Protein Alignment Summary Table (**Gag)**

Name	Accession No.	Region	First Author	Reference
ROD	M15390	complete genome	Guyader,M.	Nature 326 (6114), 662–669 (1987)
NIHZ	J03654	complete genome	Zagury,J.F.	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UC2	U38293	complete genome	Barnett,S.W.	Unpublished (1997)
BEN	M30502	complete genome	Kirchhoff,F.	Virology 177, 305–311 (1990)
CAM2	D00835	complete genome	Tristem,M.F.	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MDS	Z48731	gag pol vif tat rev nef env	Becker,M.	Unpublished
U22047 KR	U22047	complete genome	Kraus,G.K.	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 Et Al,U.	ARHR 8, 1619 (1992)
UC1	L07625	complete genome	Barnett,S.W.	J. Virol. 67, 1006–1014, (1993)
EHOA	U27200	complete genome	Rey-Cuille,M.A.	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,E.W.	J. Gen. Virol. 75, 529 (1994)
MM1A11	M76764	complete genome	Luciw,P.A.	ARHR 8: 395–402 (1992)
MM239	M33262	complete genome	Regier,D.A.	ARHR 6, 1221–1231 (1990)
MM142	M16403	complete genome	Chakrabarti,L.	Nature 328, 543–547 (1987)
MNE	M32741	complete genome	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)

HIV2/SIV GAG

SMMH4	X14307	complete genome	Hirsch,V.M.	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,F.J.	Virology 186, 783–787 (1992)
STM22579	X60667	gag, pol	Khan,A.S.	J. Med. Primatol. 20, 167–171 (1991)

```
                 -> Gag P17 Matrix
CONSENSUS-A      MGArnSVLRGKKaDELEkiRLRPgGKKkYrLKHiVWaANeLdrFgLaEsLLESKEGCQkIltVLdPlVPTGSENLkSLfNTvCViwC?HAEEKvKDTEeAk.kivqRHLvAETgTaeKMPntSRPtAPpS    128
ROD              -----------------R--------------------K-------------------------M--------------------I----------G--.Q--R--------------S-------S-    129
NIHZ             ----------------------------K-------------------------------------------------------I----------G--.Q---------------------------    129
ISY              ---K-----------------------------------------T-------------IS--E-------------Y--T-----L--------------.R--G-------E-------I--------    129
ST               ------------------------------------------------------------------------------------I-----A-------.QK---------K-T----S---------    129
UC2              ---------------------------------------------R---N-------------------------------------L--------------.-L--------------------------    129
BEN              ------------------V----------------------K------------------R------------------------L--------------.-LA-------------------------    129
CAM2             ------------------V----------K--------------------------R--K-----------------------I--------------.R-AL---A----------D---------    129
D194             ------------------V----N---R-----V--------------------------K--E----------------------L--------------.-LA----------------I--------    129
GH1              -----------------------S-----------------K-------------------------------------------L--------------.-L-----G----------S---------    129
MDS              ----S-------------V-------------------------------------------------------------F-I--------------.-FAR------------------------    129
KR               ----S-------V----------------------------GK-----------------I-------------------------L----------G--.Q-------------D---S----A----    129
7924A                                                x--------------------R-IS----------------------V--I--------------.---------------------------     93
60415K                                               x--------------------R------------------------A--I----------G--.Q-----------------S---------     93
FA                                                   x-----------------------I---N----------Q-----------L------------R.-L--------------------------     93

CONSENSUS-B      ----g---S---T-----V--------r-m------?v-------------------h------a--------------------y-L--------------.--A-?--a-d-...----A--?------    123
D205             ----G---S---T-----V----------M---V---V----------------------K--A---------------I----F-L--------------.--A----A-D-...----A-NK------    126
UC1              ----S---S---T-----V--------R-C----I--V-------------------H------A--------------------Y-L--------------.--A----A-D-...----A---------    126
EHOA             ----G---S---T-----V--------R-M-------V---E-------R-G-----R--RK--G-------------Y------F-L--------------.--A----A-D-...----AM-K-SK-T-    126
60667K                                               xV---E------N--G-----H---A--E--------------------Y-L--G----------.--A-----GN-...----A-------S-     90
JA                                                   xV-------------------H------A-------------------VY-L--------------.--A-S--AVN-...--T-A---------     90
FT                                                   xV----------T--------H------A--------------------F-L---Q---------.--A-S---VDA...--V-A--KS-----     90
