Protein Alignment Summary Table (**Gag**)

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)
ISY	J04498	complete genome	Franchini G	*PNAS* **86** 2433–2437 (1989)
ST	M31113	complete genome	Kumar P	*J Virol* **64** 890–901 (1990)
UC2	U38293	complete genome	Barnett SW	Unpublished (1997)
BEN	M30502	complete genome	Kirchhoff F	*Virology* **177** 305–311 (1990)
CAM2	D00835	complete genome	Tristem MF	*J Gen Virol* **72** 721 (1991)
D194	J04542	complete genome	Kuehnel H	*PNAS* **86** 2383–2387 (1989)
GH1	M30895	complete genome	Hasegawa A	*ARHR* **5** 593–604 (1989)
MDS	Z48731	gag pol vif tat rev nef env	Becker M	Unpublished (1995)
U22047 KR	U22047	complete genome	Kraus GK	*PNAS* **90** (9), 4226–4230 (1993)
7924A1	L33081	partial p16/p28 gag	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
60415K1	L33076	p16/p28 partial gag	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
FA1	L33082	partial p16/p28 gag	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
HIV2ALT HIV2D205	X61240	complete genome	Dietrich U	*ARHR* **8** 1619 (1992)
UC1	L07625	complete genome	Barnett SW	*J Virol* **67** 1006–1014, (1993)
EHOA	U27200	complete genome	Rey-Cuille MA	*Virology* **202** (1), 471–476 (1994)
60667K1	L33078	p16/p28 partial gag	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
JA1	L33085	partial p16/p28 gag	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
FT	L33084	partial p16/p28 gag	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
7810A1	L33080	partial p16/p28 gag	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
ON	L33086	partial p16/p28 gag	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
22381	L33077	p16/p28 partial gag	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (1994)
FO784	L33083	gag, p16/p28 region	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7477 (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)
MM239	M33262	complete genome	Regier DA	*ARHR* **6** 1221–1231 (1990)
MM142	M16403	complete genome	Chakrabarti L	*Nature* **328** 543–547 (1987)
MNE	M32741	complete genome	Benveniste RE	Unpublished (1990)
SMMH4	X14307	complete genome	Hirsch VM	*Nature* **339** 389–391 (1989)
SIVSMMH9	M80194	complete genome	Courgnaud V	*J Virol* **66** 414–419 (1992)
SMMPBJ	M31325	complete genome	Dewhurst S	*Nature* **345** 636–640 (1990)
SIVsmSL92a	U17646	source gag	Chen Z	*J Med Primatol* **24** 108–115 (1995)
SIVsmSL92f	U48815	gag	Chen Z	*J Virol* **70** (6), 3617–3627 (1996)
PA1	L33087	gag ltr	Gao F	*J Virol* **68** 7433–7447 (1994)
STM	M83293	complete genome	Novembre FJ	*Virology* **186** 783–787 (1992)
STM22579	X60667	gag, pol	Khan AS	*J Med Primatol* **20** 167–171 (1991)

Amino Acids

Amino Acids

```
                -> Gag P17 Matrix
CONSENSUS-A     MGArnSVLRGKKaDELEkiRLRPgGKKkYrLKHiVWaANeLdrFgLaEsLLESKEGCQkIltVLdPlVPTGSENLkSLfNTvCViwC?HAEEKvKDTEeAk.kivqRHLvAETgTaeKMP    118
A_ROD           -----------------R--------------------K--------------------------M--------------------I----------G--.Q--R--------------    119
A_NIHZ          ----------------------------K-------------------------------------------------------I----------G--.Q-----------------    119
A_ISY           ---K-------------------------------------------T-------------IS--E-------------Y--T-----L--------------.R--G-------E------    119
A_ST            ------------------------------------------------------------------------------------I-----A-------.QK---------K-T----    119
A_UC2           ------------------------------------------R---N-----------------------------------L--------------.-L----------------    119
A_BEN           -----------------V----------------------K-----------------R------------------------L--------------.-LA---------------    119
A_CAM2          -----------------V----------K---------------------------R--K-------------------------I--------------.R-AL---A----------    119
A_D194          -----------------V----N---R-----V-----------------------------K--E----------------------L--------------.-LA---------------    119
A_GH1           ----------------------S-----------------K-------------------------------------------L--------------.-L-----G----------    119
A_MDS           ----S-------------V-------------------------------------------------------------F-I-------------.-FAR--------------    119
A_KR            ----S-------V---------------------------GK----------------I-------------------------L----------G--.Q-------------D---    119
A_7924A1                                        x---------------------R-IS----------------------V--I-------------.------------------     83
A_60415K1                                       x--------------------R-------------------------A--I----------G--.Q-----------------     83
A_FA1                                           x-----------------------I---N----------Q-----------L------------R.-L----------------     83
