

VI

HIV-2/SIVsmm Proteins

Introduction	627
Table of sequences in the HIV-2/SIVsmm protein alignments	628
Gag	632
Pol	636
Vif	644
Vpx	646
Vpr	647
Tat	648
Rev	649
Env	650
Nef	657

HIV-2/SIV Protein Alignments

There are 104 complete or nearly complete genomes (sequences longer than 4,000 bases) in our database that are from the HIV-2 and SIV-Sooty mangabey group. Twenty-eight sequences are HIV-2 but there are duplicates, only 20 are from unique samples. Seventy-six are SIVs (36 SIVsmm, 37 SIVmac, 2 SIVmne, 1 SIVstm). Although all these viruses have Sooty mangabeys as the natural host, there have been cross-species transfers into humans to create the HIV-2 groups A through G as well as into captive macaques (Rhesus macaques = mac, Stump tailed macaques = stm and Pig tailed macaques = mne) by unintentional interspecies interactions. Intentional cross species transfers of virus remain labeled as being from the original host (e.g., HIV-1 injected into a Chimpanzee is labeled as HIV-1 and not as SIVcpz; SIVsmm injected into a Rhesus macaque is labeled as SIVsmm and not SIVmac). Sixty-four of the 104 complete genomes are presented in the complete genomes alignment in this compendium, the others were not included because they are replicates of the same strain or isolate (i.e., HIV-2 B isolate D205 entries http://www.hiv.lanl.gov/components/hiv-db/combined_search_s/query_one.comp?se_id=26880>X61240 and http://www.hiv.lanl.gov/components/hiv-db/combined_search_s/query_one.comp?se_id=12666>X16109). These same 64 sequences are present in most of the HIV-2/SIVsmm protein alignments except that in proteins such as Env and Nef, where a large set of sequence entries containing that gene only and not the complete genome were available. For those proteins, we chose a diverse set including the sub-genomic sequences, and when more sequences than would fit on a page were available, highly similar sequences from the complete genome set of 64 were dropped (for example some of the several SIVmac sequences). More than one SIVsmm-PBJ sequence was left in the Nef protein alignment, because of the importance of the R17Y mutation which creates an ITAM-like motif (YXXLXXXXXXYXXL) allowing the virus to replicate in unstimulated PBMCs [Du et al., *J. Virol.* **70**(6):4157–61 (1996)]. A good review of SIV-SMM diversity in the USA primate research centers was published this year: Apetrei et al., Molecular epidemiology of simian immunodeficiency virus SIVsm in U.S. primate centers unravels the origin of SIVmac and SIVstm. *J. Virol.* 2005 Jul; **79**(14):8991–9005. PMID: 15994793

Table 1: Table of sequences in the HIV-2 SIVsmm Protein Alignments

Name	Accession	Region	Author	Reference
H201_AE.US.91.PA	L33093	POL	Gao, F	<i>J Virol</i> 68 (11):7433–47 (1994)
H2A.CI.88.UC2	U38293	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Barnett, SW	<i>Virology</i> 222 (1):257–61 (1996)
H2A.CI.-.IC763124	U76641	NEF	Switzer, WM	<i>J Infect Dis</i> 177 (1):65–71 (1998)
H2A.DE.91.HOM	U73757	NEF	Fackler, OT	<i>Eur J Biochem</i> 247 (3):843–51 (1997)
H2A.DE.92.NEP	U73758	NEF	Fackler, OT	<i>Eur J Biochem</i> 247 (3):843–51 (1997)
H2A.DE.-.BEN	M30502	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kirchhoff, F	<i>Virology</i> 177 (1):305–11 (1990)
H2A.DE.-.PEI2	U22047	GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Talbott, R	<i>PNAS</i> 90 (9):4226–30 (1993)
H2A.FR.-.96206	AF170048	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96226	AF170030	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96330	AF170047	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 (6):593–604 (1989)
H2A.GM.87.D194	J04542	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kuehnel, H	<i>PNAS</i> 86 (7):2383–7 (1989)
H2A.GM.90.CBL24	U05353	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (2):333–45 (1995)
H2A.GM.-.CBL23	U05352	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (2):333–45 (1995)
H2A.GM.-.ISY	J04498	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Franchini, G	<i>PNAS</i> 86 (7):2433–7 (1989)
H2A.GM.-.MCN13	AY509259	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Schmitz, C	<i>J Virol</i> 78 (4):2006–2016 (2004)
H2A.GW.86.FG	J03654	ENV GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Zagury, JF	<i>PNAS</i> 85 (16):5941–5 (1988)
H2A.GW.87.CAM2CG	D00835	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Tristem, M	<i>J Gen Virol</i> 72 (3):721–4 (1991)
H2A.GW.-.ALI	AF082339	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Azevedo-Per, J	Unpublished (1998)
H2A.GW.-.CAM1	U05359	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 76 (2):333–45 (1995)
H2A.GW.-.MDS	Z48731	GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Becker, M	Unpublished (1995)
H2A.-.JAU2	L28936	VIF	Jacinto, A	Unpublished (1994)
H2A.PT.-.1069	AJ344389	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1147	AJ344390	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1215	AJ344393	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1227	AJ344391	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1320	AJ344394	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1378	AJ344414	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1428	AJ344408	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1543	AJ344405	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1544	AJ344407	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1567	AJ344409	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.268	AJ344410	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.483	AJ344401	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.546	AJ344403	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.794	AJ344388	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.B1_1	AJ344406	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.EP	AJ344387	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.MP1	AJ344385	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.MP2	AJ344386	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 84 (5):1287–99 (2003)
H2A.SN.85.ROD	M15390	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Clavel, F	<i>Nature</i> 324 (6098):691–5 (1986)
H2A.SN.-.ST	M31113	ENV NEF	Kumar, P	<i>J Virol</i> 64 (2):890–901 (1990)

H2AB.CI.90.7312A	L36874	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Gao, F	Unpublished
H2B.CI.88.UC1	L07625	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Castro, BA	<i>Virology</i> 178 (2):527–34 (1990)
H2B.CI.-EHO	U27200	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Rey-Cuille, MA	<i>Virology</i> 202 (1):471–6 (1994)
H2B.CI.-IC762993	U76639	NEF	Switzer, WM	<i>J Infect Dis</i> 177 (1):65–71 (1998)
H2B.FR.-96200	AF170057	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.GH.86.D205	X16109	ENV NEF	Dietrich, U	<i>Nature</i> 342 (6252):948–50 (1989)
H2B.GH.86.D205	X61240	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Kreutz, R	<i>ARHR</i> 8 (9):1619–29 (1992)
H2B.JP.01.KR020	AB100245	ENV GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Kusagawa, S	Unpublished
H2C.LR.-.2238	M87138	POL	Gao, F	<i>Nature</i> 358 (6386):495–9 (1992)
H2D.LR.90.FO784PA	M87110	POL	Gao, F	<i>Nature</i> 358 (6386):495–9 (1992)
H2D.LR.90.FORTC2	M87111	POL	Gao, F	<i>Nature</i> 358 (6386):495–9 (1992)
H2G.CI.-.ABT96	AF208027	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Brennan, CA	<i>ARHR</i> 13 (5):401–4 (1997)
H2U.FR.96.12034	AY530889	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Damond, F	<i>ARHR</i> 20 (6):666–672 (2004)
MAC.US.-.17EC1	AY033233	NEF REV TAT VIF VPR VPX	Anderson, MG	<i>Virology</i> 195 (2):616–26 (1993)
MAC.US.-.17EFR	AY033146	NEF REV TAT VIF VPR VPX	Flaherty, MT	<i>J Virol</i> 71 (8):5790–8 (1997)
MAC.US.-.1937	AY611495	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.2065	AY611493	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.239	M33262	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kestler, H	<i>Science</i> 248 (4959):1109–12 (1990)
MAC.US.-.251_1A11	M76764	NEF REV TAT VIF VPR VPX	Planelles, V	<i>ARHR</i> 7 (11):889–98 (1991)
MAC.US.-.251_32H_PJ5	D01065	NEF REV TAT VIF VPR VPX	Rud, EW	<i>J Gen Virol</i> 75 (3):529–43 (1994)
MAC.US.-.251_BK28	M19499	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Franchini, G	<i>Nature</i> 328 (6130):539–43 (1987)
MAC.US.-.270W	AY290712	ENV	Buckley, KA	<i>Virology</i> 312 (2):470–80 (2003)
MAC.US.-.418	AY302466	ENV	Mansfield, KG	Unpublished
MAC.US.-.80035	AY611486	REV TAT VIF VPR	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.81035	AY599200	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.85013	AY611490	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.92050	AY603959	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.92077	AY599201	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.93057	AY611492	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.93062	AY607704	REV VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.95058	AY611494	VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.95086	AY607703	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.95112	AY588946	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.96016	AY607701	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.96020	AY611488	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.96072	AY611491	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.96081	AY597209	REV TAT VIF VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.96093	AY611489	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.96114	AY588945	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.96123	AY611487	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.96135	AY607702	TAT VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.97009	AY599199	TAT VPR	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)

MAC.US.-.97074	AY599198	VPR	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.BK28_H824	U86638	ENV NEF REV TAT VIF VPX	Edmonson, P	<i>J Virol</i> 72 (1):405–14 (1998)
MAC.US.-.BR5	AY290711	ENV	Buckley, KA	<i>Virology</i> 312 (2):470–80 (2003)
MAC.US.-.BR5	AY290716	ENV	Buckley, KA	<i>Virology</i> 312 (2):470–80 (2003)
MAC.US.-.MAC239-87082	AY600249	REV TAT VIF VPR VPX	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.MM142	M16403	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Chakrabarti, L	<i>Nature</i> 328 (6130):543–7 (1987)
MAC.US.-.r80025	AY576480	VPR	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.r90131	AY576481	REV VPR	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012–14022 (2004)
MAC.US.-.SMM142B	BD131285	ENV GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Alizon, M	Patent: JP 2002030099-A 2
MNE.US.82.MNE_8	M32741	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kimata, JT	<i>J Virol</i> 72 (1):245–56 (1998)
MNE.US.-.MNE027	U79412	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kimata, JT	<i>J Virol</i> 72 (1):245–56 (1998)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Chen, Z	<i>J Virol</i> 70 (6):3617–27 (1996)
SMM.US.02.YNPRC_FAL	AY965402	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FAL	AY965498	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FBL	AY965395	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FBL	AY965462	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FCP	AY965499	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FIP	AY965404	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FIP	AY965461	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FKL	AY965497	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FUP	AY965405	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FUP	AY965500	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FVN	AY965431	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FVN	AY965490	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FWS	AY965394	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FWS	AY965488	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FYN	AY965410	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FYN	AY965507	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.03.TNPRC_D215	AY965445	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.03.TNPRC_D215	AY965511	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.03.TNPRC_G932	AY965477	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.03.TNPRC_M924	AY965481	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.03.TNPRC_M934	AY965491	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.77.CNPNC_CFU212	AY965512	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_6001_G930	AY965463	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	AY965415	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	AY965466	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_CFU212	AY965468	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_CFU233	AY965422	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_CFU233	AY965473	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.80.NIRC_6001_G930	AY965413	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.81.NIRC_CFU233	AY965515	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.81.TNPRC_G930	AY965434	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.82.NIRC_6007_G932	AY965467	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.84.TNPRC_F104	AY965475	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.85.TNPRC_F102	AY965370	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.85.TNPRC_F104	AY965476	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_6001_G930	AY965464	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_6002_G931	AY965465	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_CFU212	AY965513	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_CFU226	AY965471	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_CFU226	AY965514	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)

SMM.US.86.NIRC_CFU232	AY965472	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_CFU233	AY965474	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.89.TNPRC_G930	AY965509	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.90.TNPRC_F100	AY965397	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.90.TNPRC_F100	AY965496	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.91.TNPRC_G931	AY965435	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.93.TNPRC_D178	AY965505	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.93.TNPRC_E042	AY965486	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.93.TNPRC_F102	AY965412	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.93.TNPRC_M920	AY965357	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.94.TNPRC_G080	AY965455	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.94.TNPRC_M927	AY965392	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.94.TNPRC_M927	AY965456	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D171	AY965484	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D175	AY965377	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D175	AY965419	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D175	AY965441	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D176	AY965489	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D177	AY965443	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_E045	AY965506	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_F102	AY965453	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_G932	AY965436	POL	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_G932	AY965508	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_M939	AY965485	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_M942	AY965501	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.97.TNPRC_G080	AY965363	GAG	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.97.TNPRC_G080	AY965398	ENV	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14):8991–9005 (2005)
SMM.US.-.62K	U04989	VPR	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 68 (4):2649–61 (1994)
SMM.US.-.BPZ_m12	AY603050	REV TAT VIF VPX	Glenn, AA	<i>Virology</i> 325 (2):297–307 (2004)
SMM.US.-.F236_H4	X14307	ENV GAG NEF POL REV	Hirsch, VM	<i>Nature</i> 339 (6223):389–92 (1989)
		TAT VIF VPR VPX		
SMM.US.-.H445	AY221509	ENV	Dehghani, H	<i>J Virol</i> 77 (11):6405–18 (2003)
SMM.US.-.H9	M80194	ENV GAG NEF POL REV	Fultz, PN	<i>PNAS</i> 83 (14):5286–90 (1986)
		TAT VIF VPR VPX		
SMM.US.-.P209C15	L20009	ENV	Hynes, NA	<i>ARHR</i> 9 (8):803–6 (1993)
SMM.US.-.PBJ_143	M80193	GAG NEF POL REV TAT	Fultz, PN	<i>PNAS</i> 83 (14):5286–90 (1986)
		VIF VPR VPX		
SMM.US.-.PBJ_6P12	L09211	ENV NEF	Fultz, PN	<i>PNAS</i> 83 (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PBJ_6P6	L09212	GAG NEF POL REV TAT	Fultz, PN	<i>PNAS</i> 83 (14):5286–90 (1986)
		VIF VPR VPX		
SMM.US.-.PBJ_6P9	L09213	NEF	Fultz, PN	<i>PNAS</i> 83 (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PBJ14_15	L03295	ENV GAG NEF POL REV	Fultz, PN	<i>PNAS</i> 83 (14):5286–90 (1986)
		TAT VIF VPR VPX		
SMM.US.-.PBJA	M31325	GAG NEF POL REV TAT	Fultz, PN	<i>PNAS</i> 83 (14):5286–90 (1986)
		VIF VPR VPX		
SMM.US.-.PBJC	L03296	NEF REV TAT VIF VPX	Fultz, PN	<i>PNAS</i> 83 (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PBJD	L03297	NEF REV TAT VIF VPX	Fultz, PN	<i>PNAS</i> 83 (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PBJE	L03298	NEF REV TAT VIF VPX	Fultz, PN	<i>PNAS</i> 83 (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PGM53	AF077017	ENV GAG NEF POL REV	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> 72 (11):8841–51 (1998)
		TAT VIF VPR VPX		
SMM.US.-.PT573	AY221511	ENV	Dehghani, H	<i>J Virol</i> 77 (11):6405–18 (2003)
SMM.US.-.PT583	AY221512	ENV	Dehghani, H	<i>J Virol</i> 77 (11):6405–18 (2003)
SMM.US.-.SME543	U72748	ENV GAG NEF POL REV	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 71 (2):1608–20 (1997)
		TAT VIF VPR VPX		
SMM.US.-.SMP209	L20008	ENV	Hynes, NA	<i>ARHR</i> 9 (8):803–6 (1993)
STM.US.-.STM	M83293	ENV GAG NEF POL REV	Novembre, FJ	<i>Virology</i> 186 (2):783–7 (1992)
		TAT VIF VPR VPX		

/ Gag p17 Matrix		
MAC.US.x.239	MGVRSVLSGKKADELEKIRLRPNGKKYML.KHVVWAA.NELDRGLAESLLENKEGCQKILSVLAPLVPTGSENLKSLYNTVCVIWCIAEAKVHTEEAQQIVQRHLVVETGTTETMPKTSRPTAPSS.G	132
H2A.CI.88.UC2	--A----R----G----R----I----R----N----S----T----D----F----L----D----KL----A----A-K-N----P----K.	132
H2A.DE.x.BEN	--A----R----V----G----R----I----K----S----R----D----F----L----D----KLA----A----A-K-N----P----K.	132
H2A.DE.x.PEI2	--A-S----R----V----G----R----I----GK----S----IT----D----F----L----D----G----A----ADK----S----A----P----.	132
H2A.GH.x.GH1	--A----R----S----R----I----K----S----T----D----F----L----D----KL----GA----A-K-S----P----.	132
H2A.GM.87.D194	--A----R----V----R----R----I----T----S----I----E----T----L----D----KLA----A----A-K-NI----P----K.	132
H2A.GM.x.ISY	--AK----R----G----R----I----T----S----I----E----T----L----D----R----G----A----E-A-K-NI----P----K.	132
H2A.GM.x.MCN13	--A----K----T----G----R----I----S----R----T----G----F----D----G----AA----A-K-N----P----K.	132
H2A.GW.86.FG	--A----R----G----R----I----S----T----D----F----D----G----A----A-K-N----P----K.	131
H2A.GW.87.CAM2CG	--A----R----V----G----K----I----S----R----K----D----F----D----R----AL----AA----A-K-D----P----K.	132
H2A.GW.x.ALI	--A----R----R----R----G----Q----I----S----R----K----E----F----V----V----D----G----I----AA----IE-A-K-S----P----E.Q.	132
H2A.GW.x.MDS	--A-S----R----V----G----R----I----S----T----D----F----F----D----KFAR----A----A-K-N----P----.	132
H2A.SN.85.ROD	--A----R----G----R----I----K----S----T----D----M----F----D----G----R----A----A-K----S----E.K.	132
H2AB.CI.90.7312A	--A-G----T----V----G----I----N----S----T----M----F----L----K----D----KLA----S----D----KT----TADK----A----T----.	128
H2B.CI.88.UC1	--A-S----T----V----G----R----C----II----V----S----H----T----F----Y----L----D----K----A----AAD----K----A----P----G.	128
H2B.CI.x.EHO	--A-G----T----V----G----R----I----V----E----R----GS----R----RK----G----F----L----D----K----A----AAD----K----AM----K----SK----T----R.L.	128
H2B.GH.86.D205	--A-G----T----V----G----I----V----S----K----F----I----F----L----D----K----A----AAD----K----A----NK----P----G.	128
H2B.JP.01.KR020	--A-G----T----V----G----C----I----V----Y----S----H----T----E----F----Y----L----V----D----D----K----A----S----AAN----KA----A----K----P----.	128
H2G.CI.x.ABT96	--A-S----V----G----S----L----Q----V----KV----A----I----P----.	132
H2U.FR.96.12034	--A-X----V----V----A----L----A----E----A----K----A----X----P----G----.	132
MAC.US.x.251.BK28	--A----G----.	132
MAC.US.x.92050	--X----R----.	132
MAC.US.x.MM142	--A----G----.	132
MAC.US.x.SMM142B	--A----G----.	132
MNE.US.82.MNE_8	--A----G----.	132
MNE.US.x.MNE027	--A----G----D----A----A----.	132
SMM.SL.92.SL92B	--A-G----V----G-R----II----R----S----S----R----A----M----FS----V----L----M----D----KT----S----S----A-KL-AQ----P----.	130
SMM.US.02.YNPRC_FAL	--A----V----T----R----I----L----V----.	132
SMM.US.02.YNPRC_FCP	--A----G----S----R----I----L----R----.	132
SMM.US.02.YNPRC_FKL	--A----V----T----R----I----L----R----.	132
SMM.US.02.YNPRC_FUP	--A----V----T----R----I----L----R----.	132
SMM.US.02.YNPRC_FVN	--A----G----R----LF----R----.	132
SMM.US.02.YNPRC_FWS	--A----V----T----R----I----I----.	132
SMM.US.02.YNPRC_FYN	--A-S----V----R----I----R----.	132
SMM.US.03.TNPRC_D215	--A-S----V----G----II----R----R----I----.	132
SMM.US.03.TNPRC_M924	--A-H----K----S----T----R----I----I----.	132
SMM.US.03.TNPRC_M934	--A----V----S----L----.	132
SMM.US.77.CNPRC_CFU212	--A-S----V----G----S----.	132
SMM.US.81.NIRC_CFU233	--A-S----V----G----I----.	132
SMM.US.85.TNPRC_F102X----R----I----.	105
SMM.US.86.NIRC_CFU212	--A-S----V----G----T----.	132
SMM.US.86.NIRC_CFU226	--A-S----V----G----R----I----.	132
SMM.US.89.TNPRC_G930	--A----V----T----I----S----F----L----.	132
SMM.US.90.TNPRC_F100	--A----V----R----Q----L----R----V----A----.	132
SMM.US.93.TNPRC_D178	--A-S----V----R----I----.	132
SMM.US.93.TNPRC_E042	--A-H----V----S----R----T----.	132
SMM.US.93.TNPRC_M920X*----IFX----L----T----IA----L----.	107
SMM.US.95.TNPRC_D171	--A----R----L----T----IA----.	132
SMM.US.95.TNPRC_D175X----R----.	105
SMM.US.95.TNPRC_D176	--A----X----R----R----I----R----R----R----.	133
SMM.US.95.TNPRC_E045	--A-S----V----R----X----T----I----L----R----R----.	132
SMM.US.95.TNPRC_G932	--A----V----T----I----.	132
SMM.US.95.TNPRC_M939	--A----R----T----I----.	132
SMM.US.95.TNPRC_M942	--A-S----V----R----.	132
SMM.US.97.TNPRC_G080X----F----R----I----L----R----.	105
SMM.US.x.F236_H4	--A----E----V----D----R----L----.	132
SMM.US.x.H9	--A----G----I----.	132
SMM.US.x.PBJ14_15	--A----G----R----K----I----L----.	132
SMM.US.x.PBJA	--A----G----R----Q----I----L----.	132
SMM.US.x.PBJ_143	--A----G----R----I----.	132
SMM.US.x.PBJ_6P6	--A----G----R----K----I----L----.	132
SMM.US.x.PGM53	--A----E----V----D----.	132
SMM.US.x.SME543	--A----E----V----D----.	132
STM.US.x.STM	--A-S----V----G----S----IT----E----F----V----K----ANK----A----P----R----.	132

