

Sequences in the *Pol* Alignment

HIV2/SIV POL

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
ROD	HIV2ROD	M15390	Clavel,F.	Nature 324, 691 (1986)
NIHZ	HIV2NIHZ	J03654	Zagury,J.F.	PNAS 85, 5941 (1988)
ISY	HIV2ISY	J04498	Franchini,G.	PNAS 86, 2433 (1989)
ST	HIV2ST	M31113	Kumar,P.	JVI 64, 890 (1990)
BEN	HIV2BEN	M30502	Kirchhoff,F.	Virology 177, 305 (1990)
CAM2	HIV2CAM2	D00835	Tristem,M.	J. Gen. Virol. 72, 721 (1991)
D194	HIVD194	J04542	Kuehnel,H.	PNAS 86, 2383 (1989)
GH1	HIV2GH1	M30895	Hasegawa,A.	ARHR 5, 593 (1989)
UC2	HIV2UC2	U38293	Barnett,S.W.	Unpublished
MDS	HIV2MDS	Z48731	Becker,M.	Unpublished
KR	HIV2U22047	U22047	Kraus,G.K.	PNAS 90, 4226 (1993)
FA	HIV2FAP	L33089	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
5132P1	HIV25132P3	L16970	Gao,F.	ARHR 9, 703 (1993)
S52907	S52907	S52907	Warren,T.C.	Protein Expr. Purif. 3, 479 (1992)
SUBTYPE B:				
D205	HIVTRENGE	X61240	Kreutz,R.	ARHR 8, 1619 (1992)
UC1	HIV2UC1GNM	L07625	Barnett,S.W.	JVI 67, 1006 (1993)
EHOACG	HIV2U27200	U27200	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471 (1994)
JA	HIV2JAP	L33090	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
ON	HIV2ONP	L33091	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
SUBTYPE C:				
POLB7	HIV2POLB7	M87138	Gao,F.	Nature 358, 495 (1992)
SUBTYPE D:				
FORTC2	HIV2FORTC2	M87111	Gao,F.	Nature 358, 495 (1992)
POLC12	HIV2POLC12	M87110	Gao,F.	Nature 358, 495 (1992)
SUBTYPE SD:				
MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539 (1987)
MM32H	SIVMM32H	D01065	Rud,E.W.	J. Gen. Virol. 75, 529 (1994)
MM239	SIVMM239	M33262	Regier,D.A.	ARHR 6, 1221 (1990)
MM142	SIVMM142	M16403	Chakrabarti,L.	Nature 328, 543 (1987)
MNE	SIVMNE	M32741	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)
SMMH4	SIVSMMH4	X14307	Hirsch,V.M.	Nature 339, 389 (1989)
SMMH9	SIVGAGAB	M80194	Courgnaud,V.	JVI 66, 414 (1992)
SMMPBJ	SIVSMMPBJA	M31325	Dewhurst,S.	Nature 345, 636 (1990)
6P6	SIV6P6	L09212	Hirsch,V.M.	JVI 67, 2466 (1993)
SUBTYPE STM:				
STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783 (1992)
SUBTYPE SO:				
SMMM7	SIVSMMM7	M27256	Li,Y. et al.	Unpublished (1989)
SMMLIB1	SIVUORF	M62651	Marx,P.A.	JVI 65, 4480 (1991)
SUBTYPE E:				
PAR	HIVPAR	L33093	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
HYBRIDS:				
BA_7312AR	HIV7312AR	L33092	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
BA_7312AI	HIV7312AP	L33088	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	GTGTTGGAATTGTGGAAAGGAGGGACTCGGGCAAACAGTGCCGAGCACCCAGAAGACAgGGCTGCTGG	70
ST	-----A-----	16
BEN	-----	16
D194	-----	70
GH1	-----	16
UC2	-----	16
MDS	-----	16
KR	-----	16
CONSENSUS-B	AAGaCAGGGATGCTGG	16
D205	-----	16
UC1	-----	16
EHOACG	---G-----	16
CONSENSUS-SD	GTGTTGGAATTGTGGGAA?GAgGGACTCTGCAAGGCAATGCAGAgCCCCAAGAAGACAGGGaTGCTGG	69
MM251	-----G-----	70
MM32H	-----A-A-----	70
MM239	-----A-----	70
MM142	-----G-A-----	70
MNE	-----A-----A-----C-----	70
CONSENSUS-STM	AGGCCCGAGAAGACAAGGTTGTTGG	25
STM	-----	25
	Gag orf \ / Pol orf (-1 from Gag) P15	
CONSENSUS-A	AAaTGTGGCAAg?CAGGACaCaTCATGGCAAA?TGCCCaGAAAGACAGGC?GGTTTTTAgGgaTgGGcc	137
ROD	-----A-----AC-----	26
NIHZ	-----T-----T-----	26
ISY	-----T-----C-T--A-	26
ST	-----G-----A-----G-----T-----	86
BEN	--G-----C-----C---G---A-----T-----	86
CAM2	-----G-----T-----	26
D194	--G-----T-----C---G---A-----	140
GH1	-----A-----G-----A-----A-----T-----	86
UC2	-----C-----T-----G---C---G-----T-----	86
