

V

HIV-2/SIVsmm proteins

Introduction	641
Table of HIV-2/SIVsmm protein alignments	642
Gag	644
Pol	649
Vif	658
Vpx	660
Vpr	661
Tat	662
Rev	663
Env	664
Nef	672

Construction of the HIV-2/SIV Amino Acid Alignments**Classification of the sequences**

Classification of HIV-2 is straightforward in the sense that the subtype classification of this virus is more or less standardized. SIVs derived from sooty mangabey (SIV-smm), macaques (SIV-mac) and HIV-2s intermingle in phylogenetic trees, however, due to multiple cross-species transmissions (1,2) which complicates the story. Classification of the other SIVs is even more complicated. As the tree in section HIV-1/HIV-2/SIV of this compendium shows, SIVcpzs are the most related to HIV-1, so they are included in HIV-1 alignments. The sequences from four subspecies of African Green Monkey, (SIVagm) are included in one alignment due to their distinctive clustering. Included with the SIVagms are representatives of some of the very diverse SIVs, SIVl'hoest, SIVsun, and SIVsykes. The HIV-2/SIVsmm/SIVmac are also included as a separate alignment in this Compendium, as they form their own phylogenetic group.

References

1. Hahn, B., G. Shaw, K. De Cock, P. Sharp, 2000. AIDS as a zoonosis: scientific and public health implications. *Science* **287**:607–614.
2. Chen, Z., P. Telfier, A. Gettie, P. Reed, L. Zhang, D. D. Ho, and P. A. Marx, 1996. Genetic characterization of new West African simian immunodeficiency virus SIVsm: geographic clustering of household-derived SIV strains with human immunodeficiency virus type 2 subtypes and genetically diverse viruses from a single feral sooty mangabey troop. *J Virol* **70**:3617–27.

Name	Accession	Region	Author	Reference
H2A.-CBL21	U05350	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (Pt 2):333–45 (1995)
H2A.-CBL22	U05351	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (Pt 2):333–45 (1995)
H2A.-CBL23	U05352	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (Pt 2):333–45 (1995)
H2A.-HIV2JAU1	L28935	VIF	Jacinto, A	Unpublished (1994)
H2A.CI.UC2	U38293	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPX	Barnett, SW	<i>Virology</i> 222 (1):257–261 (1996)
H2A.DE.BEN	M30502	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kirchhoff, F	<i>Virology</i> 177 (1):305–311 (1990)
H2A.DE.PE12	U22047	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Talbott, R	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 90 (9):4226–4230 (1993)
H2A.FR.96151	AF170034	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2A.FR.96199	AF170043	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2A.FR.96201	AF170035	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2A.FR.96202	AF170040	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2A.FR.96205	AF170031	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2A.FR.96323	AF170032	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2A.FR.96329	AF170045	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2A.GH.GH1	M30895	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Hasegawa, A	<i>ARHR</i> 5 :593–604 (1989)
H2A.GM.CBL24	U05353	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (Pt 2):333–45 (1995)
H2A.GM.D194	J04542	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kuehnel, H	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2383–2387 (1989)
H2A.GM.ISY	J04498	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Franchini, G	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2433–2437 (1989)
H2A.GW.ALI	AF082339	GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Azevedo-Pereira, JM	Unpublished (1998)
H2A.GW.CAM1	U05359	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (Pt 2):333–45 (1995)
H2A.GW.CAM2CG	D00835	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Tristem, M	<i>J Gen Virol</i> 72 :721–724 (1991)
H2A.GW.CAM3	U05355	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (Pt 2):333–45 (1995)
H2A.GW.CAM4	U05356	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (Pt 2):333–45 (1995)
H2A.GW.CAM5	U05357	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (Pt 2):333–45 (1995)
H2A.GW.CAM6	U05358	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (Pt 2):333–45 (1995)
H2A.GW.FG	J03654	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Zagury, JF	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 85 (16):5941–5945 (1988)
H2A.GW.HIV-2ALI	L25445	ENV	Costa Taveira, N	<i>ARHR</i> 10 :223–224 (1994)
H2A.GW.MDS	Z48731	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Becker, M	Unpublished (1995)
H2A.SN.A1871	U81840	VPR	Stivahtis, GL	<i>J Virol</i> 71 (6):4331–4338 (1997)
H2A.SN.A2057	U81842	VPR	Stivahtis, GL	<i>J Virol</i> 71 (6):4331–4338 (1997)
H2A.SN.A2057	U81849	VPX	Stivahtis, GL	<i>J Virol</i> 71 (6):4331–4338 (1997)
H2A.SN.A640	U81838	VPR	Stivahtis, GL	<i>J Virol</i> 71 (6):4331–4338 (1997)
H2A.SN.A640	U81845	VPX	Stivahtis, GL	<i>J Virol</i> 71 (6):4331–4338 (1997)
H2A.SN.H2A7924A	U81836	VPR	Stivahtis, GL	<i>J Virol</i> 71 (6):4331–4338 (1997)
H2A.SN.HIV2ST	M31113	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kumar, P	<i>J Virol</i> 64 (2):890–901 (1990)
H2A.SN.ROD	M15390	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Clavel, F	<i>Nature</i> 324 (6098):691–695 (1986)
H2B.-GH-2	D10458	ENV	Kawamura, M	<i>Virology</i> 188 :850–853 (1992)
H2B.CI.EHO	U27200	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Rey-Cuille, MA	<i>Virology</i> 202 (1):471–476 (1994)
H2B.CI.UC1	L07625	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Castro, BA	<i>Virology</i> 178 (2):527–534 (1990)
H2B.FR.96200	AF170057	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2B.FR.96307	AF170059	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2B.FR.96339	AF170053	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)