7810A                                                x-----------T--G-----H----A-A-------------------VY-L--------------.--A-S--A-N-...----A--K------     90
ON                                                   xV----------R--------H------A--------------------Y-L--------------.-MA-S---VDA...--T-A---------     90

CONSENSUS-C                                          x-------A-------T-----------E-------------Y--T-----L---Q---H---RN.EV-E---A---KN-----A-------S-     93
2238                                                 x-------A-------T-----------E-------------Y--T-----L---Q---H---RN.EV-E---A---KN-----A-------S-     93

CONSENSUS-D                                          x---------------N--------S--A-------------Y--------L----------G--.Q-------V-----D---S---------     93
FO784                                                x---------------N--------S--A-------------Y--------L----------G--.Q-------V-----D---S---------     93

CONSENSUS-SD     --------S--------------------m---v------------------n--------S--a-------------y--------i-------h-----.Q-------v-----dt--a---------    129
MM251            --------S--------------------M---V------------------N--------S--A-------------Y--------I-------H-----.Q-------V------T--K-------S-    129
MM32H            --------S--------------------M---V------------------N--------S--A-------------Y--------I-------H-----.Q-------V------T--K-------S-    129
MM1A11           --------S--------------N-----M---V------------------N--------S--A-------------Y--------I-------H-----.Q-------V------I--K-------S-    129
MM239            --V-----S--------------N-----M---V------------------N--------S--A-------------Y--------I-------H-----.Q-------V----T-T--K-------S-    129
MM142            --------S--------------------M---V------------------N--------S--A-------------Y--------I-------H-----.Q-------M------T--K-------F-    129
MNE              --------S--------------------M---V------------------N--------S--A-------------Y--------I-------H-----.Q-------V------T--K-------S-    129
SMMH4            --------S--E------V----N-----M---V----------------DN--------S--A-------------Y--------I-------H-----.Q-------V-----DR--A---------    129
SMMH9            --V-----S--------------------M---------------------N--------S--A-------------Y---R-L--I-------H-----.Q-------V-----D---A---------    129
SMMPBJ14.441     --------S------------------R-Q---------------------N--------S--A-------------Y-----L--I-------H-----.Q-------V-----D---A---------    129
SIU17646-SMSL92A                                     x-----K-------------R-R--S--V---------------------I---M---N-----.Q------AV-NE--DQL-A---------     93
SIU48815-SMSL92F                                        x-----------------R--S--V---------------------L---M---H-----.Q------AV-NE--DQL-A---------     90

CONSENSUS-E                                          x-R-------------N----HR-----E--M------------A---VY-L--AV---------KHVQ-H----GGK-T--L-PQ--------     94
PA                                                   x-R-------------N----HR-----E--M------------A---VY-L--AV---------KHVQ-H----GGK-T--L-PQ--------     94

CONSENSUS-STM    ----S---S---------V----------M---V--------------------------?---E----------------------I-------H-----.QV-K----V-----?---A---------    127
STM              ----S---S---------V----------M---V--------------------------I---E----------------------I-------H-----.QV-K----V-----N---A---------    129
STM22579         ----S---S---------V----------M---V-----------------------------E----------------------I-------H-----.QV-K----V-----D---A---------    129
```

HIV2/SIV GAG

```
       Gag P17 Matrix \/ P24 Capsid
CONSENSUS-A      gkggNfPVQq??gGNYtHvPLSPrTLNAWVKLvEeKKFGAEVVPGFQALSEGCTPYDINQmLNCVGDhQAAMQIIREIINeeAAdWDaqHPIP.GPLPAGQLR?PRGSDIAGTTSTVeEQIqWMfR?qNP    253
ROD              E----Y---H.V------I-----------------------------------------------------------------E--V-----.---------E----------------------P---    257
NIHZ             --..-------.VA-----I----G-----------------------------------------------------------VA----.---------E----------------------P---    255
ISY              -----------.I----V-L-------------------------------------------------------------V-----.---------D------------------E--Y-QE--    257
ST               -N--------.VA-------------------------------------------------------------------------.---------E----------------------P---    257
UC2              -----------.A----V-------------------------------------------------Q-------------------.---------D-------------D------Y-Q---    257
BEN              --R--Y----.A----V-------------------------------------------------------------------S-----.---------D-------------D------Y-P---    257