MDS	-----A-----T-----G-----C-----G-----T-----	86
KR	-----AT-----TG-----C-----T-----T-----	86
CONSENSUS-B	AAATGTGGAAaAcaAGGACACATCATGTCAAAATGCCcAGAAAGACAGGCgGGTTTTTAgGGTTaGGaC	86
D205	-----AC-----	86
UC1	-----T-----	86
EHOACG	-----C-G-----C-----C-----	86
CONSENSUS-SD	AAATGTGGAAaAAATGGaCCATGTTATGGCCAATGCCcAgA?AGACAgGCgGGTTTTTAgG?cTTGGcC	137
MM251	-----C-----C-----T-----	140
MM32H	-----C-----C-----T-----	140
MM239	-----C-----C-----T-----	140
MM142	-----A-C-----C-----	140
MNE	-----C-----G-----C-----A-----CT-----	140
SMMH4	-----A-----G-----	29
SMMH9	-----C-A-----G-----	38
SMPBJ	-----C-A-----A-----G-----	38
6P6	-----C-A-----A-----G-----	38
CONSENSUS-STM	AAATGTGGACAACAGGGCCATCAGATGGCCAATGCCcAGAAAGACAGGTGGTTTTTAgGCTTTGGCC	95
STM	-----	95

CONSENSUS-A	catGGGGAAAGaAGcCcCGCAAcTTCCcGtGgcCcaagttcCgCaGGGGCTgAcACCAACAGCACCcCC	207
ROD	-T-----	96
NIHZ	AC-----G-----C-----C-----A-----	96
ISY	-----T--C-AG-T-----A-----	96
ST	-----T-----T-----A-C-----	156
BEN	--C-----T-----A-----CC--T-----T-----T--	156
CAM2	-C-----T-----A-----A-----A-----	96
D194	--C-----C-----C-----C--T-----T-----	210
GH1	-----C--T-C-----T-----	156
UC2	--C-----C--T-----T-----	156
MDS	-C-----G-----A-----	156
KR	-----T-----A--G--C-----	156
CONSENSUS-B	CCTGGGGAAAGAAGCCTCGCAAcTTCCcCaTgacCCAAgtgCctCAGGGgTgacaCCATCTGCaCCCC	156
D205	-----	156
UC1	-----	156
EHOACG	-----T-----G-. . . --G-CA--C-----GA-AGTG-----G-----	153
CONSENSUS-SD	CaTGGGGAAAGAAGCCCCGCAATTTCcCATGGCcCA?aTGC?TCAGGGCTGAc?CCAActGCTCcCC	204
MM251	-----T--AG--A-----G-----	210
MM32H	-----T--AG--A-----G-----	210
MM239	-----T--AG--A-----TG-----	210
MM142	-T-----T--AG--A-----G-----	210
MNE	-----A--A-----G-----	210
SMMH4	-----G--C-----TA-----	99
SMMH9	-----G--C-----A-----Y--	108
SMPBJ	-----G--C-----A-----	108
6P6	-----G--C-----A-----	108
CONSENSUS-STM	CATGGGGAAAGAAGCCCCACAACTTCCcCATGGCCAAATACCTCAGGGGCTGACGCCAACTGCCCTCC	165
STM	-----	165
CONSENSUS-A	agtaGAtCCaGcAGtgGAcCTacTgGAgAaaTAtaTGCAGCAaGGgAgaaagCAgAggGAGCAGAg. . . a	274
ROD	--G-----T-----A--GA-----A----- . . .	163
NIHZ	-T-G-----A-A--G--A----- . . .	163
ISY	-A-G-----G--C-----A--A----- . . .	163
ST	GA---C---T--A---A---G--C-----A--G---A----- . . .	223
BEN	G-C-----C--A--GT-----G----- . . . G	223
CAM2	-T-G-----T-----A--G----- . . .	163
D194	-A-----GT-----A----- . . . G	277
GH1	--C-----T--T--A--G-----G-----G----- . . . G	223
UC2	--C-----G---C---GT-A-----T-----G----- . . . G	223
MDS	--C----- . . .	223
KR	--C--C-----CA---G--A---G--CT-----G-----AA-----A. . .	223
CONSENSUS-B	GATGaACCCAGCAgagGGCATGACACCTcGGGgGCGAcaCCATCTGcGCCCCCTGCAGATCCAGCAGtG	226
D205	-----	226
UC1	-----G-----	226
EHOACG	-----TTC-----A--T---TT-----A-----A-	223
CONSENSUS-SD	AGAgGAtCCAGCTGTGGATCT?CT?AAgAA?TACATG?AgtTGGGCA?a?a?????????	249
MM251	-----C-----G--A---C-----C-----AGC-	261
MM32H	-----C-----G--A---C-----C-----AGC-GCAGAGAGAAAA	273
MM239	-----C-----G--A---C-----C-----AGC-GCAGAGAGAAAA	273
MM142	--A--A-----G--A---C-----C-----AGC-	261
MNE	-----C-----G--A--A--C-----C-----A-C-	261
SMMH4	-----A--G---T---A--A---G-A-	150
SMMH9	-----A--G---T---A--A---G-AG-	159
SMPBJ	-----A--G---T---A--A---G-AG-	159
6P6	-----A--G---T---A--A---G-AG-	159
CONSENSUS-STM	AGAAGACCCAGCTGCGGATCTGCTGAGAAGTTACATGCAGCTGGGCAAGAA	216
STM	-----	216

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	gagAGaCCaTACAAaGAgGTGACaGAgGACTTaCTGCaccTCGAgcAgggagAgaCaCCacaCAgaGa??	342
ROD	-----G--A-----G-----T---G--GC	233
NIHZ	-----G---G--A-----GTT-----C-----TG--G--..	231