H2B.FR.97227	AF170052	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2B.FR.97244	AF170056	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2B.FR.97378	AF170055	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2B.GH.D205	X61240	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kreutz, R	<i>ARHR</i> 8 (9):1619–1629 (1992)
H2C.LR.22381G	L33077	GAG	Gao, F	<i>J Virol</i> 68 :7433–7447 (1994)
H2C.LR.2238POLB7	M87138	POL	Gao, F	<i>Nature</i> 358 , 495–499 (1992)
H2C.LR.HIV2238E	M87118	ENV	Gao, F	<i>Nature</i> 358 , 495–499 (1992)
H2D.LR.FO784	L33083	GAG	Gao, F	<i>J Virol</i> 68 :7433–7447 (1994)
H2D.LR.FO784	M87069	ENV	Gao, F	<i>Nature</i> 358 :495–499 (1992)
H2D.LR.FO784	M87115	NEF	Gao, F	<i>Nature</i> 358 :495–499 (1992)
H2D.LR.FO784PA	M87110	POL	Gao, F	<i>Nature</i> 358 :495–499 (1992)
H2D.LR.FORTC2	M87111	POL	Gao, F	<i>Nature</i> 358 :495–499 (1992)
H2E.SL.PA	L33087	GAG	Gao, F	<i>J Virol</i> 68 :7433–7447 (1994)
H2E.SL.PA	L33093	POL	Gao, F	<i>J Virol</i> 68 :7433–7447 (1994)
H2G.CI.ABT96	AF208027	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Brennan, CA	<i>ARHR</i> 13 (5):401–404 (1997)
MAC.-MM132ZL	L22809	ENV	Kodama, T	<i>J Virol</i> 67 :6522–6534 (1993)
MAC.US.MM142	M16403	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Chakrabarti, L	<i>Nature</i> 328 (6130):543–547 (1987)
MAC.US.MM239	M33262	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kestler, H	<i>Science</i> 248 :1109–1112 (1990)
MAC.US.MM251	M19499	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Franchini, G	<i>Nature</i> 328 (6130):539–543 (1987)
MNE.-MNE170	AF361745	POL	Diamond, TL	Unpublished
MNE.-SIU06277	U06277	ENV	Chackerian, B	<i>J Virol</i> 68 (6):4080–4085 (1994)
MNE.-SIU06352	U06352	ENV	Chackerian, B	<i>J Virol</i> 68 (6):4080–4085 (1994)
MNE.-SIU06377	U06377	ENV	Chackerian, B	<i>J Virol</i> 68 (6):4080–4085 (1994)
MNE.US.MNE	M32741	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Benveniste, RE	Unpublished (1990)
SMM.-ENVV25	X86727	NEF	Whatmore, AM	<i>J Virol</i> 69 (8):5117–5123 (1995)
SMM.-NEFW61	X90853	NEF	Whatmore, AM	<i>J Virol</i> 69 (8):5117–23 (1995)
SMM.-P209C15	L20009	ENV	Hynes, NA	<i>ARHR</i> 9 :803–806 (1993)
SMM.-SMP209	L20008	ENV	Hynes, NA	<i>ARHR</i> 9 :803–806 (1993)
SMM.LR.SMMLIB1	M62651	POL	Marx, PA	<i>J Virol</i> 65 :4480–4485 (1991)
SMM.SL.SIU17646	U17646	GAG	Chen, Z	<i>J Med Primatol</i> 24 (3):108–115 (1995)
SMM.SL.SIVsmSL92f	U48815	GAG	Chen, Z	<i>J Virol</i> 70 (6):3617–3627 (1996)
SMM.SL.SMMMSL92B	AF334679	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Chen, Z	<i>J Virol</i> 70 (6):3617–3627 (1996)
SMM.US.MM32H	D01065	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Rud, EW	<i>J Gen Virol</i> 75 (Pt 3):529–543 (1994)
SMM.US.SIU04982	U04982	NEF	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 68 :2649–2661 (1994)
SMM.US.SIVSMMB670	M90048	ENV NEF	Mullins, JI	Unpublished (1992)
SMM.US.SIVSMMH9	M80194	GAG NEF VPR	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 66 :414–419 (1992)
SMM.US.SMM17EC1	AY033233	ENV	Anderson, MG	<i>Virology</i> 195 (2):616–626 (1993)
SMM.US.SMMF236	X14307	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Hirsch, VM	Unpublished
SMM.US.SMMM7	M27256	POL	Li, Y	Unpublished (1989)
SMM.US.SMMPBJ14-15	L03295	ENV NEF POL VIF VPR VPX	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 :636–640 (1990)
SMM.US.SMMPBJA	M31325	GAG REV TAT	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 :636–640 (1990)
STM.US.STM	M83293	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Novembre, FJ	<i>Virology</i> 186 (2):783–787 (1992)
STM.US.STMAK2	X60667	GAG	Khan, AS	<i>J Virol</i> 65 (12):7061–7065 (1991)

