF	*PNAS* **85** 5941–5945 (1988)
885	M80207	env gp120 region	Nerrienet E	Unpublished (1992)
ALI	L25445	env	Costa Taveira N	*ARHR* **10** 223–224 (1994)
ISY	J04498	complete genome	Franchini G	*PNAS* **86** 2433–2437 (1989)
ST	M31113	complete genome	Kumar P	*J Virol* **64** 890–901 (1990)
BEN	M30502	complete genome	Kirchhoff F	*Virology* **177** 305–311 (1990)
D194	J04542	complete genome	Kuehnel H	*PNAS* **86** 2383–2387 (1989)
CAM2	D00835	complete genome	Tristem MF	*J Gen Virol* **72** 721 (1991)
CAM2BR	U07105	partial env	Grez M	*J Virol* **68** 2161–2168 (1994)
D1024	U07104	partial env	Grez M	*J Virol* **68** 2161–2168 (1994)
D766	U07106	partial env	Grez M	*J Virol* **68** 2161–2168 (1994)
D808	U07107	partial gp105 env	Grez M	*J Virol* **68** 2161–2168 (1994)
D868	U07108	partial gp105 env	Grez M	*J Virol* **68** 2161–2168 (1994)
GH1	M30895	complete genome	Hasegawa A	*ARHR* **5** 593–604 (1989)
CBL21E	U05350	env gp160 region	Breuer J	*J Gen Virol* **76**, 333-345 (1995)
CBL22E	U05351	env gp160 region	Breuer J	*J Gen Virol* **76**, 333-345 (1995)
CBL23E	U05352	env gp160 region	Breuer J	*J Gen Virol* **76**, 333-345 (1995)
CBL24E	U05353	env gp160 region	Breuer J	*J Gen Virol* **76**, 333-345 (1995)
MDS	Z48731	gag, pol, vif, tat, rev, nef, env	Becker M	Unpublished (1995)
CAM1E	U05359	env gp160 region	Breuer J	*J Gen Virol* **76**, 333-345 (1995)
CAM3E	U05355	env gp160 region	Breuer J	*J Gen Virol* **76**, 333-345 (1995)
CAM4E	U05356	env gp160 region	Breuer J	*J Gen Virol* **76**, 333-345 (1995)
CAM5E	U05357	env gp160 region	Breuer J	*J Gen Virol* **76**, 333-345 (1995)
CAM6E	U05358	env gp160 region	Breuer J	*J Gen Virol* **76**, 333-345 (1995)
KR	U22047	complete genome	Kraus GK	*PNAS* **90**(9) 4226–4230 (1993)
D1071	U07105	partial gp105 env	Grez M	*J Virol* **68** 2161–2168 (1994)

UC2	U38293	complete genome	Barnett SW	Unpublished (1997)
UC3	U38294	C2-V4 of HIV2 env	Barnett SW	Unpublished (1997)
UC5	U38295	C2-V4 of HIV2 env	Barnett SW	Unpublished (1997)
UC6	U38296	C2-V4 of HIV2 env	Barnett SW	Unpublished (1997)
UC7	U38297	C2-V4 of HIV2 env	Barnett SW	Unpublished (1997)
UC8	U38298	C2-V4 of HIV2 env	Barnett SW	Unpublished (1997)
UC9	U38299	C2-V4 of HIV2 env	Barnett SW	Unpublished (1997)
UC10	U38300	C2-V4 of HIV2 env	Barnett SW	Unpublished (1997)
UC11	U38301	C2-V4 of HIV2 env	Barnett SW	Unpublished (1997)
UC12	U38302	C2-V4 of HIV2 env	Barnett SW	Unpublished (1997)
UC14	U38303	C2-V4 of HIV2 env	Barnett SW	Unpublished (1997)
5132E2	L16964	env partial	Gao F	*ARHR* **9** 703–704 (1993)
FA3	L33095	partial env gp41 v3	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
GB1222	L10637	env gp41	Otten RA	*AIDS* **8**(3) 297–306 (1994)
CI171	X78505	partial gp36 env	Cuoto-Fernandez JC	*ARHR* **10** 1289–1294 (1994)
HIV2CI9	X78506	env	Cuoto-Fernandez JC	*ARHR* **10**(9) 1157–1163 (1994)
HIV2ISO53	X78507	env	Cuoto-Fernandez JC	*ARHR* **10**(9) 1157–1163 (1994)
HIV2VI390	X78510	env	Cuoto-Fernandez JC	*ARHR* **10**(9) 1157–1163 (1994)
HIV2VI905	X78511	env	Cuoto-Fernandez JC	*ARHR* **10**(9) 1157–1163 (1994)
VI1056	U67349	env	Nyambi PN	*ARHR* **13**(1)7–17 (1997)
VI1415	U67350	env	Nyambi PN	*ARHR* **13**(1)7–17 (1997)
VI495	U67351	env	Nyambi PN	*ARHR* **13**(1)7–17 (1997)
VI884	U67352	env	Nyambi PN	*ARHR* **13**(1)7–17 (1997)
SL93F	U75440	env	Chen Z	*J Virol* **71**(5) 3953–3960 (1997)
UC1	L07625	complete genome	Barnett SW	*J Virol* **67** 1006–1014, (1993)
2D205 ALT	X61240	complete genome	Dietrich U	*ARHR* **8** 1619 (1992)
EHOA	U27200	complete genome	Rey-Cuille MA	*Virology* **202**(1) 471–476 (1994)
GH2P22	D10458	env	Kawamura M	*Virology* **188** 850–853 (1992)
JA3	L33096	partial env gp41 v3	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)

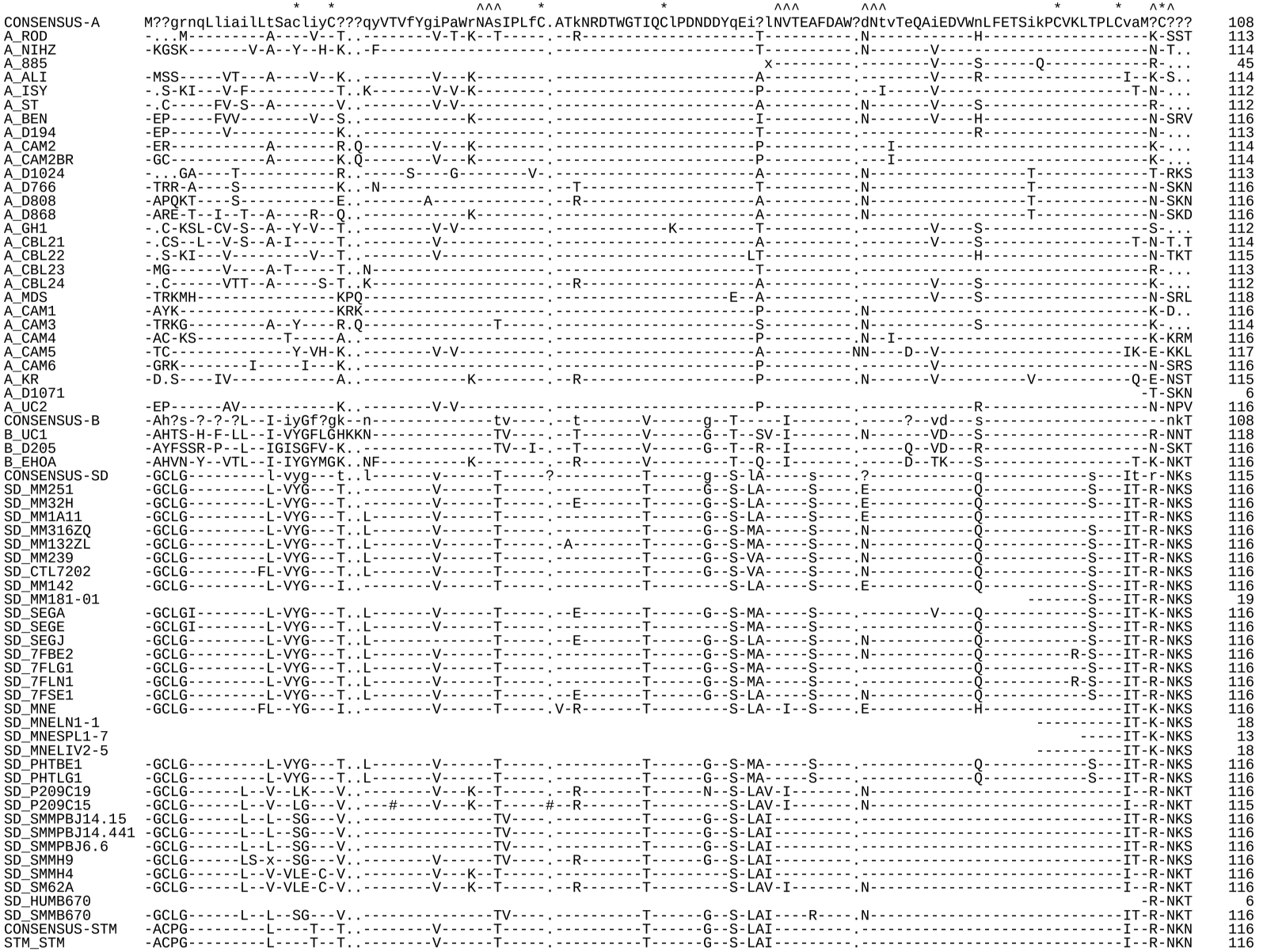
Amino Acids

ONFT3	L33097	partial env gp41 v3	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
VI1011	U67348	env	Nyambi PN	*ARHR* **13**(1)7–17 (1997)
22381	L33077	p16/p28 partial gag	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
FO784	L33083	gag, p16/p28 partial	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
SMCI2	X78508	env	Peeters M	*ARHR* **10**, 1289–1294 (1994)
SMCI8	X78509	env	Peeters M	*ARHR* **10**, 1289–1294 (1994)
7312A	L33094	partial env gp41 v3	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7447 (1994)
MM251	M19499	complete genome	Franchini G	*Nature* **328** 539–543 (1987)
MM32H	D01065	complete genome	Rud EW	*J Gen Virol* **75** 529 (1994)
MM1A11	M76764	complete genome	Luciw PA	*ARHR* **8** 395–402 (1992)