CONSENSUS-B     ----g---S---T-----V--------r-m------?v-------------------h------a--------------------y-L--------------.--A-?--a-d-...----    114
B_D205          ----G---S---T-----V----------M---V---V----------------------K--A---------------I----F-L--------------.--A----A-D-...----    116
B_UC1           ----S---S---T-----V--------R-C----I--V-------------------H------A--------------------Y-L--------------.--A----A-D-...----    116
B_EHOA          ----G---S---T-----V--------R-M-------V---E-------R-G-----R--RK--G-------------Y------F-L--------------.--A----A-D-...----    116
B_60667K1                                       xV---E------N--G-----H---A--E--------------------Y-L--G----------.--A-----GN-...----     80
B_JA1                                           xV-------------------H------A--------------------VY-L--------------.--A-S--AVN-...--T-     80
B_ONFT4                                         xV----------T--------H------A--------------------F-L---Q---------.--A-S---VDA...--V-     80
B_7810A1                                        x-----------T--G-----H----A-A-------------------VY-L--------------.--A-S--A-N-...----     80
B_ONFT1                                         xV----------R--------H------A--------------------Y-L--------------.-MA-S---VDA...--T-     80
CONSENSUS-C                                     x-------A-------T-----------E-------------Y--T-----L---Q---H---RN.EV-E---A---KN-----     83
C_22381                                         x-------A-------T-----------E-------------Y--T-----L---Q---H---RN.EV-E---A---KN-----     83
CONSENSUS-D                                     x---------------N--------S--A-------------Y--------L----------G--.Q-------V-----D---     83
D_FO784                                         x---------------N--------S--A-------------Y--------L----------G--.Q-------V-----D---     83
CONSENSUS-SD    --------S--------------------m---v-----------------n--------S--a-------------y--------i-------h------.Q-------v-----dt--    119
SD_MM251        --------S--------------------M---V-----------------N--------S--A-------------Y--------I-------H------.Q-------V------T--    119
SD_MM32H        --------S--------------------M---V-----------------N--------S--A-------------Y--------I-------H------.Q-------V------T--    119
SD_MM1A11       --------S--------------N-----M---V-----------------N--------S--A-------------Y--------I-------H------.Q-------V------I--    119
SD_MM239        --V-----S--------------N-----M---V-----------------N--------S--A-------------Y--------I-------H------.Q-------V----T-T--    119
SD_MM142        --------S--------------------M---V-----------------N--------S--A-------------Y--------I-------H------.Q-------M------T--    119
SD_MNE          --------S--------------------M---V-----------------N--------S--A-------------Y--------I-------H------.Q-------V------T--    119
SD_SIVrcm       ............................M---L---CKK-NK---SDH---TAT--E---G--L--------G------LC--L--V-K-V--------V.AK-KECCHLVEKAENTTE     92
SD_SIVsmFr66    ................------------M---V--------------------I------K--A----------------------L---V---H------.TA---N-EE-K---D---    102
SD_SIVsmFr74    ................-V----------M---V-------------D---G--V---R--I--A----------------------L---V---H------.AAA----EE-A---D---    102
SD_SIVsmFr85    ................M----------M---V-------------D------L---R--K--A----------------------L---V---H------.AAA----EE-A---D---    102
SD_SMMH4        --------S--E------V----N-----M---V-----------------DN--------S--A-------------Y--------I-------H------.Q-------V-----DR--    119
SD_SMMH9        --V-----S--------------------M---------------------N--------S--A-------------Y---R-L--I-------H------.Q-------V-----D---    119
SD_SMMPBJ14.441 --------S------------------R-Q----------------------N--------S--A-------------Y-----L--I-------H------.Q-------V-----D---    119
SD_SMMPBJ14.15  --------S------------------R-K----------------------N--------S--A-------------Y-----L--I-------H------.Q-------V-----D---    119
SD_SMMPBJ6.6    --------S------------------R-K----------------------N--------S--A-------------Y-----L--I-------H------.Q-------V-----D---    119
SD_SMSL92A                                      x-----K-------------R-R--S--V----------------------I---M---N------.Q------AV-NE--DQL-     83
SD_SMSL92F                                         x------------------R--S--V----------------------L---M---H------.Q------AV-NE--DQL-     80
CONSENSUS-AE                                    x-R-------------N----HR-----E--M------------A---VY-L--AV---------KHVQ-H----GGK-T--L-     84
AE_PA1                                          x-R-------------N----HR-----E--M------------A---VY-L--AV---------KHVQ-H----GGK-T--L-     84
CONSENSUS-STM   ----S---S---------V----------M---V-------------------------?---E----------------------I-------H------.QV-K----V-----?---    117