HIV-2/SIVsmm protein alignment: GAG

Gag p17 matrix \/ p24 Capsid		
MAC.US.x.239	GNYPVQQ. IGGNYVHLPLSPRTLNAVKLIEKKFGAEVVPGFQALSEGCTPYDINQMLNCVGDHQAAMQIIRDIINEEAADWDLQH..PQ..PAPQQQLREPSGSIDIAGTSSVDEQIQWMYRQQNPPIPGVNI	262
H2A.CI.88.UC2	--F---.A---.V-----V-----Q-----E-----A---.I.PGPLPA---D-R-----T-----V-----	263
H2A.DE.x.BEN	-----A---.V-----V-----E-----S---.I.PGPLPA---D-R-----T-----P---V-----	263
H2A.DE.x.PEI2	-----A---S-V-----V-----E-----V---.I.PGPLPA---R-----T-E---F-A-----	263
H2A.GH.x.GH1	R-F---TG---I-V-----V-D-----E-----D---A---.I.PGPLPA---R-----T-E-----P---V-----	264
H2A.GM.87.D194	--F---.A---I-V-----V-----E-----A---.I.PGPLPA---D-R-----T-----P---V-----	263
H2A.GM.x.ISY	--F---.V-----V-----E-----V---.I.PGPLPA---R-----T-----E---E-V-----	263
H2A.GM.x.MCN13	--F---.V---T-V-----V-----E-----V---.I.PGPLPA---R-----T-----F-P---V-----	263
H2A.GW.86.FG	.-F---.VA---T-I---G-----V-----E-----VA---.I.PGPLPA---R-----T-E---F-P---V-----	261
H2A.GW.87.CAM2CG	----S---T-V-----V-----E-----AN---.I.PGPLPA---D-R-----T-E---F-A---V-----	263
H2A.GW.x.ALI	--F---.VA---T-V-----D-----E-----VA---.I.PGPLPA---R-----T-E---F-PR---V-----	263
H2A.GW.x.MDS	----N---T-V-----V-----E-----A---.I.PGPLPA---R-----T-----F-A---V-----	263
H2A.SN.85.ROD	----H.V---T-I---V-----E-----E-V---.I.PGPLPA---R-----T-E---F-P---V-----	263
H2AB.CI.90.7312A	.-S---.VA---V-----V---L-----E-----V-E---Q---.V.PGPLPA---D-R-----T-E---G-S-----	258
H2B.CI.88.UC1	-----A---M-----V-----E-----Q---.I.PGPLPA---D-R-----T-E---A---V-----	258
H2B.CI.x.EHO	.A---.A---S-----V-----E-----Q---.S.PGPMPA---R-----T-E---P---V-----	258
H2B.GH.86.D205	----LA---V-----V-----E-----Q---.S.PGPMPA---D-R-----T-E---A---V-----	258
H2B.JP.01.KR020	-----VA---T-----V-----E-----D---Q---.S.PGPMPA---D-R-----T-E---P-----	258
H2G.CI.x.ABT96	-----V-----V-----L-----E-----E-X---.QGP-PA-X-T-----TIE---TH-----X	263
H2U.FR.96.12034	-----A---V-----E-----E-D---T---N.QGP-PA---R-----T-E---P-----	263
MAC.US.x.251.BK28	-----.	262
MAC.US.x.92050	-----.	262
MAC.US.x.MM142	-----T-----S-----L-----.	262
MAC.US.x.SMM142B	-----T-----S-----L-----.	262
MNE.US.82.MNE_8	-----V-----T-----E-----E-----Q-----T-----	262
MNE.US.x.MNE027	-----T-----I-----E-----E-----Q-----T-----	262
SMM.SL.92.SL92B	-----V-N---T-----V-----E-----E-----PRG-Q---QPA-G-----TPS---E---A---V---D-----	263
SMM.US.02.YNPRC_FAL	-----V-----V-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-E-----	263
SMM.US.02.YNPRC_FCP	-----V-----V-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-E-----	263
SMM.US.02.YNPRC_FKL	-----V-----V-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-E-----	263
SMM.US.02.YNPRC_FUP	-----V-----V-----E-----V-E-----PGPLPA---R-----T-E-----	263
SMM.US.02.YNPRC_FVN	-----V-----T-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-E-----	263
SMM.US.02.YNPRC_FWS	-----V-----T-----V-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-K-----	263
SMM.US.02.YNPRC_FYN	-----V-----V-----E-----E-----KE-----PGPLPA---R-----T-EK-----	263
SMM.US.03.TNPRC_D215	-----V-----I-Q---V-----E-----E-----PGPLPA---T-----T-----V-----	263
SMM.US.03.TNPRC_M924	-----V-----T-----V-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-E-----	263
SMM.US.03.TNPRC_M934	-----V-----V-----E-----V-E-----PGPLPA---R-----T-E-----	263
SMM.US.77.CNPRC_CFU212	-----V-----V-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-E-----	263
SMM.US.81.NIRC_CFU233	-----V-----V-----E-----E-----PGPIPA---R-----T-E-----V-----	263
SMM.US.85.TNPRC_F102	-----V-----V-----E-----E-----QGPLPA---R-----T-----	236
SMM.US.86.NIRC_CFU212	-----V-----V-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-E-----	263
SMM.US.86.NIRC_CFU226	-----V-----V-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-E-----	263
SMM.US.89.TNPRC_G930	-----V-----T-----V-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-E-----	263
SMM.US.90.TNPRC_F100	-----V-----V-----E-----V-E-----PGPLPA---R-----T-E-----	263
SMM.US.93.TNPRC_D178	-----V-----V-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-----V-----	263
SMM.US.93.TNPRC_E042	-----V-----T-----V-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-E-----	263
SMM.US.93.TNPRC_M920	-----V-----T-----V-----E-----E-----PGPIPA---R-----T-----	238
SMM.US.95.TNPRC_D171	-----V-----T-----V-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-----V-----	263
SMM.US.95.TNPRC_D175	-----V-----T-----V-----E-----E-----PMGPIPA---D-R-----T-E---E-----	237
SMM.US.95.TNPRC_D176	-----V-----T-----V-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-E-----	264
SMM.US.95.TNPRC_E045	-----A-----V-----R-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-----	263
SMM.US.95.TNPRC_G932	-----V-----T-----V-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-E-----	263
SMM.US.95.TNPRC_M939	-----T-----V-----E-----MV-E-----PGPLPA---R-----T-----	263
SMM.US.95.TNPRC_M942	-----V-----V-----E-----V-E-----PGPLPA---R-----T-E-----	263
SMM.US.97.TNPRC_G080	-----V-----V-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-----	236
SMM.US.x.F236_H4	-----V-----V-----E-----E-----X-----PGPIPA---X-----TX-----X-----	263
SMM.US.x.H9	-----V-----T-----V-----E-----E-----PGPIPP---R-----T-----	263
SMM.US.x.PBJ14_15	-----T-----T-----E-----E-----PGPIPP---R-----T-----	263
SMM.US.x.PBJA	-----T-----T-----E-----E-----PGPIPP---R-----T-----	263
SMM.US.x.PBJ_143	-----V-----T-----V-----E-----E-----X-----PGPIPA---X-----TX-----X-----	263
SMM.US.x.PBJ_6P6	-----T-----T-----E-----E-----PGPIPP---R-----T-----	263
SMM.US.x.PGM53	-----T-----V-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-E-----	263
SMM.US.x.SME543	-----V-----V-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-E-----	263
STM.US.x.STM	-----V-----V-----L-----E-----KE-----M-----PPGPLPA-----PE-----	264

HIV-2/SIVsmm
proteins

634

HIV-2/SIVsmm protein alignment: GAG

	Gag p24 Capsid \/ p2	\/ p9	NC	
MAC.US.x.239	YRRWIQLGLQKCVRMYNPTNILDVKQGPKEFQSYVDRFYKSLRAEQTDAAVKNWMTQTLIIONANPDCKLVLKGLGVNPTLEEMLTACQGVGGPGQKARLMAEALKEALAPVPI.PFAAAQQR.GPRK.PIKCW			394
H2A.CI.88.UC2	-I-----V-----S-----A-P-----V-----M-----T-P-----R.T-R--			392
H2A.DE.x.BEN	-I-----K-----I-----P-----M-----MG-S-----A.RY-			392
H2A.DE.x.PE12	-I-----P-----V-----M-----I-----A-----R.T--			392
H2A.GH.x.GH1	-I-----P-----M-----I-----T-P-----V.R-			393
H2A.GM.87.D194	-I-----S-----P-----M-----S-----T.A-----R.A-R--			392
H2A.GM.x.ISY	-I-----S-----P-----M-----I-----MR.A-----KR.A-			391
H2A.GM.x.MCN13	-I-----I-----P-----M-----T-----T.A-----KR.T--			392
H2A.GW.86.FG	-I-----IN-----P-----M-----T-----VM.A-----TF			390
H2A.GW.87.CAM2CG	-I-----S-----P-----M-----M-----MG.P-----R.T--			392
H2A.GW.x.ALI	-I-----I-----P-----M-----M-----MT.A-----R.T--			392
H2A.GW.x.MDS	-I-----I-----P-----M-----M-----MT.A-----R.T--			392
H2A.SN.85.ROD	-I-----I-----P-----M-----M-----VIG.A-----AF			392
H2AB.CI.90.7312A		-A-T--RA--E--V--PH-----T.A-----K.AG-RGTVT--		391
H2B.CI.88.UC1	-I-----I-----P-----M-----I-----T.A-----K.AGKRGTVT--			391
H2B.CI.x.EHO	-I-----I-----P-----M-----I-----T-STN-----P.AGKR.TVT-			390
H2B.GH.86.D205	-I-----I-----P-----M-----I-----T-A-----V.K.AGKRGTVT--			391
H2B.JP.01.KR020	-I-----P-----V-----M-----I-----T-P.L-----V.AGKRGAVT--			391
H2G.CI.x.ABT96	-X-----X-----P-----M-----X-----N-TAL-----KT-GKRST--			397
H2U.FR.96.12034	-I-----P-----M-----I-----Q.M-----V.G--R.VR--			396
MAC.US.x.251_BK28			-K.-	394
MAC.US.x.92050			-A.-	394
MAC.US.x.MM142			-A.-	394
MAC.US.x.SMM142B			-A.-	394
MNE.US.82.MNE_8	S-----P-----M-----G.L-----K.			394
MNE.US.x.MNE027	K-----IR-----P-----M-----K-----G.L-----K.			394
SMM.SL.92.SL92B			M-D--TGSLVAAQFRGAAKGQGN-PI-R-F	398
SMM.US.02.YNPRC_FAL	IN-----G-----M-----			307
SMM.US.02.YNPRC_FCP	I-----G-----			307
SMM.US.02.YNPRC_FKL	IN-R-----G-----			307
SMM.US.02.YNPRC_FUP	I-----G-----			307
SMM.US.02.YNPRC_FVN				307
SMM.US.02.YNPRC_FWS				307
SMM.US.02.YNPRC_FYN				307
SMM.US.03.TNPRC_D215	I-----C-----			293
SMM.US.03.TNPRC_M924	V-----I-----			295
SMM.US.03.TNPRC_M934	I-----T-----			295
SMM.US.77.CNPRC_CFU212				303
SMM.US.81.NIRC_CFU233	M-----N-----			303
SMM.US.85.TNPRC_F102				280
SMM.US.86.NIRC_CFU212				303
SMM.US.86.NIRC_CFU226				303
SMM.US.89.TNPRC_G930				292
SMM.US.90.TNPRC_F100				293
SMM.US.93.TNPRC_D178	I-----			307
SMM.US.93.TNPRC_E042	V-----I-----S-----X-KG.			295
SMM.US.93.TNPRC_M920				283
SMM.US.95.TNPRC_D171				295
SMM.US.95.TNPRC_D175				268
SMM.US.95.TNPRC_D176				296
SMM.US.95.TNPRC_E045	V-----R-----S-----			303
SMM.US.95.TNPRC_G932				308
SMM.US.95.TNPRC_M939				295
SMM.US.95.TNPRC_M942				303
SMM.US.97.TNPRC_G080	M-----			280
SMM.US.x.F236_H4	I-----S-----P-----M-----R-DQL-----V.K.-Q-.T--			395
SMM.US.x.H9	X-----S-----P-X-----XI-----X-----D-TQG.L-----X-V-K.-QX.I-X-X			395
SMM.US.x.PBJ14_15				395
SMM.US.x.PBJA				395
SMM.US.x.PBJ_143	X-----P-----I-----I-----D-TQG.L-----V.K.-Q-.I--			395
SMM.US.x.PBJ_6P6				395
SMM.US.x.PGM53				395
SMM.US.x.SME543				395
STM.US.x.STM	V-----T-----A-PS-----R-----M-----VFQ-D-L-----Q.-.R.TV--			395

	p8 NC \ p1	\ / p6	PTAP motif	PSAP motif in HIV-2 B and U	
MAC.US.x.239	NCGKEGHRSARQCRAPRQRQGCWKGKMDHVMAKCPDRQAGFLGLGPWGKKPRNFPMAQVHQGLMPTAPPEDPAVDLLKNYMQLKGQQ.....			REKQRESREKPYK.EVTEDLLHLNSLFGGDQ*	511
H2A.CI.88.UC2	-K-----PG-I-N-----M-SR-----V-AP-----I-----A---A-EK-L-Q-RK-.REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-T-RR.-A-----K--				522
H2A.DE.x.BEN	--D-----PG-I-N-E-----R-----VT-AP-----I-----A---AE-ER---O-RK-.REQRERPYKEVTEDLLHL-Q-O-T-HR.-E-----K--				522
H2A.DE.x.PE12	--D-----SG----N-E-----I-----VTR-P-T-----A---A-EK-L-Q-RK-.KEQKMRPYKEVTEDLLHL-QG-T-H-A-----K--				522
H2A.GH.x.GH1	--K-----TG-----E-----M-----V-APP-----I-----A-----ER-Q-RE-.REQRERPYKEVTEDLLHL-QGKA-HR.-A-----K--				523
H2A.GM.87.D194	--K-----SG-I-N-E-----M-R-Q-----A-AP-----I-----I-----EK-Q-RK-.REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-T-HR.GA-----K--				522
H2A.GM.x.ISY	--K-----SG-I-N-----V-----VPSS-----T-----M-----EK-Q-RK-.REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-T-HR.-T-----N--				521
H2A.GM.x.MCN13	--WS-----PG-I-N-----V-----M-R-----V-----P-----T-----V-----E-----Q-R-.REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-A-CR.-T-----*K-				522
H2A.GW.86.FG	--PG-I-TN-----I-----V-----P-----T-----L-----E-----Q-R-.REQRERPYKEVTEDLLHL-QA-T-CR.-T-----K--				520
H2A.GW.87.CAM2CG	--PG-I-TN-----I-----V-----P-----T-----L-----E-----Q-R-.REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-A-CR.-T-----K--				522
H2A.GW.x.ALI	--K-----PG-L-N-E-----VTR-P-T-----AE-A-EQ-Q-RK-.REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-T-H-----K--				522
H2A.GW.x.MDS	--TG-I-----I-----V-----P-----T-----A-----EK-Q-RK-.REQRERPYKEVTEDLLHL-QGKT-C.-T-----T--				522
H2A.SN.85.ROD	--PG-I-TN-----V-----P-----T-----V-----E-----Q-R-.REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-T-REPP-----K--				523
H2AB.CI.90.7312A	--G-T-K-----PG-N-N-E-----P-EIV-S-MNT-EGKTHQGAIPSAPPADPAVEMLKSYMQLGKQ--KQGR-----E--				522
H2B.CI.88.UC1	--V-T-K-----QG-I-S-E-----T-P-VT-S-M-EGMTPRGATPSAPPADPAVEMLKSYMKGRO-----R-----E--				522
H2B.CI.x.EHO	--A-T-K-----QQG-I-S-E-----F-----XX-AP-IV-S-MN-FGMTPQGAIPSAPPADPAEEMLKKNYMQL GK-K-N-R-----E--				521
H2B.GH.86.D205	--Q-T-----TG-I-S-E-----F-----T-P-VT-S-MN-EGMTPRGATPSAPPADPAVEMLKSYMQMGRQ-----E--				522
H2B.JP.01.KR020	--I-T-K-----QG-I-S-E-----F-----V-AP-IL-S-MN-ENMTPQGAMPSAPPADPAVEMLKDYMLGK-KGG-----E--				522
H2G.CI.x.ABT96	--TV-----PG-I-E-----F-----T-P-T-S-M-----X-RK-----K-Q-N-----XX-S-----D--				510
H2U.FR.96.12034	--T-K-----E-PG-N-S-ETKV-----E-----P-T-----AE-----TPTAPPADPA...VDLLKSYMQQGK-K-N-R-----N--				523
MAC.US.x.251_BK28			T-----		507
MAC.US.x.92050					511
MAC.US.x.MM142			N-----T-----E-----H-----G-----		507
MAC.US.x.SMM142B			N-----T-----E-----H-----G-----		507
MNE.US.82.MNE_8	--T-----Q-G-----F-----M-----T-----.			KR-----E--	507
MNE.US.x.MNE027	--T-----Q-G-----F-----M-----T-----.			KR-----A-----E--	507
SMM.SL.92.SL92B	--T-----K-----EEGRIQ-N-NQK-----TT-----S-----D--ARIV-E-LEKAQRE-----KTR-SR-----E--				508
SMM.US.02.YNPRC_FAL					307
SMM.US.02.YNPRC_FCP					307
SMM.US.02.YNPRC_FKL					307
SMM.US.02.YNPRC_FUP					307
SMM.US.02.YNPRC_FVN					307
SMM.US.02.YNPRC_FWS					307
SMM.US.02.YNPRC_FYN					307
SMM.US.03.TNPRC_D215					293
SMM.US.03.TNPRC_M924					295
SMM.US.03.TNPRC_M934					295
SMM.US.77.CNPRC_CFU212					303
SMM.US.81.NIRC_CFU233					303
SMM.US.85.TNPRC_F102					280
SMM.US.86.NIRC_CFU212					303
SMM.US.86.NIRC_CFU226					303
SMM.US.89.TNPRC_G930					292
SMM.US.90.TNPRC_F100					293
SMM.US.93.TNPRC_D178					307
SMM.US.93.TNPRC_E042					295
SMM.US.93.TNPRC_M920					283
SMM.US.95.TNPRC_D171					295
SMM.US.95.TNPRC_D175					268
SMM.US.95.TNPRC_D176					296
SMM.US.95.TNPRC_E045					303
SMM.US.95.TNPRC_G932					308
SMM.US.95.TNPRC_M939					295
SMM.US.95.TNPRC_M942					303
SMM.US.97.TNPRC_G080					280
SMM.US.x.F236_H4	--K-----TG-----E-----MP-----I-----KM-RK-----N-R-----E--				508
SMM.US.x.H9	--X-----F-----X-----AG-----E-----MP-----T-X-----KV-RR-----N-R-----E--				508
SMM.US.x.PBJ14_15	--X-----AG-----E-----MP-----T-----KM-RR-----N-R-----E--				508
SMM.US.x.PBJA	--X-----AG-----E-----MP-----T-----KM-RR-----N-R-----E--				508
SMM.US.x.PBJ_143	--X-----X-----AG-----E-----MP-----T-X-----KV-RR-----N-R-----E--				508
SMM.US.x.PBJ_6P6	--X-----AG-----E-----MP-----T-----KM-RR-----N-R-----E--				508
SMM.US.x.PGM53	--K-----TG-----E-----MP-----T-----R-KM-RK-----N-R-----E--				508
SMM.US.x.SME543	--G-----TG-----E-----F-----MP-----I-----KM-RK-----N-R-----E--				508
STM.US.x.STM	--A-T-K-KG-----QQG-Q-----E-V-----F-----H-----IP-----T-----A-RS-----K-----KT-----E--				508

HIV-2/SIV_{smm} proteins

HIV-2/SIVsmm protein alignment: POL

637

	Protease \/ Pol p51 Reverse Transcriptase	246
MAC.US.x.239	IGGFINTKEYNVEIEVLGKRIKGTIMGDTPINIFGRNLLTALGMSLNFPPIAKVEPVKVALPGKDGPKLKQWPLSKEKIVALREICEK.MEKDGQLEEAPPTNPYNTPTFAIKKKDKNKWRMLIDFREL	246
H201_AE.US.91.PAX-E--R-----R--S-----	39
H2A.CI.88.UC2	-----K-N-VRA-----I-----L-V-RI-I-IT-----R-----T-VE-K-----E-----	259
H2A.DE.x.BEN	-----K-N-VRA-----I-----L-V-I-I-T-----R-----T-E-K-----E-----	259
H2A.DE.x.PEI2	-----K-N-KV-A-----I-----L-V---D-I-I-----VR-----T-E-K-----RE-----	259
H2A.GH.x.GH1	-I-I-K-N-VRA-----I-----L---I-I-T-----R-R-----T-E-K-----E-----	259
H2A.GM.87.D194	-----K-N-VRA-----I-AT-----L-V-LD-I-T-----R-----T-E-K-----RE-----	259
H2A.GW.x.ISY	-----D-R-N-KVRA-----I-----L-V-I-T-----QR-----TR-----E-----RE-----	259
H2A.GM.x.MCN13	-----K-----KVRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-E-K-----RE-----	259
H2A.GW.86.FG	-----V-A-----V-----L-V-I-I-IM-----R-----T-E-K-----E-----	259
H2A.GW.87.CAM2CG	-----VRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-R-----T-E-K-----E-----	259
H2A.GW.x.ALI	-----ED-K-N-V-A-----I-----L-V-I-IE-R-----R-----T-E-K-----T-RE-----	259
H2A.GW.x.MDS	-----VRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-E-K-----RE-----	259
H2A.SN.85.ROD	-----N-KVRA-----I-----L-V-----I-IM-----R-----T-E-K-----E-----	260
H2AB.CI.90.7312A	-----I-----V-KVRS-----I-NT-----T-----V-I-----Q-----IR-----L-----E-----S-----	260
H2B.CI.88.UC1	-----D-----V-----VRA-----I-NT-----T-----V-I-----K-----IR-----L-K-----E-----R-----	260
H2B.CI.x.EHO	-----N-----V-----VRA-V-----I-NS-----T-----V-RI-----Q-----E-----IR-----L-K-----E-----S-----	259
H2B.GH.86.D205	-----D-----V-----VRA-----I-NT-----T-----V-----E-----IR-----R-----L-K-----E-----	260
H2B.JP.01.KR020	-----V-----K-RA-----I-NT-----T-----V-----I-----K-----IR-----L-K-----X-----E-----R-----	261
H2C.LR.x.2238	0
H2D.LR.90.F0784PA	0
H2D.LR.90.FORTC2	94
H2G.CI.x.ABT96X-----E-----V-----I-----R-----M-----R-----E-----K-----RE-----S-----	242
H2U.FR.96.12034	-----K-V-----QA-V-----I-VK-----R-----M-----IR-----Q-----D-----QE-----T-----	242
MAC.US.x.251_BK28	-E-----KFH-N-K---T-R-----E-----G-EAL-IGG-----R-----LE-K-----E-----	256
MAC.US.x.92050	-----K-----L-----T-----V-----	242
MAC.US.x.MM142	-----L-----SP-----L-----SP-----	242
MAC.US.x.SMM142B	-----L-----SP-----.	242
MNE.US.82.MNE_8	-----K-----E-----T-----R-----T-----R-----.	242
MNE.US.x.MNE027	242
SMM_SI.92.SL92B	-----RT-K-----V-RE-L-----I-A-----V-----Y-V-----YT-----K-E-M-----R-----Q-----T-----E-----R-----N-----D-----	239
SMM.US.02.YNPRC_FBL	0
SMM.US.02.YNPRC_FIP	0
SMM.US.03.TNPRC_D215	0
SMM.US.03.TNPRC_G932	0
SMM.US.79.NIRC_6001_G930	0
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	0
SMM.US.79.NIRC_CFU212	0
SMM.US.79.NIRC_CFU233	0
SMM.US.81.TNPRC_G930	0
SMM.US.82.NIRC_6007_G932	0
SMM.US.84.TNPRC_F104	0
SMM.US.85.TNPRC_F104	0
SMM.US.86.NIRC_6001_G930	0
SMM.US.86.NIRC_6002_G931	0
SMM.US.86.NIRC_CFU226	0
SMM.US.86.NIRC_CFU232	0
SMM.US.86.NIRC_CFU233	0
SMM.US.91.TNPRC_G931	0
SMM.US.94.TNPRC_G080	0
SMM.US.94.TNPRC_M927	0
SMM.US.95.TNPRC_D175	0
SMM.US.95.TNPRC_D177	0
SMM.US.95.TNPRC_F102	0
SMM.US.95.TNPRC_G932	0
SMM.US.x.F236_H4	-----D-K-K-----V-----M-----L-----I-T-----E-----R-----I-----.	242
SMM.US.x.H9	-----D-K-K-----V-----M-----L-----X-I-T-----R-----I-----.	242
SMM.US.x.PBJ14_15	-----D-K-K-----V-----M-----L-----I-T-----R-----I-----.	242
SMM.US.x.PBJA	-----D-K-K-----V-----M-----L-----I-T-----R-----I-----.	242
SMM.US.x.PBJ_143	-----D-K-K-----V-----M-----L-----X-I-T-----R-----I-----.	242
SMM.US.x.PBJ_6P6	-----D-K-K-----V-----M-----L-----I-T-----R-----I-----.	242
SMM.US.x.PGM53	-----D-K-K-----V-----M-----L-V-----I-T-----R-----I-----.	242
SMM.US.x.SME543	-----D-K-K-----V-----M-----I-T-----E-----R-----I-----.	242
STM.US.x.STM	-----F-----N-----K-----V-----T-----I-----E-----K-----.	242