Gag p17 Matrix \ p24 Capsid		GRGGNYPVQQ	IIGNYVHLPLSPRTLNAAVKLIEEKRFGAEVVPGFQALSEGCTPYDINQMLNCVGDIQAAQIIRDLINNEAADWDLQHFQP	AP	.OOGQLEPSPGSAGTSSYDEQIQIOWMYRQQN
MAC	US .MM239	-k---f--? -t-v-	v-----v-----v-----v-----	-E-----E-----E-----E-----	a-----a-----a-----a-----
CONSENSUS_H2A		-K---F---? -A-----A-----A-----A-----	v-----v-----v-----v-----	-?-----?-----?-----?-----	-T-e-----T-----T-----T-----
H2A .CL .UC2		-KR-----A-----A-----A-----	v-----v-----v-----v-----	-S-----S-----S-----S-----	-f-p-----p-----p-----p-----
H2A .DE .BEN		-H2A .DE .PE12	-A-----S-V-----V-----V-----	-I-----I-----I-----I-----	-A-----A-----A-----A-----
H2A .DE .GH1		-H2A .SN .D194	-A-----I-V-----V-----V-----	-G-----G-----G-----G-----	-D-R-----D-R-----D-R-----D-R-----
H2A .GM .ISY		-H2A .GW .ALI	-K-----F-----V-----V-----	-I-----I-----I-----I-----	-A-----A-----A-----A-----
H2A .GW .ALI		-EQ-----F-----VA-----V-----	-D-----D-----D-----D-----	-G-----G-----G-----G-----	-V-----V-----V-----V-----
H2A .GW .CAM2CG		-H2A .GW .FG	-S-----T-V-----T-V-----T-V-----	-I-----I-----I-----I-----	-VA-----VA-----VA-----VA-----
H2A .GW .MDS		-H2A .SN .HIV2ST	-K-----F-----VA-----T-V-----T-V-----	-G-----G-----G-----G-----	-I-----I-----I-----I-----
H2A .SN .ROD		-EK-----H .V-----T-I-----V-----	-V-----V-----V-----V-----	-I-----I-----I-----I-----	-R-----R-----R-----R-----
H2B .CL .EHO		R . LA-----A-----S-----V-----	v-----v-----v-----v-----	-E-----E-----E-----E-----	-Q-----Q-----Q-----Q-----
H2B .CL .UCL		-H2B .SH .D205	-A-----M-----V-----V-----	-I-----I-----I-----I-----	-G-----G-----G-----G-----
H2C .LR .22381G		-GR-----VA-----H-----V-----	-H-----T-----T-----T-----	-I-----I-----I-----I-----	-D-R-----D-R-----D-R-----D-R-----
H2D .LR .FO784		D-R-----V-----V-----D-----	v-----v-----v-----v-----	-E-----E-----E-----E-----	-Q-----Q-----Q-----Q-----
H2E .SL .PA		-G-----N-----S-----V-----	v-----v-----v-----v-----	-E-----E-----E-----E-----	-R-----R-----R-----R-----
H2G .CL .AB796		-H2G .CL .AB796	.V-----V-----V-----V-----	-E-----E-----E-----E-----	-Q-----Q-----Q-----Q-----
MAC	US .MM142	MAC	.T-----T-----T-----T-----	-L-----L-----L-----L-----	-T-----T-----T-----T-----
MNE	US .MNE	CONSENSUS_SMM	.V-----T-----T-----T-----	-S-----S-----S-----S-----	-Q-----Q-----Q-----Q-----
SMM	SL .SLT17646	? -----V-----V-----V-----	-E-----E-----E-----E-----	-E-----E-----E-----E-----	-T-----T-----T-----T-----
SMM	SL .SIVsmsSH92f	-KR-----V-----V-----V-----	-E-----E-----E-----E-----	-E-----E-----E-----E-----	-T-----T-----T-----T-----
SMM	SL .SMMNSL92B	-	-A-----A-----A-----A-----	-R-----R-----R-----R-----	-AA-----AA-----AA-----AA-----
SMM	US .MM3 H	-SMM .US .MM3 H	.V-----N-----T-----V-----	-E-----E-----E-----E-----	-G-----G-----G-----G-----
SMM	US .SIVSMM9	-SMM .US .SMMF236	.V-----T-----V-----V-----	-X-----X-----X-----X-----	-IPS-----IPS-----IPS-----IPS-----
SMM	US .SMMF236	-K-----T-----V-----V-----	-E-----E-----E-----E-----	-G-----G-----G-----G-----	-A-----A-----A-----A-----
STM	US .SMMPBta	STM	.V-----T-----V-----V-----	-E-----E-----E-----E-----	-R-----R-----R-----R-----
STM	US .STMAK2	STM	.V-----V-----V-----V-----	-V-----V-----V-----V-----	-T-----T-----T-----T-----
STM	US .STM		.V-----V-----V-----V-----	-KE-----KE-----KE-----KE-----	-H-----H-----H-----H-----

HIV-2/SIVsmm proteins

646

HIV-2/SIVsmm protein alignment: GAG

	Gag p24 Capsid		\	x peptide	/	p9	NC
MAC . US . MM239	PIPVGNNTYRRWIIQLGLQRQCRVRYMNPNTNLLDYKQGPKEPFQSYVDRFYKSLRAEQTDAAVKNWMTQTLIQLVNPTLMLTAQG7GGPQKARLMAEALKEA	P	V	-m-	-mt-a-	385	
CONSENSUS_H2A	-V-----I-----i-----S-----V-----	P-----	A-----P-----	-V-----	-T-----P-----	382	
H2A . CL . UC2	-V-----I-----i-----V-----	P-----	A-----P-----	-V-----	-T-----P-----	385	
H2A . DE . BEN	-V-----I-----i-----K-----I-----	P-----	P-----	-M-----	-MG-S-----	385	
H2A . DE . PEI12	-V-----I-----i-----P-----I-----	P-----	P-----	-M-----	I-----A-----	385	
H2A . GH . GH1	-V-----I-----i-----P-----I-----	P-----	P-----	-M-----	S-----T-P-----	386	
H2A . GM . DL194	-V-----I-----i-----S-----I-----	P-----	P-----	-M-----	S-----T-A-----	385	
H2A . GM . ISY	-V-----I-----i-----S-----I-----	P-----	P-----	-M-----	I-----MR-A-----	384	
H2A . GM . ALI	-V-----I-----i-----S-----I-----	P-----	P-----	-M-----	I-----MR-A-----	385	
H2A . GM . CAM2CG	-V-----I-----i-----S-----I-----	P-----	P-----	-V-----	-MT-A-----	385	
H2A . GW . FG	-V-----I-----i-----IN-----	P-----	P-----	-M-----	-M-----	385	
H2A . GW . MDS	-V-----I-----i-----P-----I-----	P-----	P-----	-M-----	-T-----P-----	383	
H2A . SN . HIV2ST	-V-----S-----I-----I-----I-----	P-----	P-----	-V-----	-VM-A-----	385	
H2A . SN . ROD	-V-----I-----I-----I-----I-----	P-----	P-----	-V-----	-MT-A-----	385	
H2B . CL . EHO	-V-----I-----I-----I-----I-----	P-----	P-----	-M-----	-M-----	385	
H2B . CL . UCL	-V-----I-----I-----I-----I-----	P-----	P-----	-I-----	-VIG-A-----	385	
H2B . GH . D205	-V-----I-----I-----I-----I-----	P-----	P-----	-M-----	-I-----	380	
H2C . LR . 22381G	-V-----I-----I-----I-----I-----	P-----	P-----	-M-----	-T-----P-----	380	
H2D . LR . F0784	-I-----I-----I-----I-----I-----	S-----	S-----	-M-----	-T-----A-----	380	
H2E . SL . PA	-D-----I-----I-----I-----I-----	S-----	S-----	-M-----	-V-----V-----	261	
H2G . CL . ABT96	-X-----X-----X-----X-----X-----	P-----	P-----	-X-----	-N-TAL-----	261	
MAC . US . MM142	-X-----X-----X-----X-----X-----	P-----	P-----	-T-----	-A-----A-----	386	
MAC . US . MM251	-S-----S-----S-----S-----S-----	P-----	P-----	-M-----	-G-L-----	385	
MNE . US . MNE	-S-----S-----S-----S-----S-----	P-----	P-----	?-----	d-t?1-----v-v-----	382	
CONSENSUS_SMM	-S-----S-----S-----S-----S-----	P-----	P-----	?-----	-d-t?1-----v-v-----	382	
SMM . SL . S1U17646	-V-----I-----i-----V-----I-----	X-----	X-----	-M-----	-M-----D-----	276	
SMM . SL . SIVsmmS192f	-V-----I-----i-----V-----I-----	X-----	X-----	-G-----	-M-----TGSLVAAQFRGAA	386	
SMM . SL . SMMNL92B	-V-----D-----V-----D-----V-----	P-----	P-----	-X-----	-D-----TQG-L-----X-V-----K	385	
SMM . US . MM3H	-X-----X-----X-----X-----X-----	S-----	P-X-----	-X-----	-R-DQL-----V-----K	386	
SMM . US . SIVSMME9	-X-----X-----X-----X-----X-----	S-----	P-----	-M-----	D-----TQG-L-----V-----K	386	
SMM . US . SMMF236	-V-----V-----V-----V-----V-----	P-----	P-----	-I-----	-FO-G-L-----Q-----Q	386	
STM . US . SMMPBta	-V-----V-----V-----V-----V-----	A-P-----A-P-----A-P-----A-P-----	R-----S-----S-----S-----S-----	-V-----	-VFO-G-L-----Q-----Q	387	
STM . US . STM	-M-----M-----M-----M-----M-----				-VFQ-D-L-----Q-----Q		