STM_STM         ----S---S---------V----------M---V-------------------------I---E----------------------I-------H------.QV-K----V-----N---    119
STM_STM22579    ----S---S---------V----------M---V-------------------------------E----------------------I-------H------.QV-K----V-----D---    119
CONSENSUS-AB                                    x-----------N---------------A--M-------------------L---K----------.-LA-S---VD-...--T-     80
AB_7312A1                                       x-----------N---------------A--M-------------------L---K----------.-LA-S---VD-...--T-     80
```

```
                Gag P17 Matrix \/ P24 Capsid
CONSENSUS-A     ntSRPtAPpSgkggNfPVQq??gGNYtHvPLSPrTLNAWVKLvEeKKFGAEVVPGFQALSEGCTPYDINQmLNCVGDhQAAMQIIREIINeeAAdWDaqHPIP.GPLPAGQLR?PRGSDI    234
A_ROD           S-------S-E----Y---H.V------I-----------------------------------------------------------------E--V-----.---------E------    237
A_NIHZ          -------------..-------.VA-----I----G-------------------------------------------------------------VA----.---------E------    235
A_ISY           -I------------------.I----V-L-------------------------------------------------------------------V-----.---------D------    237
A_ST            S----------N--------.VA-----------------------------------------------------------------------.---------E------    237
A_UC2           --------------------.A----V-------------------------------------------------------Q-------------------.---------D------    237
A_BEN           ------------R--Y----.A----V-----------------------------------------------------------------S-----.---------D------    237
A_CAM2          D--------------Y---S.I-----------------------------------------------------------------------------N----.---------D------    237
A_D194          -I------------------.A----I-----------------------------------------------------------------------.---------D------    237
A_GH1           S----------R-R------TG----I-----------------D-----------------------------------------------D------------.---------D------    238
A_MDS           -----------R---Y---N.I-----------------------------------------------------------------------------.---------E------    237
A_KR            S----A-----R---Y----.IA---S-----------------------------------------------------------------------V-----.---------E------    237
A_7924A1        ---------------Y---S.I-----------------------------------------------------------------------V-----VA----.---------E------    201
A_60415K1       S----------E-------H.V------I-----------------------------------------------------------------E--V-----.---------E------    201
A_FA1           -----------S--------TG----V---------------I-D-------------------------L-------------------------------.---------D------    202
CONSENSUS-B     A--?-------..r-Y----.vA---v-l-----------------------------------------------e--------------------Q---s-.---------d------    229
B_D205          A-NK-------..--Y----.LA---V-L-----------------------------------------------E--------------------Q---S-.--M------D------    232
B_UC1           A----------..--Y----.IA---V-M-----------------------------------------------------------------------Q-----.---------D------    232
B_EHOA          AM-K-SK-T-R..LAY----.IA---S-L-----------------------------------------------E--------------------Q---S-.--M------E------    232
B_60667K1       A-------S--..--Y----.IA---S-L--------------------EN-----------------------------IE-----------E--Q---S-.--M------E------    196
B_JA1           A----------..R-Y----.VA---V-L-----------------------------------------------E--------------------Q---V-.---------D------    196
B_ONFT4         A--KS-------..R-Y----.VA---V---------------I-------------------------------E--------------------Q-----.---------D------    196
B_7810A1        A--K-------..R-Y----.VA---V-L---------------D-----------------------------E--------------------Q---S-.---------D------    196
B_ONFT1         A----------..R-Y----.VA---V---------------I-------------------------------E--------------------Q-----.---------D------    196
CONSENSUS-C     A-------S--GR--Y----.VA---V-H-----------------------------T----------L--------------------------EH--V-.---------D------    201
C_22381         A-------S--GR--Y----.VA---V-H-----------------------------T----------L--------------------------EH--V-.---------D------    201
CONSENSUS-D     S---------DR-R-Y----.V----V-L---------------D-------------------------------E-------------D------Q---Q-.---------D------    201
D_FO784         S---------DR-R-Y----.V----V-L---------------D-------------------------------E-------------D------Q---Q-.---------D------    201
CONSENSUS-SD    a----------r---Y----.i----v-L-------------i-------------------------------e--------------------L---Q-.--q-?----E-?----    235
SD_MM251        K-------S--R---Y----.I----V-L-------------I-----------------------------------------D----------L---Q-.A-QQ.----E-S----    236