MM316ZQ	L22814	env,nef	Kodama T	*J Virol* **67** 6522–6534 (1993)
MM132ZL	L22809	env,nef	Kodama T	*J Virol* **67** 6522–6534 (1993)
MM239	M33262	complete genome	Regier DA	*ARHR* **6** 1221–1231 (1990)
CTL7202	M61062	env	Burns DP W	*J Virol* **65** 1843–1854 (1991)
MM142	M16403	complete genome	Chakrabarti L	*Nature* **328** 543–547 (1987)
MM18101	U19595	env, partial	Lane TE	*Virology* **212**(2) 458–465 (1995)
SEGA	L26938	env	Kodama T	Unpublished (1994)
SEGE	L26942	env	Kodama T	Unpublished (1994)
SEGJ	L26947	env	Kodama T	Unpublished (1994)
7FBE2	U18019	env gp120 partial	Zhu GW	*J Neurovirol* **1**(1) 78–91 (1995)
7FLG1	U18023	env gp120 partial	Zhu GW	*J Neurovirol* **1**(1) 78–91 (1995)
7FLN1	U18028	env gp120 partial	Zhu GW	*J Neurovirol* **1**(1) 78–91 (1995)
7FSE1	U18034	env gp120 partial	Zhu GW	*J Neurovirol* **1**(1) 78–91 (1995)
MNE	M32741	complete genome	Benveniste RE	Unpublished (1990)
MNELN11	U06277	env partial	Chackerian B	*J Virol* **68**(6) 4080–4085 (1994)
MNESPL17	U06352	env partial	Chackerian B	*J Virol* **68**(6) 4080–4085 (1994)
MNELIV25	U06377	env partial	Chackerian B	*J Virol* **68**(6) 4080–4085 (1994)

PHTBE1	U18039	env gp120 complete	Zhu GW	*J Neurovirol* **1**(1) 78–91 (1995)
PHTLG1	U18046	env gp120 complete	Zhu GW	*J Neurovirol* **1**(1) 78–91 (1995)
SMP209	L20008	env	Hynes NA	*ARHR* **9** 803–806 (1993)
P209C15	L20009	env	Hynes NA	*ARHR* **9** 803–806 (1993)
SMMPBJ14.15 SMMPBJB	L03295	complete genome	Dewhurst S	*Nature* **345** 636–640 (1990)
SMMPBJ14.441 SMMPBJA	M31325	complete genome	Dewhurst S	*Nature* **345** 636–640 (1990)
SMMPBJ6.6	L09212	env polyprotein gag nef	Hirsch VMJ	*J Virol* **67** 2466–2474 (1993)
SIVSMMH9	M80194	complete genome	Courgnaud V	*J Virol* **66** 414–419 (1992)
SMMH4	X14307	complete genome	Hirsch VM	*Nature* **339** 389–391 (1989)
SM62A	U04982	env, nef, tat, rev	Hirsch VM	*J Virol* **68** 2649–2661 (1994)
HUMB670	S67406	env	Khabbaz RF	*N Engl J Med* **330** 172–177 (1994)
SIVB670	M90048	env, nef, LTR	Mullins JI	Unpublished (1992)
STM	M83293	complete genome	Novembre FJ	*Virology* **186** 783–787 (1992)
STMAK3	X60668	env	Khan AS	*J Med Primatol* **20** 167–171 (1991)

Amino Acids

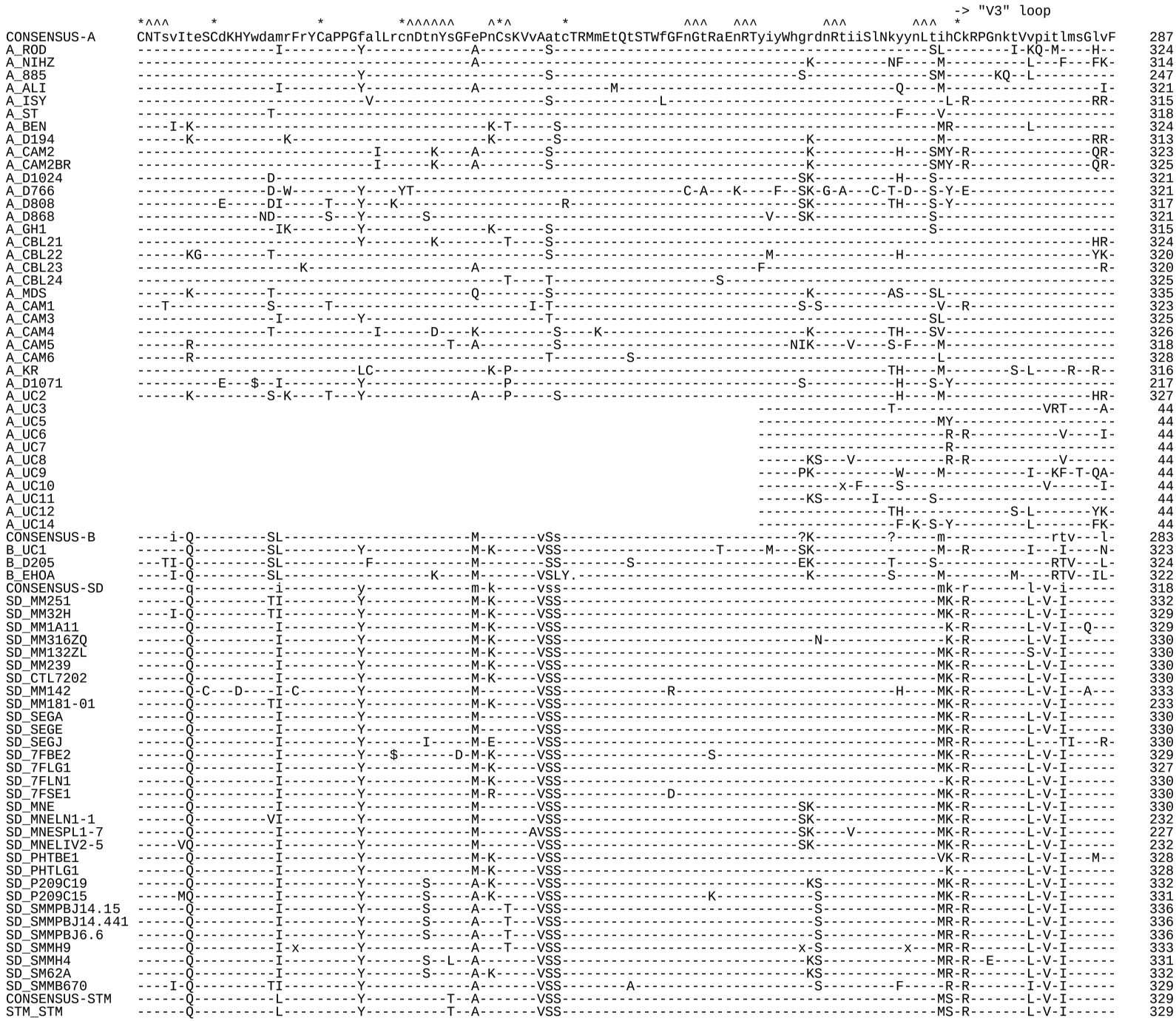
Amino Acids



```
                          ^^^                                   ^^^     *     ^*^            *  ^^^            ^^^        *  ^^^ ^^^          ^^^ *
CONSENSUS-A     ???????N?tt????t???????????????....??????inet??spci??dnCs?gl?eEemv?CqFnMtGLerDkkkqYnetWYs?DVVCe?????n?t????????nq??CyMnH    167
A_ROD           ESST..G-N--..SKS.....TSTTTTTPTD......QEQE-S-D..T--ARA----.--G---TIN--------------------K-----TN...-S-........--TQ-----    204
A_NIHZ          ......R-M--WTGR-.............DT....QNIT.I--D-..-H.ARA---T.--K----ID---S--------R---T-A---K----D......-N-.......SS-SK-----    194
A_885           .......-S--..NN-.........TTTRNT.......IEM-----..-S--HT---T.--G----IN-E---------T---------K-----S....-T-......GDGKDR-----    127
A_ALI           .......-IS-ESTT-.....SPSPGSTLKP.........L---S..D---KA---PR--GD----N-R------Q---P---------K-----PF...-T-.......T--TR-----    201
A_ISY           .......-AS-ESAVA........TTSPSGP....D....M--D-..D---QLN---.--R--D--E---------L------S-----K-----SD...-S-........DRKR-----    195
A_ST            .......-S--AKNT-.......STPTTTTT....ANTT..-G-N..-S--RT---T.--G-----D-------------L-------K-----S....-D-.......KKEKT-----    198
A_BEN           Q.....G-T--PNPR-.....SSSTTSRPPT.....SAASI-----.-N--ENNT-A.--GY---MQ-E---K---Q---RR-KD---LE----D.....-T-........AGT.---R-    204
A_D194          .......-I-SGTTA-............PSP....PNIT.I-D-N..-T--GDN--T.--GK--V-E-E-------Q---RK--DA---R----DKT...-G-.........GT.---R-    193
A_CAM2          .......-IS-SDTTM.....IR..TTTPST....AKEA.P-SDN..----RTN---.--E--KI-K-H-------------------S----D.....-S-....DQTT-ETT-----    203
A_CAM2BR        .......-IS-SDTTM.....IR..TTTPST....AKEA.P-SDKFP----RAN---.-IG--KI-R-H-------------------S----D.....-S-....DQTT-ETT-----    205
A_D1024         S.....G-TS-...GN.......ATTSTP.M....INETSI----.----RTN---.--R-----S--------A---P-G-------S-----TET..-N-.......S--SR-----    201
A_D766          S.....G-TS-GSTT-............PA.......AISM----.----RT----.--R-----S---S----T---P-R-------S-----TTGAT-TS........--DR-----    201
A_D808          Y.....N-TSAG.NT-...........TPT.......AESM---N..-S--RAN---.--E---I-N-----A--P---P-W-------R-----NN...-P-.........-NR-----    197
A_D868          S.....S-TS-G.NTP...........TST.......ASYV-----.-S--HT-T--.--R---I-S---S----A---P-R-------S-----ATGT.-D-.......L--SR-----    201