ISY	C-A-----A-----G---T-----A-----..	231
ST	-----G-----A-----C---G-----A-ACA-----TG-----..	291
BEN	-----G-----G-----A-----T-----..	291
CAM2	C-----A--A-----G-C---TG--G--..	231
D194	-----G-----G-----G---C-----G..	345
GH1	-----G--A-----A-AG---T-----..	291
UC2	-----G-----G--A-----T-G-----..	291
MDS	-----G-----A-----A-----TG--AG--..	291
KR	AT-----G-----A--A-----A-----..	291
CONSENSUS-B	GAGATGCTgAAaAgcTACATGcAgaTgGGGAgacAgCAGAgAAGAGcCgGAGAGACCCTACAAGGA..	294
D205	-----T-----A-----..	294
UC1	-----A-----..	294
EHOACG	-----A--G--A-----AC--A-----AGA-----AG-----A--A-----..	291
CONSENSUS-SDGCAGAG?GA?A?CAGAgAgaGA??CCTTACAAGGA..	277
MM251A--A-G-----AG-----..	294
MM32HA--A-G-----AG-----..	306
MM239A--A-G-----AG-----..	306
MM142A--A-G-----G--AG-----..	294
MNEA--A-G--A-AG--AG-----..	294
SMMH4G--G--A-----GA-----..	183
SMMH9G--G--A-----GA-----..	192
SMPBJG--G--A-----GA-----..	192
6P6G--G--A-----GA-----..	192
CONSENSUS-STMGCAGAGAGAGCAGGAAGACACCTACAAGGA..	249
STM	249
P15 peptide \ / Protease		
CONSENSUS-A	?g?cgACAGAGGAcTTGCTgCACCTCAATTCTCTCTTTGGAAaaGACCAGTAGTcACAGCatacaTtGAG	410
ROD	CAC-A-----	303
NIHZ	.-A-----C-----	300
ISY	.-A-----C-----	300
ST	.-A-----C--TG-----	360
BEN	.-GA-----G-----C-----	360
CAM2	.-A-A-----C-----	300
D194	.-G-----A-----T---C-----	414
GH1	.-G-----C-----	360
UC2	.-G-----C-----	360
MDS	.-A-A-----T-----C-----T-----C-----	360
KR	.-G-----T-----TG-----	360
CONSENSUS-B	.GGTGACAGAGGATTGCTGCACCTCAATTCTCTCTTTGGAGAAGACCAGTAGTCAaAGCAtgTATcGAG	363
D205	363
UC1G-----	363
EHOACGAC---T---	360
CONSENSUS-SD	.GGTgACaGAGGATTGCTGCACCTCAATTCTCTCTTTGGAGAAGACCAGTAGTCACTGC??A?ATTGAA	343
MM251G-----TC-T-----	363
MM32HG-----TC-T-----	375
MM239G-----TC-T-----	375
MM142G-----TC-T-----	363
MNETC-T----G	363
SMMH4CT-C-----	252
SMMH9-A--G-----CT-C-----	261
SMPBJ-A--G-----A-----G---CT-C-----	261
6P6-A--G-----A-----G---CT-C-----	261
CONSENSUS-STM	.GGTGACAGAGGATTGCTGCACCTCAATTCTCTCTTTGGAGAAGACCAGTAGTCAAGCCATATTGAG	318
STM	318

CONSENSUS-A	GgtCAGCCaGTAGAAGTcTTacTaGAcAcCagGgGCTgAtGAcTCAATAGTaGCAGGaaTAgAgTTaGGga	480
ROD	-----GT-----C-----	373
NIHZ	-----T--GT-----A----A-C-----	370
ISY	-A-----T-----C-----	370
ST	--C-----T--G-----C-----CG-----	430
BEN	-A-----G-----A-----G	430
CAM2	-----T--GT-----A-----	370
D194	-A-----G-----A-----G	484
GH1	-TA-----G-----T-----G-----C-----G	430
UC2	-A-----G-----T-----G	430
MDS	--A-----T-----G-----G-----T-----A-----A-	430
KR	-----C-----G-----	430
CONSENSUS-B	GGTCAGtCAGTaGAAGTATTACTAGACACAGGAGcTGAcGACTCAATAGTAGCAGGgATAGAATTAGGtA	433
D205	-----T-----	433
UC1	-----C--G-----A-----	433
EHOACG	-----A-----T-----C-	430
CONSENSUS-SD	G?ACAGCC?gtAGAAGTATTatTaGATACAGGGCTGAtGATTC?ATTGTAgCAGG?ATaGA?TT?GGTC	407
MM251	-G-----T-----G-----T-----A---A---G-A---	433
MM32H	-G-----T-----C-----T-----A---A---G-A---	445
MM239	-G-----T-----C-G-----T-----A---A---G-A---	445
MM142	-G-----T-----T-----T-----A---A---G-A---	433
MNE	-G-----T-C-----T-----A---G-A---	433
SMMH4	-A-----C-----C-----A---G---A---G---	322
SMMH9	-A-----CA-----A---G---A---G---	331
SMPBJ	-A-----C-----A---G---T---A---G---	331
6P6	-A-----C-----A---G---T---A---G---	331
CONSENSUS-STM	GGTCAGCCTGTAGAAGTACTATTGGACACAGGGCTGACGACTCAATAGTGCCGGGATAGAGCTAGGGC	388
STM	-----	388
CONSENSUS-A	gCAATTatagtCCAAAaaTAGTaGGgGGAATAGGgGGATTcATAAAAtACCAAaGAatataAAaaATgTaGA	550
ROD	A-----C-----G-----	443
NIHZ	-----A-----G-----	440
ISY	-----A-----G-----	440
ST	-----G-----	500
BEN	A-----C-C-----T-----C-----C-----	500