HIV-2/SIVsmm
proteins

MAC . US . MM239	CERMEKDQGLEEAPPINPNTPTFAIKKKDKNKRMLIDPRELNRTVTQDFTEVQLGIPHPAGLAKRKRITVLIDGDAYFSTPLDEBFRQYTAFTLPSVNAEDPGKRYTYKVLPOGWKGSPALFQYTMRHV	375
CONSENSUS_H2A	?E-----	357
H2A . CL . UC2	-E-----	370
H2A . DE . BEN	-E-----	370
H2A . DE . PE12	-RE-----	370
H2A . GH . GHL	-E-----	370
H2A . GW . DL94	-RE-----	388
H2A . GW . ISY	-RE-----	350
H2A . GW . ALI	-T-RE-----	347
H2A . GW . CDM2CG	-E-----	350
H2A . GW . FG	-E-----	350
H2A . GW . MDS	-RE-----	370
H2A . SN . HIV2ST	-RE-----	370
H2A . SN . ROD	-E-----	351
H2B . CI . EHO	-E-----	370
H2B . CI . UCL	-E-----	371
H2B . CI . D205	-E-----	0
H2C . LR . 223.8POLB7	-RE-----	0
H2D . LR . F0784PA	-RE-----	181
H2D . LR . FORTC2	. . . X-E---R----	126
H2E . SL . PA	-D---QE-----	330
H2G . CL . ABT96	-T-----	371
MAC . US . MM142	-----	167
MAC . US . MM251	-----	371
MNE . -MNE1.70	-----	371
MNE . US . MNE	-----	307
CONSENSUS_SMM	-----	0
SMM . LR . SMMLIBL	-----	352
SMM . SL . SMMSL92B	-E-----	375
SMM . US . MM32H	-R-----	334
SMM . US . SMMF2.36	-----	0
SMM . US . SMMMT7	-----	369
SMM . US . SMMPBII4.15	-----	356
STM . US . STM	-----	0