A_GH1           .......-S--..NN-......TTTGSTTGM....S....E-----.--SY.S---T.--GK--I-N---Y-----------------K-----S....-N-......KDGKNR-----    195
A_CBL21         M.....K-IS-.TARP...........TTGI....SNTESILK-N..-S--ST-T-A.--EQ--T-D---------------T-----K-----SSTSVTSK......TNWTGK---S-    204
A_CBL22         R.....R-M-IAQSI-.............TT....AKAV.V--D-D..---KTN--T.--G--DI-N-E-D----V--QS-R-------A-----SGTS.-N-.........--SR-----    200
A_CBL23         .......-N-DARNT-.....TPTTASPRT.....IKPVTE-S-N..-S--RAN---.--G---V-N---------------------K-----G....-G-.........TDT-----    200
A_CBL24         .......-N-...AT-PEGEAQATSTTAAT.....ATGAME----.---VSTN--T.--GD---IS-E------Q-----L-------K----DSTPG.-S-.........--SR-----    205
A_MDS           SDSASTR-T--..NA-AATTTIRATTIAPR......NTT..-S-N..----RA----.--E-----K--------QI------------S----GEM...-N-.......T--SR---S-    215
A_CAM1          ......G-I-STGNT-.........TSTRAR....IT.SEE-K-N..-S--SA---P.--K-----M---------------------N----KPNG..-S-.......T--T.-----    203
A_CAM3          .......-N-QSSNTA.........TESPAK....SMEINE----.---MRT----.--K-----S---------------RR-T-S---T-----AD...-N-...SSKSNTSKR-----    205
A_CAM4          T.....G-T--ATTAS............TTL....LNDTTLL--S..-T--GAN--T.--E---LME--------Q---V-R-------K----DT....-N-..NTNKTD--ST-----    206
A_CAM5          ......G-A--LSNK-............TTS....STANLA-DDN..T---KN-T-P.--ED-D--T-H------AL--P-R-------T----D.....-S-.........--T.---K-    198
A_CAM6          RP....S-S-..GNV-...TTI.PSTTAATT....TPGMTV----.---MRA----.--QR----E---S-A--A---P---------Q-----KA...-G-........SDQK-----    208
A_KR            STES..S-S-.............SEGSTVP..........EIL---..TS--TNNS--.D-GS--V-D-R------QL--PQ--S-----K----DTT...-G-.........SRK-----    196
A_D1071         S.....G-TSIGSTT-...........TTD.......AAMV-----..-Q--RAN---.--R---L-S---D----T---P-R-------S----DAPT..-TSNQTSNNTSD-SR-C---     98
A_UC2           T.....G-N-...NA-.AKPTAARPTTNPS.......YLTI---S..-T-VGA---T.--GD-G--N-K-------Q--I-G-TD----D----DST...-K-......GT-TT.---R-    207
CONSENSUS-B     -t--.---?.............----TTt---t??S-----ll---.----kN-s-?.-iGl--??d-?-?----r--E?---KD---?--Le-?-------------.--??----irT    165
B_UC1           GT.....-T-...........TKPITTPITTTKPS...ENLL-D-.----KN-T-P.-IGL-NT-D-Y------R--E----KD---EK-LE-N....G-S-.........STI---RT    203
B_D205          ETNP..G-AS..............STTTTKPTTTSR.GLKT-----.D---KN-S-T.--G---IMQ-N-S----R--EL---KD----E-LE-.......-N-......RKYTSR--IRT    204
B_EHOA          WSS..................ASKETTTSSASLRSST.QTLL--D..-K--QN-S-A.-IGL---ID---K----K--ES---KD---KQ-L---KGTRS-ES...........K--IKT    203
CONSENSUS-SD    Etdr.WG.L-ks-...----ttta-tt-ttas??----d-v---..-s-------t.--eq-q-is-K------k-----e-------a-l---q---g---.........--esr-----    198
SD_MM251        ETDR.WG.L-KSS.......TTITTAAPTSAPVS.EKIDMV---..-S--AQN--T.--EQ-Q-IS-K-T----K---T-E-------T-L---Q...G-S-.......D-ESR-----    212
SD_MM32H        ETDK.WG.L-KSL.......TTTAPTAPTAASK....IDMV---..-S--TH---T.--EQ-Q-IG-K------K---T-E-------T-L---Q...G-S-.......D-ESR-----    209
SD_MM1A11       ETDR.WG.L-KSS.......TTTTAAPKAMSEK....INM-----.-S--VH---T.--EQ-Q-IG-K------K-----E-------A-L---Q...G-S-.......G-ESR-----    209
SD_MM316ZQ      ETDR.WG.L-KSI.......TTTASTTSTTASA...KVDMV---..-S--AQ---A.--EQ-Q-IS-K---------N---E-------A-L--GQ...G-N-.......G-ESR-----    210
SD_MM132ZL      ETDR.WG.L-KSI.......TTTASTTSTTASA...KVDMVD--..-S--AQ---A.--EQ-Q-IS-K-------------E-------A-L---Q...G-N-.......G-ESR-----    210
SD_MM239        ETDR.WG.L-KSI.......TTTASTTSTTASA...KVDMV---..-S--AQ---T.--EQ-Q-IS-K------K-----E-------A-L---Q...G-N-.......G-ESR-----    210
SD_CTL7202      ETDR.WG.L-KSI.......TTTASTTSTTASA...KVDMV---..-S--AQ---T.--EQ-Q-IS-K------K-----E-------A-L---Q...G-N-.......G-ESR-----    210
SD_MM142        ETDK.WG.L-KSS.......TTTASTTTTTAKSVETRDIV---.---VVH---T.--EQ-P-IS-K------K-----E-------A-L---Q...G-S-.......G-ESR-----    213
SD_MM181-01     ETDR.WG.L-KSS.......TTTASTTPTTASA...KVDVV---..-S--TH---T.--EQ-Q-IS-K------K-----E-------T-L---Q...G-S-.......D-ESR-----    113
SD_SEGA         ETDR.WG.L-KSI.......PTTAPTASTTASA...KVDIV---..-S--AQ---T.--EQ-Q--S-K-------------K-------A-L---Q...G-NP.......G-ESR-----    210
SD_SEGE         ETDR.WG.L-KSI.......PTTASTTSTTASA...RVDMV---..-S--AQ---T.--EQ-Q-IS-K------K--E--E-------A-L---Q...GTN-.......GSESR-----    210
SD_SEGJ         ETDR.WG.L-KSI.......PTTAPTTSTTASA...KVDMV---..-S--AQ---T.--EQ-Q-IS-K------K-----E-------A-L---Q...G-N-.......D-ESR-----    210