CAM2	-----C-----G-----A-----G---	440
D194	A-----C-C-----G-----	554
GH1	A-----CGT-----G-----C-----GAT-----A---	500
UC2	A-----C-C-----G---G-----C-----G-----	500
MDS	-----G-----	500
KR	-----C-----G-----	500
CONSENSUS-B	GCAATTACACCCCAAAAATAGTAGG?GGGATAGGAGGgTTcATAAAATACCAAaGAATACAAAgATGTAGA	502
D205	-----A-----	503
UC1	-----G-----	503
EHOACG	-----T-----A---T-----T-----A-----	500
CONSENSUS-SD	CA?ATTATACCCC?AAAATAGTAGGAGGAATAGGAGG?TT?ATTAA?AC?AAAGAATA?AAA?ATGTAAa	469
MM251	--C-----A-----T---T---T---T---C---A-----	503
MM32H	T-C-----A-----T---T---T---T---C---A---G-	515
MM239	--C-----A-----T---T---T---T---C---A---G-	515
MM142	--C-----A-----T---T---T---T---C---A---G-	503
MNE	--C-----A-----T---T---T---T---C---A-----	503
SMMH4	--A-----T-----C---C---C---C---T---G-----	392
SMMH9	--A-----T-----C---C---C---C---T---G-----	401
SMPBJ	--A-----T-----C---C---C---C---T---G-----	401
6P6	--A-----T-----C---C---C---C---T---G-----	401
CONSENSUS-STM	TACAATACACCCCAAGGTAGTAGGTGGAATAGGAGGATTATAAAATACTAAGGAATTAAAGAATGTAAA	458
STM	-----	458

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	AATAaaaGTacTAAaTAAAaggGTAagaGCCACcATAATGACAGG?GAtACCCCaATCAACATtTTTGGC	619
ROD	---G---T-----A---C-G-----C-C-----	513
NIHZ	---G---C--GG-----A-----T-----G-----	510
ISY	---G---G-----A-----T-----	510
ST	---G---T-----A-----T-----	570
BEN	-----A-----A-----C-----	570
CAM2	---G---T--GG-----G---T-----C-C-----	510
D194	---G-----A-----A-----	624
GH1	-----A-----A-----C-----	570
UC2	-----A-----A-----C-----	570
MDS	---G---C--GG-----G-----T-----	570
KR	-----A---A-----T-----	570
CONSENSUS-B	AATAGAAGTAGTgGGAAAAAGAGTAAGgGCAACtAaTAATGACAGGgAGAcACCCCAATAAACATTTTGGC	572
D205	-----T-----	573
UC1	-----	573
EHOACG	-----A-----A---AG-----G-----	570
CONSENSUS-D		GC 2
FORTC2		-- 2
CONSENSUS-SD	AATA?AAGtTTAGGCAaa???ATTAA?GG?ACAAT?ATGACaGG?GA?ACcCC?ATTAACATTTTGGG?	528
MM251	---G-----AGG---A-G---C-----G-C-T-G-----T	573
MM32H	---G-----AGG---A-G---C-----G-C---G-----T	585
MM239	---G-----AGG---A-G---C-----G-C---G-----T	585
MM142	---G-----AGG---A-G---C-----G-C---G-----T	573
MNE	---G-----AGG---A-G---C-----G-C---G-----T	573
SMMH4	---A---C-----GGTA---G-A---T---G-A-T---A---T---C	462
SMMH9	---A---A-----GTA---G-A---T---A-T---A---C	471
SMMPBj	---A---A-----GTA---G-A---T---A-T---A---C	471
6P6	---A---A-----GTA---G-A---T---A-T---A---C	471
CONSENSUS-STM	CATAGAGGTATTAGGCAAGAAAATAAAAGGAActATTATGACTGGAGACACCCCATTAACATTTTGGC	528
STM	-----	528
Protease \ / Reverse Transcriptase		
CONSENSUS-A	AGAAATaTtcTGaCAGCcTTaGGCATGTcATTAAAtcTacCAgTcGccAagaTAGAaCCaaTAAAAaTAA	689
ROD	-----AG---G-----	583
NIHZ	---G---T-----C-G---T-----	580
ISY	---C-----G-----T-----A-----G---G---	580
ST	---C-----	640
BEN	-----T-----T-----G-----G---	640
CAM2	-----	580
D194	---G---A-----C-----T---C-----G---	694
GH1	---C-----T---A-----G---	640
UC2	---T-----T-----T-G---G---	640
MDS	---T-----	640
KR	---C-----G---C---G---G---	640
S52907	-----A-GG-----AG---G-----	34
CONSENSUS-B	AGAAATATTTTAAATAccTTaGGCATGACTcTAAATTTCCAGTaGCAaAGaTAGAACcAGTAAAAGTc?	641
D205	---G-----T-----G-----G-----TG	643
UC1	-----A-----	643
EHOACG	-----G-----G-----C	640
CONSENSUS-D	AGAAATTTACTAACAGAATTAGGAATGTCTCTAAATTTTCCAGTGGCCAAAATAGAACCAGTAAAAGTAA	72
FORTC2		72
CONSENSUS-SD	AGaAATtTgCTAACAGCT?TGGggATGTCTcTAAATcTcCCCATAGCTAAgGTaGAgCCT?TAAAagtaa	596
MM251	--G-----C-----T-----G-----C-	643
MM32H	---A-----C-----T---C---T-----A-----G-----CG	655
MM239	---A-----C-----T---T-----A-----G-----CG	655