SD_MM32H        K-------S--R---Y----.I----V-L-------------I-----------------------------------------D----------L---Q-.A-QQ.----E-S----    236
SD_MM1A11       K-------S--R---Y----.I----V-L-------------I-----------------------------------------D----------L---Q-.A-QQ.----E-S----    236
SD_MM239        K-------S--R---Y----.I----V-L-------------I-----------------------------------------D----------L---Q-.A-QQ.----E-S----    236
SD_MM142        K-------F--R---Y----.I------L-------------I----------S---------L----------------------D----------L---QQ.A-QQ.----E-S----    236
SD_MNE          K-------S--R---Y----.V------L-------------I-------------------------------E--------------------L---QQ.A-QQ.----E-S----    236
SD_SIVrcm       KEKGA------QR--Y-IIT.INQQPE-N-I----------V------S---A-M-S------I---------AI-E--G-L--VK-V----------R--V-.--I------E-T----    210
SD_SIVsmFr66    E----------AR--Y----.V----V-L----------------------                                                                    152
SD_SIVsmFr74    E------L---IR--Y----.V----V-L----------------------                                                                    152
SD_SIVsmFr85    E----------MR--Y----.V----V-L----------------------                                                                    152
SD_SMMH4        A----------R---Y----.V----V-L-----------------------------------------------------E--------------------L---Q-.---------E------    237
SD_SMMH9        A----------R---Y----.V------L-------------------------------------x----------E--------------------L--xQ-.--I------E-x----    237
SD_SMMPBJ14.441 A--------------Y----.I------L-------------I-------------------------------E--------------------L---Q-.--I-P----E------    237
SD_SMMPBJ14.15  A--------------Y----.I------L-------------I-------------------------------E--------------------L---Q-.--I-P----E------    237
SD_SMMPBJ6.6    A--------------Y----.I------L-------------I-------------------------------E--------------------L---Q-.--I-P----E------    237
SD_SMSL92A      A-----------R--Y----.V----V-L-----------------------------------------------E--------------------L---Q-.---------E------    201
SD_SMSL92F      A-----------RE-Y----.V----V-L----------A----------------------------------E--------------------L---Q-.---------E--E---    198
CONSENSUS-AE    PQ---------G---Y----.I-N--V-S-----------------------------------------------E--------------------V---R..-QP--QG--D-S----    201
AE_PA1          PQ---------G---Y----.I-N--V-S-----------------------------------------------E--------------------V---R..-QP--QG--D-S----    201
CONSENSUS-STM   A----------R---Y----.V----V-L------------------------?----------------?-----E--------?-----------?---Q-?---------E-S----    231
STM_STM         A----------R---Y----.V----V-L-----------------------------------------------L-----E--------K-----------M---Q-P---------E-S----    238
STM_STM22579    A----------R---Y----.V----V-L------------------------S---------------------E--------------------V---Q-.---------E-S----    237
CONSENSUS-AB    TADK-A-TS--..R-Y----.VA---V-----------------------------------------------E------V-------------Q---V-.---------D------    196
AB_7312A1       TADK-A-TS--..R-Y----.VA---V-----------------------------------------------E------V-------------Q---V-.---------D------    196
```

Amino Acids

Amino Acids

```
CONSENSUS-A     AGTTSTVeEQIqWMfR?qNPvPVGnIYRRWiQIGLQKCVRmYNPTNiLD?kQGPKEpFQSYVDRFYKSLRAEQtDpAVKNWMTQTLLvQnaNPDCKLVLKGLGmNPTLEEMLTaCQGvGG    352
A_ROD           ----------------P--------------------------------I--------------------------------------------------------------------    357
A_NIHZ          ----------------P--------------------------------IN-------------------------------------I-------------------------T------    355
A_ISY           -----------E--Y-QE-----------------------------I------S------------------A-------------.S--------------------------I--    356
A_ST            ----------------P-------S------------------------I-------------------------------------------------------I----------------    357
A_UC2           -------D------Y-Q-----------------------------V--V------S----------------A-------------------------------------------    357
A_BEN           -------D------Y-P-----------------------K--------I-----------------------------------I-------------------------------    357
A_CAM2          ----------------A-------------------------------I------S-------------------------------------------------------------    357
A_D194          -------D------Y-QP----------------------------V------S-----------------------------I-------------------------------    357
A_GH1           --------------Y-P-------------------------------V-------------------------------------I-------------------------------    358