SD_7FBE2        ETDR.WG.L-KSI.......TTTAPTTSTTASA...EVDMV---..-S--AQ---T.--EQ-QIIS-K------K-----E-------A-L---Q...G-N-.......G-ESR-----    210
SD_7FLG1        ETDR.WG.L-KSI.......TTTAP...TTATA...SVDMV---..-S--AQ---T.--EQ-Q-IS-K------K-----E-------A-L---Q...G-D-.......G-ESR-----    207
SD_7FLN1        ETDR.WG.L-KSI.......TTTAPTTSTTASA...EVDMV---..-S--AQ---T.--EQ-Q-IS-K------K-----E-------A-L---Q...G-N-.......G-ESR-----    210
SD_7FSE1        ESDR.WG.L-KSI.......TTTASTTTTTASA...EVDMV---..-S--AQ---T.--EQ-Q-IS-K------K----EE-------A-L---Q...G-N-.......G-ESR-----    210
SD_MNE          ETDK.WG.L-KSS.......TTTAPTAIPTKAE...AIKVV--N.----NH---T.--EQ-P-IS-K------K---RRE-------A-L---Q...G-S-.......E-ESR-----    210
SD_MNELN1-1     ETDK.WG.L-KSS.......TTTAPTTTSTKTE...AIKVV--S.----NH---T.--EQ-P-IS-K------K---RRE-------A-L---Q...GSS-.......E-ESR-----    112
SD_MNESPL1-7    ETDK.WG.L-KSS.......TTTAPTTISTRAE...AIKVV--S.----NH---T.--EQ-P-IS-K------K---RRE-------A-L---Q...G-S-.......E-ESR-----    107
SD_MNELIV2-5    ETDK.WG.L-KSS.......TTTAPTTTSTETE...AIKVV--S..-S--NH---T.--EQ-P-IS-K------K---RRE-------A-L---Q...G-S-.......E-ESR-----    112
SD_PHTBE1       ETDR.WG.L-KSI.......TTTATP..TTASA...KVDMV---..-S--AQ---T.--EQ-Q-IS-K------K-G---E-------A-L---Q...G-N-.......G-ESR-----    208
SD_PHTLG1       ETDR.WG.L-KLI.......TTTAST..TTASA...KVDMV--A..-S--AQ---T.--GQ-Q--S-K-------------E-------A-L---Q...G-N-.......G-ESR-----    208
SD_P209C19      ETDR.WG.L-RGA......ETTTATTPAGTPSG...KEKV---G..D---RNNS-A.--EQ-P-IG-K------K--RR-E-------R-LI--QSAN.-SE........-ESK---Q-    212
SD_P209C15      ETDR.WG.L-RGA......ETTTATTPAGTPSG...KEKV---G..D---RNNS-A.--EQ-P-IG-K------K--RR-E-------R-LI--QSAN.-SA........-ESK---Q-    211
SD_SMMPBJ14.15  ETDR.WG.L-GTP....APTTTQTTTTQASTTPTSPITAKVV-DS..D---KIN--T.--EQ-P--S-K------K----RE-------R-L---Q..NS-E-.........DSK-----    216
SD_SMMPBJ14.441 ETDR.WG.L-GTP....APTTTQTTTTQASTTPTSPITAKVV-DS..D---KIN--T.--EQ-P--S-K------K----RE-------R-L---Q..NS-E-.........DSK-----    216
SD_SMMPBJ6.6    ETDR.WG.L-GTP....APTTTQTTTTQASTTPTSPITAKVV-DS..D---KIN--T.--EQ-P--S-K------K----RE-------R-L---Q..NS-E-.........DSK-----    216
SD_SMMH9        ExxR.WG.L-G......xPAPTTTQTSTTPPSPI...IAKVV-DS..D---RSN--T.--EQ-P--S-K------K----RE-------R-L---QNSNG-E-.........DSK-----    213
SD_SMMH4        ETDR.WG.L-GNA.......GTTTTAITTTATPS..VAENV---S..N---KNNS-A.--EQ-P-IG-K------N-----E-------R-LI--QS..A-ES.........ESK---H-    211
SD_SM62A        ETDK.WG.L-GNA........RTAKTSTTTTTVAPSVTENV---S..N---KDNS-A.--EQ-P-IG-K------K----IE-------R-LI--QS..A-.........ESESK---H-    212
SD_HUMB670      ETDK.WG.L-GNA.......ITTTATTAAPSARTPKVTANVV---..-S-VKNN--T.--EQ-P--S-K------K-----E                                            76
SD_SMMB670      ETDK.WG.L-GNV........PTTTVPTATPSKE...TANVV---..-S-VKNN--T.--EP-P--S-K------K---Q-E-------T-LI--Q....-TN.......ESESK-----    209
CONSENSUS-STM   ETDK.WG.L-GKT........VTTVTPTAAAAAT...KPELV---..-S-VSNN--T.--E--SL-G-K------K----RE-------S-LI--Q....-V-.......GEESR---R-    209
STM_STM         ETDK.WG.L-GKT........VTTVTPTAAAAAT...KPELV---..-S-VSNN--T.--E--SL-G-K------K----RE-------S-LI--Q....-V-.......GEESR---R-    209
```

Amino Acids

Amino Acids


-> "V3" loop
CONSENSUS-A CNTsvIteSCdKHYwdamrFrYCaPPGfalLrcnDtnYsGFePnCsKVvAatcTRMmEtQtSTWfGFnGtRaEnRTyiyWhgrdnRtiiSlNkyynLtihCkRPGnktVvpitlmsGlvF 287
A_ROD 324
A_NIHZ 314
A_885 247
A_ALI 321
A_ISY 315
A_ST 318
A_BEN 324
A_D194 313
A_CAM2 323
A_CAM2BR 325
A_D1024 321
A_D766 321
A_D808 317
A_D868 321
A_GH1 315
A_CBL21 324
A_CBL22 320
A_CBL23 320
A_CBL24 325
A_MDS 335
A_CAM1 323
A_CAM3 325
A_CAM4 326
A_CAM5 318
A_CAM6 328
A_KR 316
A_D1071 217
A_UC2 327
A_UC3 44
A_UC5 44
A_UC6 44
A_UC7 44
A_UC8 44
A_UC9 44
A_UC10 44
A_UC11 44
A_UC12 44
A_UC14 44
CONSENSUS-B 283
B_UC1 323
B_D205 324
B_EHOA 322
CONSENSUS-SD 318
SD_MM251 332
SD_MM32H 329
SD_MM1A11 329
SD_MM316ZQ 330
SD_MM132ZL 330
SD_MM239 330
SD_CTL7202 330
SD_MM142 333
SD_MM181-01 233
SD_SEGA 330
SD_SEGE 330
SD_SEGJ 330
SD_7FBE2 329
SD_7FLG1 327
SD_7FLN1 330
SD_7FSE1 330
SD_MNE 330
SD_MNELN1-1 232
SD_MNESPL1-7 227
SD_MNELIV2-5 232
SD_PHTBE1 328
SD_PHTLG1 328
SD_P209C19 332
SD_P209C15 331
SD_SMMPBJ14.15 336
SD_SMMPBJ14.441 336
SD_SMMPBJ6.6 336
SD_SMMH9 333
SD_SMMH4 331
SD_SM62A 332
SD_SMMB670 329
CONSENSUS-STM 329
STM_STM 329

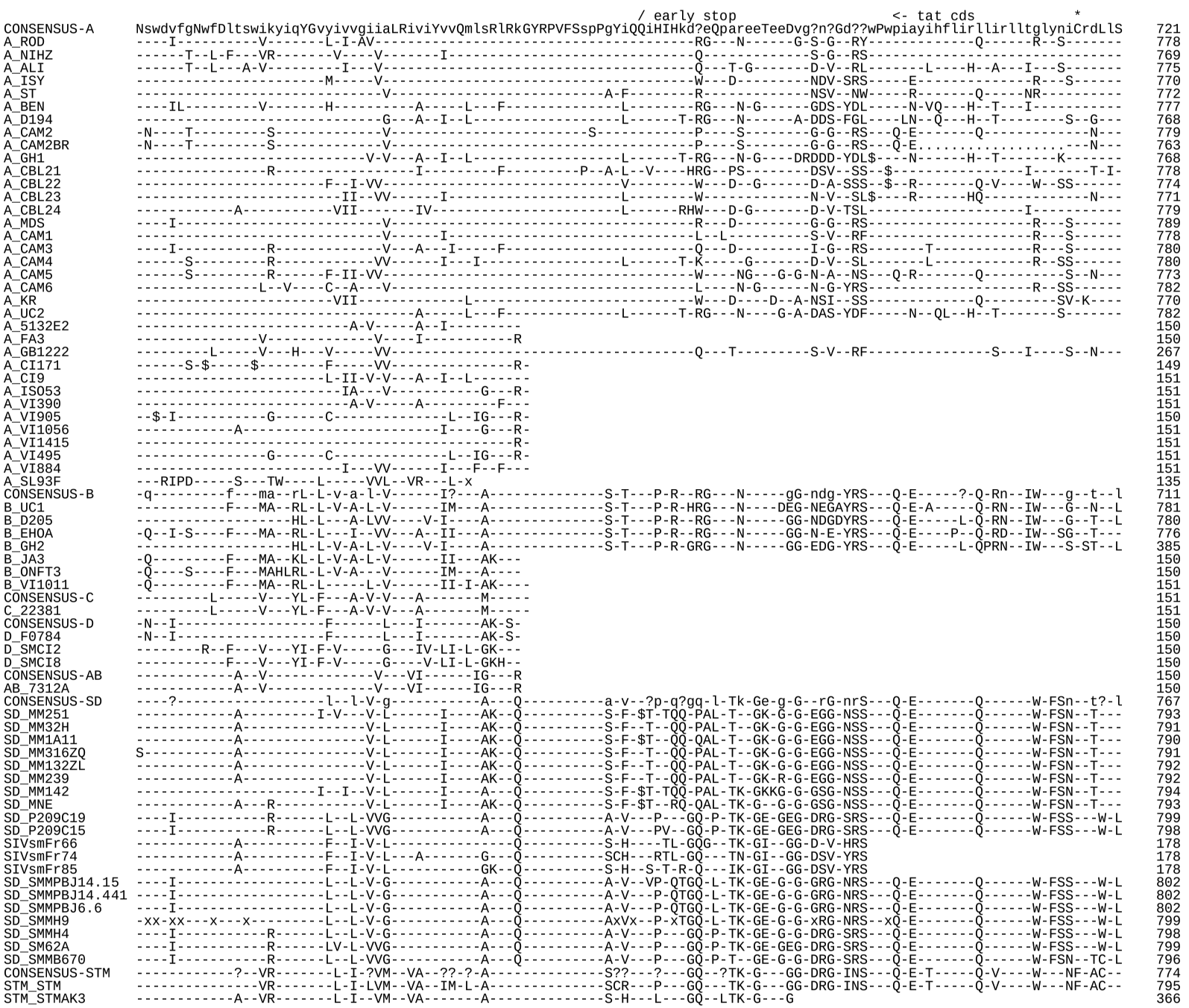
Amino Acids

```
                                  *^^^             ^^^  ^^^                                SU \/ TM ?