HIV-2/SIVsmm
proteins

	catalytic Asp	catalytic site Asp Asp	
MAC.US.x.239	NRVTQDFTEVQLGIPHAGLAKRKKRITVLDIGDAYFSIPLDEFRQYTAFTLPSVNNAEPGKRYIYKVLPGWKGSPAIFQYTMRHVLEPFRKANPDVTLVQYMDDILIASDRTLEHDRVVLQSKELLNS		377
H201_AE.US.91_PA	-KA-----KEMEQ-----V--P-----I---Q-----V--E---Q-----S-L-I-----L-G-N-SMT----M-V-L-DM--N		370
H2A.CI.88.UC2	-K-----I-----K-----V-----Y-D-P-----V-----QI-----I-I-----G-K-L-G		390
H2A.DE.x.BEN	-K-----I-----K-SI-V-----H-D-----A-M-----H-Q-----I-I-----G-K-L-G		390
H2A.DE.x.PEI2	-K-E-I-----KR-----H-D-----T-----H-Q-----I-----T-L-G		390
H2A.GH.x.GH1	-I-----K-----V-----H-D-----E-V-----FM-QI-----I-I-----G-K-L-G		390
H2A.GM.87.D194	-I-----K-----V-----H-D-----E-V-----FM-QI-----I-I-----G-K-L-G		390
H2A.GM.x.ISY	-K-----KR-----V-----Y-D-----Q-----I-----II-----K-L-G		390
H2A.GM.x.MCN13	-K-----I-----K-----H-D-----I-----Q-----L-III-----K-L-N		390
H2A.GW.86.FG	-K-----I-----KR-----V-----H-D-----QI-----E-III-----K-L-G		390
H2A.GW.87.CAM2CG	-K-----I-----KR-----V-----H-D-----Q-----S-I-I-----K-L-N		390
H2A.GW.x.ALI	-K-----I-----KR-----V-----H-S-----H-QI-----Q-I-I-----K-L-G		390
H2A.GW.x.MDS	-K-----I-----KR-----V-----H-D-----Q-----Q-III-----L-G		390
H2A.SN.85.ROD	-K-----I-----KR-----V-----H-D-P-----H-Q-----K-III-----L-G		391
H2AB.CI.90.7312A	-K-E-----EKR-----I-V-----V-PD-----I-----S-K-D-R-N-II-----V-S-K-S-L-D		391
H2B.CI.88.UC1	-K-----EKR-----V-----PN-----I-----S-K-D-S-III-----S-S-L-D		391
H2B.CI.x.EHO	-K-E-----SK-----V-----V-PD-----A-----L-----AK-D-N-II-V-S-L-N		390
H2B.GH.86.D205	-K-----NWVF-TRQV-EKR-----I-V-----PN-----QS-C-S-K-D-S-III-----S-S-L-D		390
H2B.JP.01.KR020	-K-----E-----PD-----SVVK-----D-I-----V-S-L-D		392
H2C.LR.x.2238		0
H2D.LR.90.FOT84PA		0
H2D.LR.90.FORTC2	-K-----V-----R-----V-----K-----T-----R-----NI-----S-I-----K-L-D		225
H2G.CI.x.ABT96		373
H2U.FR.96.12034	-S-----EK-----V-----C-D-----I-----T-----NL-----E-AVII-----N-QL-S-L-K		387
MAC.US.x.251_BK28		373
MAC.US.x.92050		377
MAC.US.x.MM142		373
MAC.US.x.SMM142B		373
MNE.US.82.MNE_8	-K-----V-----V-----H-N-----V-----L-----V		373
MNE.US.x.MNE027	-K-----V-----V-----H-N-----V-----L-----V		373
SMM_SI.92.SL92B		370
SMM.US.02.YNPRC_FBL		0
SMM.US.02.YNPRC_FIP		0
SMM.US.03.TNPRC_D215		0
SMM.US.03.TNPRC_G932		0
SMM.US.79.NIRC_6001_G930		0
SMM.US.79.NIRC_6007_G932		0
SMM.US.79.NIRC_CFU212		0
SMM.US.79.NIRC_CFU233		0
SMM.US.81.TNPRC_G930		0
SMM.US.82.NIRC_6007_G932		0
SMM.US.84.TNPRC_F104		0
SMM.US.85.TNPRC_F104		0
SMM.US.86.NIRC_6001_G930		0
SMM.US.86.NIRC_6002_G931		0
SMM.US.86.NIRC_CFU226		0
SMM.US.86.NIRC_CFU232		0
SMM.US.86.NIRC_CFU233		0
SMM.US.91.TNPRC_G931		0
SMM.US.94.TNPRC_G080		0
SMM.US.94.TNPRC_M927		0
SMM.US.95.TNPRC_D175		0
SMM.US.95.TNPRC_D177		0
SMM.US.95.TNPRC_F102		0
SMM.US.95.TNPRC_G932		0
SMM.US.x.F236_H4	-K-----R-----V-----N-----I-----L-G		373
SMM.US.x.H9	-K-----X-----R-----V-----XH-X-N-----I-----L		373
SMM.US.x.PBJ14_15	-K-----R-----V-----H-N-----I-----L		373
SMM.US.x.PBJA	-K-----R-----V-----H-N-----I-----L		373
SMM.US.x.PBJ_143	-K-----X-----R-----V-----XH-X-N-----I-----L		373
SMM.US.x.PBJ_6P6	-K-----R-----V-----H-N-----I-----L		373
SMM.US.x.PGM53	-K-----R-----V-----H-N-G-----I-----L		373
SMM.US.x.SME543	-K-----R-----V-----N-----I-----L-G		373
STM.US.x.STM	-K-----I-----R-----V-----G-----NI-----R-----I-----L-N		373

HIV-2/SIVsmm protein alignment: POL

639

MAC.US.x.239	IGFSTPEEKFQKDPPFQWMGYELWPTKWLQKIELPQRETWTVNDIQKLGVLNWAQIYPGIKTKHLTRLRGKMTLTEEVQWTEMAAEAYEENKIILSQEQEGCYYQEGKPLEATVIKSQDNQWSYKIH	508
H201_AE.US.91.PA	L-----D--RE-LK---L-Y-K-----EK-R-----I-----V-----N-----K-----LS---LA-----G---R---R-EEN----L-N-----	301
H2A.CI.88.UC2	L-----D-----O-----K-----I-----S-----L-----L-----R-----D-----H-----E-----E-----I-----Q-----T-----	521
H2A.DE.X.BEN	L-----D-----C-----I-----Q-----KDI-----S-----L-----L-----R-----D-----H-----E-----E-----I-----Q-----T-----	521
H2A.DE.X.PEI2	L-----D-----YK-----Q-----K-V-----L-----L-----R-----D-----H-----E-----E-----Q-----D-----T-----	521
H2A.GH.x.GH1	L-----D-----L-----I-----Q-----K-I-----K-----L-----L-----R-----D-----H-----E-----E-----I-----Q-----N-----T-----	521
H2A.GM.87.D194	L-----D-----Q-----K-I-----K-----L-----L-----S-----EEE-----A-----	521
H2A.GM.x.ISY	L-----D-----Y-----Q-----K-V-----K-----P-----L-----L-----H-----E-----E-----Q-----D-----T-----V-----	521
H2A.GM.x.MCN13	L-----D-----YH-----Q-----KDV-----R-----K-----L-----L-----H-----E-----E-----Q-----D-----T-----V-----	521
H2A.GW.86.FG	L-----D-----YR-----Q-----K-V-----L-----L-----R-----K-----H-----E-----K-----Q-----D-----T-----V-----	521
H2A.GW.87.CAM2CG	L-----D-----YR-----Q-----K-V-----L-----L-----R-----H-----E-----E-----Q-----D-----T-----T-----	521
H2A.GW.x.ALI	L-----D-----YK-----G-----Q-----K-V-----H-----G-----L-----R-----H-----E-----E-----Q-----D-----T-----	521
H2A.GW.x.MDS	L-----D-----YR-----Q-----K-V-----I-----L-----L-----RV-----H-----E-----E-----Q-----D-----T-----V-----	521
H2A.SN.85.ROD	L-----D-----YH-----Q-----K-I-----L-----L-----R-----H-----E-----E-----Q-----D-----E-----T-----	522
H2AB.CI.90.7312A	M-----K-----QI-E-V-----LF-----R-I-----K-----L-----MQ-----G-----S-----K-----V-----Q-NLA-----T-----	522
H2B.CI.88.UC1	M-----K-----KR-----Q-----EK-V-----LF-----R-I-K-----L-----LQ-----E-----S-----K-----V-----Q-NLA-----T-----	522
H2B.CI.x.EHO	M-----K-----K-----Q-----EK-V-----LF-----R-I-K-----L-----FQ-----E-----S-----K-----V-----Q-NLA-----T-----	521
H2B.GH.86.D205	M-----K-----K-----Q-----EK-V-----A-----LF-----R-I-K-----L-----LQ-----E-----S-----K-----RV-----Q-NLA-----T-----	521
H2B.JP.01.KR020	M-----K-----K-----Q-----E-----R-----LF-----R-I-----L-----FQ-----E-----S-----K-----I-----Q-NLA-----T-----	523
H2C.LR.x.2238	0
H2D.LR.90.F0784PA	0
H2D.LR.90.FORTC2	L-----L-----YH-----D-----K-----S-----V-----D-----	356
H2G.CI.x.ABT96	X-----D-----Y-----X-----K-----N-XEK-----X-----L-----N-XK-----X-----L-----LQ-----X-X-----A-----K-XE-X-----Q-NL-----T-----V-----	504
H2U.FR.96.12034	T-----D-----HK-----K-----E-DV-----V-----K-----K-----FA-----A-----R-EEN-----L-N-----T-----	518
MAC.US.x.251.BK28	504
MAC.US.x.92050	508
MAC.US.x.MM142	---S-----S-----	504
MAC.US.x.SMM142B	---S-----S-----	504
MNE.US.82.MNE.8	504
MNE.US.x.MNE027	504
SMM.SL.92.SL92B	L-----D-----N-----L-----L-Y-K-----EK-R-----N-----KM-----L-----LA-----R-----N-----R-----R-DE-----L-N-----	501
SMM.US.02.YNPRC_FBL	0
SMM.US.02.YNPRC_FIP	0
SMM.US.03.TNPRC_D215	0
SMM.US.03.TNPRC_G932	0
SMM.US.79.NIRC_6001_G930	0
SMM.US.79.NIRC_6007_G930	0
SMM.US.79.NIRC_CFU212	0
SMM.US.79.NIRC_CFU233	0
SMM.US.81.TNPRC_G930	0
SMM.US.82.NIRC_6007_G932	0
SMM.US.84.TNPRC_F104	0
SMM.US.85.TNPRC_F104	0
SMM.US.86.NIRC_6001_G930	0
SMM.US.86.NIRC_6002_G931	0
SMM.US.86.NIRC_CFU226	0
SMM.US.86.NIRC_CFU232	0
SMM.US.86.NIRC_CFU233	0
SMM.US.91.TNPRC_G931	0
SMM.US.94.TNPRC_G080	0
SMM.US.94.TNPRC_M927	0
SMM.US.95.TNPRC_D175	0
SMM.US.95.TNPRC_D177	0
SMM.US.95.TNPRC_F102	0
SMM.US.95.TNPRC_G932	0
SMM.US.x.F236_H4	504
SMM.US.x.H9	504
SMM.US.x.PBJ14_15	---S-----N-----P-----P-----P-----	504
SMM.US.x.PBJA	504
SMM.US.x.PBJ_143	504
SMM.US.x.PBJ_6P6	504
SMM.US.x.PGM53	504
SMM.US.x.SME543	504
STM.US.x.STM	L-----DV-----K-----A-----A-----Q-----R-----D-----V-----D-----	504

HIV-2/SIVsmm
proteins

640

HIV-2/SIVsmm protein alignment: POL

	p51 Reverse Transcriptase \/ Pol p15 RNase H	
MAC.US.x.239		638
H201_AE.US.91_PA	-G-R-----PQ-----S-V-----	332
H2A.CI.88.UC2	--E-----Y-----Q-V-----L---RI-----RET-----DN-----V-----T-----G-----P-T-----F-----R-----V-----R-----R-----	651
H2A.DE.x.BEN	--E-----Y-----Q-V-----L---RI-----RET-----DN-----D-----V-----T-----G-----P-A-----F-----R-----V-----R-----	651
H2A.DE.x.PEI2	--E-----Y-----Q-V-----L---RI-----RET-----DN-----D-----V-----A-----P-----F-----R-----R-----RI-----	651
H2A.GH.x.GH1	--E-----Y-----Q-V-----L---RI-----RET-----DN-----V-----T-----G-----P-A-----F-----R-----R-----R-----	651
H2A.GM.87.D194	-GERV-----Y-----Q-V-----L---R-----R-T-----DN-----V-----V-----T-----G-----P-T-----F-----R-----V-----R-----R-----S	651
H2A.GM.x.ISY	-GE-----Y-----Q-V-----L---RI-----RET-----DN-----D-----V-----A-----P-A-----F-----R-----R-----RI-----	651
H2A.GM.x.MCN13	-GE-----Y-----Q-V-----LI---RI-----RET-----D-----D-----V-----A-----PRT-----F-----R-----V-----R-----RM-----	651
H2A.GW.86.FG	-GE-----G-X-Y-----X-----Q-V-----L---RI-----R-T-----DN-----D-----V-----A-----GE-VP-----A-----F-----R-----R-----	652
H2A.GW.87.CAM2CG	--E-----Y-----H-----K-----Q-V-----L---*-----RE-----DN-----D-----V-----A-----G-----P-T-----F-----R-----V-----R-----I	651
H2A.GW.x.ALI	-GE-----E-----Y-M-----Q-V-----L---RI-R-----RET-----D-----D-----V-----A-----L-A-----F-----P-----R-----R-----	651
H2A.GW.x.MDS	-GE-T-----Y-V-----Q-V-----L---RI-----REI-----D-----D-----V-----P-A-----F-----R-----V-----K-R-----	651
H2A.SN.85.ROD	--E-----Y-V-----I-----Q-V-----L---RI-----REI-----DN-----D-----V-----A-----G-----P-A-----F-----R-----V-----K-----	652
H2AB.CI.90.7312A	-GN-V-----Y-V-----I-----V-----I-----I-M-----RET-D-----V-----AY-----L-KV-----RT-----V-----R-----P-----	652
H2B.CI.88.UC1	-GNR-----Y-V-----V-----L-----EI-V-----RET-D-----V-----AY-----L-KV-----RA-----V-----	652
H2B.CI.x.EHO	-G-----Y-V-----V-----L-----EI-M-----RET-D-----V-----I-----AY-----L-V-----A-----V-----P-----	651
H2B.GH.86.D205	-GN-V-----Y-V-----V-----L-----EI-V-----RET-D-----V-----I-----AY-----L-R-----RT-----V-----	651
H2B.JP.01.KR020	-G-R-----R-----Y-V-----L-T-----EI-M-----RET-D-----V-----I-----AY-----L-V-----RT-----V-----A-----	653
H2C.LR.x.2238	0
H2D.LR.90.F0784PA	0
H2D.LR.90.FORTC2	486
H2G.CI.x.ABT96	-G-----Y-----V-----R-----S-----I-R-----S-----V-----E-L-KT-----F-V-----HR-----V-----DRE-T-A-Q-----	634
H2U.FR.96.12034	-GNR-----Y-----V-X-----L-----KL-F-----R-T-----D-----V-----H-----Y-----E-L-QT-----T-X-----V-----X-----	634
MAC.US.x.251_BK28	-G-RT-----V-----V-----KI-M-----RE-----VLD-----V-----AY-----E-LL-----RA-----Q-----V-----R-----P-----	647
MAC.US.x.92050	634
MAC.US.x.MM142	634
MAC.US.x.SMM142B	634
MNE.US.82.MNE_8	634
MNE.US.x.MNE027	634
SMM_SI.92.SL92B	-G-R-----I-----N-V-----SL-----KT-F-----RE-----D-----A-----I-----K-----V-----I-----RN-----V-----E-LP-----A-----	631
SMM.US.02.YNPRC_FBL	0
SMM.US.02.YNPRC_FIP	0
SMM.US.03.TNPRC_D215	0
SMM.US.03.TNPRC_G932	0
SMM.US.79.NIRC_6001_G930	0
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	0
SMM.US.79.NIRC_CFU212	0
SMM.US.79.NIRC_CFU233	0
SMM.US.81.TNPRC_G930	0
SMM.US.82.NIRC_6007_G932	0
SMM.US.84.TNPRC_F104	0
SMM.US.85.TNPRC_F104	0
SMM.US.86.NIRC_6001_G930	0
SMM.US.86.NIRC_6002_G931	0
SMM.US.86.NIRC_CFU226	0
SMM.US.86.NIRC_CFU232	0
SMM.US.86.NIRC_CFU233	0
SMM.US.91.TNPRC_G931	0
SMM.US.94.TNPRC_G080	0
SMM.US.94.TNPRC_M927	0
SMM.US.95.TNPRC_D175	0
SMM.US.95.TNPRC_D177	0
SMM.US.95.TNPRC_F102	0
SMM.US.95.TNPRC_G932	0
SMM.US.x.F236_H4	--V-----V-----L-----E-----REI-----D-----V-----E-----Q-A-----F-V-----R-----R-----V-----R-----A-L-----	634
SMM.US.x.H9	--S-----V-----I-----R-----XEI-----V-----E-----O-A-----F-V-----R-----R-----V-----RG-T-L-----	634
SMM.US.x.PBJ14_15	--V-----R-----REI-----V-----E-----Q-A-----F-V-----R-----R-----V-----R-----A-L-----	634
SMM.US.x.PBJA	--V-----R-----REI-----V-----E-----Q-A-----F-V-----R-----R-----V-----R-----A-L-----	634
SMM.US.x.PBJ_143	--V-----R-----XEI-----V-----E-----Q-A-----F-V-----R-----R-----V-----RG-T-L-----	634
SMM.US.x.PBJ_6P6	--V-----R-----REI-----V-----E-----Q-A-----F-V-----R-----R-----V-----R-----A-L-----	634
SMM.US.x.PGM53	--VE-----REI-----V-----E-----Q-A-----F-V-----R-----R-----V-----R-----A-P-----	634
SMM.US.x.SME543	--V-----V-----L-----E-----REI-----D-----V-----E-----Q-A-----F-V-----R-----R-----V-----R-----A-L-----	634
STM.US.x.STM	--.-----I-----RE-----A-----V-----E-L-----T-----F-V-----R-----N-----A-----	634

HIV-2/SIVsmm protein alignment: Pol

641

	Pol p15 RNase H \ / Pol p31 Integrase	768
MAC.US.x.239		
H201_AE.US.91_PA		332
H2A.CI.88.UC2	-A--A--V--VASQ--I--D--EAV--I--V--E--I--IH--I--QL--N--AQ-	781
H2A.DE.x.BEN	V--R--A--V--VA--Q--N--I--EAV--V--E--I--II--TH--I--LL--NS--AQ-	781
H2A.DE.x.PEI2	A--VA--Q--K--ETL--V--E--I--SH--I--KL--N--AQ-	781
H2A.GH.x.GH1	A--T--VV--Q--I--D--EAV--V--R--E--M--TH--I--QL--N--AQ-	781
H2A.GM.87.D194	A--A--V--VA--Q--N--I--D--EAV--V--E--I--TH--I--QL--N--AQ-	781
H2A.GM.x.ISY	A--V--V--V--V--Q--A--I--K--EA--R--G--AH--NL--N--AQ-	781
H2A.GM.x.MCN13	A--VA--Q--I--EA--V--Q--E--I--SH--I--KL--N--AQ-	781
H2A.GW.86.FG	A--VA--Q--N--I--EA--V--E--I--SH--I--KL--N--AHV-	782
H2A.GW.87.CAM2CG	A--VA--Q--N--I--EA--V--E--T--CH--DI--QL--N--AQY-	781
H2A.GW.x.ALI	AL--V--VA--Q--N--I--EA--V--E--SH--NL--N--AQ-	781
H2A.GW.x.MDS	A--VV--Q--N--I--EA--V--E--SH--QL--N--AQ-	781
H2A.SN.85.ROD	A--SASQ--KI--EA--V--E--SH--I--NL--NS--AQ-	782
H2AB.CI.90.7312A	AL--Q--QV--VA--Q--T--PI--K--EA--G--L--V--E--G--H--I--QL--K--NS--	782
H2B.CI.88.UC1	AL--Q--QV--VA--Q--T--P--EA--G--R--L--V--E--G--H--QL--K--NS--	782
H2B.CI.x.EHO	AL--Q--QV--VAAQ--T--PI--RE--EK--G--L--V--E--N--H--I--QL--NS--	781
H2B.GH.86.D205	AL--E--QV--AAQ--T--PI--AK--EAV--G--L--V--E--G--H--I--QL--K--NS--	781
H2B.JP.01.KR020	AL--Q--QV--AAQ--T--PI--KT--V--EA--G--L--V--HI--N--E--G--H--I--QL--K--NS--	783
H2C.LR.x.2238	XL--A--Q--T--P--R--L--R--EAV--IS--L--V--ERF--A--TH--I--NL--K--N--HV--	102
H2D.LR.90.FOT84PA	XI--VA--Q--K--EA--I--V--D--E--I--KL--I--	102
H2D.LR.90.FORTC2	L--Q--VA--Q--K--EA--I--R--D--E--I--KL--I--	616
H2G.CI.x.ABT96	X--A--Q--V--X--AXQ--T--P--K--X--EXL--G--V--X--EXF--TH--I--QL--K--NSYHS-	764
H2U.FR.96.12034	A--E--V--VT--I--A--Q--T--P--SK--L--R--EAV--G--V--E--QH--I--QL--K--N--HV--	777
MAC.US.x.251_BK28	T--T--S--I--L--K--	764
MAC.US.x.92050	T--T--S--I--L--K--	764
MAC.US.x.MM142	T--T--S--I--L--K--	764
MAC.US.x.SMM142B	T--T--S--I--L--K--	764
MNE.US.82.MNE_8	A--T--T--L--K--	764
MNE.US.x.MNE027	T--L--K--	764
SMM.US.92.SL92B	Q--L--L--K--PS--V--VVT--LN--Q--S--D--DI--A--QLVQ--EAV--IG--N--V--R--S--D--AQ--YNI--QL--K--NA--N--	761
SMM.US.02.YNPRC_FBL	X--V--E--L--K--A--	59
SMM.US.02.YNPRC_FIP	X--V--ER--Y--I--L--K--	59
SMM.US.03.TNPRC_D215	X--V--D--E--Y--I--L--K--	59
SMM.US.03.TNPRC_G932	X--E--L--K--	59
SMM.US.79.NIRC_6001_G930	X--E--L--K--	59
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	X--E--L--K--	59
SMM.US.79.NIRC_CFU212	X--V--E--Y--I--L--K--	59
SMM.US.79.NIRC_CFU233	X--V--E--Y--I--L--K--	59
SMM.US.81.TNPRC_G930	X--E--L--K--	59
SMM.US.82.NIRC_6007_G932	X--E--L--K--	59
SMM.US.84.TNPRC_F104	X--R--R--	59
SMM.US.85.TNPRC_F104	X--V--E--L--K--	59
SMM.US.86.NIRC_6001_G930	X--E--L--K--	59
SMM.US.86.NIRC_6002_G931	X--E--L--K--	59
SMM.US.86.NIRC_CFU226	X--V--E--Y--I--L--K--	59
SMM.US.86.NIRC_CFU232	X--E--L--K--	59
SMM.US.86.NIRC_CFU233	X--V--E--Y--I--L--K--	59
SMM.US.91.TNPRC_G931	X--E--L--K--	59
SMM.US.94.TNPRC_G080	X--ER--Y--I--L--K--	59
SMM.US.94.TNPRC_M927	X--V--E--I--L--K--	59
SMM.US.95.TNPRC_D175	X--E--I--L--K--I--	59
SMM.US.95.TNPRC_D177	X--ER--Y--I--L--K--A--	59
SMM.US.95.TNPRC_F102	X--E--I--L--K--	59
SMM.US.95.TNPRC_G932	X--E--L--K--	59
SMM.US.x.F236_H4	YL--A--A--Q--EA--V--XK--E--K--X--L--K--	765
SMM.US.x.H9	YL--A--VA--Q--K--EA--X--E--V--E--E--K--X--L--K--	764
SMM.US.x.PBJ14_15	SL--A--VA--Q--EA--V--E--E--L--K--	764
SMM.US.x.PBJA	YL--A--VA--Q--EA--V--E--E--L--K--	764
SMM.US.x.PBJ_143	YL--A--VA--Q--EA--X--V--E--X--L--K--	764
SMM.US.x.PBJ_6P6	YL--A--VA--Q--EA--V--E--L--K--	764
SMM.US.x.PGM53	YL--A--A--Q--EA--V--E--I--L--K--H--	764
SMM.US.x.SME543	YL--A--VA--Q--EA--V--E--I--L--K--R--	764
STM.US.x.STM	A--A--V--Q--K--EA--V--E--I--L--K--	764