A_MDS           -------D--------A-------------------------------V-------------------------A-----------I-------------------------------    357
A_KR            ----------------A---I---------------------------V-------------------------------------------------------------------I--    357
A_7924A1        ----------------A-------------------------------V------S---                                                                261
A_60415K1       -------D--------P-------------------------------I----------                                                                261
A_FA1           -------D------Y-A---I---------V---------------V--V------S---                                                                262
CONSENSUS-B     --------------y-a---------------?----------------i-------------------------------------I-----------------------------I--    348
B_D205          --------------Y-A---------------L----------------I-------------------------------------I-----------------------------I--    352
B_UC1           --------------Y-A-------------------------------I-------------------------------------I-----------------------------I--    352
B_EHOA          --------------Y-P---------------L----------------I-------------------------------------I-----------------------------I--    352
B_60667K1       --------------C-A-------------------------------I---------N                                                                256
B_JA1           ---------E----Y-A---------------L----------------I-E--------                                                                256
B_ONFT4         --------------Y-QP------------------------------V----------                                                                256
B_7810A1        --------------Y-A---I-----------L----------------I----------                                                                256
B_ONFT1         --------------Y-QP-------------------------S-----V----------                                                                256
CONSENSUS-C     --------------Y-A---------------L----------------V----------                                                                261
C_22381         --------------Y-A---------------L----------------V----------                                                                261
CONSENSUS-D     --------------Y-Q---I-----------L----------------I------T---                                                                261
D_FO784         --------------Y-Q---I-----------L----------------I------T---                                                                261
CONSENSUS-SD    -------d------y-q---i-----------l----------------v-------------------------------------I---------------?----------------    354
SD_MM251        -----S-D------Y-Q---I-----------L----------------V-------------------------A-----------I---------------V----------------    356
SD_MM32H        -----S-D------Y-Q---I-----------L----------------V-------------------------A-----------I---------------V----------------    356
SD_MM1A11       -----S-D------Y-Q---I-----------L----------------V-------------------------A-----------I---------------V----------------    356
SD_MM239        -----S-D------Y-Q---I-----------L----------------V-------------------------A-----------I---------------V----------------    356
SD_MM142        --------------Y-Q---I-----------L----------------V-------------------------------------I---------------T----------------    356
SD_MNE          -------D------Y-Q---I-----------L------------S---V-------------------------------------I-------------------------------    356
SD_SIVrcm       -----SIA---A-TT-AN--IN---L--N--IV----W-K----V----I------S-KD-------A-----A----------S--I--------M---------S-                318
SD_SMMH4        -------D------Y-Q---I-----------L----------------V-------------------------------------I-------------------------------    357
SD_SMMH9        ------xD------x-Q---I------x----L----------------V------S--------------------x---------I--------------xI--------------x-    357
SD_SMMPBJ14.441 -------D------Y-Q---I-----------L----------------V-------------------------------------I---------------I----------------    357
SD_SMMPBJ14.15  -------D------Y-Q---I-----------L----------------V------------------S------------------I---------------I----------------    357
SD_SMMPBJ6.6    -------D------Y-Q---I-----------L----------------V------------------S----------S-------I---------------I----------------    357
SD_SMSL92A      --------GR----Y-AA--I-----------L-----------V----I------------------------x                                                276
SD_SMSL92F      -------D------Y-AA------I--------S-----K----V----I-----------------G------x                                                273
CONSENSUS-AE    ------PA---E--Y-NP--I---D-------L----------------V------S---                                                                261