CONSENSUS-A     QiiNtWHkVgknvYLPPReGeLtCnStVTSiiANid?????nqt??nITFSAevaeLYrLelGDYkLvEiTpigFAPT?ekRyss?ap?R?krgvfVLGfLGFLataGsAMGaasLTlSA  487
A_ROD           ----------R-----------S-------------.WQNN---..-------------------------------K------.-HG-HT-------------------------V--  538
A_NIHZ          -------R----L-----------------------...AGD---..-------A-----------------------SV-----.-HQ-HT-------------------------  529
A_885           --------------------L-S-----------V-.VFGN-G-..---------------------I-V---A----P------x                                  426
A_ALI           ----------------------------L-----..TDG---..-------------------------------S-R-----.T-R-N--------L------------T-A-----  535
A_ISY           ---------------------S-E-----------.VDGD-R-..-----------------------V--------A------.--G-H----L--------T---A-----------  530
A_ST            --------------------Q--------------..GGE---..---------------------I-V--------PV-----.--V-N-------------T---A-----------  532
A_BEN           ---------------------A-E-----------..IDK-R-HT-----------------------I----------DQR----.T-V-N-----------------------R-----  537
A_D194          ----------T-----------------------..SDG---..---------------------I-V---P----K------.--V-N--------------------G-------  528
A_CAM2          ---------------------------------.ERD.---.T------D-----------------------SQ----P.-HG-P---A---------T---V---T-------  539
A_CAM2BR        ---------------------------------.ERD.---.T------D-----------------------SQ----P.-HG-P---A---------T---V---T-------  541
A_D1024         ----------H-----------------------..GG.---..-------------------------------SV-----.-HG-HT                              507
A_D766          ----------H-----------------------..GG.---..-------------N-------------S-N-----.-HG-HT-                              508
A_D808          ----------H-----------------------..GG.---..--------G-----GI---------S------S---D--.-HG-HRE                           504
A_D868          ----------H-----------------------..GG.---..-------------------------F-----P-------.-HR-HP-x                          509
A_GH1           --------------------Q--------------.VNS.---..---------------------I-V--------R------.--V-N----------------------------  529
A_CBL21         --------------------L-S------------.TYG.----.D-------------------------------SV-----.--G-N----P--------T---A-----------  539
A_CBL22         ---------------------S--------L----.VNG.---..-------------------------------T------.T-M-N----M----------------------  535
A_CBL23         ---------------------------------.ANG.-N-..D-------------------------------A------.T-M-N----------------------------  532
A_CBL24         ---------------------S------------.VKN.---..-------------------------------S-Q--L-.S-K-N-------------T---A-----------  539
A_MDS           ----------R----------V------------..DKD----.------D-----------------------P------.-HG-H------------T---A-----------  549
A_CAM1          ---------------------------------..TDM-G-ET-------------------------------T------.-HG-Q------------T---V---T-------  538
A_CAM3          ---------------------------------.VEA.---..-------------------------------S------.-HK-HT-------------------------------  540
A_CAM4          ---------------------V-------L----...MR-DS.T---------------------I-V--------DQ----P.--T-S--------------A--T---T-------  540
A_CAM5          ----A----E-R----------I-----------ETNMHKT---..---------D--K----------------S-------.--G-N--------------R-------------  533
A_CAM6          ----------R-----------------------N..VD.---.S--------G-------------------EQ-----.DHG-Q------------T---A-----------  542
A_KR            -------R--Q-I---------V------------..MFD---..S-------------------------------S------.--Q-N--------V-------------------  530
A_D1071         -------                                                                                                                  323
A_UC2           ----------QY-------------------------..TDG---..---------------------I----------S------.--A-N--------L-------------------  542
A_UC3           --V-------------------S---S---L----                                                                                     178
A_UC5           ----------------------------M----                                                                                        178
A_UC6           --V----------------N---T-N---L----                                                                                       177
A_UC7           ---------------------------------                                                                                        178
A_UC8           --V--------H------A-----I-N---L----                                                                                      178
A_UC9           -V--------R-----------V-------L----                                                                                      179
A_UC10          -------R-------------S-T-N---L----                                                                                       179
A_UC11          -------R-----------Q--------------                                                                                       178
A_UC12          ----------x-----------S-----------                                                                                       178
A_UC14          ---------------------------------                                                                                        179
A_GB1222                                                                                                          --L-------------------V--   27
CONSENSUS-B     --?-------?-?---------S-------l----?--sd--?-----?v----s----------------------e?-----.vtP-N----?---------m-------t------  478
B_UC1           --V--------Y--------T-S---S---L-----VYYDG-D-KT---M----G----------------------EI-----.TTP-N----M------L--M-------T------  541
B_D205          ------------I---------S-------L----N..SD.-S-T.--SV----S----------------------DVR----.VKP-N----M---------M-------T------  540
B_EHOA          --V-----I-R-----------S-------L-----.WIDK-L-..---V----S---K------------------SI-----.VTP-N----L------------------------  536
B_GH2           ----------R-I-------L-S------------N..SAN-A-..--SV----S------P----------------EV-----.VNP-N----L---------M-------S------  145
CONSENSUS-SD    ----------------------D---------L-----.widg----..---M-----------------------l----V---tTgGtS-N-------------------------  535
SD_MM251        ----------------------D---------L-----.WTDG----..S--M-----------------------L---DV---TTGGTS-N-------------------------T-  554
SD_MM32H        ----------------------D---------L-----.WTDG----..---M-----------------------L---DV---TTGGTS-N-------------------------T-  551
SD_MM1A11       ----------------------D---I-----L-----.WTDG----..---M-----------------------L---NVR--TTGGTS-N-------------------------T-  551
SD_MM316ZQ      ----------------------D---------L-----.WIDG----..---M-----------------------L---DV---TTGGTS-N-------------------------T-  552
SD_MM132ZL      ----------------------D---------L-----.WIDG----..---M-----------------------L---DV---TTGGTS-N-------------------------T-  552
SD_MM239        ----------------------D---------L-----.WIDG----..---M-----------------------L---DV---TTGGTS-N-------------------------T-  552
SD_CTL7202      ----------------------D---------L-----.WIDG----..---M-----------------------L---DV---TTGGTS-N--                          525
SD_MM142        ----------------------D---------L----N.WTDG----..S--M-----------------------L---NV---TTGGTS-N-------------------------VT-  555
SD_MM181-01     --------                                                                                                                 346
SD_SEGA         ----------------------D---------L-----.WIDGD---..--SM-------                                                             489
SD_SEGE         ----------------------D---------L-----.WIDG----..--SM-------                                                             489
SD_SEGJ         ----------------------D---------L-----.WINE----..---M-------                                                             490
SD_7FBE2        ----------------------D---------L-----.$IDG----..---M----------K------------L---NV---ATGGTS-N----                        518
SD_7FLG1        ---H-----------------D---------L-D---.WIDG----..--SM-----------------------L---GV---TTGGTS-N----                        524
SD_7FLN1        ----------------------D---------L-----.WIDG----..---M-----------------------L---NV---ATGGTS-N----                        527
SD_7FSE1        ----------------------D---------L-----.WIDG----..---M-----------------------L---NV---TTGGTS-N----                        522
SD_MNE          ----------R---------D---------L-----.WIDG----..---M-----------------------L---NV---TTGGTS-N-------------------------T-  554