HIV-2/SIVsmm proteins		
MAC.US.x.239	HQKGEAIHGQANSSDLGTWQMDCTHLEGKIIIVAVHVVASGFIEAEVIPQETGRQTAFLKLAGRWPITHLHTDNGANFASQEVKMVAWWAGIEHTFGVPYNPQSQGVVEAMNHHLKNQIDRIREQANSVET	899
H201_AE.US.91_PA	332
H2A.CI.88.UC2	Q-----V-AEI-V-----S-----S-----P-T-----V-QS-----S-----T-----	912
H2A.DE.x.BEN	Q-----V-AEI-V-----Y-----S-----S-----P-T-----V-QS-----S-----TI-----	912
H2A.DE.x.PE12	Q-----VDAE-----S-----S-----T-----T-----S-----TM-----	912
H2A.GH.x.GH1	Q-----V-AEI-V-----S-----S-----S-T-----I-QS-----S-----TI-----	912
H2A.GM.87.D194	Q-----V-AEI-V-----S-----S-----P-T-----I-QS-----S-----TI-----	912
H2A.GM.x.ISY	Q-----V-AE-----S-----S-----T-----V-QS-----E-----TM-----	912
H2A.GM.x.MCN13	Q-----VDAE-----S-----S-----T-----V-QS-----S-----T-----	912
H2A.GW.86.FG	Q-----V-AE-----V-----S-----S-----T-----V-Q-----T-----	913
H2A.GW.87.CAM2CG	Q-----V-AEV-----S-----S-----T-----V-Q-----S-----T-----	912
H2A.GW.x.ALI	Q-----V-AE-----V-I-----S-----S-----S-V-T-----V-QS-----S-----T-----	912
H2A.GW.x.MDS	Q-----V-A-----V-----S-----S-----T-----I-QS-----S-----D-----T-----	912
H2A.SN.85.ROD	Q-----V-AE-----S-----S-----T-----I-QS-----S-----TI-----	913
H2AB.CI.90.7312A	Q-----V-V-AE-----V-----S-----T-D-----V-Q-----D-V-I-----	913
H2B.CI.88.UC1	Q-----V-V-AE-----V-----S-----T-D-A-I-Q-----D-V-I-----	913
H2B.CI.x.EHO	Q-----V-E-----V-----S-----T-D-A-I-Q-----D-V-I-----	912
H2B.GH.86.D205	Q-----V-A-----S-----S-----T-PS-----V-Q-----L-D-V-I-----	912
H2B.JP.01.KR020	Q-----V-AE-----S-----T-D-A-I-V-Q-----D-V-I-----	914
H2C.LR.x.2238	Q-----V-A-----V-----A-----T-----V-V-----TM-----	233
H2D.LR.90.FO784PA	-R-----V-AE-----V-----S-----T-----V-Q-----K-D-----	233
H2D.LR.90.FORTC2	-R-----V-AE-----VT-----.....	657
H2G.CI.x.ABT96	Q-----V-AE-----V-----V-----T-----V-QA-----S-----K-K-D-I-----	895
H2U.FR.96.12034	Q-----M-V-TEV-----VV-----T-----V-----E-----TM-----	908
MAC.US.x.251_BK28	-----V-----V-----S-----	895
MAC.US.x.92050	-----X-----S-----	899
MAC.US.x.MM142	-----V-----V-----S-----	895
MAC.US.x.SMM142B	-----V-----V-----S-----	895
MNE.US.82.MNE_8	-----V-----S-----	895
MNE.US.x.MNE027	-----V-----S-----T-----	895
SMM.SL.92.SL92B	Q-----T-AEV-----V-----R-----I-S-K-----T-----L-V-QS-----DL-KN-K-E-----	892
SMM.US.02.YNPRC_FBL	-R-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----I-----	190
SMM.US.02.YNPRC_FIP	-R-----V-----V-----S-----T-----Q-----M-----	190
SMM.US.03.TNPRC_D215	-----V-AE-----V-----S-----T-----Q-----TH-D-I-----	190
SMM.US.03.TNPRC_G932	-----V-----V-----S-----T-----Q-----I-----	190
SMM.US.79.NIRC_6001_G930	-----V-----V-----S-----T-----I-----	190
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	-----V-----V-----S-----T-----I-----	190
SMM.US.79.NIRC_CFU212	-----V-A-----V-----S-----T-----TN-----T-----	190
SMM.US.79.NIRC_CFU233	-----V-A-----V-----S-----T-----TN-----T-----	190
SMM.US.81.TNPRC_G930	-----V-----V-----S-----T-----I-----	190
SMM.US.82.NIRC_6007_G932	-----V-----V-----S-----T-----I-----	190
SMM.US.84.TNPRC_F104	-----V-E-----R-V-----I-----R-----	190
SMM.US.85.TNPRC_F104	-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----I-----	190
SMM.US.86.NIRC_6001_G930	-----V-----V-----S-----T-----I-----	190
SMM.US.86.NIRC_6002_G931	-----V-----V-----S-----T-----I-----	190
SMM.US.86.NIRC_CFU226	-----V-A-----V-----S-----T-----TN-----T-----	190
SMM.US.86.NIRC_CFU232	-----V-----V-----S-----TA-----T-----	190
SMM.US.86.NIRC_CFU233	-----V-A-----V-----S-----T-----TN-----T-----	190
SMM.US.91.TNPRC_G931	-----V-----V-----S-----T-----I-----	190
SMM.US.94.TNPRC_G080	-----V-----V-----S-----T-----Q-----M-----	190
SMM.US.94.TNPRC_M927	-----V-AE-----S-----S-----T-----Q-----T-----I-----	190
SMM.US.95.TNPRC_D175	-----V-AE-----V-----S-----T-----Q-----T-----	190
SMM.US.95.TNPRC_D177	-----V-V-----V-----S-----T-----DQ-----M-----	190
SMM.US.95.TNPRC_F102	Q-----V-TE-V-----V-----S-----T-----E-----	190
SMM.US.95.TNPRC_G932	-----V-----V-----S-----T-----I-----	190
SMM.US.x.F236_H4	-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----I-----	896
SMM.US.x.H9	-L--X---V-XX-----G-----X-----S-----T-----X-Q-X-----T-----I-----	895
SMM.US.x.PBJ14_15	-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----IVS-----I-----	895
SMM.US.x.PBJA	-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----I-----	895
SMM.US.x.PBJ_143	-----X-V-XX-----G-----X-----S-----T-----X-Q-X-----T-----I-----	895
SMM.US.x.PBJ_6P6	-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----IVS-----I-----	895
SMM.US.x.PGM53	-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----I-----	895
SMM.US.x.SME543	-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----I-----	895
STM.US.x.STM	-----V-AE-----S-----V-----T-----Q-----T-----D-T-----	895

HIV-2/SIVsmm protein alignment: POL

643

	Pol p31 Integrase end \	
MAC.US.x.239	IVLMAVHCMNFRRGGIGDMTPAERLINMITTEQEIQFQQSKNSKFKNFRVYYREGRDQLWKGPGEELLWKGEGAVILKVGTDIKVVPRRKAKIIKYGGKEVDSSSHMEDTGEAR.EVA*	1019
H201_AE.US.91.PA	332
H2A.CI.88.UC2	-L-R--N-K-Q-----V-A-----R---RQ-L--P-L-GAR-DG-----	1032
H2A.DE.x.BEN	-L-R--N-Q-----V-----R---RQ-L--P-L-GAR-DG--M-CPCQVPEIQ	1040
H2A.DE.x.PEI2	-LHA--L--F-----D-V--I-----R---RR-----L-G-R-DG-----	1032
H2A.GH.x.GH1	-L-R--N-Q-----D-V-A-I-----R---RQ-L--HLEGARE-DG-----	1032
H2A.GM.87.D194	-L-R--N-K-Q-----D-V-A-----R---RQ-L--L-GAR-DG-----	1032
H2A.GM.x.ISY	-L-A--L-F-N-Q-----D-V--I-----R---PRQ-M-G-L-GAR-DG--M-----	1032
H2A.GM.x.MCN13	-T-----LHA--L--F-----D-V-----R---RQ-L--G-L-GAR-DG--M-----	1032
H2A.GW.86.FG	-I-----L-A--L-F-----D-V-E-----RQ-M-G-L-GAR-DG--M-----	1033
H2A.GW.87.CAM2CG	S-----L-A--L-F-----D-V-II-----R---RQ-L--L-GAR-NG-----	1032
H2A.GW.x.ALI	S-----L-T-L-P-----D-V-----R---RQ-L--GP-L-GAR-DG-----	1032
H2A.GW.x.MDS	S-----L-A--L-F-----D-V--I-----R---RQDM-GP-L-G-R-DG-----	1032
H2A.SN.85.ROD	I-----S-----L-A--L-D-F-----LV--II-----R---RQ-M-G-L-GAR-DG--M-----	1033
H2AB.CI.90.7312A	V---A---V-----F-A--L-Q-Q-----I---E--I-----RH---L-C-TDV--RQ--M-QSSQVSEA*	1041
H2B.CI.88.UC1	V---A---V-----F-A--L-Q-Q-----LI---E--I-----RH---L-CGTD--RQ--M-QSGQVPEA*	1041
H2B.CI.x.EHO	V---T---IV-----L-T-L-Q-----D-----I---E--I-----RN---L-C-ADV--MQ-----QSN*IPEI*	1040
H2B.GH.86.D205	V---T---V-----F-A--L-Q-Q-----I---E-----RH---GL-C-AD--RQ--M-QSD*	1035
H2B.JP.01.KR020	V---A---IV--A-----L-T-KL-Q-F-----I---E--I-----N---L-C-AN--Q--M-QPSQISET*	1042
H2C.LR.x.2238	-----	236
H2D.LR.90.F0784PA	-----	236
H2D.LR.90.FORTC2	-----	657
H2G.CI.x.ABT96	-----I-----T-----I-----E-----TN--RQTG-----	1015
H2U.FR.96.12034	-----A-----I-----S-----L-----AD-----LI-----I-----R-----L---NL-GAEKV--M-LPDQTPEYX	1036
MAC.US.x.251_BK28	-----	1015
MAC.US.x.92050	-----	1019
MAC.US.x.MM142	-----	1015
MAC.US.x.SMM142B	-----	1015
MNE.US.82.MNE_8	-----L-----V-----	1015
MNE.US.x.MNE027	-----L-----	1015
SMM.US.92.SL92B	L---A---IV-----L-T-YLN-Q---Q-----A-----VI--E-----RQ-MG-AS--Q*KNSGAL-----	1013
SMM.US.02.YNPRC_FBL	-----	203
SMM.US.02.YNPRC_FIP	-----	203
SMM.US.03.TNPRC_D215	V---T-----	203
SMM.US.03.TNPRC_G932	-----	203
SMM.US.79.NIRC_6001_G930	-----	203
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	-----	198
SMM.US.79.NIRC_CFU212	-----	198
SMM.US.79.NIRC_CFU233	-----	203
SMM.US.81.TNPRC_G930	-----	198
SMM.US.82.NIRC_6007_G932	-----	203
SMM.US.84.TNPRC_F104	-----	203
SMM.US.85.TNPRC_F104	-----	203
SMM.US.86.NIRC_6001_G930	-----	203
SMM.US.86.NIRC_6002_G931	-----	203
SMM.US.86.NIRC_CFU226	-----	203
SMM.US.86.NIRC_CFU232	-----	203
SMM.US.86.NIRC_CFU233	-----	203
SMM.US.91.TNPRC_G931	-----	198
SMM.US.94.TNPRC_G080	-----	203
SMM.US.94.TNPRC_M927	-----	203
SMM.US.95.TNPRC_D175	-----	203
SMM.US.95.TNPRC_D177	-----	198
SMM.US.95.TNPRC_F102	-----	198
SMM.US.95.TNPRC_G932	-----	198
SMM.US.x.F236_H4	-----V-----E-----L-G-L-----	1016
SMM.US.x.H9	I--I-----V-----E-----L-G-L-----	1015
SMM.US.x.PBJ14_15	-----V-----E-----L-G-L-----	1015
SMM.US.x.PBJA	-----V-----E-----L-G-L-----	1015
SMM.US.x.PBJ_143	I-----V-----E-----L-G-L-----	1015
SMM.US.x.PBJ_6P6	-----V-----E-----L-G-L-----	1015
SMM.US.x.PGM53	-----V-----E-----L-GP-L-----	1015
SMM.US.x.SME543	-----V-----E-----L-G-L-----	1015
STM.US.x.STM	V-----K-L-----V-----G-L-R-G-----	1015

HIV-2/SIVsmm proteins

MAC.US.x.239	MEEEEEKRWIAVPTWIRPER.L.ERWHSLIKYLKYTKDLQKVCYVPHFKVGAWWTCRIVFPLQEGLSHLEVQGYWHILTPEKGWLSTYAVRITWYSKNFWTDVTNPYADILLHSTYFPCFTAGEVRRAIRG	128
H2A.CI.88.UC2	--G-S-V--V-G-M---V---R---EG-R---H-----KGE---I-A-N---SHS-L---TEK---DC---I-C-A-----	128
H2A.DE.x.BEN	--DRN-V--V-G-M.-K-A-V---R---EE-R---H-----GK---I-A-N---SH-L---TEK---DC---I-S-----	128
H2A.DE.x.PE12	--GE---V---V-G-M.-K---V---HR---EG---H-----GN---I-A-N---S---L---TER---DC-S-I-S-----	128
H2A.GH.x.GH1	--G-N-V--V-G-RM---V---R-R---EE-R---H-----GKE---I-A-N---SHS---TER---D---I-S-----	128
H2A.GM.87.D194	--G-N-V--V-G-M---V-H---R---EE-R---H-----EGE---I-A-N---SHS-L---TEK---DC-S-I-S-----	128
H2A.GM.x.ISY	--DQG---V-G-M.-K---R---EQ-R---H-----KGN---I-A-N---S-S-M---EG---DC-T-I-S-----	128
H2A.GM.x.MCN13	--G-N-V--V-G-M.-K---V---R---ED---H-----KGN---I-A-N---S-S-M---TER---DC-S-I-S-----	128
H2A.GW.86.FG	--G---V-I-V-G-M---V---R---E---H-----K-N---I-A-N---SHS---TEK---DC-T-I-S-----	128
H2A.GW.87.CAM2CG	--G-S---V-G-M.-K---V---G-EQ---H-----RGD-R---I-A-N---S-S-M---TEK---DC-T-I-S-----	128
H2A.GW.x.ALI	--G-S-V--V-G-M.-K---V---R---E---H-----GR---I-A-N---S---TEK---DC-S-I-G-S-----	128
H2A.GW.x.MDS	--G-T-V--V-G-M.-K---V---EE-R---H-----KGN---I-A-N---S---L---TER---DC-S-I-T-A-----	128
H2A.SN.85.ROD	--D---V---V-G-M.-K---V---E---H-----KGN---I-A-N---S-S---TEK---DC-V-I-----	128
H2A.x.x.JAU2	--D---V---V-G-M.-K---V---R---E---H-----K---I-A-N---S---TEK---DC-S-I-G-S-----	128
H2AB.CI.90.7312A	--G-N-V--K-G-.--K---V---HR-GE-Q-S---H-----KG-AC---N---R-F-S---L---EES-Y---DV-Q-G-S-N-----	128
H2B.CI.88.UC1	--G-N-V--G-.--K---V---HR-E-Q-S---H-----K-EAY---N---R-F-S---L---KRS-Y---DV-Q-G-S-S-N-----	128
H2B.CI.x.EHO	--N-C---R---Q-S---H-----K-A---N---R-F-S---L---ERS-Y---DV-R-GS-SS-N-----	128
H2B.GH.86.D205	--D-V---G---R-GE-Q-S---H-----I-NK-AW---N---R-F-S---L---ER-Y---DV-Q-G-S-S-S-N-----	128
H2B.JP.01.KR020	--N---G---K---V---HR-E-EQ-T---H-----K-AY---I---N---R-F-A---L---K-S-Y---DV-H-GS-F-N-----	128
H2G.CI.x.ABT96	--G---K---F-F---AV---H-----TKEA---I---N---Q---L---TRK-Y---ET-Q-G-S-D-----	128
H2U.FR.96.12034	--N-V---V-R---H-X-N-E---H-----KK---A-N---S---L---TRG---DC-Q-GS-S-----	128
MAC.US.x.17EC1	-----	128
MAC.US.x.17EFR	-----	128
MAC.US.x.1937	-----	128
MAC.US.x.2065	-----	128
MAC.US.x.251_1A11	-----	128
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----	128
MAC.US.x.251_BK28	-----	128
MAC.US.x.80035	-----	128
MAC.US.x.81035	-----	128
MAC.US.x.85013	-----	128
MAC.US.x.92050	-----	128
MAC.US.x.92077	-----	128
MAC.US.x.93057	-----	128
MAC.US.x.95058	-----	128
MAC.US.x.95086	-----	128
MAC.US.x.95112	-----	128
MAC.US.x.96016	-----	128
MAC.US.x.96020	-----	128
MAC.US.x.96072	-----	128
MAC.US.x.96081	-----	128
MAC.US.x.96093	-----	128
MAC.US.x.96114	-----	128
MAC.US.x.96123	-----	128
MAC.US.x.BK28_H824	-----	128
MAC.US.x.MAC239_87082	-----	128
MAC.US.x.MM142	--V---A---H-----N---R---D---E-----	128
MAC.US.x.SMM142B	--V---A---H-----N---R---D---E-----	128
MNE.US.82.MNE_8	-----	128
MNE.US.x.MNE027	-----	128
SMM.US.92.SL92B	--G---V---V---SR-.IV---C-FH---RE-E-A---H---Y-A---E---V-N---S---EK---DV-Q-A-A-HA-Q-----	129
SMM.US.x.BPZ_m12	--N-V---K-G-.K---FR---A---H-----RDE---N-A---RK---D-T-G-SE-----	128
SMM.US.x.F236_H4	--N-V---H-N---MA---H-----RDET---N-A---R---D-T-SE-K-----	128
SMM.US.x.H9	--N-V---G---K---H-N---A---H-----RDEA---N-X---R---A-D-T-G-SE-----	128
SMM.US.x.PBJ14_15	--N-V---G---K---H-N---A---H-----KDEA---N---R---D-T-G-SE-----	128
SMM.US.x.PBJA	--N-V---G---K---H-N---A---H-----KDEA---N---R---D-T-G-SE-----	128
SMM.US.x.PBJC	--N-V---G---K---H-N---A---H-----KDEA---N---R---D-T-G-SE-----	128
SMM.US.x.PBJD	--N-V---G---K---H-N---A---H-----KDEA---N---R---D-T-G-SE-----	128
SMM.US.x.PBJE	--N-V---G---K---H-N---A---H-----KDEA---N---R---D-T-G-SE-----	128
SMM.US.x.PBJ_143	--N-V---G---K---H-N---A---H-----RDEA---N-X---R---A-D-T-G-SE-----	128
SMM.US.x.PBJ_6P6	--N-V---G---K---H-N---A---H-----KDEA---N---R---D-T-G-SE-----	128
SMM.US.x.PGM53	--N-V---K---G---K---FR---A---H-----RDE---N-A---RK---D-T-G-SE-----	128
SMM.US.x.SME543	--N-V---H-N---MA---H-----RDET---N-A---H---R---DC-T-SE-Q-----	128
STM.US.x.STM	--V---G---H-N-E-S-A---H-----GEA---N---E---TR-S-DC-Q-G-----	128