MAC..US..MM239	LEPFKIANPDVTLVQYMDLILASDRTDLEHDRVVLQSKEELANSIGFSTPEEKQFDPPQWMGLEYLWPTKWLQKIELPQRETWTNDIQQLVGLVNWAAQIYPGIKTKHLCLRLGRKMLTLEEVQWTE	505
CONSENSUS..H2A	I-i-----I-----K-----L-----gl-----d-----y-----q-----K-----v-----	487
H2A..CI..UC2	I-i-----I-----G-----K-----L-----gl-----d-----C-----l-----q-----K-----v-----	500
H2A..DE..BEN	I-i-----I-----G-----K-----L-----gl-----d-----C-----l-----q-----K-----v-----	500
H2A..DE..PEI2	I-i-----I-----T-----L-----gl-----d-----YK-----l-----q-----K-----v-----	500
H2A..GH..GHI	I-i-----I-----G-----K-----L-----gl-----d-----l-----q-----K-----v-----	500
H2A..GM..D194	I-i-----I-----G-----K-----L-----gl-----d-----l-----q-----K-----v-----	518
H2A..GM..ISY	I-i-----I-----K-----L-----gl-----d-----l-----q-----K-----v-----	480
H2A..GW..ALI	Q-i-i-----K-----L-----gl-----d-----YK-----l-----q-----K-----v-----	477
H2A..GW..CAM2CG	S-ii-----K-----L-----nl-----d-----YK-----l-----q-----K-----v-----	480
H2A..GW..FG	E-i-----K-----L-----gl-----d-----yr-----l-----q-----K-----v-----	480
H2A..GW..MDS	Q-ii-----L-----l-----d-----yr-----l-----q-----K-----v-----	500
H2A..SN..HIV2ST	H2A..SN..HIV2ST-----L-----gl-----d-----y-----r-----q-----K-----v-----	500
H2A..SN..ROD	K-iii-----L-----gl-----d-----yh-----o-----k-----i-----l-----rn-----	481
H2B..CI..EHO	D--n-ii-----v-----s-----l-----nm-----k-----r-----i-----k-----	500
H2B..CI..UC1	D--s-iii-----s-----s-----l-----dm-----k-----r-----i-----k-----	501
H2B..GH..D205	D--s-iii-----s-----s-----l-----dm-----k-----r-----i-----k-----	501
H2C..LR..223SPOLB7	H2C..LR..223SPOLB7-----l-----q-----ek-----v-----l-----f-----r-----i-----k-----	0
H2D..LR..F0784PA	S-----i-----k-----l-----dl-----l-----yh-----d-----k-----	311
H2D..LR..FORIC2	S-----l-----i-----l-----g-----n-----smt-----m-----v-----l-----dm-----nl-----d-----re-----lk-----l-----y-----k-----i-----v-----n-----k-----	256
H2E..SL..PA	D-----e-----xixi-----v-----o-----l-----rx-----d-----y-----x-----k-----n-----xe-----x-----	460
H2G..CI..ABT96	H2G..CI..ABT96-----l-----s-----l-----g-----v-----l-----g-----v-----l-----k-----	501
MAC..US..MM142	MAC..US..MM142-----l-----s-----l-----g-----v-----l-----g-----v-----l-----k-----	297
MAC..US..MM251	MNE..-..MNE170-----l-----s-----l-----g-----v-----l-----g-----v-----l-----k-----	501
MNE..-..MNE170	MNE..-..MNE170-----l-----s-----l-----g-----v-----l-----g-----v-----l-----k-----	435
CONSENSUS..SMM	SMM..LR..SMMUJBL-----l-----s-----l-----g-----v-----l-----g-----v-----l-----k-----	0
SMM..SL..SMMSL92B	SMM..SL..SMMSL92B-----l-----s-----l-----g-----n-----glit-----rm-----t-----ldm-----nl-----d-----n-----l-----l-----y-----k-----i-----ek-----r-----n-----km-----	482
SMM..US..MM32H	SMM..US..MM32H-----l-----s-----l-----g-----n-----glit-----rm-----t-----ldm-----nl-----d-----n-----l-----l-----g-----i-----l-----g-----	464
SMM..US..SMMWF236	SMM..US..SMMWF236-----l-----s-----l-----g-----n-----glit-----rm-----t-----ldm-----nl-----d-----n-----l-----l-----g-----i-----l-----g-----	0
SMM..US..SMMWB714..15	SMM..US..SMMWB714..15-----l-----s-----l-----g-----n-----glit-----rm-----t-----ldm-----nl-----d-----n-----l-----l-----g-----i-----l-----g-----	499
STM..US..STM	STM..US..STM-----l-----s-----l-----g-----n-----glit-----rm-----t-----ldm-----nl-----d-----n-----l-----l-----g-----i-----l-----g-----	486

MAC.US.MM239	Pol. p15 RNase H \ V	Pol. p31 Integrase	VLFLEK.TEPAQFEHDKYHSNVKELYVFKGLPRIVARQIVDTCDKCHQGEATHQANSDLGTWQMDCTHLEGKIIIVAHVASGFFEAEVIPQETGRQTAFLKLAGRWPITHLHTDNGANFASQEVK	894
CONSENSUS_H2A	-	-	e -SH -i -QL -N -aq -Q -v -AE	872
H2A . CL . UC2	-	-	e -E -I -TH -i -QL -N -AO -O -v -AE I -V -	889
H2A . DE . BEN	-	-	E -E -II -T -I -QL -N -AO -O -v -AE I -V -	889
H2A . DE . PEI2	-	-	E -E -II -T -I -QL -N -AO -O -v -AE I -V -	889
H2A . GH . GH1	-	-	E -E -M -N -TH -I -QL -N -AO -O -v -AE I -V -	889
H2A . GM . D194	-	-	E -E -I -TH -I -QL -N -AO -O -v -AE I -V -	907
H2A . GM . ISY	-	-	G -E -H -NL -N -AO -O -v -AE S -S -T -	869
H2A . GM . ALI	-	-	E -E -SH -NL -N -AO -O -v -AE S -S -T -	866
H2A . GM . CAM2CG	-	-	E -T -CH -DI -QL -N -AO Y -V -AE S -S -T -	868
H2A . GW . FG	-	-	E -E -I -SH -I -KL -N -AO O -V -AE S -S -T -	869
H2A . GW . MDS	-	-	E -E -SH -OL -N -AO O -V -AE S -S -T -	889
H2A . SN . HIV2ST	-	-	E -E -SH -KL -N -TO O -V -AE S -S -T -	889
H2A . SN . ROD	-	-	E -E -SH -I -NL -N -AO O -V -AE S -S -T -	870
H2B . CL . EHO	I	-	E -N -H -I -QL -NS -O -V -E -V -	889
H2B . CL . UCL	-	-	E -G -H -QL -K -NS -O -V -AE -V -	890
H2B . GH . D205	-	-	E -G -H -I -QL -K -NS -O -V -AE -V -	890
H2C . LR . 223.8POLB7	-	-	ERF -A -TH -I -NL -K -N -HV Q -V -A -	186
H2D . LR . F0784PA	-	-	D -E -I -KL -I -R -V -AE -V -	186
H2D . LR . FORTC2	-	-	D -E -I -KL -I -R -V -AE -V -	658
H2G . CL . ABT96	-	-	EFP -TH -I -QL -K -NSYSQ -O -V -AE -V -	849
MAC . US . MM142	-	-	S -I -L -K -V -V -	890
MAC . US . MM251	-	-	S -I -L -K -V -V -	890
MNE . US . MNE	-	-	L -K -V -	890
CONSENSUS_SMM	-	-	e -? -l -k -v -ae -	811
SMM . LR . SMMLIBU	-	-	E -I -Y -I -L -K -V -AE -	281
SMM . SJ . SMMSL9B	-	-	D -E -I -YQ -YNI -QL -K -NA -N -Q -T -AEV -	871
SMM . US . MM32H	-	-	S -K -X -E -R -L -K -Q -V -AE -	894
SMM . US . SMMF236	-	-	S -R -L -K -Q -R -V -TE -RT -I -	854
SMM . US . SMMMT7	-	-	S -L -K -V -AE -	282
SMM . US . SMMPBUT4.15	-	-	S -T -	888
STM . US . STM	-	-	E -I -L -K -V -AE -	875