CAM2             -----Y---S.I-----------------------------------------------------------------------N----.---------D----------------------A---    257
D194             -----------.A----I-------------------------------------------------------------------.---------D-------------D------Y-QP--    257
GH1              -R-R------TG----I----------------D-----------------------------------------------D------------.---------D--------------------Y-P---    258
MDS              -R---Y---N.I-----------------------------------------------------------------------.---------E-------------D--------A---    257
KR               -R---Y----.IA---S-----------------------------------------------------------------V-----.---------E----------------------A---    257
7924A            -----Y---S.I-----------------------------------------------------------------V-----VA----.---------E----------------------A---    221
60415K           -E-------H.V------I-----------------------------------------------------------E--V-----.---------E-------------D--------P---    221
FA               -S--------TG----V---------------I-D------------------------L-------------------------.---------D-------------D------Y-A---    222

CONSENSUS-B      -..r-Y----.vA---v-l-----------------------------------------------e--------------------Q---s-.---------d--------------------y-a---    249
D205             -..--Y----.LA---V-L-----------------------------------------------E--------------------Q---S-.--M------D--------------------Y-A---    252
UC1              -..--Y----.IA---V-M-----------------------------------------------------------------Q-----.---------D--------------------Y-A---    252
EHOA             R..LAY----.IA---S-L-----------------------------------------------E--------------------Q---S-.--M------E--------------------Y-P---    252
60667K           -..--Y----.IA---S-L--------------------EN-----------------------------IE-----------E--Q---S-.--M------E--------------------C-A---    216
JA               -..R-Y----.VA---V-L-----------------------------------------------E--------------------Q---V-.---------D---------------E----Y-A---    216
FT               -..R-Y----.VA---V---------------I-------------------------------E--------------------Q-----.---------D--------------------Y-QP--    216
7810A            -..R-Y----.VA---V-L---------------D-----------------------------E--------------------Q---S-.---------D--------------------Y-A---    216
ON               -..R-Y----.VA---V---------------I-------------------------------E--------------------Q-----.---------D--------------------Y-QP--    216

CONSENSUS-C      -GR--Y----.VA---V-H-----------------------------T----------L--------------------------EH--V-.---------D--------------------Y-A---    221
2238             -GR--Y----.VA---V-H-----------------------------T----------L--------------------------EH--V-.---------D--------------------Y-A---    221

CONSENSUS-D      DR-R-Y----.V----V-L---------------D-------------------------------E-------------D------Q---Q-.---------D--------------------Y-Q---    221
FO784            DR-R-Y----.V----V-L---------------D-------------------------------E-------------D------Q---Q-.---------D--------------------Y-Q---    221

CONSENSUS-SD     -r---Y----.i----v-L-------------i--------------------------------e--------------------L---Q-.--q-?----E-?-----------d------y-q---    255
MM251            -R---Y----.I----V-L-------------I-----------------------------------------------D----------L---Q-.A-QQ.----E-S---------S-D------Y-Q---    256
MM32H            -R---Y----.I----V-L-------------I-----------------------------------------------D----------L---Q-.A-QQ.----E-S---------S-D------Y-Q---    256
MM1A11           -R---Y----.I----V-L-------------I-----------------------------------------------D----------L---Q-.A-QQ.----E-S---------S-D------Y-Q---    256
MM239            -R---Y----.I----V-L-------------I-----------------------------------------------D----------L---Q-.A-QQ.----E-S---------S-D------Y-Q---    256
MM142            -R---Y----.I------L-------------I----------S---------L----------------------D----------L---QQ.A-QQ.----E-S------------------Y-Q---    256
MNE              -R---Y----.V------L-------------I--------------------------------E--------------------L---QQ.A-QQ.----E-S-----------D------Y-Q---    256
SMMH4            -R---Y----.V----V-L-----------------------------------------------E--------------------L---Q-.---------E-------------D------Y-Q---    257
SMMH9            -R---Y----.V------L-------------------------------------x---------E--------------------L--xQ-.--I------E-x----------xD------x-Q---    257
SMMPBJ14.441     -----Y----.I------L-------------I--------------------------------E--------------------L---Q-.--I-P----E-------------D------Y-Q---    257