MAC.US.x.239	EQLLSCCRFRAHKYQVPSLQYLALKVVS..DVRSGENPTWKQWRRDNRRGLRMAKQNSRGDKQRGKPPKGANFPGLAKVLGILA*	215
H2A.CI.88.UC2	-K----NY-Q--A-----V--QO.ND-P-RKG-AR----HW---V-R-DY-SLE----APR-H--V--E----	216
H2A.DE.x.BEN	-K----NY-Q--A-----V--QO.ND-P-RKGATAR----HW---V-REDH-SL-G-SE-SAPR-H--V--E----	216
H2A.DE.x.PEI2	-K----NY-Q--RSK--L-F--V--QO.NG-P-KNST-R-R-SNYW-F-L-RKDG-H--SE-AS-Y--V--E----	216
H2A.GH.x.GH1	-K----NY-Q--V-----V--QQ.ND-P-RKGATAR----HW---V-R-DY-SL---SE-SAPR-H--V--E----	216
H2A.GM.87.D194	-K----NY-Q--A-----V--QQ.NG-P-RKGAAAR----HW---V-R-DY-SL-G-SE-SAPR-H--V--E----	216
H2A.GM.x.ISY	-KS---NY-Q--SK----F--V--QQ.NDKP-RD-T-R----NY---L-R-DG-SH---SE-AQ-Y--V--E----	216
H2A.GM.x.MCN13	-K----NY-Q--RA----F--V--QQ.ND-P-RNGTFR----Y---QL-R-DG-SH---SES-APR-Y--V-E--E----	216
H2A.GW.86.FG	-K----KY---RS----F--V--QQ.ND---NSA-R-R-G-Y----R-D--Y---SES-PTR-H--E--E----	216
H2A.GW.87.CAM2CG	-K----KY---RS----F--V--QQ.ND-P-RDRT-R----Y---L-R-D-SY---SES-AP-Y--V--E----	216
H2A.GW.x.ALI	-K----NY-Q--S----F--V--QQ.NGKP-RNST-R----Y---V-R-D--L---ES-AP--H--V--E----	216
H2A.GW.x.MDS	-K----NY-Q--S--T-F--V--QQ.NG-P-RDST-R--R-Y-A--L-R-D-SH---ES-APR-Y--V--E----	216
H2A.SN.85.ROD	-K----NY--RA----F--V--QQ.ND-P-RDST-R--R-Y--L--D-SH---SES-PRTY--V-E--E----	216
H2A.x.JAU2	-K----KY-K--S----F--V--QQ.ND-P-RKYTR--YW--V-R-D-G-H--S--APR-Y--V--E----	216
H2AB.CI.90.7312A	-KI--Y-NY-S--EG----F--R-QEGKNG---SA-R--R--S--I--RK-NSRTO-GSSQ-FAPRTY-----	217
H2B.CI.88.UC1	-KI--Y-NY-S--EG----F--R-IQEKGKDGG--SA-R--R--N--SI-L-RK-NNRAQ-GSSQ-LAPRTH-----E----	217
H2B.CI.x.EHO	-KI--H-NY-S--TG----F--R-QEGKDGG--ST-R--R--NS--I--RD-I-TSQ-SSQSLAQ-TY-----E----	217
H2B.GH.86.D205	-KI--Y-NY-S--EG----F--R-QEGKNG---SA-R--R--N--SI-L-RK-NNRAQ-GS-Q-FAPRTY-----E----	217
H2B.JP.01.KR020	-KI--Y-NY-S--RG----F--R-QEGGNPQ--SAAR--R--N--SI--RK-NNRAQ-SSCQSSAQ-TY-----E-----R	217
H2G.CI.x.ABT96	--I---NY-T--R----F--Q--QK.GHG-K--SX-R--R-G----I--RK--XR-Q-DSSQSF-Q--Y-----	216
H2U.FR.96.12034	--N--S--RQ----F--RALQ..-G--KR---R-FR--NC--FQL-RK-CERYQ-GSSATSSQ-TY-----A----	215
MAC.US.x.17EC1	-----	215
MAC.US.x.17EFR	-----	215
MAC.US.x.1937	-----	215
MAC.US.x.2065	-----	215
MAC.US.x.251_1A11	-----	215
MAC.US.x.251_32H_PJ5	--K--R--R--Y-----S-S-----	215
MAC.US.x.251_BK28	--K--R-----S-----D-----	215
MAC.US.x.80035	-----	215
MAC.US.x.81035	-----	215
MAC.US.x.85013	-----	215
MAC.US.x.92050	-----	215
MAC.US.x.92077	-----	215
MAC.US.x.93057	-----	215
MAC.US.x.95058	-----	215
MAC.US.x.95086	-----	215
MAC.US.x.95112	-----	215
MAC.US.x.96016	-----	215
MAC.US.x.96020	-----	215
MAC.US.x.96072	-----	215
MAC.US.x.96081	-----	215
MAC.US.x.96093	-----	215
MAC.US.x.96114	-----	215
MAC.US.x.96123	-----	215
MAC.US.x.BK28_H824	--K--R-----S-S--D--E-----	215
MAC.US.x.MAC239_87082	--R-----H--R--H-----S-V-----E-----	215
MAC.US.x.MM142	--R-----H--R--H-----S-V-----E-----	215
MAC.US.x.SMM142B	--R-----H--R--H-----S-V-----E-----	215
MNE.US.82.MNE_8	--T--R--Y-----S-----S-----VD-----	215
MNE.US.x.MNE027	--N--R--Y-----S-----S-----D-----	215
SMM.SL.92.SL92B	--V--Y-GYAV--HSS-Q--L----LQ.ND-PK-K--R----N-----VT-Y-G-PESNSSTT--RV-----E-----GR	217
SMM.US.x.BPZ_m12	-K----K--K--N----T--H--R-D--N--I--RK--R--GSSES-AE-----	215
SMM.US.x.F236_H4	-K----K--K--N----T--H--D--N--K-----RN-GSS-S-AE-----	215
SMM.US.x.H9	-K----K--K--N----T--H-X--X-----NX--X-L-T--X-RN-GSSESFAX-----X-----	215
SMM.US.x.PBJ14_15	-K----K--K--N----T--H--D--N-----L-R--RN-GSSESFAE-T-----V-----	215
SMM.US.x.PBJA	-K----K--K--N----T--H--D--N-----L-R--RN-GSSESFAE-T-----	215
SMM.US.x.PBJC	-K----K--K--N----T--H--D--N-----L-T--RN-GSSESFA-----	215
SMM.US.x.PBJD	-K----K--K--N----T--H--D--N-----L-T--RN-GSSESFA-----	215
SMM.US.x.PBJE	-K----K--K--N----T--H--D--N-----L-R--RN-GSSESFAE-T-----	215
SMM.US.x.PBJ_143	-K----K--K--N----T--H-X--X-----NX--X-L-T--X-RN-GSSESFAX-----X-----	215
SMM.US.x.PBJ_6P6	-K----K--K--N----T--H--D--N-----L-R--RN-GSSESFAE-T-----	215
SMM.US.x.PGM53	-K----K--K--N----T--H--D--N-----I--RN-GSSESLAE-----	215
SMM.US.x.SME543	-K----K--K--N----T--H--D--N-----GN--RN-GSS-S-AE-----	215
STM.US.x.STM	-K----TK--N-----E..H--R-TAR----G-GSI-V-T--G--H-P--S--S-E-TD-----	215

HIV-2/SIVsmm
proteins

MAC.US.x.239	MSDPRERIPPGNSGEETIGEAFEWLNRTVEEINREAVNHLPRELIFQVWQRSWEYWHDEQGMSPSVYKRYLCLIQKALFMCKKGCRCLGEGHGAGGWPGPPPPPPP.GLA*	113
H2A.CI.88.UC2	-T-----V-----D-I-AL-----R-----L-S-T-----M-M-I-L-----T-G-P-----V-	113
H2A.DE.x.BEN	-T-----V-----E-I-AL-----R-----A-T-----M-I-T-F-R-T-W-----DM-RE-LEDQG-----P-V-	114
H2A.DE.x.PEI2	-A---KTV---G-V---A-E-M-A-----R---DL-Q-T---R-M-Y-M-I-V-----T-G-P-----V-	112
H2A.GH.x.GH1	-T-----V-----D-I-AL-----R-----D-----T-----M-V-I-F-R-T-----G-P-----S-	113
H2A.GM.87.D194	-A---V-----D-I-AL-----A-----T-T-----IM-VYI-F-----T-R-----P-----V-	113
H2A.GM.x.ISY	-TN-T-----E-D-D-A-----R-----R-----T-----M-V-F-----T-R-----P-----S-----V-	113
H2A.GM.x.MCN13	-T-----TV-----E-N-D-A-----R-----Q-T-----M-T-R-T-----G-P-----V-	113
H2A.GW.86.FG	-T-----TV-----E-A-D-A-----H-----R-----T-----M-MY-A-RDGT-----G-M-QK-GDQ-----V-	113
H2A.GW.87.CAM2CG	-T-----TV-----E-A-D-A-----H-----R-----Q-T-----M-V-I-F-R-T-----G-P-----V-	113
H2A.GW.x.ALI	-AN-----TV-----D-AL-----R-----Q-T-----M-MYT-FM-----T-G-P-----S-----V-	113
H2A.GW.x.MDS	-A-----TV-----EQ-A-D-A-----R-----T-T-----M-MYI-GR-----T-R-----P-----V-	113
H2A.SN.85.ROD	-T-----TV-----A-----A-----R-----E-T-----I-VY-VR-----T-R-----P-----V-	113
H2AB.CI.90.7312A	------V-----D-V-A-E-IV-L-----A-R-D-----I-T-----L-----M-V-FA-----T-RG-----P-----R-----.	112
H2B.CI.88.UC1	------V-----D-E-IT-L-V-----C-A-RE-----S-T-----L-M-----M-V-YT-----Q-P-----S-----.	112
H2B.CI.x.EHO	------V-----ET-L-HL-V-----K-A-RE-----I-T-----M-M-I-FA-----G-R-----P-----S-----.	112
H2B.GH.86.D205	------V-----D-V-A-E-IT-L-V-----A-RE-----I-T-----L-M-----M-V-YT-----Q-P-----S-----.	112
H2B.JP.01.KR020	------V-----E-IT-L-V-----A-E-TI-----T-----M-Y-LAR-A-R-----P-----.	112
H2G.CI.x.ABT96	------X-E-D-----E-XT-----I-----R-----A-T-----L-M-----M-V-----T-QK-----P-----Q-----.	112
H2U.FR.96.12034	-G-----E-V-S-E-RD-A-Q-----Q-R-----E-T-----Q-----P-----S-----I-----.	113
MAC.US.x.17EC1	-----.	113
MAC.US.x.17EFR	-----.	113
MAC.US.x.1937	-X-----.	113
MAC.US.x.2065	-----.	113
MAC.US.x.251_1A11	-----.	113
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-V-----.	113
MAC.US.x.251_BK28	-----.	113
MAC.US.x.81035	-----.	113
MAC.US.x.85013	-----.	113
MAC.US.x.92050	-----.	113
MAC.US.x.92077	-----.	113
MAC.US.x.93057	-----.	113
MAC.US.x.93062	-----.	113
MAC.US.x.95058	-----.	113
MAC.US.x.95086	-----.	113
MAC.US.x.95112	-----.	113
MAC.US.x.96016	-----.	113
MAC.US.x.96020	-----.	113
MAC.US.x.96072	-----.	113
MAC.US.x.96081	-----.	113
MAC.US.x.96093	-----.	113
MAC.US.x.96114	-----.	113
MAC.US.x.96123	-----.	113
MAC.US.x.96135	-X-----.	113
MAC.US.x.BK28_H824	-----.	113
MAC.US.x.MAC239_87082	-----.	113
MAC.US.x.MM142	-----.	113
MAC.US.x.SMM142B	-----.	113
MNE.US.82.MNE_8	-----.	113
MNE.US.x.MNE027	-----.	113
SMM.US.x.SL92B	-T-----HN-AL-QT-Q-----R-C-----V-----Y-----A-----VQ-M-----M-Q-FR-----T-R-----SQ-----T-----.	113
SMM.US.x.BPZ_m12	-----E-I-----A-----R-----I-----B-T-----R-----E-----S-----.	113
SMM.US.x.F236_H4	-----K-----A-----R-----M-----E-T-----V-----E-----T-----.	113
SMM.US.x.H9	-XX-X-----XX-X-D-H-X-----A-----X-----R-X-----M-----V-T-X-----GE-----.	113
SMM.US.x.PBJ14_15	-XX-X-----XX-X-D-H-X-----A-----X-----R-X-----Y-----M-----V-T-----M-----GE-----.	113
SMM.US.x.PBJA	-----D-D-----A-----R-----M-----V-T-----M-----GE-----.	113
SMM.US.x.PBJC	-----D-H-----A-----R-----M-----V-T-----M-----GE-----.	113
SMM.US.x.PBJD	-----D-H-----A-----R-----M-----V-T-----S-----M-----GE-----.	113
SMM.US.x.PBJE	-----D-D-----A-----R-----M-----V-T-----M-----GE-----.	113
SMM.US.x.PBJ_143	-XX-X-----XX-X-D-H-X-----A-----X-----R-X-----M-----V-T-----X-----GE-----.	113
SMM.US.x.PBJ_6P6	-----D-D-----A-----R-----M-----V-T-----M-----GE-----.	113
SMM.US.x.PGM53	-----A-----R-----M-----E-T-----V-----R-----E-----S-----.	113
SMM.US.x.SME543	-----E-----G-----A-----M-----E-T-----I-----T-----.	113
STM.US.x.STM	-----A-E-----H-----D-----R-----PG-----S-R-----.	113

HIV-2/SIVsmm protein alignment: VPR

647

MAC.US.x.239	ME....ERPP.ENEGPQREPWDEWVVELEELKEEALKHFDPRLLTALGNHIYNRHGDTLEGAGELIRILQRALFMHFRGGCIHSRIGQPQGGNPLSAIPPSRSML*	102
H2A.CI.88.UC2XGRS*-MIV*I----*R-----I--D-Y-----N-----R-----K-----S-L-V-GSR-----*.....	69
H2A.DE.x.BEN	-TEAPT-F---.DGT-R-DLGSD-I-T-R-I----R-----I--YY-H-----R-----KT-----V--A-NR-----*	88
H2A.DE.x.PEI2	-TEAPA-F---.D-T-P-G-G---IGI-R-R-----T--Y-CA-----S-R-----NV-----V--A-KI-----TR-ET-F----TP-G-Q-	106
H2A.GH.x.GH1	-TEAPT-F---.DGT-R-LGGD-IRI-G-I-----I--Y-HS-----P-R-----V-L-A-NR-----S-TRRRT-FP-A-TP-G-Y	106
H2A.GM.87.D194	-TEAPT-F---.DGT-R-LGST-I-T-K-I-----C-I--Y-----R-----V-----V-I-A-DR-K-TRRRA-CP-A-TP-G-H	106
H2A.GM.x.ISY	-TEAPA-F---.DGT-P-G-G---I-I-R-I-----Y-Y-----T-----R-----V-----T--A-G-----R-R-----TP-N-Q	106
H2A.GM.x.MCN13	-TEAPT-F---.DGT-P-G-G---II-I-RKI-K-----Y-HT-----R-----NV-----A-RL-----T-RT-FP-TSTP-T-Q	106
H2A.GW.86.FG	-TEAPT-L---.DRT-P-G-A-I-I-R-IE-----R-----RV-T-----R-----A-A-G-----TR-----TP-G-H	106
H2A.GW.87.CAM2CG	-TEAPT-L---.DGT-P-G-A-I-I-RDI-----G-A-----R-R-----V-----T--A-N-----TR-----TP-R-*	106
H2A.GW.x.ALI	-TEAPT-F-XR-GT-PX-GX-----I--R-I-----R-----M-I-GY-T-----R-R-----NA-----A-GR-V-TR-R-----TP-N-Q	107
H2A.GW.x.MDS	-TEAPT-L---.DGT-P-G-I-I-R-IT-----RS-----R-T-----R-----T--A-G-----TR-----TP-Q	106
H2A.SN.85.ROD	-AEAPT-L--.VDGT-L-G-II-I-R-I-----I-KY-T-----R-KV-----T-A-G-----TR-----TP-N-Q	106
H2AB.CI.90.7312A	-AEAAS-T----D-E-ED---I-Q--R-----F-S-----A-----K-----L-----Q-----T-EG-Q	106
H2B.CI.88.UC1	-AEAAP-T----S-E-ED-M-I-Q--R-----F-S-----A-----K-----L-----A-Q-----*.....	102
H2B.CI.x.EHO	-AEAVP-I---.DKN-EQ--D---I-Q-----F-----N-----KL-----L-----Q-----*.....	102
H2B.GH.86.D205	-AEAAP-I---.N-E-IG-I-I-Q-----F-S-----A-----K-----L-A-Q-----S-----T-P*.....	102
H2B.JP.01.KR020	-TEAAP-T----D-E-ED---Q--R-----F-G-----IA-----L-----Q-----V-----*	102
H2G.CI.x.ABT96	-A...E-I---.D-A-----I-----Y-D-----K-----L-----D-RC-----GNA-----T-----GVF	103
H2U.FR.96.12034	-A....I---.DGA-----G-----R-I-----VR-----Y-----K-----I-L-----R-----SSR-----TTV-*....	98
MAC.US.x.17EC1	102
MAC.US.x.17EFR	102
MAC.US.x.1937X-X.....T-----X	102
MAC.US.x.2065	102
MAC.US.x.251_1A11*---G-----G.....R	102
MAC.US.x.251_32H_PJ5	102
MAC.US.x.251_BK28	98
MAC.US.x.80035	102
MAC.US.x.81035	102
MAC.US.x.85013	102
MAC.US.x.92050	102
MAC.US.x.92077	102
MAC.US.x.93057	102
MAC.US.x.93062X.....M-----X	102
MAC.US.x.95058	102
MAC.US.x.95086	102
MAC.US.x.95112	102
MAC.US.x.96016	102
MAC.US.x.96020	102
MAC.US.x.96072	102
MAC.US.x.96093	102
MAC.US.x.96114	102
MAC.US.x.96123	102
MAC.US.x.96135	102
MAC.US.x.97009	102
MAC.US.x.97074	102
MAC.US.x.MAC239_87082	102
MAC.US.x.MM142K-----I-S-S-----T	102
MAC.US.x.SMM142BK-----I-S-S-----T	102
MAC.US.x.r80025	102
MAC.US.x.r90131	102
MNE.US.82.MNE_8-D-----Y-D-----K-----T-----S-----T-----R	102
MNE.US.x.MNE027-D-----Y-D-----K-----N-----S-----T	102
SMM.US.x.92.SL92BHA--D-TNP---IRD-----YV-DTY-----I-K--K---L-H-T-----R-P---GS-SA-DV	101
SMM.US.x.62K	-A.....-D-A-----Y-D-----I-S-A-----SR-----T-----D	102
SMM.US.x.F236_H4	-A.....-D-A-----Y-D-----I-S-A-----S-----GV	90
SMM.US.x.H9	-T.....-D-A-----X-X-NX-----Y-D-----G-----I-R-----S-X-T-X-GV	102
SMM.US.x.PBJ14_15	-T.....-D-A-----I-N-----Y-D-----I-----R-----S-----T-----GV	102
SMM.US.x.PBJA	-T.....-D-A-----I-N-----Y-D-----I-----R-----S-----T-----GV	102
SMM.US.x.PBJ_143	-T.....-D-A-----X-R-NX-----Y-D-----I-----R-----S-X-T-X-GV	102
SMM.US.x.PBJ_6P6	-T.....-D-A-----I-N-----Y-D-----I-----R-----S-----T-----GV	102
SMM.US.x.PGM53	-T.....-D-A-----K-V-----Y-D-----I-A-----SR-----T-----GV	102
SMM.US.x.SME543	-A.....-D-A-----I-----Y-D-----I-S-A-----SR-----T-----A	102
STM.US.x.STM	-T...H---.D-----I-Q--R-----S-----Y-D-----K-----R-----AT-----T-GV	102

HIV-2/SIVsmm
proteins

	exon \ / exon	
MAC.US.x.239	METPLREQENSLESSNERSSCISEADASTPESANLGEELSQLRPLEACYNTCYKKCCYHCQFCFLKKGLGICYEQSQRKRRTPKKAKANTSSASNKPISNRNTRHCPEAKKETVEKAVATAPGLGR*	131
H2A.CI.88.UC2	-----KAP-S--K-Y--P-P-T--WEVAAL-L-KQ---L-A--H----T-P-----SF---L-----W-VRKGG-----RT-THPP-TPD-S-IQ-GDSR-T-KQ--P-TP--TS-----	131
H2A.DE.x.BEN	-----KAP-S--KPY--P--T--R-VTAO-L-KQ---L-A--H--P-T-K--R-SF---L-S-----S-RKGR-----R-T-TPSP--PD-S-T-GDS--T-EQ-K-S-AT-V-TC--Q-----	131
H2A.DE.x.PEI2	-----SKAP-S--M-C--P--T--Q-VKSO-L-KQ--RL--Q--N-P-----L-----RKGR-----HS--D-S-T-GNS--T-KOTK-P-T-LE--R--Q-----	131
H2A.GH.x.GH1	-----H-KAP-S--Y--P--T--R-VTAO-R-KQ--L-A--H--T-S--Q-S-----L-----W-ARKSR-----R-T-THS--D-S-T-GDS--T-EQ-K-T-TTMV-TCS-----	131
H2A.GM.87.D194	-----K-P-S--Y--P--T--R-VTAO-R-KQ--L-A--H--T-S--Q-S-----L-----W-ARQGR-----R-T-THPPP--D-S-T-GDS--T-KQ-K-P-TT-VS-C--H-----	131
H2A.GM.x.ISY	-----KAP-S--G-Y--P--RT--Q-VA-Q-L--Q-----T-N-K-F--G-F-----L--N-----DRKG-----S-T-HS-P-D-S-T-GNS--T-KQ-K-L-GTTILEAD-----	131
H2A.GM.x.MCN13	-----KAP-S--M-Y--P--T--R-VGSQ-L-KQ--L--H--P-N-K--G-F-----L--N-----DRKG-----T-HS--D-S-T-GNS--T-KQ-K-L-TTLE--R-----	131
H2A.GW.86.FG	-----KAP-S--C--P--RT--Q-VA-Q-L--RQ-----T-S-----D-L--Q-----W-DRKG-----T-HP--D-S-T-NS--KQ-K-L-AT-E-DL-----	131
H2A.GW.87.CAM2CG	-----K-P-S--G-C--P--RT-GQ--T-Q-L-K-----Q--E-D-S--R-----L-----DRKG-----HS--D-S-T-NS--A-KQ-K-L-AT-E-D-----	131
H2A.GW.x.ALI	-----K-PGS-MPY--P--T--Q-VAVQ-L-KQ-----T-N--E-----L--N-----W-DRKG-----S-I-HS--D-S-T-NS--EQQ-K-L-TTLG-DC-P--SHIYIS*	137
H2A.GW.x.MDS	-----I-KAP--Y--P--HT--Q-VA-Q-L--RQ-----N-N--R-----I--N-----W-RKG-----THP--D-S-T-GNS--T-KQ-K-L-AT-E-DL-----	131
H2A.SN.85.ROD	-----KAP-S--K-C--P-F-RT--Q-VA-Q-L--RQ-----T-N-S--R-----M--N-----RKG-----T-THP-PTPD-S-T-GDS--T-KQ-K--AT-E-DT-----P-----	131
H2AB.CI.90.7312A	-----I-QG-----RF-S--ST--VVN-QGLD-Q-----H--R--N-----L-----DR-----SS-RN-TA--D-SV-T--NS--T-KQ-KE--TTG--DL-P--SNTSTS*	135
H2B.CI.88.UC1	-----I-Q--S--K--S-P--ST--PVVN-QG-D-Q-----D-K-----L-----W-DH-----SS-R--VTA--DESL-AN-GDS--T-KQ-TK--TKGL-DL-P-----	129
H2B.CI.x.EHO	-----I-K--S--N-SGH-ST--GV-N-QGLD-R-----K-S-----S-----L-----R-----SS-R-TT--P-ESL-A--GDS--T-KQ-KE--TTR--DL-P--SNTSTSRFAN*	139
H2B.GH.86.D205	-----I-Q--S--K--P--ST--PVVN-QGLD-Q-----K-D-----L-----DR--R--SA-R-TTAP--PD-SL-A--GDS--T-KQ-KE--TTGT-D--P-----	129
H2B.JP.01.KR020	-----GI-Q-----F-S--ST--EG-N-RGLD-Q-----R-K-----L-----DH-----SS-R--VTAPT--ESL-T-A-DG--A-KQ-KE--TTRT-D--SDTSTS*	135
H2G.CI.x.ABT96	-----S-----K-CR-L--TF-ETVDA-GLEGQTQ-----Y-----S-K-----L--N-----V--P-R-----T-SF--ES-A--NX--K-K--K-TK--DL-----	130
H2U.PR.96.12034	-----I-K--S--K-CK-Q--ST--G-VG-QG-AA-----S-K-----L-----P-R--S--V--YS-AP--SL--G--NS--KEK*-KAL-T--DL-----	129
MAC.US.x.17EC1	-----	131
MAC.US.x.17EFR	-----	131
MAC.US.x.1937	-----	131
MAC.US.x.2065	-----	131
MAC.US.x.251_1A11	-----SGH--T--A--L-----	131
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----T-----	131
MAC.US.x.251_BK28	-----L--T-----	131
MAC.US.x.80035	-----P-----	131
MAC.US.x.81035	-----	131
MAC.US.x.85013	-----P-----	131
MAC.US.x.92050	-----	131
MAC.US.x.92077	-----X--L-----	131
MAC.US.x.93057	-----P--X-----	131
MAC.US.x.95086	-----P-----P-----	131
MAC.US.x.95112	-----	131
MAC.US.x.96016	-----X--X-----	131
MAC.US.x.96020	-----P-----	131
MAC.US.x.96072	-----X-----	131
MAC.US.x.96081	-----	131
MAC.US.x.96093	-----	131
MAC.US.x.96114	-----L-----	131
MAC.US.x.96123	-----P--XX-----	131
MAC.US.x.96135	-----P-----	131
MAC.US.x.97009	-----	131
MAC.US.x.BK28_H824	-----L--P-----	131
MAC.US.x.MAC239_87082	-----	131
MAC.US.x.MM142	-----Y--A-AI-----	131
MAC.US.x.SMM142B	-----Y--A-AI-----	131
MNE.US.82.MNE_8	-----K--G--T--A-P-L-----E-----E-----R-----D-----K-EQ--A-----	131
MNE.US.x.MNE027	-----K--G--T--A-T-L-----E-----R-----V-----D-----K-EQ--T--V-----	131
SMM.US.92.SL92B	-DA-I...QG-D--QG.....DQ-PWD--T--S-F--F--L--R-----T-AKP-R--.VK-----PFDT--QS--SG--N--K-EQ--K--TE-D-DC-----	105
SMM.US.x.BPZ_m12	-----K--G-----YT--E-VL--KAE--C-----S-----L-----Q-R-----IF--P-ESL-T--NR--K-E-----TE--DL-----	131
SMM.US.x.F236_H4	-----K-----CR-H--S--V-VP-----K-----R-----H-R-----T-----PFP--SL-T-A-NR--K-E-----TE--ADL-----	117
SMM.US.x.H9	-----K--S-----R-H--S--V--D-----S-EX-----XV-----KX-----H-X-----Q-R-----T-----F-----D-SLXX-A-N--K-E-----XE--DL--X-----	129
SMM.US.x.PBJ14_15	-----K--S-----R-H--S--V--D-----S-E-----K-----R-----H-----Q-R-----T-----D-SL-R-A-N--K-E-----AE--DL-----	129
SMM.US.x.PBJA	-----K--S-----R-H--S--V--D-----S-E-----K-----R-----H-----Q-R-----T-----D-SL-R-A-N--K-E-----AE--DL-----	129
SMM.US.x.PBJC	-----K--S-----R-H--S--V--D-----S-E-----T--K-----R-----H-----Q-R-----T-----D-SL-R-A-N--K-E-----AE--DLS-----	129
SMM.US.x.PBJD	-----K--S-----R-H--S--V--D-----S-E-----P-T--K-----R-----H-----Q-R-----T-----F-----D-SL-R-A-N--K-E-----AE--DLS-----	129
SMM.US.x.PBJE	-----K--S-----R-H--S--V--D-----S-E-----K-----R-----H-----Q-R-----T-----D-SL-R-A-N--K-E-----AE--DL-----	129
SMM.US.x.PBJ_143	-----K--S-----R-H--S--V--D-----S-EX-----X-----KX-----R-----H-X-----Q-R-----T-----D-SLXX-A-N--K-E-----XE--DL--X-----	129
SMM.US.x.PBJ_6P6	-----K--S-----R-H--S--V--D-----S-E-----K-----R-----H-----Q-R-----T-----D-SL-R-A-N--K-E-----AE--DL-----	129
SMM.US.x.PGMS3	-----K-----G-----YT--E-VL--KVE--C-----S-----L-----Q-R-----T-----F--P-ESL-T-A-NS--K-E-----TE--DL-----	131
SMM.US.x.SMES43	-----K-----YR-H--S--V-VP-----E-----P--K-----R-----H-----H-R-----T-T-PLP--SL-T--NR--K-E--K-TE--ADL-----	129
STM.US.x.STM	-----K--S--R--S-P--T--V-A--GL--QE-----W-----E-C-K-F-----L--VT-----T--R--R--.VK-----TYPI--SL-T-A-NS--K-EQ-KE--TE-EST--K-----	129