MAC . US . MM239		/ Vpx CDS	214
CONSENSUS_H2A			
H2A . HIV2JAU1	-ny-q-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKYT-R-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	213
H2A . CI . UCEN	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKYT-R-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2A . DE . BEN	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKYT-R-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2A . DE . PEL2	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKYTAR-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2A . GH . GH1	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKYTAR-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2A . GM . D194	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKGAAAR-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2A . GM . ISY	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKGAAAR-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2A . GW . ALL1	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKGAAAR-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2A . GW . CAM2CG	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKGAAAR-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2A . GW . FG	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKGAAAR-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2A . GW . MDS	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKGAAAR-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2A . SN . HIV2ST	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKGAAAR-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2A . SN . ROD	-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-ny-k-s-f-v-v-	-?st-R-v-QN-p-RKGAAAR-v-W-v-r-D-sh-se-apr-y-v-e-	215
H2B . CI . EHO	-H-NV-S-TG-KI-H-NV-S-TG-KI-Y-NV-S-BG-KI-Y-NV-S-BG-	-R-QEGKDGR-QEGKDGR-QEGKDGR-QEGKDGR-QEGKDGR-	216
H2B . CI . UCL	-H-NV-S-BG-KI-Y-NV-S-BG-KI-Y-NV-S-BG-KI-Y-NV-S-BG-	-R-QEGKDGR-QEGKDGR-QEGKDGR-QEGKDGR-QEGKDGR-	216
H2B . GH . D205	-H-NV-S-BG-KI-Y-NV-S-BG-KI-Y-NV-S-BG-KI-Y-NV-S-BG-	-R-QEGKDGR-QEGKDGR-QEGKDGR-QEGKDGR-QEGKDGR-	216
H2G . CI . ABP96	-I--NY-T-R--F-Q--Q-KGKH.G-K--SX-R--R-G--I--RK--XR-Q-DSSQSF-Q--Y--	-I--NY-T-R--F-Q--Q-KGKH.G-K--SX-R--R-G--I--RK--XR-Q-DSSQSF-Q--Y--	215
MAC . US . MM142	R--H--H--R--H--R--H--R--H--R--H--R--H--R--H--R--H--R--	--S--V--E--D--S--V--E--D--S--V--E--D--S--V--E--D--	214
MAC . US . MM251	--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--	--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--	214
MNE . US . MNE		-R--Y--R--S--S--VD--	214
CONSENSUS_SMM			
SMM . SL . SMMWSL9B	?--k-k-n-v-y-GTAV-HSS-Q-L-K-R--R--T--T--H--	?n--?n--?n--?n--?n--?n--?n--?n--?n--?n--?n--?n--	202
SMM . US . MM32H	--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--	--R--R--R--R--R--R--R--R--R--R--R--R--R--R--R--R--R--	214
SMM . US . SMMF236	K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--	--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--	214
SMM . US . SMMPB14_15	K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--	--N--N--N--N--N--N--N--N--N--N--N--N--N--N--N--N--N--	214
STM . US . STM	K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--K--	--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--T--	214
		.EH--R--TAR--G--GSI--V--T--G--H--P--S--S--E--TD--	

HIV-2/SIVsmm proteins

660

HIV-2/SIVsmm protein alignment: VPX

	Vif CDS \	MSDPERIPLPPGNSGETIGEAFENRNLTRVEEINREAVNHLPRELIFQWRSNEYWWIDEQGMSPSYVRYCLIQKALFMHCKKGRCITGEGHAGGWRP. GPPPPPPPGLA
MAC . US . MM239	-?	-t-v-----d-----a-----d-----i-----f-----?-----t-----m-----m-i-f-----?-----t-----g-----p-----?-----v-----
CONSENSUS H2A	-T-----v-----d-----i-----l-----e-----i-----l-----e-----i-----a-----e-----m-----a-----d-----i-----l-----v-----	
H2A . CI . UC2	-T-----v-----d-----i-----l-----e-----i-----l-----e-----i-----a-----d-----i-----a-----d-----i-----l-----v-----	
H2A . DE . BEN	-T-----v-----d-----i-----l-----e-----i-----l-----e-----i-----a-----d-----i-----a-----d-----i-----l-----v-----	
H2A . DE . PEL2	-A-----k-t-v-----g-----v-----d-----i-----l-----e-----i-----a-----d-----i-----a-----d-----i-----l-----v-----	
H2A . GH . GH1	-T-----v-----d-----i-----l-----e-----i-----l-----e-----i-----a-----d-----i-----a-----d-----i-----l-----v-----	
H2A . GM . DI94	-A-----v-----d-----i-----l-----e-----i-----l-----e-----i-----a-----d-----i-----a-----d-----i-----l-----v-----	
H2A . GM . ISY	-TN-----t-----e-----d-----d-----a-----d-----d-----a-----d-----a-----d-----d-----a-----d-----v-----	
H2A . GM . SN . ALLI	-AN-----t-----v-----d-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----v-----	
H2A . GW . CAM2CG	-T-----t-----v-----d-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----v-----	
H2A . GW . FG	-T-----t-----v-----d-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----v-----	
H2A . GW . MDS	-A-----t-----v-----eq-----a-----d-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----v-----	
H2A . SN . A2057	-A-----t-----v-----eq-----a-----d-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----v-----	
H2A . SN . A640	-A-----t-----v-----eq-----a-----d-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----v-----	
H2A . SN . HIV2ST	-AG-----t-----v-----d-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----v-----	
H2A . SN . ROD	-T-----t-----v-----d-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----a-----d-----v-----	
H2B . CI . EHO	-.------v-----d-----d-----e-----i-----l-----v-----d-----v-----a-----e-----i-----l-----v-----d-----v-----	
H2B . CI . UC1	-.------v-----d-----d-----e-----i-----l-----v-----d-----v-----a-----e-----i-----l-----v-----d-----v-----	
H2B . GH . D205	-.------v-----d-----d-----v-----a-----e-----i-----l-----v-----d-----v-----a-----e-----i-----l-----v-----d-----v-----	
H2G . CI . ABT96	-.------x-----e-----d-----e-----x-----t-----i-----r-----e-----x-----t-----i-----r-----e-----x-----t-----i-----r-----	
MAC . US . MM142	MAC . US . MM251	-A-----t-----a-----t-----a-----t-----a-----t-----a-----t-----a-----t-----a-----t-----a-----t-----a-----t-----
MNE . US . MNE	CONSENSUS SMM	-
SMM . SL . SMMSL92B	-T-----a-----?-----t-----n-----a-----?-----t-----n-----a-----?-----t-----n-----a-----?-----t-----n-----	
SMM . US . MM32H	-	-AL-----QT-----O-----R-----C-----?-----V-----A-----VQ-----M-----M-----O-----FR-----T-----R-----?-----T-----
SMM . US . SMMF236	-	-V-----K-----A-----R-----M-----E-----T-----V-----E-----T-----V-----M-----V-----T-----
SMM . US . SMMPBUI4.15	STM . US . STM	-D-----D-----A-----R-----Y-----M-----V-----T-----M-----G-----E-----GE-----S-----R-----S-----R-----