MM142	---A-----C-----T-----G-----GTCGC	643
MNE	---A-----C---A-----T-----G-----C-	643
SMMH4	---A---C-----T-----G---A-----	532
SMMH9	---C-----A---C-----G---R---A-----	541
SMMPBj	---C-----A---T-----A-----	541
6P6	---C-----A---T-----A-----	541
CONSENSUS-STM	AGGAACCTATTGACAGCTTTGGGGATGTcATTAAATTTTCCAGTAgCTAAAGTAGAACcAGTAAAGGTGA	598
STM	-----	598

CONSENSUS-A	tgcT?AAgCCAGG?AAaGATGGaCCAA?actgAgACAaTGGCCctTaACAAaAGAAaAaaTAGAaGCacT	756
ROD	----A-----G-----A-----	653
NIHZ	----A-----G-----G--A-A-----T-----	650
ISY	CAT-A-----A-----G--A-AA-----G-----	650
ST	----G-----A-G-----A-----G-----	710
BEN	CAT-G-----G-----GG--A-----C-----G-----	710
CAM2	----A-----A-----G-T-----G-----	650
D194	CAT-G-----G-----GG--A-----C-----	764
GH1	C-T-G-----G-----G-----C-----G-----	710
UC2	CAT-G-----A-----C-----GG--A-----C-----G-----T-	710
MDS	----A-----G-G-----A-----G--T-----	710
KR	-A-G-A-----A-----A-G-A-----TC-----G-----G-----	710
S52907	----A-----A-----A-----A-----T-	104
CONSENSUS-B	AgtTAAAgCCTGgaAAAGATGGgCCAAaATCAGACAATGGCCtCTATCCAaaGAAaAgATAcTaGCCCT	711
D205	----A-----G-----GG-----	713
UC1	-AC-----G-----A-----T-G-----	713
EHOACG	-----A-----C-----G--A-----	710
CONSENSUS-D	GATTAAAACCAGGGATGGATGGACCAAAATTAAGACAGTGGCCACTATCAAAGGAAAAATAGAAGCATT	142
FORTC2	-----	142
CONSENSUS-SD	C??TAAA?CCAGGAAAaGatGGACCAAAATT?Ag?CAGTGGCC??TATCaAAaGAAAAGATA?TTGCATT	658
MM251	-CT---G-----G-T-----G-AG-----AT-----G-----	713
MM32H	-CT---G-----G-----G-AG-----AT-----G-----	725
MM239	-CT---G-----G-----G-AG-----AT-----G-----	725
MM142	-CT---G-----G-----G-AG-----AT-----G-----	713
MNE	-CT---G-----G-----G-G-----AT-----G-----	713
SMMH4	-AC---A-----A-----A-A-----GC-----A-----	602
SMMH9	-AC---A-----A-----A-A-----GC-----G-----A-----	611
SMPBJ	-AC---A-----A-----A-A-----GC-----A-----	611
6P6	-AC---A-----A-----A-A-----GC-----G-----A-----	611
CONSENSUS-STM	CATTAAAACCAGGAAAAGATGGACCAAAATAAAACAATGGCCATTATCAAAGAAAAGATAGAGGCACT	668
STM	-----	668
CONSENSUS-A	AAaAGa?ATcTGTGAaAAAATGGAAAaGAaGGcCAGcTAGA?GAaGCaCCTCCAACCTAATCCTTATAAT	824
ROD	----A-----G-----	723
NIHZ	----A-----A-----	720
ISY	--G--A-----G-----T-----A-----G-----C-----	720
ST	----G-----G-----G--G-----G-G-----	780
BEN	----G-----G-----A-G-----	780
CAM2	----G-----G-----	720
D194	----A-T-----GG-G--A--A-----	834
GH1	--G--G-----C-----G--G--A--A-G-----	780
UC2	--G--G-----G-----A--A-G-----	780
MDS	----G-----G-----	780
KR	----A-----G-----G-----T--C-----	780
S52907	----A-----G-----	174
CONSENSUS-B	CAAaGAAATCTGTGAAAAaATGGAAAaGAGGGaCAg?TAGAAGaGC?cC?CCTACTAATCCATACAAC	778
D205	-----AT-----A--C-----	783
UC1	---G-----G-----C-----G--C-----	783
EHOACG	-----A-----T-----G--G--T-----	780
CONSENSUS-D	AAAAGAAATATGTGAAAAATGGAAAGGGAAGGCCAATTAGAAGAAGCTCCTCCGACCAATCCCTACAAC	212
FORTC2	-----	212
CONSENSUS-SD	aAGAGAAATCTGTGAAAA?ATGGAAAaGATGG?CAGTT?GAGGaAGcTCC?CC?ACCAATCCaTAtAAC	723
MM251	-----G-----G-----T-----G-----C--G-----C-----	783
MM32H	-----G-----G-----T-----G-----C--G-----C-----	795
MM239	-----G-----G-----T-----G-----C--G-----C-----	795
MM142	-----G-----G-----T-----G-----C--G-----C-----	783
MNE	-----G-----G-----T-----G-----C--G-----C-----	783
SMMH4	-----A-----C-----A-----C--T--A-----G-----	672
SMMH9	-----A-----G-----C-----A-----R-----T--A-----	681
SMPBJ	G-----A-----G-----C-----A-----C--T--A-----	681
6P6	G-----A-----G-----C-----A-----C--T--A-----	681
CONSENSUS-STM	AAAAGAGATCTGTGAAAAATGGAGAAGGATGGGCAGCTAGAAGAAGCTCCTCCAACAAATCCTTACAAT	738
STM	-----	738