SIU17646-SMSL92A --R--Y----.V----V-L-----------------------------------------------E--------------------L---Q-.---------E--------------GR----Y-AA--    221
SIU48815-SMSL92F --RE-Y----.V----V-L----------A--------------------------------E--------------------L---Q-.---------E--E----------D------Y-AA--    218

CONSENSUS-E      -G---Y----.I-N--V-S-----------------------------------------------E--------------------V---R..-QP--QG--D-S----------PA---E--Y-NP--    221
PA               -G---Y----.I-N--V-S-----------------------------------------------E--------------------V---R..-QP--QG--D-S----------PA---E--Y-NP--    221

CONSENSUS-STM    -R---Y----.V----V-L------------------------?----------------?-----E--------?-----------?---Q-?---------E-S---------??-------?-Q---    248
STM              -R---Y----.V----V-L-------------------------------------------L-----E--------K-----------M---Q-P---------E-S---------SP-------Y-Q---    258
STM22579         -R---Y----.V----V-L------------------------S----------------------E--------------------V---Q-.---------E-S------------------H-Q---    257
```

```
                                                                                                                 P24 Capsid \/   X peptide    / P9 NC
CONSENSUS-A      vPVGnIYRRWiQIGLQKCVRmYNPTNiLD?kQGPKEpFQSYVDRFYKSLRAEQtDpAVKNWMTQTLLvQnaNPDCKLVLKGLGmNPTLEEMLTaCQGvGGPgQKARLMAEALKEam?PaPIPFAAAQQ..   379
ROD              -----------------------------I---------------------------------------------------------------------------------VIG-----------..   385
NIHZ             -----------------------------IN-------------------------------------I-------------------------T-------------------V-A-----------..   383
ISY              -----------------------------I------S-----------------A-------------.S------------------------I------------------R-----------..   384
ST               ----S------------------------I--------------------------------------------------I------------------------------A-----------..   385
UC2              --------------------------V--V------S----------------A-------------------------------------------------------LT-P---------..   385
BEN              --------------------K--------I--------------------------------------I---------------------------------------------G-S---------..   385
CAM2             -----------------------------I------S------------------------------------------------------------------------------G-P---------..   385
D194             -----------------------------V------S-------------------------------I-------------------------------S-------------LT-----------..   385
GH1              -----------------------------V--------------------------------------I---------------------------------------------LT-P---------..   386
MDS              -----------------------------V------------------------A-------------I---------------------------------------------T-----------..   385
KR               I----------------------------V-------------------------------------------------------------I-----------------LA-----------..   385
7924A            -----------------------------V------S---                                                                                            261
60415K           -----------------------------I----------                                                                                            261
FA               I---------V---------------V--V------S---                                                                                            262

CONSENSUS-B      ------------?---------------i---------------------------------------I--------------------------I-----------------LT-----------kA   378
D205             ------------L---------------I---------------------------------------I--------------------------I-----------------LT--------V--KA   382
UC1              ----------------------------I---------------------------------------I--------------------------I-----------------LT-----------KA   382
EHOA             ------------L---------------I---------------------------------------I--------------------------I-----------------LT-STN------PRA   382
60667K           ----------------------------I---------N                                                                                              256
JA               ------------L---------------I-E--------                                                                                              256
FT               ----------------------------V----------                                                                                              256
7810A            I-----------L---------------I----------                                                                                              256