HIV-2/SIVsmm
proteins

ISSUE FUNDING
ISSUE SPONSOR \$

H2A.GW.ALI
H2B.CI.EHO

MSNHEREEFLRPLRLHLLHQI.....NPYPTGPTANQERQRKRPRWRWQQLLALADRYFPPDPTDPLDLAQQLNLIAESTPDPNTNT.....PEA.....LCDPTEDSRSPQD
 -?erAD----9-qr-k-----R-----q-----S-----N-R-----q-----r-----?-----k-----l-----a-----s-----r-----h-----g-----T-----gesl-----dl-----
 -CEKAD-----ORE-----R-----YR-----G-----N-R-----R-----O-----LR-----A-----SS-----W-----H-----G-----T-----REL-----DL-----
 -ERAD-----G-----QK-----L-----Q-----S-----N-----R-----P-----Q-----LR-----V-----NLCAV-----S-----R-----H-----R-----T-----QEL-----
 -NGRAD-----G-----QRQ-----R-----Q-----S-----N-----R-----R-----N-----R-----R-----R-----R-----G-----T-----QEL-----L-----
 -HEKAD-----G-----QRQ-----R-----Q-----S-----N-----R-----Q-----S-----R-----R-----D-----R-----T-----HBL-----DL-----
 -RUDAD-----G-----QER-----R-----R-----H-----Q-----S-----N-----R-----Q-----LR-----V-----TKLHTI-----S-----R-----G-----T-----QEL-----
 -TERAD-----GV-----RK-----R-----Q-----L-----R-----N-----R-----E-----K-----T-----A-----P-----QT-----G-----T-----QEL-----
 -TERAD-----D-----QRK-----R-----P-----X-----Q-----N-----R-----Q-----G-----LV-----FT-----ASS-----R-----V-----H-----T-----QDL-----
 -TERAD-----G-----QRK-----R-----R-----Q-----S-----N-----R-----Q-----R-----T-----A-----P-----RT-----H-----E-----T-----QDL-----
 -TERAD-----G-----QRK-----R-----R-----Q-----S-----N-----R-----R-----Q-----R-----T-----A-----S-----R-----H-----T-----QDL-----
 -TERAD-----G-----QRK-----R-----R-----Q-----S-----N-----R-----R-----Q-----R-----T-----A-----S-----R-----H-----T-----QDL-----
 -NERAE-----G-----QRK-----R-----R-----Q-----S-----N-----R-----R-----Q-----R-----T-----A-----S-----EQ-----T-----QTV-----
 -NERAE-----G-----QRK-----R-----R-----Q-----S-----N-----R-----R-----Q-----R-----T-----A-----S-----EQ-----H-----G-----T-----QDL-----
 -NERAD-----G-----QRK-----R-----R-----Q-----S-----N-----R-----R-----Q-----R-----T-----A-----S-----EQ-----H-----G-----T-----QDL-----
 -NAR-----RD-----O-----G-----L-----SEGYTTD-----Q-----S-----N-----R-----KO-----GL-----T-----HPL-----S-----EG-----R-----I-----KDL-----N-----S-----
 -TTR-----RD-----Q-----G-----L-----Q-----S-----N-----R-----R-----K-----GL-----I-----R-----LS-----S-----EE-----V-----R-----E-----TV-----
 -TAR-----GD-----Q-----E-----L-----Q-----S-----N-----R-----K-----GL-----I-----H-----STA-----AEE-----N-----R-----T-----QDL-----QMVPR-----
 --L.E-----F-----S-----Q-----X-----ARE-----N-----R-----K-----RQ-----L-----I-----X-----ARE-----S-----T-----QDX-----S-----AV-----KN-----
 -RS-----TG-----R-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----S-----
 -MNE-----US-----MNE-----R-----R-----N-----R-----Q-----N-----R-----Q-----N-----V-----N-----V-----N-----V-----N-----V-----
 CONSENSUS_SMM-----SMM,SL,SNMSL2B-----S-----N-----R-----K-----R-----?-----?-----i-----?-----?-----2!-----sa-----?-----P-----
 CONSENSUS_SMM-----SMM,US,SM32H-----S-----N-----R-----K-----R-----A-----S-----N-----R-----K-----I-----IV-----A-----DI-----FDS-----S-----Q-----L-----E-----TV-----
 CONSENSUS_SMM-----SMM,US,SMMP236-----S-----N-----R-----R-----TD-----R-----R-----R-----R-----Q-----I-----G-----EL-----SA-----
 CONSENSUS_SMM-----SMM,US,SNMPBTA-----T-----SN,..G-----R-----F-----S-----D-----R-----R-----Q-----I-----V-----R-----EL-----N-----ASA-----P-----
 CONSENSUS_H2A-H2B-----ST-----QF-----TD-----Q-----AS-----V-----N-----R-----Q-----N-----N-----AS-----V-----G-----S-----QDL-----P-----L-----KD-----
 s?pssskg??rdsoerrcdl?g?sqe?g?smh?dpqedqtr
 -A-GPC-DYE-----V-----R-----V-----GNGTIDRQG-----TCSSRK-----AGGRTCPVRGSGINRETL\$-----
 -V-GPRE-YK-----Y-----G-----E-----V-----G-----GTNRKGDTTSSTC-----AGSRNCPPVDRDISKETL\$-----
 CONSENSUS_H2A-H2B-----N-----O-----CG-----G-----V-----SP-----S-----RRD-----CNT-----G\$-----
 H2A,DE,DE12-----H2B,C,I,EHO-----H-----S-----V-----G-----SP-----S-----RRD-----CNT-----G\$-----
 H2A,GM,ISY-----H-----S-----V-----G-----SP-----S-----RRD-----CNT-----G\$-----
 -N-----O-----CG-----G-----V-----SP-----S-----RRD-----CNT-----G\$-----
 -H-----S-----V-----G-----SPMWS-----KUSG-----R-----N-----T-----
 -A-----G-----Y-----G-----N-----C-----R-----M-----G-----S-----
 H2B,GH,D205-----H-----S-----V-----G-----SP-----S-----RRD-----CNT-----G\$-----
 -A-----G-----Y-----G-----N-----C-----R-----M-----G-----S-----
 -N-----O-----CG-----G-----V-----SP-----S-----RRD-----CNT-----G\$-----
 -H-----S-----V-----G-----SP-----S-----RRD-----CNT-----G\$-----
 -A-----G-----Y-----G-----N-----C-----R-----M-----G-----S-----
 -N-----O-----CG-----G-----V-----SP-----S-----RRD-----CNT-----G\$-----
 -H-----S-----V-----G-----SP-----S-----RRD-----CNT-----G\$-----
 -A-----G-----Y-----G-----N-----C-----R-----M-----G-----S-----
 131
 179
 168
 156
 153