HIV-2/SIVsmm protein alignment: REV

649

	exon \ / exon	
MAC.US.x.239	MSNHEREEELRKRLRLIHLHQTNPYPTGPGTANQRQRKRRWQQLLADRIYSFPDPPTDPLDAIQQLQNLAIESIPDPPTNTPEALCDPTEDSRSPQD*	108
H2A.CI.88.UC2	-CEKAD---QRE---R-----YR---G---N-R---R---Q-LR-----KLHTA---A-SS---W---H---G-T-REL-----DL-S...DSNQGLAET-----	104
H2A.DE.x.BEN	--ERAD---G-OGK---LR-----Q---S---N-R---R---Q-LR-V---NKLCAV-----S---R---H---R-T-QEL-----DL-S...NSNOGLAET-----	104
H2A.DE.x.PEI2	-NGRAD---G-QRKQ---R-----Q-L---R---N-R---R---RKQH-R-V---NS-T---A-S---R---R-G-T-QEL-----L-SSESTNNNQGLAETYNSLPAlWVRVDPRSAPGPKDY	130
H2A.GH.x.GH1	-HEKADG---QE---R-----H---S---N-R---Q---LR-V---KL-T-----S---R---D---R-T-HEL-----DL-S...NSNOGLAET-----	104
H2A.GM.87.D194	-RDRAD---G-QEK---R-----I---H-Q---S---N-R---R---Q-FR-V---TKLHTI-----S---R---G-T-QEL-----DL-S...NSNOGLAET-----	104
H2A.GM.x.ISY	-TERAD---GV-RK---R-----Q-L---R---N-R---E---K-I-----T---A-P---QT-----G-T-QTL-----TQ-LAETQGSLPAVWVVRVDPRSVPGPREGY	119
H2A.GM.x.MCN13	-TGRAD---RK-----Q-L---S---N-R---KQ---R-V---K-T-----A-S---GRT-H-E-T-QDL-----SF-SSEGTDNSQ-LAKN-----	108
H2A.GW.86.FG	-TERAD---G-QRK---R-----Q-O---S---N-R---KQ---R-I-----S-T-----A-S---R---H-G-T-QDL-----L-SPESTSNSQ-LAEA-----	108
H2A.GW.87.CAM2CG	-TERAD---G-QRK---R-----Q-S---S---N-R---Q---R-I-----T---A-P---RT-H-E-T-QDL-----HP-S...Q-LAEA-----	101
H2A.GW.x.ALI	-TERAG---D-QRK---R-----Q-N---R---Q---G-IV-----FT-----ASS-R-V-H-G-T-QDL-----DL-SSESADNNQGLAET-----	108
H2A.GW.x.MDS	-NERAD---G-QRK---R-----Q-R---R-N-R---Q---R-I-----S-T-----A-S---QTV-G-T-QDL-----HL-S...Q-PAAT-----	101
H2A.SN.85.ROD	-NERAD---G-QRK---R-----Q-S---S---N-R---KQ---R-I-----S-T-----A-S---QT-H-G-T-QEL-----HL-S...Q-LAET-----	101
H2AB.CI.90.7312A	-TAR-K..D-Q-GI---L-----Q-S---N-R---K-GL-I-----HPL-NS-AEE-----RR---TV-DL-N---SS-----TT-APCVVPPPIWDRLVPRSSPSSGGY	117
H2B.CI.88.UC1	-TTR-K..D-Q-G---L-----QT-----S---N-R---K-GL-I-----R-LS-S---EE-----V-R-E-TV-DL-N---S-----TA-AFTCIPPIWDQLVPRSNPSSNEGC	117
H2B.CI.x.EHO	-NAR---D-Q-G---L-----Q-S---S---N-R---KQ-GL-I-----HPL-S---EG-----R---I-KDL-N---S-----TA-ASTCIPPIWDQLVPRSNPSSSGC	117
H2B.GH.86.D205	-TAR-G..D-Q-E---L-----Q-S---S---N-R---K-GL-I-----H-STA-AEE-N-R-----TV-DL-N---P-LNQSP-----TT-APGCVPPVWDQLVPRSAAPSGSKGY	120
H2B.JP.01.KR020	-TTR-K..D-Q-G---LR-----Q-S---S---N-R---K-GL-I-----Q-HPL-S---EE-N-----K-TV-DL-T---SI-----TA-TSTCIPPIWDRLVPRSNPSSDEGC	117
H2G.CI.x.ABT96	--L-E..----F---Q---X---N-R-K-KQ---L-I-----X---ARE-----S-T-QDX-S-AV-KN-Q-PSN-----	101
H2U.FR.96.12034	--P-E..-GVQR-----N-R---Q---L-I-----K-T-----S-V-----G---QDL-E-AVV-H...Q-TSAP-----	99
MAC.US.x.17EC1	-N-----	108
MAC.US.x.17EFR	-N-----	108
MAC.US.x.1937	--XX---R-----R-----T-----X-----I---X-----	108
MAC.US.x.2065	--S-----	108
MAC.US.x.251_1A11	--S-----	108
MAC.US.x.251_32H_PJ5	--S-----	108
MAC.US.x.251_BK28	--S-----	108
MAC.US.x.80035	--S-----	108
MAC.US.x.81035	--S-----	108
MAC.US.x.85013	--X-----	108
MAC.US.x.92050	--X-----	108
MAC.US.x.92077	--R-----	108
MAC.US.x.93057	--X-----	108
MAC.US.x.93062	--R-----	108
MAC.US.x.95086	--R-----	108
MAC.US.x.95112	--X-----	108
MAC.US.x.96016	--R-----	108
MAC.US.x.96020	--X-----	108
MAC.US.x.96072	--X-----	108
MAC.US.x.96081	--R-----	108
MAC.US.x.96093	--R-----	108
MAC.US.x.96114	--R-----	108
MAC.US.x.96123	--R-----	108
MAC.US.x.BK28_H824	--S-----	108
MAC.US.x.MAC239_87082	--S-----	108
MAC.US.x.MM142	-RS-TG---R-----S-S-----KR---Q-----I-----N-----A-----	108
MAC.US.x.SMM142B	-RS-TG---R-----S-S-----KR---Q-----I-----LRRIR---A-----	108
MAC.US.x.r90131	--R-----	108
MNE.US.82.MNE_8	--S-AE---R-----N-R---Q-----N-----V-----I---I-H---NP-----	108
MNE.US.x.MNE027	--S-AE---R-----S---N-R---Q-----F-----V-----I---I-H---SP-----	108
SMM.US.92.SL92B	-Q-P-E..--R---I---A---S---N-R---K---I-IV-----A-DI-----FDS-S-Q-L-E---TV---T-R-QSA-----	100
SMM.US.x.BPZ_m12	-SNAG---R---YF---Q-----R-R---O---I-----A-----V-----D-SL-N-----SV---T-LGT---SP-H-----	108
SMM.US.x.F236_H4	--ST-E..--R---F---Q-----R-R---Q---I-----V-----G-----EL-----SA---P-N-VAKSP-----	101
SMM.US.x.H9	--SN-E..--R---F---XX---R-R---XQ---I-X-----A-----G-----XL-N---ASA---P-K-AA-SP-----	101
SMM.US.x.PBJ14_15	T-SNGE---R---S---D-----R-R---Q---I-----V-----R-----EL-N---ASA---P-K-AA-SP-----	101
SMM.US.x.PBJA	--SN-E..--R---D-----R-R---Q---I-----V-----R-----EL-N---ASA---P-K-AA-SP-----	101
SMM.US.x.PBJC	--SN-E..--R---F---D-----R-R---Q---I-----V-----G-----EL-N---ASA---P-K-AA-SP-----	101
SMM.US.x.PBJD	--SN-E..--R---F---D-----R-R---Q---I-----V-----G-----EL-N---ASA---P-K-AA-SP-----	101
SMM.US.x.PBJE	--SN-E..--R---D-----R-R---Q---I-----V-----R-----EL-N---ASA---P-K-AA-SP-----	101
SMM.US.x.PBJ_143	--SN-E..--R---XX---R-R---XQ---I-X-----A-----G-----XL-N---ASA---P-K-AA-SP-----	101
SMM.US.x.PBJ_6P6	--SN-E..--R---D-----R-R---Q---I-----V-----R-----EL-N---ASA---P-K-AA-SP-----	101
SMM.US.x.PGM53	--SSAG---R---F---D-----R-R---Q---I-----A-S---V-----D-SL-N-----SV-----NP-R-----	105
SMM.US.x.SME543	--ST-E..--R---F---Q-----R-R---Q---I-----N-----G-----DL-----SA---T-K-AAKS-----	101
STM.US.x.STM	--DQ-E..----QF-----Q-N-----N-----AS-----V-----G-S-QDL-----P-L-KD-Q-TA-N-----	100
H2A.DE.x.PEI2	ERDSERVERLVGGNGTDRQGNTCSSKKDQAGGRTCPVVRGSGINRETL*....	180
H2A.GM.x.ISY	KRDSYERGEELVGGSGTNRKGDTRSSTKDQAGSRNCPPVRDRDISKETL*....	169
H2AB.CI.90.7312A	GRDSCHEHREDLMGGSQEDGEGNHRSPQKNQTGA*....	151
H2B.CI.88.UC1	ERDSCEHRKSPMESSQKDSGSNHRDPQEDQTRT*....	151
H2B.CI.x.EHO	GRDSCERGEDLVGSPQESGRDHCTNQEDQTRG*....	151
H2B.GH.86.D205	GRNCECECRDLMGGSQESGESNHDRDPQENQTRT*....	154
H2B.JP.01.KR020	GRDSYKHRKGPMGGSQKNSEGNRDPQEDQTRTTRPLVRDAVLQEHKGEGNRV*	172

HIV-2/SIVsmm
proteins

HIV-2/SIV_{smm} proteins

HIV-2/SIV smm protein alignment: ENV

HIV-2/SIVsmm proteins

		V3 loop			
MAC.US.x.239	*	DTNYSGFMPKCSKV VVSSCTRM METQTSTWFGFNG TRAENRTYIYW HGRDNRTIISLN KYNNLTMKCR PGNKTVLPV TMSGLVFHS..QP.	.INDRPKQAWC FPGGKW DAIKEV KQTVK HPRYTG.TNN	372	
H2A.CI.88.UC2	-A-N-P-AA	-H--H-K--V-I-L--HR--	-AV--KK-R-----K-N-G-MQ-----LAG---K--D	370	
H2A.DE.x.BEN	-E-T-AA	-R-K-----I-L-----	-T-R--R-RE-MQ-----L-Q--K-I-D	366	
H2A.FR.x.96206	-S-N-A-T	-K-----T-H-K--V-I-L-----	-T-R-----K-N-TE-MQ--E-LA--K--I-D	230	
H2A.FR.x.96226	-E-N-AT	-R-K-----I-V-I-L-----	-Q-R-----E-N-G-MQ-----LA--KHK-A--	299	
H2A.FR.x.96330	-E-N-A-T-E	-IR-K-----V-I-L-----	-T-R-----K-E-MQ--E-LA-----K--D	231	
H2A.GH.GH.1	-E-A-T	-SIH-K-----V-I-L-----	-T-R-----K-RE-MQ-----LI--K--D	357	
H2A.GM.87.D194	-E-AA	-H-K-----V-I-L--RR--	-R-VY-KK-G-----Q-N-IE-MR-----LA--G--D	356	
H2A.GM.90.CBL24	-E-N-T-ATT	-IH-K-----V-I-L-----	-N-R-----K-E-MQ--E-LA-----K--D	367	
H2A.GM.x.CBL23	-A-N-AAT	-S-----F-----	-V-K-----K-E-G-MQ--E-LA-----K--E	363	
H2A.GM.x.ISY	-E-N-A-T-P-L	-IL-----E-----V-I-L--RR--	-KI-KK-R-----R-K-E-RE-MQ-----L--K--D	358	
H2A.GW.86.FG	-A-N-AAT	-K-----NF-----H-K-----I-F-FK--	-V-KK-R-----E-Q-E-MQ--E-LA-----K-NRS	357	
H2A.GW.87.CAM2CG	-K-A-N-A-T	-K-----H-----S-Y-----V-I-L--QR--	-R-I-K-K-----K-N-TE-MQ-----LAE--K--K	366	
H2A.GW.x.ALI	-I-A-N-AAT	-H-----H-K-----V-I-L--I-----	-K-R-----K-E-RK-MQ--E-L-----K--D	363	
H2A.GW.x.CAM1	-E-N-IATT	-S-S-----VH-----V-I-L-----	-R-----K-N-TE-MQ-----L-----R--D	365	
H2A.SN.85.ROD	-A-N-A-T	-SLH-K-----I-KQIML-----H-----HY-----K-R-----K-MQ--E-LA-----R--D	368		
H2A.SN.x.ST	-E-N-AAT	-F-----VH-K-----V-I-L-----	-R-----R-----K-E-E-M-----L-LA-----K--D	361	
H2AB.CI.90.7312A	-N-----	-M-----SK-----	-IH-K-----V-I-L-----	-K-----K-E-RE-MQ-----LI--K--D	367
H2B.CI.88.UC1	-T-----M-----SK-----	-H-----I-----N-----	-L-T-R-----K-N-IE-R-----B-----I-----K	365	
H2B.CI.x.EHO	-K-----N-----LY-----	-K-----S-----H-K-----M-V-IRTV-----IL-----	-K-----K-N-TE-Q-----E-----KN-----S-----T	364	
H2B.FR.x.96200	-N-----AA-----A-S-----	-K-----T-----SIH-K-----V-I-V-----I-----	-T-----R-----K-N-TE-----E-----I-----K	274	
H2B.FR.x.97227	-S-----N-----A-----L-----	-IR-----V-----I-----	-K-----K-N-TE-R-----B-----IN-----P	307	
H2B.GH.86.D205	-N-----A-----S-----	-EK-----T-----SIH-K-----V-IRTV-----L-----	-K-R-----K-N-TE-----R-----I-----K-GAK	367	
H2B.JP.01.KR020	-S-----N-----	-KS-----V-----K-----IH-----V-----I-----	-Q-----R-----N-TQ-----E-----A-----D	357	
H2G.CI.x.ABT96	-A-N-----T-----	-IX-----I-----	-E-----R-----E-MQ-----E-V-----S-K--D	372	
H2U.FR.96.12034	-N-----T-----RG-----	-S-----Y-----	-A-----NN-----N-G-Q-----E-AN-----H-----K	368	
MAC.US.x.251.BK28				374	
MAC.US.x.270W				358	
MAC.US.x.418				361	
MAC.US.x.BK28.H824	-N-----			371	
MAC.US.x.BR5				360	
MAC.US.x.BR5				360	
MAC.US.x.MM142	-N-----	-R-----	-H-----A-----V-E-----R-----N-E	375	
MAC.US.x.SMM142B	-N-----	-R-----	-H-----A-----V-E-----R-----N-E	374	
MNE.US.82.MNE.8	-N-----	-SK-----		372	
MNE.US.x.MNE027	-K-----N-----	-SK-----N-----		373	
SMM.SL.92.SL92B	-A-N-----	-GS-----I-----		375	
SMM.US.02.YNPRC_FAL				0	
SMM.US.02.YNPRC_FBI				0	
SMM.US.02.YNPRC_FIP				0	
SMM.US.02.YNPRC_FUP				0	
SMM.US.02.YNPRC_FVN				0	
SMM.US.02.YNPRC_FWS				0	
SMM.US.02.YNPRC_FYN				0	
SMM.US.79.NIRC_6007_G932				0	
SMM.US.79.NIRC_CFU233				0	
SMM.US.80.NIRC_6001_G930				0	
SMM.US.90.TNPRC_F100				0	
SMM.US.93.TNPRC_F102				0	
SMM.US.94.TNPRC_M927				0	
SMM.US.95.TNPRC_D175				0	
SMM.US.97.TNPRC_G080				0	
SMM.US.x.F236_H4	-S-L-A-N-----	-KS-----R-----E-----	-E-----E-S-K-Q-----E-L-----D	373	
SMM.US.x.H445	-S-----A-----	-NS-----	-T-----K-----N-SE-Q-----E-L-----D	375	
SMM.US.x.H9	-A-N-T-----	-X-S-----X-----R-----	-E-----E-E-R-----XXL-----K--X	375	
SMM.US.x.P209C15	-S-----A-----	-S-----	-E-L-----R-----N-SE-Q-----B-L-----D	375	
SMM.US.x.PBJ14_15	-S-----A-N-T-----	-S-----R-----	-E-----K-Q-----E-L-----D	378	
SMM.US.x.PBJ_6P12	-S-----A-N-T-----	-S-----R-----	-E-----E-K-Q-----E-L-----D	378	
SMM.US.x.PGM53	-S-----A-----	-S-----IR-----I-----	-E-----S-RE-Q-----E-----E	379	
SMM.US.x.PT573	-S-----A-----	-NS-----IR-K-----	-T-----T-----E-N-SK-----B-L-----D	375	
SMM.US.x.PT583	-S-----A-----	-NS-----	-E-----N-SE-Q-----E-L-----D	375	
SMM.US.x.SME543	-S-L-A-----	-NS-----	-E-----R-----N-SE-Q-----E-L-----D	375	
SMM.US.x.SMP209	-S-----A-----	-KS-----	-E-----R-----N-SE-Q-----E-L-----D	374	
STM.US.x.STM	-T-A-N-----	-S-----	-E-----E-RG-----E-L-----D	371	