CONSENSUS-E	AGAAGGAGGGACAATTAGAAGCAGCCCTCCCACTAATCCTTATAAT	47
PAR	-----	47
CONSENSUS-B	CAAaGAAATCTGTGAAAAaATGGAAAaGAGGGaCAg?TAGAAGaGC?cC?CCTACTAATCCATACAAC	778
BA_7312AR	-----G--C-----AT-T--C-----	47

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	ACCCcACATTTGCAAT?AaGAAAAAGGACAAaAAcAAATGGAGgATGCTaATAGAtTTtAGaGAaCTaA	893
ROD	-----C-----C-----	793
NIHZ	-----C-----A-----C---G---G---	790
ISY	---T-----T-----G-----	790
ST	-----C-----A-----	850
BEN	-----T-----G-----G-----	850
CAM2	-----C-G-----G-----G-----	790
D194	-----T-----G-----A-----	904
GH1	-----T-----G-----C-----	850
UC2	-----T-----G-----	850
MDS	-----C-G-----T-----T-----	850
KR	-----T-----A-----	850
S52907	-----C-----C-----	244
CONSENSUS-B	aCaCCcACCTTTGcCATAAA?AAgAaaGAtAAaAACAAATGGAGaATGCTAATAGA?TT?AGaGAatTAA	845
D205	-----G-----G-----C---T---G---	853
UC1	-----A---G-----T---T---	853
EHOACG	T-G-----C-----A-----C-----G-----T---C-----C---	850
CONSENSUS-D	ACACCACATTTGCAATAAAGAAGAAAGACAAAAGCAAATGGAGGATGCTAATAGATTTcAGAGAActGA	282
FORTC2	-----	282
CONSENSUS-SD	ACCCcACaTTTGcTATAAAGaA?aAaGAcAagAA?AAATGGAG?ATgCT?ATAGATTTTAG?GAA?TaA	787
MM251	-----C-----A---T---C-----A---G-----G---C---	853
MM32H	-----A---T---C-----A---G-----G---C---	865
MM239	-----A-G-T---C-----A---G-----G---C---	865
MM142	-----A-G-T---A---C-----A---G-----G---C---	853
MNE	-----C-----A-G-----C-----A-A-G-----G---C---	853
SMMH4	-----T-----G-----A---T---G-----A-----A---T-G-	742
SMMH9	-----R-GR---GGA-T---G-----A-----A---T-T---	751
SMPBJ	-----T-----G-----T---G---A-----A---T---	751
6P6	-----T-----G-----T---G---A-----A---T---	751
CONSENSUS-STM	ACCCcACCTTTTGCTATAAAGAAAAAGGACAAAACAAGTGGAGGATGCTGATAGATTTcAGAGAActAA	808
STM	-----	808
CONSENSUS-E	ACACCAACCTTTGCTATTAGGAAAAAGATAAGAGTAAATGGAGGATGCTTATAGATTTcAGGAGCTAA	117
PAR	-----	117
CONSENSUS-B	aCaCCcACCTTTGcCATAAA?AAgAaaGAtAAaAACAAATGGAGaATGCTAATAGA?TT?AGaGAatTAA	845
BA_7312AR	-----T---G---A---G-----C---C---G---	117
CONSENSUS-A	AcAagGTaActCAaGAtTTCACAGAAaTtCAGtTAGGAATTCCACACCCaGCaGgAtTaGCCAA?AAgAg	962
ROD	-----G---G---G---	863
NIHZ	-----G-----G-----A---	860
ISY	-----GG-----G---A---	860
ST	-----C-----C-----C-----G---A---	920
BEN	-T---G---C-----C-----G---C-----A---A---	920
CAM2	---A---C-----C-----A---	860
D194	---G---G-----C-----G-----A---A---	974
GH1	---G---G-----C-----G-----A---A---	920
UC2	---G---G-----C-----A---A---	920
MDS	-----G---C-----G---	920
KR	-T-----G-----G---A---	920
S52907	-----G---G---	314
CONSENSUS-B	AcAAGGTaACCCaAaGA?TTtACAGAAgTcCAaCTgGGTATTCCcCACCCgGCAGG?t?ggcAgaAAA?ag	911
D205	-----G---C---C-----TGCCAG-A---G..	920
UC1	-----G-----G-T---A---	923
EHOACG	-----A-----G---G-----T---A---ACT---TC---G-A	920
CONSENSUS-D	ACAAAGTCACACAAGACTTTACAGAAGTTcAGTTGGGAGTTCCACACCCTGCAGGACTAGCAAAAAGAAG	352
FORTC2	-----	352
CONSENSUS-SD	AtAaGGTCACTCAaGAcTTTACaGAAGT?CA?TTaGgAATACCACACCCTgCAGGACTAGCAAA?AG?A?	852
MM251	---G---G---G---C---A---A---G---A---	923
MM32H	---G---G---C---A---A---G---A---	935
MM239	---G---G---C---A---A---G---A---	935
MM142	---G---G---C---A---A---G---A---	923
MNE	-----G---C---A---G---A---G---A---	923
SMMH4	-----A---G---G---A---G---	812
SMMH9	-C-----T-----A---G---G-----R-----G---A---G	821
SMPBJ	-C-----T-----A---G---G-----G---A---G	821
6P6	-C-----T-----A---G---G-----G---A---G	821
CONSENSUS-STM	ATAAAGTGACACAAGATTTTACAGAAATTCAGCTAGGTATACCACACCCTGCAGGACTAGCAAAAGAGGAG	878
STM	-----	878
CONSENSUS-E	ATAAGGCAACACAGGACTTCACAGAAgTCCAaCTGGGTATTCCACACCcAGCAGGTCTAAAAGAAATGGA	187