HIV-2/SIVsmm protein alignment: ENV

HIV-2/SIVsmm protein alignment: ENV

HIV-2/SIVsmm
proteins

HIV-2/SIVsmm protein alignment: ENV

MAC.US.MM239	IRQGIELTLL.	
CONSENSUS_H2A	---A-iA-	
H2A.-.CBL21	---A-A-\$	841
H2A.-.CBL22	---A-IA-\$	865
H2A.-.CBL23	---A-IA-\$	850
H2A.CI.UC2	---A-IA-\$	858
H2A.DE.BEN	---A-IA-\$	865
H2A.DE.PE12	---A-A-	860
H2A.GH.GH1	---A-IA-\$	857
H2A.GM.CBL24	---A-IA-	852
H2A.GM.D194	---A-A-\$	866
H2A.GM.ISY	---A-IA-	851
H2A.GW.CAM1	---A-A-\$	846
H2A.GW.CAM2CG	---A-A-	858
H2A.GW.CAM3	---A-IA-\$	859
H2A.GW.CAM4	---A-A-\$	860
H2A.GW.CAM5	---A-A-\$	849
H2A.GW.CAM6	---A-IA-\$	862
H2A.GW.FG	---A-A-	856
H2A.GW.HIV-2AU.I	---A-IA-\$	862
H2A.GW.MDS	---A-IA-\$	869
H2A.SN.HIV2ST	---A-IA-	858
H2A.SN.ROD	---A-IA-	858
CONSENSUS_H2B	-----a--	691
H2B.-.GH-2	---R--A-	461
H2B.CI.EHO	---A-A-\$	852
H2B.CI.UC1	-----A-	857
H2B.GH.D205	-----	859
H2G.CI.AB196	-----\$	854
CONSENSUS_MAC	-----	860
MAC.-.MM132ZL	-----X	876
MAC.US.MM142	-----	881
MAC.US.MM251	-----	880
MNE.US.MNE	-----	880
CONSENSUS_SMM	-----	848
SMM.-.P209C15	V-----	887
SMM.-.SMP209	V-----	886
SMM.US.SWMSL92B	A-\$	886
SMM.US.MM32H	-----M-N\$	878
SMM.US.SIVSMM670	-----A-\$	883
SMM.US.SMM172C1	-----\$	979
SMM.US.SMMF236	-----\$	885
SMM.US.SNNPBUJ4.15	-----\$	889
STM.US.STM	-----	882

HIV-2/SIVsmm proteins

674

HIV-2/SIVsmm protein alignment: NEF

MAC . US . MM239	LNNADDKETR	262
CONSENSUS_H2A	PfS	252
H2A . CL . UC2	PYS\$	257
H2A . DE . BEN	PYSE	257
H2A . DE . PEI2	PFSS	253
H2A . GH . GHI	PYS	256
H2A . GW . DL94	PYSE	257
H2A . GW . ISY	PFS	256
H2A . GW . ALI	PFSKRN	261
H2A . GW . CDM2CG	PFS	260
H2A . GW . FG	PFS	180
H2A . GW . MDS	PFNS	255
H2A . SN . HIV2ST	PFS	255
H2A . SN . ROD	PFS	256
H2B . CL . EHO	PTE\$	238
H2B . GH . D205	PTD	241
H2D . LR . F0784	YKT-----G\$	137
H2G . CL . ABT96	PIE\$	256
MAC . US . MM142	-E---R---S	263
MNE . US . MNE	-K---R---S	263
CONSENSUS_SMM	-K-----S	254
SMM . ENNW25	-----S\$	258
SMM . NEFW61	-----S\$	251
SMM . SL . SMMSL92B	P	255
SMM . US . MM32H	-----	263
SMM . US . SIVSMM670	SK-----S\$	263
SMM . US . SIVSMM670	-K-----K-S\$	261
SMM . US . SM62	YK-----R-S\$	263
SMM . US . SMMF236	XK-----S\$	263
SMM . US . SMMPBUI4.15	-K-----K-S\$	261
STM . US . STM	-K-----S	264