AE_PA1          ------PA---E--Y-NP--I---D-------L----------------V------S---                                                                261
CONSENSUS-STM   -----??-------?-Q---I-----------L-----------V-----------?----------------A--?------?-?-I-------------------------------    343
STM_STM         -----SP-------Y-Q---I-----------L-----------V----V------T----------------A--S------R---I-------------------------------    358
STM_STM22579    --------------H-Q---I-----------L-----------V----I-------------------------A-----------P-I-------------------------------    357
CONSENSUS-AB    --------------Y-G-S-I-----------L----------------V----------                                                                256
AB_7312A1       --------------Y-G-S-I-----------L----------------V----------                                                                256
```

```
            P24 Capsid \/   X peptide    / P9 NC                                                                P9 NC \/ P6
CONSENSUS-A     PgQKARLMAEALKEam?PaPIPFAAAQQ....rrtikcWNCGKeGHSArQcrAPRRQGCWKCGK?GHiManCPdRQAGFLG?GpwGKkpRNFPvaq?pqGL..................t    446
A_ROD           --------------VIG-----------....-KAF----------------------------P----T-----------L--------------V----------------------    455
A_NIHZ          --------------V-A-----------....-K-F--------------WS------------S--V-------------I-H----A----A--V----------------------    453
A_ISY           ----------------R-----------....K-A----------------------------S----------------L------------VPSS----------------------    454
A_ST            ----------------A-----------....-------------------------------A-----K--E-------L--------------I----------------------    455
A_UC2           ---------------LT-P---------....----R----------K---------------P----------------M-SR-----------A----------------------I    455
A_BEN           ----------------G-S---------....-KA-RY-------------------------P--------E-------L--R---------T-A----------------------I    455
A_CAM2          ----------------G-P---------....-------------------------------P----T-----------I--------------V----------------------    455
A_D194          -S--------------LT-----------....--A-R----------K---------------S--------E-------M--R--Q-----A--A----------------------I    455
A_GH1           ----------------LT-P---------....-KV-R--------------------------T--V--K--E-------M--------------A-P--------------------I    456
A_MDS           ----------------T-----------....-------------------------------T-----K----------I--------------V----------------------    455
A_KR            ---------------LA-----------....-----------D-------------------S--V-----E-------I------------TRV----------------------    455
CONSENSUS-B     ---------------LT-----------kAGK-g-VT------?--T-----------------q----SK--E-------l-----------mt-v---vtPSAPPMnPAeGMTPrGA-    467
B_D205          ---------------LT--------V--KAGK-G-VT------Q--T-----------------T----SK--E-------L-----------MT-V---VTPSAPPMNPAEGMTPRGA-    472
B_UC1           ---------------LT-----------KAGK-G-VT------V--T-K---------------Q----SK--E-------L-----------MT-V---VTPSAPPMDPAEGMTPRGA-    472
B_EHOA          ---------------LT-STN------PRAGK-.-VT------A--T----K-----------QQ----SK--E-------F------------.-A---IVPSAPPMNPAFGMTPQGAI    470
CONSENSUS-SD    ---------------La-g-l-------kGp.-Kp-----------------------------m--V--K--?-------l-----------M--mh----------------------    454
SD_MM251        ---------------LA-V--------KRGP.-KP-----------------------------MD-V--K----------L-----------M--VH----------------------    457
SD_MM32H        ---------------LA-V---------RGP.-KP-----------------------------MD-V--K----------L-----------M--VH----------------------    457
SD_MM1A11       ---------------LA-V---------RGP.-KP-----------------------------MD-V--K----------L-----------M--VH----------------------    457
SD_MM239        ---------------LA-V---------RGP.-KP-----------------------------MD-V--K----------L-----------M--VH----------------------M    457
SD_MM142        ---------------LA-----------KGP.-KP-----------------------------MD-V--K--N-------L-----------M--VH----------------------    457
SD_MNE          ---------------LA-G-L-------KGP.-KP----------------T----------QM--V--K----------F-----------M--MH----------------------    457
SD_SMMH4        ---------------LR-DQL----V--KGQ.-K--------------K---------------T--V--K--E-------L-----------M--M----------------------I    458
SD_SMMH9        ----x--------D-LTQG-L--x-V--KGQ.xKI-x-x--x--------F-----x-------A--V--K--E-------L-----------M--M----------------------    458
SD_SMMPBJ14.441 -------------D-LTQG-L----V--KGQ.-KI-----------------------------A--V--K--E-------L-----------M--M----------------------    458
SD_SMMPBJ14.15  -------------D-LTQG-L----V--KGQ.-KI-----------------------------A--V--K--E-------L-----------M--M----------------------    458