ON               ----------------------S-----V----------                                                                                              256

CONSENSUS-C      ------------L---------------V----------                                                                                              261
2238             ------------L---------------V----------                                                                                              261

CONSENSUS-D      I-----------L---------------I------T---                                                                                              261
FO784            I-----------L---------------I------T---                                                                                              261

CONSENSUS-SD     i-----------l---------------v---------------------------------------I--------------?-------------------------------La-g-l-------kG   384
MM251            I-----------L---------------V-----------------------A---------------I--------------V-------------------------------LA-V--------KRG   386
MM32H            I-----------L---------------V-----------------------A---------------I--------------V-------------------------------LA-V---------RG   386
MM1A11           I-----------L---------------V-----------------------A---------------I--------------V-------------------------------LA-V---------RG   386
MM239            I-----------L---------------V-----------------------A---------------I--------------V-------------------------------LA-V---------RG   386
MM142            I-----------L---------------V---------------------------------------I--------------T-------------------------------LA-----------KG   386
MNE              I-----------L-----------S---V---------------------------------------I---------------------------------------------LA-G-L-------KG   386
SMMH4            I-----------L---------------V---------------------------------------I---------------------------------------------LR-DQL----V--KG   387
SMMH9            I------x----L---------------V------S------------------x-------------I--------------xI-------------x-----x---------D-LTQG-L--x-V--KG   387
SMMPBJ14.441     I-----------L---------------V---------------------------------------I--------------I-----------------------------D-LTQG-L----V--KG   387
SIU17646-SMSL92A I-----------L-----------V----I-----------------------x                                                                                276
SIU48815-SMSL92F ----I--------S-----K----V----I----------------G------x                                                                                273

CONSENSUS-E      I---D-------L---------------V------S---                                                                                              261
PA               I---D-------L---------------V------S---                                                                                              261

CONSENSUS-STM    I-----------L-----------V-----------?----------------A--?------?-?-I---------------------------------------------?FQ-?-L-------QG   371
STM              I-----------L-----------V----V------T----------------A--S------R---I---------------------------------------------VFQ-D-L-------QG   388
STM22579         I-----------L-----------V----I-----------------------A-----------P-I----------------------------------------------FQ-G-L-------QG   387
```

HIV2/SIV GAG

```
                                                                P9 NC \/ P6
CONSENSUS-A     ..rrtikcWNCGKeGHSArQcrAPRRQGCWKCGK?GHiManCPdRQAGFLG?GpwGKkpRNFPvaq?pqGL.................tPTAPP?DPavdLLEkYmQQGrkQrE....QreRPYKEVTE   481
ROD             ..-KAF----------------------------P----T----------L--------------V----..................------V--------------KR---....-----------   491
NIHZ            ..-K-F--------------WS------------S--V-------------I-H----A----A--V----..................------L--------------KR---....-----------   489
ISY             ..K-A-----------------------------S---------------L------------VPSS---..................------M-------------------....--Q--------   490
ST              ..------------------------------A-----K--E-------L--------------I----..................------I--VE----------KR---....-----------   491
UC2             ..----R-----------K---------------P---------------M-SR-----------A----.................I-----A---A------L--------....-----------   491
BEN             ..-KA-RY--------------------------P--------E-------L--R---------T-A----.................I-----A---AE---R----------....-----------   491
CAM2            ..------------------------------P----T----------I--------------V----..................------L--------------KR---....--Q--------   491
D194            ..--A-R-----------K---------------S--------E-------M--R--Q-----A--A----.................I-----I------------------....-----------   491