HIV-2/SIVsmm protein alignment: ENV

653

	^ ^ ^ ^ ^	* * *	* * *	* ^ ^ ^	^ ^ ^ ^ ^
MAC.US.x.239	TD.KINLTAP.GGG.DPEVTFMWTCRGEFLYCKMNWFLNWEDRNTAN.....	QKPKEQHKRNYPVPCHIRQIINTWHKVGKVNVLPPREGDLTCNSTVTSLIANIDW..	IDGNQTNITMSAEVAELYRL		492
H2A.CI.88.UC2	-S.-FVK-.V-S---Y----F-N-T----N-TSQK.....	Q-A-----QY-----E-----I-----T-----F-----			483
H2A.DE.x.BEN	-G.-F-K-.A-S---A----N-T----K-QT.....	R-----K-----E-A-E-----I-----ID...KNRTH-----F-----			478
H2A.FR.x.96206	-S.R--F-K-.I-S---AY----N-T----NKTGTK.....	RN-A-R-K-----N-----E-----M-----YV...NEST-R-----F-----			344
H2A.FR.x.96226	AE.T-KFRE-.RNS---AY----F-N-T----I-N-TKP.....	Q-A-K-----Y-----E-----I-----ETN...STE-R-----F-----			413
H2A.FR.x.96330	-E.N-TF---.K-S---AY----F-N-T----N-TNQI.....	RH-----K-----E-----T-----I-----A...QB-----F-----			344
H2A.GH.x.GH1	-K.N--F-K-.R-S---AY----N-T----N-PNQT.....	QH-A-----Q-----I-----V...NS-----F-----			470
H2A.GM.87.D194	-G.-F-K-.I-S---Y----N-T----NKTNQT.....	HG-A-----T-----E-----I-----S-----F-----			469
H2A.GM.90.CBL24	-S.--FIG-.K-S---AY----F-N-T----N-TNTT.....	WH-----K-----E-S-----I-----V...KN-----F-----			480
H2A.GM.x.CBL23	-K.N-F-.K-S---AY----N-T----I-NKT.....	H-----E-----I-----AN...N-D-----F-----			473
H2A.GM.x.ISY	-N.-F---EKDS---AY----N-T----NKTQG.....	QH-----E-----E-S-E-----I-----V...DGD-R-----F-----			471
H2A.GW.86.FG	RTBN-KFK-.R-S---Y----S---N-T----N-TGQK.....	Q-A-R-----R-----L-----E-----I-----A-D...F-A-----			470
H2A.GW.87.CAM2CG	IT.D-TFK-.ER-S---Y-S----F-N-T----NKPNTT.....	-A-----E-----I-----E...R-NQT-----F-D-----			480
H2A.GW.x.ALI	-N.Q--F-K-.R-S-A-VY----H-N-T----NKTGQE.....	QH-A-K-----I-A-----E-----T-----F-----			476
H2A.GW.x.CAM1	-G.N--F-K-.K-S---AY----F-N-T----NKTGB.....	-H-----K-----E-----I-----TDM...N-TE-----F-----			479
H2A.SN.85.ROD	-R.N-SFA-.K-S---AY----N-T----I-NKT.....	H-A-K-----R-----E-S-----I-----QNN-----F-----			479
H2A.SN.x.ST	-E.--RFI---ERS---AY----N-T----N-TNQT.....	QH-----K-----Q-----I-----G...GE-----F-----			474
H2AB.CI.90.7312A	-R.N-TF-K-.T-S---AY----N-T----N-TGQT.....	QH-A-K-----Q-----V...DVGN-R-----F-----			482
H2B.CI.88.UC1	-E.R-R-VG-.SA-S---RH----F-N-T----N-TGTT.....	QK-T-K-V-----Y-----T-S-S-----VYYDGNDTK-----G-----			482
H2B.CI.x.EHO	IS.Q-R-A.EHARSS---RY----N-TF----N-TGL.....	--AS-----V-----I-R-----E-S-----K-L...V-----S-K-----			477
H2B.FR.x.96200	-A.N-S-VSEHAR-S---AAY----N-T----GKTNKT.....	R-----I-----E-S-----D-NA...GD-A...SV-----S-----			388
H2B.FR.x.97227	-E.N-S-A.EHSV-S---RY----N-T----YNAG.....	V--D--P-V-----N-----E-----T-D-----A...NDTA-----S-----			419
H2B.GH.86.D205	IT.SVK-VSEH-K-S---T-Y----N-T----NKTNTT.....	R-A-----I-----E-S-----NS...NST...SV-----S-----			481
H2B.JP.01.KR020	-A.--K-A.EHSQ-S---RY----N-T----N-TGI.....	-K-----V-----H-----I-----TNN-R-----S-----			470
H2G.CI.x.ABT96	-K.X-TF-T-.E-S---K----T-----I-----MTL.....	L-Q-RQR-----EE...NRSN-H...IF-----			494
H2U.FR.96.12034	IS.Q--AE-.A--.S-K----T-----N-SMEG.....	TSR-R-----V-----R-----M-----R...NK-----S-----			488
MAC.US.x.251_BK28	--.N-----T-----DVT.....	-R-----R-----R-----T-----S-----			494
MAC.US.x.270W	--.N-----T-----D-----T-----Q-R-----R-----				478
MAC.US.x.418	--.R-----R-----VT-----RS-G-----T-----				481
MAC.US.x.BK28_H824	--.K-----D-----T-----QKP-----TA-----				491
MAC.US.x.BR5	--.D-----R-----SLTT-----R-----				471
MAC.US.x.BR5	--.D-----R-----SLTT-----R-----				471
MAC.US.x.MM142	S-----R-----SLTT-----R-----				495
MAC.US.x.SMM142B	--.R-----R-----SLTT-----R-----				494
MNE.US.82.MNE_8	--.R-----K-LTG-----TT-----Q-R-----R-----				494
MNE.US.x.MNE027	--.R-----K-LTG-----TT-----Q-----				495
SMM.SL.92.SL92B	-R-----SSPRW.TT-TK-----R-----				500
SMM.US.02.YNPRC_FAL					0
SMM.US.02.YNPRC_FBL					0
SMM.US.02.YNPRC_FIP					0
SMM.US.02.YNPRC_FUP					0
SMM.US.02.YNPRC_FVN					0
SMM.US.02.YNPRC_FWS					0
SMM.US.02.YNPRC_FYN					0
SMM.US.79.NIRC_6007_G932					0
SMM.US.79.NIRC_CFU233					0
SMM.US.80.NIRC_6001_G930					0
SMM.US.90.TNPRC_F100					0
SMM.US.93.TNPRC_F102					0
SMM.US.94.TNPRC_M927					0
SMM.US.95.TNPRC_D175					0
SMM.US.97.TNPRC_G080					0
SMM.US.x.F236_H4	-R-----A-----DQKGG.RWKQ-NR-----Q-K-----				498
SMM.US.x.H445	-R-----AR-----DRNSNRW.KQ-KT-----Q-----				500
SMM.US.x.H9	XX.Q-K-----X-----XIKNGS.RW.TS-NQ-----RYQK-----X-----				499
SMM.US.x.P209C15	-K-----A-----L-----DQNNSRW.EQ-KS-KQ-----				500
SMM.US.x.PBJ14_15	-E.Q-K-----I-----IQNGS.RWTS-NQ-----RQR-----				502
SMM.US.x.PBJ_6P12	-E.Q-K-----I-----IQNGS.RW.TS-NQ-----RQR-----				502
SMM.US.x.PGM53	-K-----S-----SGS.LWTQ-TKADEK-----R-----				504
SMM.US.x.PT573	-R-----AR.N-----DQNSNRW.KQ-ES-K-----A-----				500
SMM.US.x.PT583	-R-----A.N-----DQNSNRW.KQ-KPG-Q-----				500
SMM.US.x.SME543	-R-----A-----S-----DQNSNRW.KQ-KP-Q-----				500
SMM.US.x.SMP209	-K-----A-----S-----DQNSN.RWKQ-KP-Q-----				499
STM.US.x.STM	-A.--RIV----I-N-S-SEMRDW.NKNK-----Q-----V-----Q-----I-----TNN-E-----A-----				496

HIV-2/SIVsmm
proteins

654

HIV-2/SIVsmm protein alignment: ENV

	gp120 \ / gp41 TM	*	
MAC.US.x.239	ELGDYKLVEITPIGLAPTDVKRYTTGGTSRNKRQGVFLGFLGLATAGSAMGAASLTQASRTLLAGIVQQQQQLLDVVKRQQELLRLTVWGTKNLQTRVTAIEKYLKDQAQLNAWGCAFQVCHTTPW.	623	
H2A.CI.88.UC2	- - - I - - - F - - - SE - - - SSAP. A - - - L - - - S - - - I - - - A - - - S - - - T - - - .	613	
H2A.DE.x.BEN	- - - I - - - F - - - QR - - - SSTP. V - - - R - - - S - - - M - - - A - - - H - - - S - - - .	608	
H2A.FR.x.96206	- - - I - - - F - - - SE - - - SSAP. P-H - - - M - - - TV - - - S - - - M - - - A - - - S - - - S - - - .	474	
H2A.FR.x.96226	- - - F - - - AQ - - - SSAP. A - - - S - - - M - - - A - - - A - - - S - - - S - - - .	543	
H2A.FR.x.96330	- - - I-V - - - F - - - SE - - - SSAP. G - - - T - - - A - - - S - - - M - - - A - - - S - - - S - - - .	474	
H2A.GH.x.GH1	- - - I-V - - - F - - - RE - - - SSAP. V - - - S - - - M - - - A - - - S - - - S - - - .	600	
H2A.GM.87.D194	- - - I-V - - - PF - - - KE - - - SSAP. V - - - G - - - S - - - M - - - A - - - S - - - S - - - .	599	
H2A.GM.90.CBL24	- - - F - - - SEQ - - - LSAP. K - - - T - - - A - - - S - - - M - - - A - - - R - - - S - - - .	610	
H2A.GM.x.CBL23	- - - F - - - AB - - - SSTP. M - - - S - - - M - - - A - - - A - - - A - - - R - - - S - - - .	603	
H2A.GM.x.ISY	- - - V - - - F - - - AB - - - SSAP. G-H - - - L - - - T - - - A - - - S - - - FR - - - M - - - A - - - A - - - R - - - S - - - .	601	
H2A.GW.86.FG	- - - F - - - S - - - SSAH. Q-HT - - - S - - - M - - - A - - - A - - - S - - - S - - - .	600	
H2A.GW.87.CAM2CG	- - - F - - - SQ - - - SPAH. G-P - - - A - - - T - - - V - - - T - - - S - - - I - A - - - A - - - S - - - .	610	
H2A.GW.x.ALI	- - - F - - - SER - - - SSTP. R - - - T-A - - - S - - - M - - - A - - - R - - - S - - - .	606	
H2A.GW.x.CAM1	- - - F - - - TB - - - SSAH. G-Q - - - T - - - V - - - T - - - S - - - A - - - L - S - - - .	609	
H2A.SN.85.ROD	- - - F - - - KB - - - SSAH. G-HT - - - VS - - - A - - - Q - - - R - - - S - - - .	609	
H2A.SN.x.ST	- - - I-V - - - F - - - P - - - SSAP. V - - - T - - - A - - - S - - - M - - - A - - - S - - - .	604	
H2AB.CI.90.7312A	- - - I-V - - - F - - - SE - - - SSTP. G-H - - - T - - - A - - - S - - - M - - - A - - - S - - - .	612	
H2B.CI.88.UC1	- - - F - - - EI - - - SSTP. P - - - M - - - L - - - M - - - T - - - S - - - L - - - S - - - .	612	
H2B.CI.x.EHO	- - - F - - - SI - - - SSVT. P - - - L - - - S - - - V - - - A - - - S - - - .	607	
H2B.FR.x.96200	- - - F - - - S - - - SSEK. P - - - M - - - M - - - T - - - S - - - L - S - - - .	518	
H2B.FR.x.97227	- - - F - - - I - - - SSVT. P - - - L - - - M - - - T - - - S - - - L - S - - - Q - - - .	549	
H2B.GH.86.D205	- - - F - - - R - - - SSVK. P - - - M - - - M - - - T - - - S - - - PV - - - A - - - S - - - .	611	
H2B.JP.01.KR020	- - - F - - - S - - - SSAT. P - - - P - - - S - - - A - - - A - - - L - S - - - .	600	
H2G.CI.x.ABT96	- - - F - - - N - - - SSVT. PK - - - M - - - T - - - S - - - M - - - R - - - S - - - D - - - .	625	
H2U.FR.96.12034	- - - R - - - F - - - P - - - SSVT. P - - - S - - - M - - - S - - - .	618	
MAC.US.x.251_BK28	- - - H - - - .	625	
MAC.US.x.270W	- - - N - - - .	609	
MAC.US.x.418	- - - N - - - .	612	
MAC.US.x.BK28_H824	- - - N - - - .	622	
MAC.US.x.BR5	- - - S - - - S - - - I - - - R - - - K - - - Y - - - .	602	
MAC.US.x.BR5	- - - G - - - .	602	
MAC.US.x.MM142	- - - N - - - V - - - .	626	
MAC.US.x.SMM142B	- - - N - - - V - - - .	625	
MNE.US.82.MNE_8	- - - N - - - .	625	
MNE.US.x.MNE027	- - - N - - - P - - - .	626	
SMM.SL.92.SL92B	- - - M - - - H - - - ST. - - - K - - - .	630	
SMM.US.02.YNPRC_FAL	56	
SMM.US.02.YNPRC_FBL	56	
SMM.US.02.YNPRC_FIP	56	
SMM.US.02.YNPRC_FUP	56	
SMM.US.02.YNPRC_FVN	56	
SMM.US.02.YNPRC_FWS	56	
SMM.US.02.YNPRC_FYN	56	
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	56	
SMM.US.79.NIRC_CF233	56	
SMM.US.80.NIRC_6001_G930	56	
SMM.US.90.TNPRC_F100	56	
SMM.US.93.TNPRC_F102	56	
SMM.US.94.TNPRC_M927	56	
SMM.US.95.TNPRC_D175	56	
SMM.US.97.TNPRC_G080	56	
SMM.US.x.F236_H4	- - - I - - - S-R - - - T-A - - - V-S - - - .	629	
SMM.US.x.H445	- - - R - - - T-A - - - S - - - H - - - .	631	
SMM.US.x.H9	- - - F - - - S - - - T-A - - - S - - - .	630	
SMM.US.x.P209C15	- - - S-R - - - T-A - - - VS - - - H - - - D - - - .	631	
SMM.US.x.PBJ14_15	- - - AF - - - S - - - T-A - - - V-S - - - A - - - .	633	
SMM.US.x.PBJ_6P12	- - - F - - - S - - - T-A - - - V-S - - - A - - - .	633	
SMM.US.x.PGM53	- - - S-R - - - A - - - V-RS - - - R - - - S - - - .	634	
SMM.US.x.PT573	- - - N-R - - - T-A - - - S - - - R - - - S - - - .	631	
SMM.US.x.PT583	- - - R - - - T-A - - - S - - - H - - - I - - - .	631	
SMM.US.x.SME543	- - - R - - - T-A - - - G - - - VS - - - H - - - .	631	
SMM.US.x.SMP209	- - - R - - - T-A - - - VS - - - S - - - .	630	
STM.US.x.STM	- - - N - - - ST. - - - T - - - .	626	

HIV-2/SIVsmm protein alignment: ENV

655

MAC.US.x.239	... PNASLTPKWNNETWQEWERKVDFLEENITALLEEAQIQQEKNMYELQKLNSWDVFGNWFDLASWIKYI QGVYIVVGILLRIVIYIVQMLAKLRQGYRPVSSPPSYFQQTHIQQDPALPTREGKERD	752
H2A.CI.88.UC2	... V-D---R--M----KQ-RY--A-SQS-----T-----I-A--A-V-L-SRF-K-----G-L--I-HT-RQG-AN-ET-G-	742
H2A.DE.x.BEN	... V-D---S-D-K-M----KO-RY--A-SQS-----IL-----T-V-----H-----I-A--A-V-L-SRF-K-----G-L--I-HK-RGO-AN-T-E-	737
H2A.FR.x.96206	... V-D---N-E-M----E-RY--A-SQK-----M-E-Q-Y-----T-----I-I-VF--A-VI--SR-K-----G-V--I-HKGRGQ-AN-ET-EG	603
H2A.FR.x.96226	... V-D---Q-D--M----KQ-RY--A-SQS-----Q-----T-----H-----V-----A-V--ISR-K-----G--I-HT-RQG-AN-I-G-	672
H2A.FR.x.96330	... V-DT---D--M--K----QLIRH--A-SES-----Q-----T-----R-----A-I-VF--V-V--SR-K-----G--I-HK-WEQ-D-GET-E	603
H2A.GH.x.GH1	... V-D---S-D--M----KQ-RY--A-SQS-----Q-----T-----V-----A-----L-SR-K-----G-L--I-HT-RQG-AN-T-E	729
H2A.GM.87.D194	... V-D---D--M----KR-HY--A-SQS-----Q-----T-----I-G--A-----L-SR-K-----G-L--I-HT-RQG-AN-ET-E	728
H2A.GM.90.CBL24	... V-D---Q-D--M----Q-HQ-RY--A-SSE-----Q-----T-----VII-I-A--IV-V--SR-K-----G-L--I-HRHWEQ-D-GET-E	739
H2A.GM.x.CBL23	... V-DT---E--M----G-IRD--A-SQO-----Q-----T-----II-IVV-----SR-K-----G-L--I-HK-WEQ-A-ET-E	732
H2A.GM.x.ISY	... V-DT---E--M----H-TR--A-SES-----Q-----T-----M-----IVA-----V-----SR-K-----G-I--I-HK-WEQ-D-ET-E	730
H2A.GW.86.FG	... V-DT---D--M----Q-RY--A-SQS-----Q-----T-----L-FT--VR-----V-----IVA-----SR-K-----G-I--I-HK-QEQ-A-ET-E	729
H2A.GW.87.CAM2CG	... A-E---D--M----Q-RY--A-SQS-----L-----N-----T-----T-S-----I-V-----V-----SR-K-----S-G-I--I-HK-EQ-AS-ET-E	739
H2A.GW.x.ALI	... V-N--K-D-D-M----Q-Q-RY--A-SEQ-----R-----T-----T-L-TA-V-----I-----IVA-----V-----SR-K-----G-I--I-HK-QEQ-GET-E	735
H2A.GW.x.CAM1	... V-D---D-A-M----Q-RY--A-SQS-----Q-----R-----T-----I-V-----V-----SR-K-----G-I--I-HK-LEQLA-ET-E	738
H2A.SN.85.ROD	... V-D---A-D-M----KQ-RY--A-SKS-----Q-----I-----T-----V-----L-I-A-A-----V-----SR-K-----G-I--I-HK-RQG-AN-ET-E	738
H2A.SN.x.ST	... V-DT---D--M----QRIRN--A-SES-----Q-----T-----I-V-----V-----SR-K-----A-----I-HK-REQ-A-ET-E	733
H2AB.CI.90.7312A	... V-D---D--D-M----Q-KQIRD--A-SES-----Q-----V-----IVA-----VI-----V-----IGR-----R-----G-----IR-HK-QEQ-AN-ET-EG	741
H2B.CI.88.UC1	... ET---D-E-M----Q-KR-N--DA-----R-----FT-----MA-----RL-L-V-A-L-V-----M-----R-K-----T-----IP-RKHRGQ-AN-ET-DE	741
H2B.CI.x.EHO	... V-E--K-D--M----Q-Q-R--DA--K-----Q-----I-S-----FT-----MA-----RL-L-----I-----IVV-----A-----I-----R-----K-----T-----IP-RK-RGO-AN-ET-EG	736
H2B.FR.x.96200	... DTFK-D--M----Q-KQ-N--DA-----I-----T-----HL-L-V-A-L-V-----V-----E-----K-----T-----IP-RK-RGO-AN-ET-EG	647
H2B.FR.x.97227	... DTFM-R-D-M----KQ-N--DA-----KS-----Q-----FT-----MV-----RL-L-V-A-L-V-----I-----R-----K-----T-----IP-RKHRGQ-AN-ET-DE	678
H2B.GH.86.D205	... ET---N--M----Q-KQ-H--DA-----I-----T-----HL-L-----A-LVV-----V-----R-----K-----T-----IP-RK-RGO-AN-ET-EG	740
H2B.JP.01.KR020	... KNF--N-D-M----Q-NQ-R--D--K--V-----E-----K-----Q-----S-----FT-----A-----I-L-VI--LVV-----L-----R-----K-----V-----IP-HKGQGR-AS-ET-EG	729
H2G.CI.x.ABT96	ALGA-KT-E-Q--M----KQIN--D--R-----T-----V-----VYL-L-V-A--V-----V-----I-GR-----X-----V-----I-RK-QEX-K-EI-GE	757
H2U.FR.96.12034	... I-DT---N-D-M----E-NY-----Q--A-----N-----I-----T-----V-----VYL-L-V-A-I-----V-----L-GS-----K-----H-----VE-IP-R-QEQ-KGEI-EG	747
MAC.US.x.251_BK28	... D--D-----E-----D-----I-----V-----*	754
MAC.US.x.270W	... E-----D-----I-----V-----R-----*	738
MAC.US.x.418	... D-T-----R-----I-----V-----P-----*	741
MAC.US.x.BK28_H824	... R-D-K-----S-----S-----T-----I-----R-----G-----	751
MAC.US.x.BR5	... R-----I-----R-----P-----*	731
MAC.US.x.BR5	... D-----A-----T-----I-----I-----R-----K-----KG-----G-----	731
MAC.US.x.MM142	... D-----A-----T-----I-----I-----R-----*-----T-----K-----KG-----G-----	755
MAC.US.x.SMM142B	... D-----A-----T-----I-----I-----R-----*-----T-----K-----KG-----G-----	754
MNE.US.82.MNE_8	... N--N-----R-----*	754
MNE.US.x.MNE027	... N-----R-----*	755
SMM.SL.92.SL92B	... D-V-D--M----K-E--A-QM-----RL-----T-----VR-----FL-I-IV-----V-----SR-----H-----I--R-QE-AK-T-GE	759
SMM.US.02.YNPRC_FAL	... D-I-D--M----A-M-----A-----M-----T-----R-----V-----MS-----V-----	144
SMM.US.02.YNPRC_FBL	... DT-V-N--M----Q-----A-----Q-----I-----C-----IL-----T-----R-----L-----G-----I-----V-----	146
SMM.US.02.YNPRC_FIP	... D-D--D-M----A-----M-----I-----R-----V-----M-----V-----	144
SMM.US.02.YNPRC_FUP	... D-D--D-M----Y-A--EM-----R-----V-----M-----V-----	144
SMM.US.02.YNPRC_FVN	... D-D--D-M----A-----M-----R-----V-----M-----V-----	144
SMM.US.02.YNPRC_FWS	... S-VM-D--M----R-S-T-----QM-----H-----IL-----T-----AL-----L-----GS-----V-----R-----	154
SMM.US.02.YNPRC_FYN	... DT--D--M-----A-----LM-----V-----S-----R-----L-----I-----V-----	144
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	... D-Y--D--M----A-SQMF-----P-----T-----I-----FS-----	148
SMM.US.79.NIRC_CFU233	... ATNM--D--M----Y-A-SL-----T-----L-----I-----V-----R-----K-----T-----	163
SMM.US.80.NIRC_6001_G930	... D-*--D--M----A-SQMF-----I-----FSR-----G-----	151
SMM.US.90.TNPRC_F100	... D--N--M----Q-----A-----M-----R-----V-----M-----V-----R-----K-----A-----	163
SMM.US.93.TNPRC_F102	... D-D--D--M----A-MM-----S-----G-----L-----I-----V-----V-----	144
SMM.US.94.TNPRC_M927	... DT--D--N--M----KQ-N--A-----Q-----T-----L-----L-----G-----V-----R-----T-----	163
SMM.US.95.TNPRC_D175	... V-D--Q-D--M----KQ-AY--A-QQ-----L-----D-----T-----V-----VYL-F-V-A-I-V-----VI-----G-----	150
SMM.US.97.TNPRC_G080	... D--N--M-----A-----M-----R-----V-----I-----M-----VI-----	146
SMM.US.x.F236_H4	... ET-V-N--M----Q-----A-----Q-----I-----T-----R-----L-----L-----G-----V-----R-----A-V-----IP-HKGQEP-K-E-G-----	758
SMM.US.x.H445	... D-V-N-D-M----G-----A-----Q-----R-----I-----T-----R-----L-----L-----VG-----V-----R-----P-----A-V-----IP-HK-QEP-K-E-GE-----	760
SMM.US.x.H9	... DT--X--MX----KQ-N--A--XX-----X-----XX-----X-----TX-----L-----L-----G-----V-----R-----AXVX-----IP-XTGQE-----K-E-G-----	759
SMM.US.x.P209C15	... D-V-I-D-M--Q-----Q-S-----A-----Q-----F-----I-----T-----R-----L-----L-----VG-----V-----R-----A-V-----IPVHKGQEP-K-E-GE-----	760
SMM.US.x.PBJ14_15	... DT--N--M-----KQ-N-----A-----QS-----T-----I-----T-----L-----L-----G-----V-----R-----A-V-----VP-TGQE-----K-E-G-----	762
SMM.US.x.PBJ_6P12	... DT--N--M-----KQ-N-----A-----QS-----T-----I-----T-----L-----L-----G-----V-----R-----A-V-----IP-TGQE-----K-E-G-----	762
SMM.US.x.PGM53	... V-N--M----Q-----D-----A-----QA-----I-----T-----L-----L-----VG-----V-----I-----R-----V-----V-----IP-HKGQEQ-K-E-G-----	763
SMM.US.x.PT573	... D-V-N-D-M----G-----N-----A-----Q-----I-----T-----R-----L-----L-----VG-----V-----R-----A-V-----IP-HK-QEP-K-E-GE-----	760
SMM.US.x.PT583	... D-V-N-D-M----G-----A-----Q-----I-----T-----R-----L-----L-----VG-----V-----R-----P-----A-V-----IP-HK-QEP-K-E-GE-----	760
SMM.US.x.SME543	... D-V-N-D-M----G-----A-----Q-----I-----T-----R-----L-----L-----VG-----V-----R-----P-----A-V-----IP-HK-QEP-K-E-GE-----	760
SMM.US.x.SMP209	... D-V-I-D-M--Q-----Q-S-----A-----Q-----F-----I-----T-----R-----L-----L-----VG-----V-----R-----A-V-----IP-HKGQEP-K-E-GE-----	759
STM.US.x.STM	... D-V-D--M-----A-----Q-----V-----T-----VR-----L-----I-----LVM-----VA-----M-----L-----R-----K-----CR-----IP-HKGQEP-K-T-EG-----	755