SD_SMMPBJ6.6    -------------D-LTQG-L----V--KGQ.-KI-----------------------------A--V--K--E-------L-----------M--M----------------------    458
CONSENSUS-STM   --------------?FQ-?-L-------QG..---V-------?--T-K--K?----------?---Q--K--E--V----F-------?---M--I----??????...........??    435
STM_STM         --------------VFQ-D-L-------QG..---V-------A--T-K--KG----------QQ--Q--K--E--V----F-------H---M--I----------------------    458
STM_STM22579    ---------------FQ-G-L-------QG..---V----------T-K--K-----------P--Q--K--E--V----F-----------M--I----TPTAPP...........EM    464

                                                                                                   P6 \
CONSENSUS-A     PTAPP?DPavdLLEkYmQQGrkQrE....QreRPYKEVTEDlLhlEggetP?re??TEDLLHLNSLFGkDQ$                                                509
A_ROD           -----V--------------KR---....----------------------Y--PP---------------                                                522
A_NIHZ          -----L--------------KR---....--------------RF--A---C--.T---------------                                                519
A_ISY           -----M-------------------....--Q------------------H--.T------------N--                                                520
A_ST            -----I--VE----------KR---....------------F-Q--KQ---C--.T---------------                                                521
A_UC2           -----A---A------L--------....---------------------R--.A----------------                                                521
A_BEN           -----A---AE---R----------....------------------R---H--.E---------------                                                521
A_CAM2          -----L--------------KR---....--Q----------------A-C--.T---------------                                                521
A_D194          -----I-------------------....--------------------H-G.A---------------                                                521
A_GH1           -----A--------R------E---....-------------------KA-H--.A---------------                                                522
A_MDS           -----A-------------------....------------------K--CK--.T------------T---                                                521
A_KR            -----A---A------L------K-....-KM------------------HK-.A----------------                                                521
CONSENSUS-B     -S---A----EM-Ks---m--q---....s--------------------------------E---                                                516
B_D205          -S---A----EM-KS---M--Q---....S--------------------------------E--                                                521
B_UC1           -S---A----EM-KS--KM--Q---....S--------------------------------E--                                                521
B_EHOA          -S---A---EEM-KN---L-K--K-....N--------------------------------E---                                                519
CONSENSUS-SD    -----E-------KN--?l-kq---????s--k----------------------------e---                                                502
SD_MM251        -----E-------KN---L-KQ---....S--K----------------------------G--                                                506
SD_MM32H        -----E-------KN---L-KQ---KQRES--K----------------------------G--                                                510
SD_MM1A11       -----E-------KN---L-KQ---KQRES--K----M-----------------------G--                                                510
SD_MM239        -----E-------KN---L-KQ---KQRES--K----------------------------G--                                                510
SD_MM142        -----EE------KN--HL-KQ---....S-GK----------------------------G--                                                506
SD_MNE          -----E-------KN---L-KQ---....SKRK----------------------------E--                                                506
SD_SMMH4        -----E-------KN--KM-------...N--------------------------------E--                                                507
SD_SMMH9        ---x-E-------KN--KV--R---....N--------------------------------E--                                                507
SD_SMMPBJ14.441 -----E-------KN--KM--R---....N--------------------------------E---                                                507
SD_SMMPBJ14.15  -----E-------KN--KM--R---....N--------------------------------E---                                                507
SD_SMMPBJ6.6    -----E-------KN--KM--R---....N--------------------------------E---                                                507
CONSENSUS-STM   ---------A---RS---L-K---....S-KT----------------------?-------E--                                                482
STM_STM         -----E---A---RS---L-K----....S-KT----------------------------E--                                                507
STM_STM22579    -----V---A---RS---L-K----....S-KT----------------------V-------                                                510
```

Amino Acids