SD_MNELN1-1     ----------R---------D---------L-----.WIDG----..--x                                                                       385
SD_MNESPL1-7    ----------R---------D---------L---M-.WIDG----..---M--------                                                               389
SD_MNELIV2-5    ----------R---------D---------L-----.WIDG--x                                                                             382
SD_PHTBE1       ----------------------D---------L-----.WIDG----..---M-----------------------L---NV---TTGGTS-N----                        525
SD_PHTLG1       ----------------------D---------L-----.WIDG----..---M-----------------------L---SV---ATGGTS-N----                        520
SD_P209C19      ----------------------D---------L--E--.WINN-E-..---M-----------------------L---DVR--TTTGAS-N-------------------------V--  559
SD_P209C15      ----------------------D---------L--E--.WTNN-E-..---M-----------------------L---SVR--TTTGAS-N-------------------------V--  558
SD_SMMPBJ14.15  ----------------------D---------L--E--.WING-E-..---M-----------------------A----SV---TTTGAS-N-----------------------V----  562
SD_SMMPBJ14.441 ----------------------D---------L--E--.WING-E-..---M-----------------------A----SV---TTTGAS-N-------------------S---V----  562
SD_SMMPBJ6.6    ----------------------D---------L--E--.WING-E-..---M-----------------------SV---TTTGAS-N-----------------------V----  562
SD_SMMH9        -------------x-------D---------L--E--.WING-K-..---M-----------------------SV---TTTGAS-N-------------------------------  559
SD_SMMH4        ----------------------D---------L--E--.WINS-E-..---M-----------------I-----L---SVR--TTTGAS-N-----------------------V----  558
SD_SM62A        ----------------------D---------L--E--.WTNN-E-..---M-----------------------L---SVR--TTTGAS-N-----------------------V----  559
SD_SMMB670      ----------------------D---------L-----.WIDG----..---M-----------------------L---NVR--TTTGAS-N-------------------------  556
CONSENSUS-STM   -V-----?----------?-D--------------.WTNN-E-..---A-----------------------L---NV---TT.STS-T-------------------------T-  545
STM_STM         -V----------------Q-D--------------.WTNN-E-..---A-----------------------L---NV---TT.STS-T-------------------------T-  555
STM_STMAK3      -V-----R-----------D--------------.WTNN-E-..---A-----------------------L---NV---TT.STS-T-------------------------T-  166
```

```
                                                                            *     *      ^^^      ^^^             ^^^
CONSENSUS-A       qsrtllaGIVQQQQQLlDvVkRQQEmLRLTvWGtKnLQarVTAIEkYLkdQAqlNSWGCaFRQVChTtVpwvndsltPdWnnMTWQeWeqqvryLeaNIs?sLEqAQiQQEkNmYELQkl   606
A_ROD             -------------------------L----------------------Q---R-----------------------A---D--------K----------K-------------------   658
A_NIHZ            -------------------------------------------------------------------S------T---------------K---------Q-------------------   649
A_ALI             ------------------M---------------------------------R--------------------N--K---D-------------------EQ-----------T------   655
A_ISY             -----FR-----------------------------------------A---R---------------------T---E----------HKI-F------E-------------------   650
A_ST              --------------------------------------------------------------------------T---------------RI-N------E-------------------   652
A_BEN             -------------------------------------------------H--------------------------S---K--------K----------Q---E---------------   657
A_D194            -----------------------------------------------------------------------------------------KR-H-------Q-------------------   648
A_CAM2            -------------------------L---------I-----------------------------------A-E----------------K---------Q---E--L------------   659
A_CAM2BR          -------------------------L---------------------------------------------A-E----------------K---------Q---E--L------------   661
A_GH1             ----------------------------------------------------------------------------S------------K----------Q-------------------   649
A_CBL21           --------------------------------------------------------------------------T-Q---------K----I--------T-------------------   659
A_CBL22           ------------------------------------------------------------------------------R-D----------I--------GQ------------------   655
A_CBL23           --------------------------------------------------------------------------T---E----------GKI-D------QQ------------------   652
A_CBL24           ----------------------------------------------------R-----------------------Q---------Q--H----------EL------------------   659
A_MDS             -------------------------------------------------------------------------S--E---E---------K---------QK--E------Q--------   669
A_CAM1            -------------------------L--------------------------L---------------------------A---------K---------Q-----------------R-   658
A_CAM3            --------------------------------------T---------------------------------------------------K-H-------EM------------------   660
A_CAM4            --------------------E--------------------------------------V------------------N----------LRT---D----QL------------------   660
A_CAM5            ----------------------------------------------------R------------------T-----------------HKI-D------D-------------------   653
A_CAM6            ------------------------------------------------------------------------------------------K---------Q-------------------   662
A_KR              HPGLYW--------------------------------T---------R---R------------Y---L-E-N-IV--------------T-D------R-------------------   650
A_UC2             ------------------I------L---------------------------------T------------------R----------K----------Q---E---------------   662
A_5132E2                           ---------------------------------------------------------------D--------ER---------Q-------------------   103
A_FA3                              ---------------------------------------------------------------------Q----I--------E-------------------   103
A_GB1222          ----------------V---------------------T-------------HV----------------------------------------------ER------------------   147
A_CI171                            -----------------------------------------------------L---------K--------M----------QQ------------------   103
A_CI9                              -I---------------------------------------------------------A------------E----------EI------------------   103
A_ISO53                            -------------I--------------R-------------------Y--------T-----------Q--H-I--------EQ------------------   103
A_VI390                            ----------------A------------------------------------------K-----------AK---F------QQ------------------   103
A_VI905                            ---T-----------------------------------------------------T---N-Q-----Q----I--------A-------------------   103
A_VI1056                           ----------------------G----------------------------------T-V-K-D-----Q----I--------E-------------------   103
A_VI1415                           --------V------------------------------------------------T-K---D-----Q----I--------E-------------------   103
A_VI495                            ---------------------------------------------------------T-----G-----Q----I--------T-------------------   103
A_VI884                            -------------------------------------------------------I---I-N-D-----------HH------TL------------------   103
A_SL93F                                     ----------------------A---R------------------P-ET-N----K-------EK-DF-TD--TDL-----------------I    94
CONSENSUS-B       ----------------?--------L------------t-------------l------------------p-et-?---------Q--??-nf-d---T-L--E---------------   593
B_UC1             -------------------------L------------T-------------L------------------P-ET-----E-----Q--KR-NF-D---TAL--E------R--------   661
B_D205            ---------------PV--------L---------------------------------------------P-ET---N-------Q--K--HF-D---TAL--E--------------I   660
B_EHOA            ----------------V--------L-----------------------------------------------E--K---------Q--R---F-D---TKL--E---------------   656
B_GH2             -------------------------LC-----------T--------------------------------P--T-K---Q-----Q--K--NF-----TAL--E---------------   265
B_JA3                              --------L------------T-------------L------------------P-ET-H-N-Q-----Q---K-N--D---TQL--E---------------   103
B_ONFT3                            --------L------------T-------------L------------------P-ETIE---------Q--AK-QF-D---TQL--E---------------   103