HIV-2/SIVsmm proteins

MAC.US.x.239	GEGGGNSSWPQIEYIHFLRQLRLTTLFSNCRTLLSRYQILQPIQLRLSATLQRIREVLTELYLQYGWSYFHEAVQAVWRSATETLAGAWGLWETLRGGRWILAIPIRRIQGLELTL*	880
H2A.CI.88.UC2	A-DAS-YDF-P-N-QL-HL-T--G-Y-I-D-ANSPTRL-S-N-TA-DW-LKAA-CEWIQ-F-IA-T-R-RG-CKAVQ-I-G-V-A-IA-	866
H2A.DE.x.BEN	V-GDS-YDL-P-N-VQ-HL-T--IG-YNI-D-KNSPTRRL-S-S-TA-DW-LKAAQ-CEWIQ-F-FA-TTR-W-AA-I-G-V-A-A-	861
H2A.FR.x.96206	--DN-DYR-L--RN-I-YNS-KTF-T-RLLVAY-CEWIQE.....	666
H2A.FR.x.96226	A-GD-YDL-P-N-Q-HL-G-YNT-D-KNSLTRRL-S-N-AA-DW-LKAAL-CEWIQ.....	747
H2A.FR.x.96330	V-NDV-D-L-P-R-G-YNI-DS-SFT-L-SRG-XGG-DW.....	665
H2A.GH.x.GH1	DRDDE-YDL*-P-N-HL-T-G-YKI-D-TNSPTHRL-S-N-TA-DW-LKAA-GEWIQ-F-FA-T-R-I-RG-C-AAQ-I-G-V-A-IA-	853
H2A.GM.87.D194	A-DDS-YDL*-PLN-Q-HL-T-G-YNS-G-KNSPTRRL-S-S-TA-DW-LKAA-CEWIQ-FR-FA-T-R-I-RG-C-AAQ-I-G-V-A-IA-	852
H2A.GM.90.CBL24	V-NDV-T-L-P-A-L-IG-YNI-D-SSL-S-QRA-TA-DW-L-AA-CEWIQ-L-LT-ATR-RN-GA-Q-I-G-V-A-A-	867
H2A.GM.x.CBL23	V-NNV-D-L*-P-R-H-G-YNI-N-ISLT-R-VF-S-QRA-TA-DW-DAA-CEWIQG-F-FA-ATR-T-R-GA-O-I-G-V-A-IA-	860
H2A.GM.x.ISY	V-NDV-SR-P-P-L-R-YNS-D-YL-P-....DW-LKAA-CEWIQ-F-LA-VTR-TS-GRS-GA-G-I-G-V-A-IA-	847
H2A.GW.86.FG	V-NDV-SR-P-P-A-L-G-YNI-D-ISP-F-S-QRA-TA-DW-LKAA-CEWIQ-F-LA-TTR-GR-Q-I-G-V-A-A-	857
H2A.GW.87.CAM2G	V-GN-DR-G-YNI-N-IF-T-N-....DW-PKVAF-CEWIQ-F-FA-A-A-R-CR-V-GM-Q-I-G-V-A-A-	860
H2A.GW.x.ALI	V-NDV-DRL-P-A-L-HL-A-IG-Y-I-D-ISP-FRS-QRA-TT-DW-LKAA-CEWIQ-FR-FA-I-R-TNT-R-GAVQWV-R-V-A-IA-	863
H2A.GW.x.CAM1	V-SNV-DRF-P-A-L-R-YNS-D-IFLT-N-....DW-ASTAF-CEWIQ-F-FG-A-K-TS-CRS-R-G-I-G-V-A-A-	859
H2A.SN.85.ROD	--SN-DRY-P-A-R-Y-I-D-SPLT-L-Y-N-....DW-LRTAF-CEWIQ-F-AA-ATR-CRG-RV-E-I-G-V-A-IA-	859
H2A.SN.x.ST	V-NSN-DNW-P-R-NR-YNI-D-SFT-L-S-S-RRA-TAV-DW-FNTA-GEWIQ-FR-FA-ATG-TN-RGF-G-GOI-G-V-A-IA-	861
H2AB.CI.90.7312A	--ND-YR-RN-I-YDG-LKTF-T-A-P-LLFA-IGW-Q-AAGATG-STGRT-A-TA-G-I-V-A-	858
H2B.CI.88.UC1	--NE-AYR-A-RN-I-YNG-N-LKTS-A-P-LS-A-I-W-Q-I-AT-A-R-NTGRA-KA-TAEA-I-A-	858
H2B.CI.x.EHO	--NNE-YR-P-RD-I-Y-G-KTF-T-V-P-LPPA-R-I-W-Q-I-AA-A-G-S-ARTS-GV-AAGB-I-A-A-	853
H2B.FR.x.96200	--SD-D-P-T-HX-G-YNS-N-V-TFLT-LF-N-....DW-LRAAL-CEWI.....	718
H2B.FR.x.97227	--SD-VYR-GN-YNG-N-LKTF-A-R-P-LP-A-I-CEWIQ-G-....	748
H2B.GH.86.D205	--ND-DYR-L-RN-I-YNG-LKTF-HQ-STN-....QP-LPVA-I-W-Q-LR-AA-ATG-S-GET-A-AA-A-I-	860
H2B.JP.01.KR020	--DDEDYR-R-RN-I-YNS-S-LKIP-P-LVF-....QQ-LP-A-IGW-Q-I-AT-A-G-TNTGRA-A-TA-A-V-A-	846
H2G.CI.x.ABT96	S-NK-YR-X-GN-Y-A-IX-T-LF-I-R-A-H-L-AA-FS-FRWLQ-CT-AT-A-Q-TST-RA-K-G-V-G-....	885
H2U.FR.96.12034	A-DS-YR-R-H-Y-S-D-IC-S-LF-SI-....-R-HL-IA-Q-K-F-FGKA-R-SRTGRE-G-V-LR-F-A-	868
MAC.US.x.251_BK28	-----A-R-V-G-----R-----G-----R-----	882
MAC.US.x.270W	-----I-G-----I-----G-----	848
MAC.US.x.418	-----V-----A-----RGV-----Q-----G-----R-----	851
MAC.US.x.BK28_H824	D---D-F-G-----R-----Q-----G-----R-----	879
MAC.US.x.BR5	--D-F-----R-----A-----Q-----E-A-Q-....	841
MAC.US.x.BR5	--GS-F-----R-----L-----Q-----ARDLRQRL-RARGEK-A-Q-....	841
MAC.US.x.MM142	--GS-A-----F-----YGEFG-----L-----Q-----ARDLRQRL-RARGEK-A-Q-....	883
MAC.US.x.SMM142B	--GS-A-----F-----F-----T-----Q-----VA-----G-V-....	882
MNE.US.82.MNE_8	--GS-A-----F-----F-----T-----Q-----VA-----G-V-....	882
MNE.US.x.MNE027	-DS-A-----F-----F-----T-----Q-----VA-----G-V-E-....	883
SMM.SL.92.SL92B	--N--YRL-I-YN-LTR-A-A-N-QLC-EIS-P-LV-R-AG-IR-N-I-C-EA-Q-AIV-LI-G-V-G-A-M-N-....	887
SMM.US.02.YNPRC_FAL	144
SMM.US.02.YNPRC_FBL	146
SMM.US.02.YNPRC_FIP	144
SMM.US.02.YNPRC_FUP	144
SMM.US.02.YNPRC_FVN	144
SMM.US.02.YNPRC_FWS	154
SMM.US.02.YNPRC_FYN	144
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	148
SMM.US.79.NIRC_CFU233	163
SMM.US.80.NIRC_6001_G930	151
SMM.US.90.TNPRC_F100	163
SMM.US.93.TNPRC_F102	144
SMM.US.94.TNPRC_M927	163
SMM.US.95.TNPRC_D175	150
SMM.US.97.TNPRC_G080	146
SMM.US.x.F236_H4	-DR-SR-S-DW-L-S-V-S-T-I-I-IA-R-Q-W-KL-R-S-I-G-V-G-....	886
SMM.US.x.H445	-DR-GR-S-DW-L-I-V-R-V-I-I-I-Q-A-W-KV-R-S-R-I-G-V-G-V-....	888
SMM.US.x.H9	--XR-R-X-S-DW-L-XC-V-S-R-A-I-V-I-R-LQ-AXXW-KPXR-S-R-G-V-G-XX-....	887
SMM.US.x.P209C15	-DR-SR-S-DW-L-I-V-R-V-I-I-I-Q-W-KF-R-S-R-I-G-V-G-V-....	888
SMM.US.x.PBJ14_15	-GR-R-S-DW-L-NC-T-V-S-R-A-I-VQIA-R-LQ-A-W-KLVR-S-RH-G-V-G-....	890
SMM.US.x.PBJ_6P12	-GR-R-S-DW-L-NC-T-V-S-R-A-I-VQIA-R-LQ-A-W-KFVR-S-R-G-V-G-....	890
SMM.US.x.PGM53	-DR-R-N-Y-L-I-VF-V-IS-CRW-Q-A-ARG-S-R-S-G-V-V-A-....	888
SMM.US.x.PT573	-DR-SR-S-DW-L-I-V-R-V-I-I-H-Q-A-W-KF-R-S-R-I-G-V-G-V-....	888
SMM.US.x.PT583	-DR-SR-S-DW-L-I-V-G-R-V-I-I-Q-A-W-KF-R-S-R-I-G-V-G-V-A-....	888
SMM.US.x.SME543	-DR-SR-S-DW-L-I-V-R-V-I-I-Q-W-KF-R-S-R-I-G-V-G-V-A-....	888
SMM.US.x.SMP209	-DR-SR-S-DW-L-S-V-T-V-I-I-Q-W-KF-R-S-R-I-G-V-G-V-A-....	887
STM.US.x.STM	-DR-IN-T-V-YN-F-AC-I-T-H-TF-I-RI-V-LGAA-CIWIQ-A-A-A-G-S-GR-G-V-R-G-....	883

HIV-2/SIVsmm protein alignment: NEF

657

R17Y mutation		
MAC.US.x.239	MGGAISMRSSRPGDLQRILLRARGETYGRLLGEVEDGYSQSPGGLDKGLSSLSC..	..EQQKYNQGYMNTPWRNPAEEREKLAYRKQNMDIDE*DDD.LVGVSVR.PKVPLRTMSYKLAIDMSHFIKEKGLEGIYYS
H2A.CI.88.UC2	--ASG-KKL-KQ-QG-E-----GG-V-QCSASGGES--Q-SGREQK-P-----Q-R-D-----T-M-GQ-ES-KQ----V-SD-N-Q-----T.SR---P-T-----MF-	135
H2A.CI.x.IC763124	I-S-G-K-P--R-PGX-KK---KKG-R-HWNR-KNCL-QEKSGRD-NAP--.K-Q-O-KFI---*K---T-E-KV-Q-ANN-NTDNNN.OIK-H-S-----KA-T-N-----D-----MF-	135
H2A.DE.91.HOM	--ASG-KKP-K-RG-E--QTP--S-GHWHLGGESL--QE-SGREQD-P-----RR-Q-DF-----A--XX-DL-KQ----V-SD-N-IE-P-T.-RTQ--V-TFR-R-L-D-----MF-	135
H2A.DE.92.NEP	--ASG-KTH--RGQ-E-----AG-C-GHWD-LGGE-R-QEES--QK-P-----R-Q-DF-----T-S-G-N-Q-----V-LD-----T-----A-TFR-RN-L-D-----MF-	135
H2A.DE.x.BEN	--ASG-KKL-KH-RG-E-----DG-KQRDASGGB--FQEESGREQN-P-----Q-Q-E-S-----T-Q-DL-Q----V-SD-----I-P-T.R--R-E-T-----Q-MF-	135
H2A.DE.x.PEI2	--ASG-KKC-SLQG-E-----C-GQWDGSAGE-L-FQE-SGR-QNLP-----R-Q-DF-----T-AG-GTL-KQ----V-ADN-N.I-P-T.R--A-T-V-I--LN-D-M-----MF-	135
H2A.GH.x.GH1	--ASG-KKH-KH-QR-E-----H-GG-VQQCNASGGE--QE-SG-QK-P-----Q-R-DF-----T-I-QO-KL-KQ-----SS-----P-T.R--A-T-V-----KR.-D-MF-	134
H2A.GM.87.D194	--ASG-KK-EH-QG-E-----GG-VKQRNASGGES--QE-SGREQK-P-----Q-O-EF-----T-AIGQ-NS-KQ-----V-SD-----P-M.-R--E-T-----F-	135
H2A.GM.x.ISY	--ASG-KK--RG-QE-----GAC-G-WD-S-G-----FHE-SGREQKLP-----R-Q-DF-----T-T-K-ES-Q-----V-SD-----DT.SR--A-T-RM-V-DL-D-----MF-	135
H2A.GW.87.CAM2CG	--ASG-KK--LQG-QE-----AG-C-ECYNAL-GESLR-QE-S-REQN-----R-Q-DF-----A-A-GK-N-Q-----SD-----PAT.R--T-----MF-	135
H2A.GW.x.ALI	--ASG-KK-G-LQG-E-----QTP--S-GQCSGSGG--Q-SGR-QKLP-----R-Q-DF-----T-T-EL-KQ----V-LD-S-----T-R-Q-T-----V-L-R-----MF-	136
H2A.GW.x.MDS	--ASG-KK--RG-QE-----AGAC-GHWD-LGGE-R-QE-S-QR-P-----Q-Q-DF-----T-T-G-DS-----V-SD-----Y-T.-RT-----A-T-----V-----MF-	135
H2A.PT.x.1069	--ASG-KKH-K-LQG-E-----Q-G-C-GRSN-S-GEFL-Q-ESGREQN-P-----R-Q-DF-----T-G-RAM-KQ-----V-AE-----I-P-.R--T-----MF-	135
H2A.PT.x.1147	--ASG-KKP--PRG-QE-----AGAC-GHWBQL-G-L-FQE-SGREQKLP-----R-Q-EF-----T-T-G-N-KQ----V-SD-----Q-A-T-A-T-RM-----L-D-----MF-	135
H2A.PT.x.1215	--ASG-KK--OG-Q-----AGAC-GYWN-LGGE--QE-SGREQK-P-----Q-O-DF-----T-A-G-K-Q-----V-SD-E-O-----T-R-Q-G-T-----MF-	135
H2A.PT.x.1227	--ASG-KKQ-K-RG-E-----S-EGWR-LGGE-L-QEESGREQR-R-----R-Q-EF-----KD-P-GKEN-----Q-----V-SD-----P-T.R--E-T-RR-----D-----MF-	135
H2A.PT.x.1320	--ASG-K-K-QG-Q-----AGAC-GHWD-SGGV-R-QE-SGREQK-P-----Q-Q-DF-----T-T-RD-KQ----V-SD-----Q-----T-R--G-T-----V-----MF-	135
H2A.PT.x.1378	--ASG-KK-T-LRG-QE-----QTG-RDWGRNCNRSGE-S-RFQ-ESGREQN-P-----R-P-DFV-----Q-T-P-G-SKL-Q-----A-AD-----R--A-T-RM-----L-QE-----MF-	135
H2A.PT.x.1428	--ASG-KT--RG-QE-----AGAC-GHW-B-L-QE-SGREQK-----R-QA-DF-----T-T-G-NP-KQ----V-SD-----Q-P-S-R--E-T-R-----MF-	135
H2A.PT.x.1543	--ASG-KK--LQG-QE-----G-C-GQCSGS-G-L-QE-SG-EQN-P-----R-Q-DF-----T-A-K-NQL-KQ-----V-SD-----Q-P-T-Q-----Q-T-----Q-M-----MF-	135
H2A.PT.x.1544	--ASG-KKH-K-RG-Q-----AGAC-GHWD-LGGE-LRFQE-SGREQK-P-----R-Q-DF-----T-K-IE-Q-----V-SD-----Q-H-K-R-----E-TT-----MF-	135
H2A.PT.x.1567	--ASG-KKQ-K-RG-E-----T-EG-C-GQSHGS-G-L-Q-ESGR-Q-----R-Q-DF-----T-A-A-EL-KQ----V-SD-----I-P-T.R-Q-E-TF-M-V-----MF-	135
H2A.PT.x.268	--ASG-KKP--RG-QE-----AG-C-GYWO-LGGE-R-QEESGREQR-P-----R-Q-DF-----KD-SAV-KENS-----Q-----V-SD-----T.R--E-T-RR-V-----L-D-----MF-	135
H2A.PT.x.483	--ASG-KKP--PRG-QE-----AG-C-GYWE-LGEE-L-QE-SGR-QK-P-----Q-DF-----A-I-G-RS-KQ-----V-SD-----Q-P-T.R--A-THR-----L-D-----MF-	135
H2A.PT.x.546	--ASG-KK-K-QG-QE-----QTH-GAC-GHCNGS-G-FL-Q-ESGR-QN-P-----R-Q-DF-----T-A-AL-Q-----V-SD-----T.R--P-T-R-----D-----MF-C	135
H2A.PT.x.794	--ASG-KK--QG-Q-----AG-C-EYWN-LGGE-L-QE-SGREQR-P-----R-R-DF-----D-A-G-NS-Q-----V-SD-----P-T.RTQ-E-T-R-----D-----MF-	135
H2A.PT.x.B1_1	--ASG-KK-K-RG-Q-----AGAC-GHWB-LGGE-QERSGREQK-----R-Q-DF-----H-A-G-NS-Q-----V-SD-----T-T-E-T-R-V-----D-----MF-	135
H2A.PT.x.EP	--ASG-KT--RG-E-----Q-C-S-SGRW-GS-G-L-QE-SGREQNL-----R-Q-DF-----TDE-RS-----Q-----V-LD-----A-T-----T-R-V-----E-N-----MF-	135
H2A.PT.x.MP1	--ASG-K-P-SLQE-E-F-A-C-GRCNKS-G-L-FHE-S-REQR-P-----R-Q-E-D-----GT-V--ELHKQ-----V-LD-N.Q-FP-T-----P-TF-M-V-----L-----MF-	135
H2A.PT.x.MP2	--ASG-K-K-SLQG-QE-----C-GRCN-S-G-L-FHE-S-REQR-P-----R-QE-D-----T-V-EL-KQ----V-LD-N.Q-FP-T-----P-TF-M-V-----L-----LF-	135
H2A.SN.85.ROD	--ASG-KKH--PRG-QE-----AGAC-GYWN-SGGE-RFQE-S-REQR-P-----RQ-Q-DF-----KD-A-NL-Q-----V-SD-----Q-R-T-----P-THR-----L-TR-----MF-	135
H2A.SN.x.ST	--ASG-K-K-E-RG-E-----QTP--AS-GHWDLKGGE-L-QE-SGR-QK-P-----RR-Q-DF-----A-G-GS-KQ-----V-SD-----P-T.R--E-T-R-R-----L-----MF-	134
H2AB.CI.90.7312A	--S-G-KKQ-KQQRG-E-----Q-GP-----S-GRRGES--EES-R-N-P-----TAPGAE-----GGGQ-DIEE-DE-NE-----Y-Q-P-T-----F	117
H2B.CI.88.UC1	--S-G-KKQ-KQQRG-E-----TQE-P-K-SEGQRKQS-R-----S-D-N-P-----RNAPRAE-----GGGQ-DT-DSDE-NE-----Y-NR-S-T-M-----MF	117
H2B.CI.x.EHO	--S-G-KKQ-KQPG-E-----RGRP-ESS-RQERSL-Y-S-----N-P-----D-TLGAE-----GGG-----DS-E-DE-NE-----R-G-P-TF-----V-----L-----E-----MF	117
H2B.CI.x.IC762993	-ES-S-KKQ-KQRRE-EK-QTOQGP-RK-SE-QQGOSLR-EKS-NSK-P-----KKRNTPRAE-----KE-Q-VNNNSNKNKK.-KAY-K-NR-KPIT-----KE-----MF	117
H2B.GH.86.D205	--S-G-KK-ERQQG-EK-VPERP-----S-RREQS-R-----ES-D-N-P-----NARGAE-----GGGQ-DA-ESDE-E-----P-T-----V-----Q-M-----MF	118
H2G.CI.x.ABT96	--S-G-KK-APQQLG-K-Q-----P-K-WEGL-E-----YREESG-----Q-T-F-----T-A-X-N-V-SD-N-----P-Y-----V-----MF	135
H2U.FR.96.12034	--S-KKH-KR--K-E-A-N-----W-GL-----FELYQ-SG-D-----RF-EAQ-G-SE-EF-----T-TGKD-Q-KQ-----V-E-N-----A-R-A-T-----V-----D-F	137
MAC.US.x.17EC1	-----S-----	-----I-----
MAC.US.x.17EFR	-----S-----	-----I-----
MAC.US.x.251_1A11	--T-----ST-----E-----S-L-E-----E-----K-----Q-----I-----	135
MAC.US.x.251_32H_PJ5	--R-----KSA-----L-----E-----V-----E-----P-M.-R-----V-----	135
MAC.US.x.251_BK28	--K-A-----K-----S-L-G-----R-----K-----E-----A-T-----	135
MAC.US.x.BK28_H824	--R-----A-----S-L-G-----R-----E-----T-----	135
MAC.US.x.MM142	--KK-----K-PR-----N-----FKG-----S-----L-----E-----K-P-----I-----E-----IP-E.AR-----	135
MNE.US.82.MNE_8	--T-K-----KSP-----WE-L-----S-L-----F-----K-----G-----I-----E-N-----P-----R--II-----V-----	135
MNE.US.x.MNE027	--T-KK-----KSP-----WEGL-----S-----S-L-----F-----K-----G-----E-----G-----P-----R-----A-T-----V-----	135
SMM.SL.92.SL92B	--IT-SKPA-KH-----KK-S-----DS-----WDGL-E-SQ-----Q-S-RA-N-CLT.RD-Y-V-EF-----T-Q-QQ-Q-C-----D-E-A-V-W-----A-----D-----	136
SMM.US.x.F236_H4	--KKQYKRG-N-E-----Q-----WEGL-E-----L-ASG-----P-----SE-----T-A-G-Q-----V-DE-----I-H-R-----A-T-----N-----	135
SMM.US.x.H9	--VT-KKQRXAG-N-YE-----Q-----WEGL-GB-----XDASG-----P-----CE-----T-GA-G-Q-----V-NE-----CP-S-R-V-I-T-----V-----	133
SMM.US.x.PBJ14_15	--VT-KKQR-RG-N-YE-----Q-----D-----WEGL-GE-----QDASG-----P-----CE-----T-A-D-Q-----V-SA-----CP-S-R-V-I-T-----	133
SMM.US.x.PBJA	--VT-KKQR-RG-N-YE-----Q-----WEGL-GE-----QDASG-----P-----CE-----T-A-D-Q-----V-SA-----CP-S-R-V-I-T-----	133
SMM.US.x.PBJC	--VA-KKQRKHG-N-E-----Q-----WEGLKGE-----QDASG-----P-----CE-----TK-A-D-Q-----V-SA-----CP-S-R-V-I-T-----	133
SMM.US.x.PBJD	--VT-KKQRKHG-N-E-----Q-----WEGL-GE-----QDASG-----P-----CE-----TK-A-D-Q-----V-SA-----CP-S-R-V-I-T-----	133
SMM.US.x.PBJE	--VT-KKQR-RG-N-YE-----Q-----WEGL-GE-----QDASG-----P-----CE-----T-A-D-Q-----V-SA-----CP-S-R-V-I-T-----	133
SMM.US.x.PBJ_143	--VT-KKQRXAG-N-XE-----Q-----WEGL-GB-----XDASG-----P-----CE-----T-A-D-Q-----V-SA-----CP-S-R-V-I-T-----V-----	133
SMM.US.x.PBJ_6P12	--VT-KKQR-RG-N-YE-----Q-----WEGL-GE-----QDASG-----P-----CE-----T-A-D-Q-----V-SA-----CP-S-R-V-I-T-----	133
SMM.US.x.PBJ_6P6	--VT-KKQR-RG-N-YE-----Q-----WEGL-GE-----QDASG-----P-----CE-----T-A-D-Q-----V-SA-----CP-S-R-V-I-T-----	133
SMM.US.x.PBJ_6P9	--VT-KKQR-RG-N-YE-----Q-----WEGL-GE-----QDASG-----P-----CE-----T-A-D-Q-----V-SA-----CP-S-R-V-I-T-----	133
SMM.US.x.PGM53	--A-G-KKQ-RG-G-GEK-Q-----H-K-WEGL-----R-E-GRDWNLH-F-----G-SE-F-----R-K-Q-----V-DD-E-I-----H-----A-----	135
SMM.US.x.SME543	--KKQY-RG-N-E-----WEGL-E-----L-ASG-----P-----SE-----TA-KA-G-KQ-----V-DE-----H-----A-T-----N-----	135
STM.US.x.STM	--ASG-KKQRQH-E-----E-----K-----EGLGE-SGP-Q-AS-----N-H-----P-R-E-F-----K-----A-SA-E-Q-----V-E-N-----A-H.-R-----E-T-----L-----S-----	135

HIV-2/SIVsmm proteins