PAR	-----	187
CONSENSUS-B	AcAAGGTaACCCaAaGA?TTtACAGAAgTcCAaCTgGGTATTCCcCACCCgGCAGG?t?ggcAgaAAA?ag	911
BA_7312AR	-T-----A-----A-----C---G---C-----A---	187

CONSENSUS-A	aaGaATtaCTgTacTAGATgTAGGgGATGC?TAcTTTTCCATACCacTacATGA?GA?TTTAGaCagTat	1029
ROD	-----T-----G-C-----CA---	933
NIHZ	G-----T-----C-----G-C-----	930
ISY	-----GT-----A-----C-----C-T-----G-T-----	930
ST	-C-----C-----T-----G-T-----	990
BEN	---G-CT-A-T-----C-T-----A-T-----G-----	990
CAM2	-----T-T-----T-----A-C-----C-----	930
D194	---G-----C-----C-----A-T-----G-A---	1044
GH1	---G-C-----C-----G-----A-T-----G-----	990
UC2	---G-----C-----T-----A-T-----G-C-----	990
MDS	-----T-----G-----A-C-----C-----	990
KR	-----A-----C-----G-C-----A-----	990
S52907	-----T-----G-C-----CA---	384
CONSENSUS-B	gAGAATAACAGTa?TAGATGT?GGAGATGCCTACTTCAGT?TCCCACTAGatCCA?ACTTCAGaCa?TAT	976
D205	-----A-----G-----A-----A-----G-----	990
UC1	-----C-----G-----A-----A-----G-----	993
EHOACG	A-----C-----A-----G-----G-----A-----	990
CONSENSUS-D	AAGGATCACAGTATTAGATGTAGGGGATGCATACTTTTCTATACCCTTAGATAAGGAATTTCAGGCAATAT	422
FORTC2	-----	422
CONSENSUS-SD	aAGgATcACAGTa?TGGATgTAGGTGatGCATATTTCTCcATACCTcTAGATGaaGAATT?AGGCagTAC	920
MM251	-----T-----C-----A-----T-----	993
MM32H	-----T-----C-----A-----T-----	1005
MM239	---A-T-----C-----A-----T-----	1005
MM142	-----T-----C-----A-----C-----T-----T-----	993
MNE	G-----C-----C-----T-----	993
SMMH4	G-----T-----G-----C-----	882
SMMH9	-----GT-----T-----C-----A-----	891
SMMPEBJ	-----GT-----T-----C-----A-----	891
6P6	-----GT-----T-----C-----A-----	891
CONSENSUS-STM	AAGAATCACAGTATTGGATGTAGGGGATGCATATTTTTCCATACCCTTAGATGAGGGCTTTAGGCAGTAT	948
STM	-----	948
CONSENSUS-E	GCAGATAACAGTGTTAGATATAGGGGATGCCTATTTTTCGGTACCCTTAGACCAGAAATTTAGACAGTAT	257
PAR	-----	257
CONSENSUS-B	gAGAATAACAGTa?TAGATGT?GGAGATGCCTACTTCAGT?TCCCACTAGatCCA?ACTTCAGaCa?TAT	976
BA_7312AR	-----GA-----A-----G-----C-----G-----G-A---	257
CONSENSUS-A	ACTGCATTtActCTaCCAtCAGTaAACAATgcaGAaCCAGgAAAaAGATAtaTATAtAAaGTCttaCCaC	1099
ROD	-----G-----C-----G-----	1003
NIHZ	-----C-----C-----C-----	1000
ISY	-----G-----C-----	1000
ST	-----A-----T-----C-----C-----	1060
BEN	-----C-----G-----ATG-----G-----	1060
CAM2	-----G-----C-----G-----	1000
D194	-----C-----G-----A-----G-----G-----	1114
GH1	-----C-----T-----C-----G-----	1060
UC2	-----C-----T-----C-----G-----	1060
MDS	-----C-----G-----G-----	1060
KR	-----A-----G-----G-----C-----	1060
S52907	-----G-----C-----G-----	454
CONSENSUS-B	ACAGCATTcAC?TTGCCAtCA?TAAA?AATGCAGAgCCAGGAAAgAGaTAcTTTAtAAAGT?CTACCAC	1042
D205	-----C-----G-----C-----T-----	1060
UC1	-----C-----A-----C-----T-----	1063
EHOACG	-----T-T-----G-G-----T-----A-----TC-----C-----	1060
CONSENSUS-D	ACCACCTTTACCCTACCATCGGTAAACAATCGAGAACCAGGAAAAGAGATACATCTATAAGGTTCTACCGC	492
FORTC2	-----	492
CONSENSUS-SD	ACTGCcTTTACTTTACCATCaGTAAAtAATGCAGaCCAGGAAAA?GATACAT?TATAAGGT??T?CCTC	985
MM251	-----G-----C-----T-----TC-G---	1063
MM32H	-----G-----GC-----T-----TC-G---	1075
MM239	-----G-----C-----T-----TC-G---	1075
MM142	-----G-----C-----T-----TC-G---	1063
MNE	-----T-----C-----T-----TC-G---	1063
SMMH4	-----A-----C-----AT-A---	952
SMMH9	-----C-----G-----C-----A-----AT-A---	961
SMMPEBJ	-----C-----G-----C-----A-----AT-A---	961
6P6	-----C-----G-----C-----A-----AT-A---	961
CONSENSUS-STM	ACTGCCTTTCACCTTACCATCAGTAAACAATGCAGAACCCAGGAAAAAGATACATCTACAAGGTTCTGCCAC	1018
STM	-----	1018
CONSENSUS-E	ACAGCATTcACCATACCCTCGGTAAATAATCAAGAACCAGGAAAAAGATACATCTACAAGGTTCTACCAC	327