B_VI1011                           --------L------------T-------------L------------------P-ETHL-R-------Q--RE-N--D---TRL--E---------------   103
CONSENSUS-C                        ---------------------T-------------K----------------------MQ-E-Q-----Q--K-IAF--D--TEL------------------   103
C_22381                            ---------------------T-------------K----------------------MQ-E-Q-----Q--K-IAF--D--TEL------------------   103
CONSENSUS-D                        --------L------------T------------------------------E-P-ST--------------R--DF-----TQL--E---------------   103
D_F0784                            --------L------------T------------------------------E-P-ST--------------R--DF-----TQL--E---------------   103
D_SMCI2                            ---T----L------------T-------------R--A---------------E-NT-Q------------IKI-D------E---E---------------   103
D_SMCI8                            ---T----L------------T-------------R------------------E--T-Q------------IKI-D------EK--N---------------   103
CONSENSUS-AB                       ---------------------------------------------------------------D-----Q--K-I-D------E-------------------   103
AB_7312A                           ---------------------------------------------------------------D-----Q--K-I-D------E-------------------   103
CONSENSUS-SD      -------------------------L------------T--------------------------------P-?----?----------rk-df-----T-l--E---------------   652
SD_MM251          -------------------------L------------T----------------A---------------P-A--------D------RK-DF--E--TAL--E---------------   674
SD_MM32H          -------------------------L------------T----------------A---------------P-A--------D------RK-DF--E--TAL--E---------------   671
SD_MM1A11         --------------L----------L------------T----------------A---------------P-A----K---E------RK-DF--E--TAL--E---------------   671
SD_MM316ZQ        --------------------T----L------------T----------------A-------------S-P-A----K---E----$-RK-DF--E--TAL--E---------------   671
SD_MM132ZL        -------------------------L------------T----------------A---------------P-A----K---E------RK-DF--E--TAL--E---------------   672
SD_MM239          -------------------------L------------T----------------A---------------P-A----K---E------RK-DF--E--TAL--E---------------   672
SD_MM142          -------------------------L------------T--S-------------A---------------P-A--------E------RK-DF-----TAL--E---------------   675
SD_MNE            -------------------------L------------T----------------A---------------P-AN---N---E------RK-DF--E--TAL--E---------------   674
SD_P209C19        -------------------------L------------T--------------------------------P----V-I-D-----Q--R--DS-----TQL--E---------F-----   679
SD_P209C15        -----------------------H-L----D-------T--------------------------------P----V-I-D-----Q--R--DS-----TQL--E---------F-----   678
SIVsmFr66                                        ----------------------------------------P-ET--------------R-IDF-----TAM--E--------V------    89
SIVsmFr74                                        ----------------------------------------P-ET---N---------KR-IDF-----TTM--E---------------    89
SIVsmFr85                                        ----------------------------------------P-ET--------------R-IDF-----TEM--E------R--------    89
SD_SMMPBJ14.15    -------------------------L-------A----T--------------------------------P--T---N----------K--NF-----TQ---E--------T------   682
SD_SMMPBJ14.441   -------------------------L-------A----T-------------------------------RP--T---N----------K--NF-----TQ---E--------T------   682
SD_SMMPBJ6.6      -------------------------L-------A----T--------------------------------P--T---N----------K--NF-----TQ---E--------T------   682
SD_SMMH9          -------------------------L------------T-------------xx-------------x---P--T---x----x-----K--NF-----Txx--E------x--------   679
SD_SMMH4          -------------------------L------------T--------------------------------P-ET-V-N----------R--DF-----TQL--E---------------   678
SD_SM62A          -------------------------L------------T--------------------------------P-ET-V-N-S--------R--DF-----TQL--E---------------   679
SD_SMMB670        -------------------------L------------T--------------------------------P--T-V------------RK-DS-----TQM--E--V------------   676
CONSENSUS-STM     ------?-----------?------L------------T--------------------------------P----V------------RK-DF-----TQL--E--V------------   663
STM_STM           ------T------------------L------------T--------------------------------P----V------------RK-DF-----TQL--E--V------------   675
STM_STMAK3        ------------------A------L------------T--------------------------------P----V------------RK-DF-----TQL--E--V------------   286
```

Amino Acids

Amino Acids


/ early stop
<- tat cds
*
CONSENSUS-A NswdvfgNwfDltswikyiqYGvyivvgiiaLRiviYvvQmlsRlRkGYRPVFSspPgYiQQiHIHkd?eQpareeTeeDvg?n?Gd??wPwpiayihflirllirlltglyniCrdLlS 721
A_ROD ----I---------V-------L-I-AV----------RG---N------G-S-G--RY----------Q------R--S------- 778
A_NIHZ ------T--L-F---VR-------V----V-------I----------Q----------S-G--RS---------- 769
A_ALI ------T--L---A-V---------I---V----------Q---T-G-------D-V--RL-------L----H--A---I---S------- 775
A_ISY ----------M-----V----------W---D---------NDV-SRS----E----------R---S------ 770
A_ST ----------V----------A-F--------R----------NSV--NW-----R-------Q-----NR---------- 772
A_BEN ----IL---------V-------H----------A-----L---F----------L--------RG---N-G------GDS-YDL-----N-VQ---H--T---I---------- 777
A_D194 ----------G---A--I--L----------L------T-RG---N------A-DDS-FGL----LN--Q---H--T--------S--G--- 768
A_CAM2 -N----T---------S----------V----------S----------P----S--------G-G--RS---Q-E-------Q----------N--- 779
A_CAM2BR -N----T---------S----------V----------P----S--------G-G--RS---Q-E.....---N--- 763
A_GH1 ----------V-V---A--I--L----------L------T-RG---N-G----DRDDD-YDL$----N------H--T-------K------- 768
A_CBL21 ----------R----------I---------F---------P--A-L--V----HRG--PS--------DSV--SS--$----------I-------T-I- 778
A_CBL22 ----------F--I-VV----------V--------W---D--G------D-A-SSS--$--R-------Q-V----W--SS------ 774
A_CBL23 ----------II--VV------I----------L--------W----------N-V--SL$----R------HQ----------N--- 771
A_CBL24 ----------A----------VII-------IV----------L------RHW---D-G-------D-V-TSL----------I---------- 779
A_MDS ----I----------V----------R---D---------G-G--RS----------R---S------ 789
A_CAM1 ----------V------I----------L--L----------S-V--RF----------R---S------ 778
A_CAM3 ----I----------R----------V---A---I-----F----------Q---D---------I-G--RS-------T----------R---S------ 780
A_CAM4 ------S---------R----------VV------I---I----------L------T-K-----G-------D-V--SL-------L----------R--SS------ 780
A_CAM5 ------S---------R------F-II-VV----------W----NG---G-G-N-A--NS---Q-R-------Q----------S--N--- 773
A_CAM6 ----------L--V----C--A---V----------L----N-G------N-G-YRS----------R--SS------ 782
A_KR ----------VII----------L----------W---D----D--A-NSI--SS----------Q---------SV-K---- 770
A_UC2 ----------A-----L---F----------L------T-RG---N----G-A-DAS-YDF-----N--QL--H--T-------S------- 782
A_5132E2 ----------A-V-----A--I--------- 150
A_FA3 ----------V----------V----I----------R 150
A_GB1222 ---------L-----V---H--V-----VV----------Q---T---------S-V--RF----------S---I----S--N--- 267
A_CI171 ------S-$-----$--------F-----VV----------R- 149
A_CI9 ----------L-II-V-V---A--I--L------- 151
A_ISO53 ----------IA---V----------G---R- 151
A_VI390 ----------A-V-----A---------F--- 151
A_VI905 --$-I----------G------C----------L--IG---R- 150
A_VI1056 ----------A----------I----G---R- 151
A_VI1415 ----------R- 151
A_VI495 ----------G------C----------L--IG---R- 151
A_VI884 ----------I---VV------I---F--F--- 151
A_SL93F ---RIPD-----S---TW----L-----VVL--VR---L-x 135
CONSENSUS-B -q---------f---ma--rL-L-v-a-l-V------I?---A----------S-T---P-R--RG---N-----gG-ndg-YRS---Q-E-----?-Q-Rn--IW---g--t--l 711
B_UC1 ----------F---MA--RL-L-V-A-L-V------IM---A----------S-T---P-R-HRG---N----DEG-NEGAYRS---Q-E-A-----Q-RN--IW---G--N--L 781
B_D205 ----------HL-L---A-LVV----V-I----A----------S-T---P-R--RG---N-----GG-NDGDYRS---Q-E------L-Q-RN--IW---G--T--L 780
B_EHOA -Q--I-S----F---MA--RL-L---I--VV---A--II---A----------S-T---P-R--RG---N-----GG-N-E-YRS---Q-E----P--Q-RD--IW--SG--T--- 776
B_GH2 ----------HL-L-V-A-L-V----V-I----A----------S-T---P-R-GRG---N-----GG-EDG-YRS---Q-E-----L-QPRN--IW---S-ST--L 385
B_JA3 -Q---------F---MA--KL-L-V-A-L-V------II---AK--- 150
B_ONFT3 -Q----S----F---MAHLRL-L-V-A---V------IM---A---- 150
B_VI1011 -Q---------F---MA--RL-L-----L-V------II-I-AK---- 151
CONSENSUS-C ---------L-----V---YL-F---A-V-V---A-------M----- 151
C_22381 ---------L-----V---YL-F---A-V-V---A-------M----- 151
CONSENSUS-D -N--I----------F------L---I-------AK-S- 150