GH1             ..-KV-R---------------------------T--V--K--E-------M--------------A-P--.................I-----A--------R------E---....-----------   492
MDS             ..------------------------------T-----K----------I--------------V----..................------A------------------....-----------   491
KR              ..-----------D--------------------S--V-----E-------I------------TRV----..................------A---A------L------K-....-KM--------   491

CONSENSUS-B     GK-g-VT------?--T-----------------q----SK--E-------l-----------mt-v---vtPSAPPMnPAeGMTPrGA--S---A----EM-Ks---m--q---....s---------..   501
D205            GK-G-VT------Q--T-----------------T----SK--E-------L-----------MT-V---VTPSAPPMNPAEGMTPRGA--S---A----EM-KS---M--Q---....S---------..   506
UC1             GK-G-VT------V--T-K---------------Q----SK--E-------L-----------MT-V---VTPSAPPMDPAEGMTPRGA--S---A----EM-KS--KM--Q---....S---------..   506
EHOA            GK-.-VT------A--T----K-----------QQ----SK--E-------F------------.-A---IVPSAPPMNPAFGMTPQGAI-S---A---EEM-KN---L-K--K-....N---------..   504

CONSENSUS-SD    p.-Kp----------------------------m--V--K--?-------l-----------M--mh---..................------E-------KN--?l-kq---????s--k------..   487
MM251           P.-KP----------------------------MD-V--K----------L-----------M--VH---..................------E-------KN---L-KQ---....S--K------..   491
MM32H           P.-KP----------------------------MD-V--K----------L-----------M--VH---..................------E-------KN---L-KQ---KQRES--K------..   495
MM1A11          P.-KP----------------------------MD-V--K----------L-----------M--VH---..................------E-------KN---L-KQ---KQRES--K----M..   495
MM239           P.-KP----------------------------MD-V--K----------L-----------M--VH---................M-----E-------KN---L-KQ---KQRES--K------..   495
MM142           P.-KP----------------------------MD-V--K--N-------L-----------M--VH---..................------EE------KN--HL-KQ---....S-GK------..   491
MNE             P.-KP----------------T----------QM--V--K----------F-----------M--MH---..................------E-------KN---L-KQ---....SKRK------..   491
SMMH4           Q.-K--------------K---------------T--V--K--E-------L-----------M--M----................I-----E-------KN--KM------....N---------..   492
SMMH9           Q.xKI-x-x--x--------F-----x-------A--V--K--E-------L-----------M--M----...................----x-E-------KN--KV--R---....N---------..   492
SMMPBJ14.441    Q.-KI----------------------------A--V--K--E-------L-----------M--M----..................------E-------KN--KM--R---....N---------..   492

CONSENSUS-STM   ..---V-------?--T-K--K?----------?---Q--K--E--V----F-------?---M--I----??????...........??---------A---RS---L-K----....S-KT------..   468
STM             ..---V-------A--T-K--KG----------QQ--Q--K--E--V----F-------H---M--I----..................------E---A---RS---L-K----....S-KT------..   492
STM22579        ..---V----------T-K--K-----------P--Q--K--E--V----F-----------M--I----TPTAPP...........EM-----V---A---RS---L-K----....S-KT------..   498
```

```
                                          P6 \
CONSENSUS-A      DlLhlEqgetP?re??TEDLLHLNSLFGkDQ$   509
ROD              -----------Y--PP---------------   522
NIHZ             ---RF--A---C--.T---------------   519
ISY              -----------H--.T------------N--   520
ST               -F-Q--KQ---C--.T---------------   521
UC2              -----------R--.A----------------  521
BEN              -------R---H--.E---------------   521
CAM2             ---------A-C--.T---------------   521
D194             -----------H-G.A---------------   521
GH1              --------KA-H--.A---------------   522
MDS              --------K--CK-.T------------T---  521
KR               -----------HK-.A----------------  521

CONSENSUS-B      ...............------------E---   516
D205             ...............------------E--   521
UC1              ...............------------E--   521
EHOA             ...............------------E---   519

CONSENSUS-SD     ...............------------e---   502
MM251            ...............------------G--   506
MM32H            ...............------------G--   510
MM1A11           ...............------------G--   510
MM239            ...............------------G--   510
MM142            ...............------------G--   506
MNE              ...............------------E--   506
SMMH4            ...............------------E--   507
SMMH9            ...............------------E--   507
SMMPBJ14.441     ...............------------E---  507

CONSENSUS-STM    ...............----?-------E--   482
STM              ...............------------E--   507
STM22579         ...............----V-------      510
```