D_F0784 -N--I----------F------L---I-------AK-S- 150
D_SMCI2 --------R--F---V---YI-F-V-----G---IV-LI-L-GK--- 150
D_SMCI8 ----------F---V---YI-F-V-----G----V-LI-L-GKH-- 150
CONSENSUS-AB ----------A--V----------V---VI------IG---R 150
AB_7312A ----------A--V----------V---VI------IG---R 150
CONSENSUS-SD ----?----------l--l-V-g----------A---Q----------a-v--?p-q?gq-l-Tk-Ge-g-G--rG-nrS---Q-E-------Q------W-FSn--t?-l 767
SD_MM251 ----------A---------I-V---V-L------I----AK--Q----------S-F-$T-TQQ-PAL-T--GK-G-G-EGG-NSS---Q-E-------Q------W-FSN--T--- 793
SD_MM32H ----------A----------V-L------I----AK--Q----------S-F--T--QQ-PAL-T--GK-G-G-EGG-NSS---Q-E-------Q------W-FSN--T--- 791
SD_MM1A11 ----------A----------V-L------I----AK--Q----------S-F-$T--QQ-QAL-T--GK-G-G-EGG-NSS---Q-E-------Q------W-FSN--T--- 790
SD_MM316ZQ S----------A----------V-L------I----AK--Q----------S-F--T--QQ-PAL-T--GK-G-G-EGG-NSS---Q-E-------Q------W-FSN--T--- 791
SD_MM132ZL ----------A----------V-L------I----AK--Q----------S-F--T--QQ-PAL-T--GK-G-G-EGG-NSS---Q-E-------Q------W-FSN--T--- 792
SD_MM239 ----------A----------V-L------I----AK--Q----------S-F--T--QQ-PAL-T--GK-R-G-EGG-NSS---Q-E-------Q------W-FSN--T--- 792
SD_MM142 ----------I--I--V-L------I----A---Q----------S-F-$T-TQQ-PAL-TK-GKKG-G-GSG-NSS---Q-E-------Q------W-FSN--T--- 794
SD_MNE ----------A---R----------V-L------I----AK--Q----------S-F-$T--RQ-QAL-TK-G--G-G-GSG-NSS---Q-E-------Q------W-FSN--T--- 793
SD_P209C19 ----I----------R------L--L-VVG----------A---Q----------A-V---P---GQ-P-TK-GE-GEG-DRG-SRS---Q-E-------Q------W-FSS---W-L 799
SD_P209C15 ----I----------R------L--L-VVG----------A---Q----------A-V---PV--GQ-P-TK-GE-GEG-DRG-SRS---Q-E-------Q------W-FSS---W-L 798
SIVsmFr66 ----------A----------F--I-V-L----------Q----------S-H----TL-GQG--TK-GI--GG-D-V-HRS 178
SIVsmFr74 ----------A----------F--I-V-L---A------G---Q----------SCH---RTL-GQ---TN-GI--GG-DSV-YRS 178
SIVsmFr85 ----------A----------F--I-V-L----------GK--Q----------S-H--S-T-R-Q---IK-GI--GG-DSV-YRS 178
SD_SMMPBJ14.15 ----I----------L--L-V-G----------A---Q----------A-V--VP-QTGQ-L-TK-GE-G-G-GRG-NRS---Q-E-------Q------W-FSS---W-L 802
SD_SMMPBJ14.441 ----I----------L--L-V-G----------A---Q----------A-V---P-QTGQ-L-TK-GE-G-G-GRG-NRS---Q-E-------Q------W-FSS---W-L 802
SD_SMMPBJ6.6 ----I----------L--L-V-G----------A---Q----------A-V---P-QTGQ-L-TK-GE-G-G-GRG-NRS---Q-E-------Q------W-FSS---W-L 802
SD_SMMH9 -xx-xx---x---x---------L--L-V-G----------A---Q----------AxVx--P-xTGQ-L-TK-GE-G-G-xRG-NRS--xQ-E-------Q------W-FSS---W-L 799
SD_SMMH4 ----I----------R------L--L-V-G----------A---Q----------A-V---P---GQ-P-TK-GE-G-G-DRG-SRS---Q-E-------Q------W-FSS---W-L 798
SD_SM62A ----I----------R------LV-L-VVG----------A---Q----------A-V---P---GQ-P-TK-GE-GEG-DRG-SRS---Q-E-------Q------W-FSS---W-L 799
SD_SMMB670 ----I----------R------L--L-VVG----------A---Q----------A-V---P---GQ-P-T--GE-G-G-DRG-SRS---Q-E-------Q------W-FSN--TC-L 796
CONSENSUS-STM ----------?--VR-------L-I-?VM--VA--??-?-A----------S??---?---GQ---?TK-G---GG-DRG-INS---Q-E-T-----Q-V----W---NF-AC-- 774
STM_STM ----------VR-------L-I-LVM--VA--IM-L-A----------SCR---P---GQ---TK-G---GG-DRG-INS---Q-E-T-----Q-V----W---NF-AC-- 795
STM_STMAK3 ----------A--VR-------L-I--VM--VA-------A----------S-H---L---GQ--LTK-G---G 366

```
                                nef start -> *
                                   <- rev cds                    *
CONSENSUS-A     r?f?tlqpi?q?l????t??RDwlRl?aAyLQYGceWIQeafqafar?trETlagawr?lwg?l?riGRgILavPRRIRQGAEiaLL$  793
A_ROD           -S-L---L-Y-N-..............------RT-F-------------A--A--------C-G--RV-E--------------------  858
A_NIHZ          -ISPI----F-S-QRAL-AI------K----------------L--T--------G-D--RA-Q-----------------L---  856
A_ALI           -I-SI----F-S-QRAL-TI------K--------------------IA----TNT--D---AMQWV--R----------------  862
A_ISY           -.....-YL-L-P-..............------K----------------L--V-----TS-G-S---A-G--------------------  846
A_ST            -S-Q---L-S-S-RRAL-AV-----FNT------G-------R----A-G---TN---GF--T-GQ--------------------  859
A_BEN           KNSP-RRL-S-S-....-AI------K--Q----------------T---------GW--EAAR-----------------L---  860
A_D194          KNSP-RRL-S-S-....-AI------K----------------R----TA---I-----G-CEAAQ--------------------  851
A_CAM2          -I-Q-----L-N-..............-----PKV-F-------------A--AA-------C-DV--M-Q----------------L---  859
A_CAM2BR        -I-Q-----L-N-..............-----PKV-F-------------A--AA-------C-D--EV-Q-------V---------L----  843
A_GH1           TNSP-HRL-S-N-....-AI------K-------G----------KT------S--GG-CAAVQ-V--------------------  851
A_CBL21         KS-Q-----S-G-QRAL-AI-----PG-------------L-----A-----TSV--NFC-TMGQ-------I---------L----  865
A_CBL22         -S-LI--A-..................-----K----------------R---KF----------D---G-G----E----------  850
A_CBL23         -ISL--R-VF-S-QRAL-AI-----TD-----------G-------A-------T--D---A-Q--------------------  858
A_CBL24         -SSLI----L-S-QRAL-AI------E-------------L--LT-A----------N---A-Q----------------L----  866
A_MDS           -I-L-----F-N-........--Q---RI-F----------------V-----TS-C-G---T-G--------------------  869
A_CAM1          -I-L-----L-N-..............-----AST-F---------------G-AAK---TS-C-S--RT-G----------------L----  858
A_CAM3          -S-L-----F-N-..............------RT-F----RQ----------A-----TS-C-G--RT-DNF-----SI----------  860
A_CAM4          -S-P---RA.......L-AI------K----------------TA---------N--EAMG-L----------------L----  860
A_CAM5          KS-L---L-..................------NT-F----------------A-----TS-G-S---T-G----------------L----  849
A_CAM6          -S-L-----L-N-..............------RT-F----------------FA-----S-C-S---T-G--------I----------  862
A_KR            -S-P---L-F-S-QRAL-TI------TI-----------VL-VL--T------S---D---AMG----------------L----  857
A_UC2           ANSP-RRL-S-N-....-AI------K----------------I--TA---------G-CKAVQ--------------------  865
A_GB1222        -I-L-----F-N-..........---P--RT-F----------A--A--------C-G---T-G------------------T---  347
CONSENSUS-B     KT-q?-----?--Q........P---pv------Is-F---??-A--a??----s-g?t--ea-R-aAga-i-I-------l-L----  781
B_UC1           KTSQI---A...-Q........P---SL------IS-F---I--AT-AA-----NTG-A--KA-R-TAEA-I-I-------L-L---  857
B_D205          KT-QI-HQ-STN-Q........P---PV------IS-F---LR-A--A-G----S-GET--EA-R-AA-A-I-I-------L-LT--  859
B_EHOA          KT-Q----V...-Q........P---PP---R--IS-F---I--A--AAG----S-A-TS--V-R-AAGE-I-I---------L----  852
B_GH2           KT-R-----...-Q........P---LV------ID-F---LR-A--V------S-GETF-EI-R-MAGA-V-I------RL-L---  461
CONSENSUS-SD    --yQi---vl-r-s-tLqR--EV?-?eit-----wsyf---v--?w--a?----s--gd--Et-g-v--w---I-------l-lt---  846
SD_MM251        -AYQI----L-R-SATLRRV-EV--TELT-----WSYFH--V--GW-SAT--------D--ET-R-G--W---I-------L-LT--  880
SD_MM32H        -AYQI----L-R-SAALQRI-EV--TELT-----WSYF---V-VGW-SAT-------GD--ET-R-G--W---I-------L-LT--  878
SD_MM1A11       -VYQI----L-R-SATLRRI-EV--TELT-----WNYFH--V-VDW-SAT-------GD-$EA-R-G--W---I-------L-LT--  876
SD_MM316ZQ      -VYQI----L-R-SATLQRI-EV--TELT-----WSYFH--V--VW-SAT------$GD--ET-R-G--W---I-------L-LT---  877
SD_MM132ZL      -VYQI----L-R-STTLQRI-EV--TELT-----WSYFH--V--VW-SAT-------GV--ET-R-G--W---I-------L-x    876
SD_MM239        -VYQI----L-R-SATLQRI-EV--TELT-----WSYFH--V--VW-SAT-------GD--ET-R-G--W---I-------L-LT--  879
SD_MM142        -AYQI----F-R-SATLRRI-EV---ELT-----WSYF---V--AQ-SAT-------GE--EA-Q-G--W---I-------L-LT--  881
SD_MNE          -AYQI----F-RFSTTLQRI-EV--TELT-----WSYF---V-VAW-SAT-------GD--ET-G-V--W---I-------L-LT--  880
SD_P209C19      -SYQI---VL-R-STTLQRV-EVI-IEIT-----WSYF---V--WWKFA-----S---DI-ET-G-V------I---V---L-L----  886
SD_P209C15      -IYQI---VL-R-SRTLQRV-EVI-IEIT-----WSYF---V--WWKFA-----S---DI-ET-G-V------I---V---L-LT---  885
SD_SMMPBJ14.15  -NCQ----VL-S-SRTLQRA-EVI-VQI------WRYL---A--WWKLV-----S---H--ET-G-V------I-------L-LT---  889
SD_SMMPBJ14.441 -NCQ----VL-S-SRTLQRA-EVI-VQI------WRYL---A--WWKFV-----S---D--ET-G-V------I-------L-LT---  889
SD_SMMPBJ6.6    -NCQ----VL-S-SRTLQRA-EVI-VQI------WRYL---A--WWKFV-----S---D--ET-G-V------I-------L-LT---  889
SD_SMMH9        -xCQI---VL-S-SRTLQRA-EVI-VEIT-----WRYL---AxxWWKFx-----S---D--ET-G-V------Ixx-----L-LT--  886
SD_SMMH4        -SYQI---VL-S-STTLQRV-EVI-IEI------WRYF---V--WWKLA-----S--GDI-ET-G-V------I-------L-LT--  885
SD_SM62A        -SYQI---VL-S-STTLQRV-EVI-IEIT-----WRYF---V--WWKFA-----S---DI-ET-G-V------I-------F-LT---  886
SD_SMMB670      -IYQI---VF-R-FSILQRI-EVV-TEIS------R-F---V--GW-AAG-----S--GD--ET-G-V--WV--I-------L-L----  883
CONSENSUS-STM   -IYQ--H-TF-RISRILQRI-EVV--G--------I-----A--AW-AAG----S-G-D--ET-G-V--R-G-I-------L-LT--  861
STM_STM         -IYQ--H-TF-RISRILQRI-EVV--G--------I-----A--AW-AAG----S-G-D--ET-G-V--R-G-I-------L-LT--  882
```

Amino Acids