PAR	-----	327
CONSENSUS-B	ACAGCATTcAC?TTGCCAtCA?TAAA?AATGCAGAgCCAGGAAAgAGaTAcTTTAtAAAGT?CTACCAC	1042
BA_7312AR	-----T-----A-----T-----A-G-----C-----	327

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	AgGGaTGGAAgGGaTCaCCAGCAATtTTTCaAatacAcaATGAGgCAggTcTTAGAAcCaTTCAGAAAAGC	1169
ROD	-----C-----A-----A-----	1073
NIHZ	---G-----G-----A-----	1070
ISY	-----G-----A-----	1070
ST	-----G-----	1130
BEN	-A-----A-----T-----	1130
CAM2	---G---A-----G-----G-----	1070
D194	-A---G---A-----C---T-TG---AA-----T-----	1184
GH1	-A-----C-----A-----T-----	1130
UC2	-A-G-----C-----T-----A-----T-----	1130
MDS	-----A-----T-----	1130
KR	-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----	1130
S52907	-----C-----A-----A-----	524
CONSENSUS-B	A?GGaTGGAAAGGG?TCCCcagCAATTTtCAaTACTCCATGagaAAGGTA?TAGA?CCtTTCAGAAagGC	1108
D205	-A-G-----G---AGT-----G-----T---T---T-----	1130
UC1	-A-----G-----G-----T---T-----	1133
EHOACG	-G-----A-----C-G-A---GC-----C---C-----A--	1130
CONSENSUS-D	AGGGATGGAAGGATCACCAGCAATTTTTTCAGTACACAATGAGGAATATACTAGAACCCCTTCAGGAAAGC	562
FORTC2	-----	562
CONSENSUS-SD	A?GGgTGGAAgGGgTCACCAGC?AT?TT?CAa?A?ACTaTGAGAAATGTg?TaGAACCtTTCAG?AA?GC	1046
MM251	-G--A-----C--C--C---T-C-----C-----C-----G--G--	1133
MM32H	-G--A---A-----C--C--C---T-C-----C-----C-----G--G--	1145
MM239	-G--A-----C--C--C---T-C-----C-----C-----G--G--	1145
MM142	-G--A-----C--C--C---T-C-----C-----C-----G--G--	1133
MNE	-G-----C--C--C---C-C-----C-G-----G--G--	1133
SMMH4	-A-----T--T--T--GT-T---AT-----T---A--A--	1022
SMMH9	-A-----A--A-----T--T--T--RC-T---R-----AT-----T--T--A--A--	1031
SMPBJ	-A-----A--A-----T--T--T--GC-T-----CT-----T--A--A--	1031
6P6	-A-----A--A-----T--T--T--GC-T-----CT-----T--A--A--	1031
CONSENSUS-STM	AGGGATGGAAGGATCACCAGCAATTTTTCAATATACAATGAGAAATATATTAGAGCCATTCAGGAGAGC	1088
STM	-----	1088
CONSENSUS-E	AAGGTGGAAAGGGATCCCCAGCAGTCTTTTCAGGAGACCATGAGACAGTACTAGAGCCCTTCAGAAAAGC	397
PAR	-----	397
CONSENSUS-B	A?GGaTGGAAAGGG?TCCCcagCAATTTtCAaTACTCCATGagaAAGGTA?TAGA?CCtTTCAGAAagGC	1108
BA_7312AR	-G-----A-----C---C---C-----G---	397
CONSENSUS-A	AAACccaGAtgTCATt?TCaTtCagTAcATGGATGATATcTTaATAGctAGtGACAGgACaGatTtaGAA	1238
ROD	---AAG-----A-----	1143
NIHZ	---GAG-----A-----C--C-----C-----	1140
ISY	-----A-G-----G---	1140
ST	---G--A---C-----G---C--C-----	1200
BEN	-----C---C-----G-----G	1200
CAM2	---T-----A-----C-----	1140
D194	---C---C---C-A-----G-G---G	1254
GH1	-----C---C-A-----T-----G-----G	1200
UC2	-----CC---C-----A--G-G-----G	1200
MDS	---AG-----A-----C-----C-----	1200
KR	---C---C---G-C-A--T-----C-----C-----G	1200
S52907	---AAG-----CA-----	594
CONSENSUS-B	CAACA??GATGTCA?tATAAT?CAGTACATGGATGACATcCTt?T?GCAAGtGAcAGaAGtGATCTgGAg	1172
D205	---GC-----T-----T-----A-A-----	1200
UC1	---GC-----T-----T-----A-A-----	1203
EHOACG	---AT-----C-----C-----T--CG-G-----G--C-----	1200
CONSENSUS-D	TAACTCCGATGTAACCTTAAATCCAATACATGGATGACATCTAATAGCTAGTGACAGAACAGACCTAGAA	632
FORTC2	-----	632
CONSENSUS-SD	AAATCCAGATGTGACC?T?TCCA?TA?ATGGATGACATCTTaaTAGCTAGTGA?AG?ACAGA??T?GAa	1106
MM251	---T-AG---G--T-----C--G---CC-G---	1203
MM32H	---T-AG---G--T-----C--G---CC-G---	1215
MM239	---T-AG---G--T-----C--G---CC-G---	1215
MM142	---T-AG---G--T-----C--G---CC-G---	1203
MNE	---T-AG---G--T-----G-----C--G---CC-G---	1203
SMMH4	---C-GA---A--C-----T--A---TT-A--G	1092
SMMH9	---C-GA---A--C-----T--A---TT-A--	1101
SMPBJ	---C-GA---A--C-----T--A---TT-A--	1101
6P6	---C-GA---A--C-----T--A---TT-A--	1101
CONSENSUS-STM	CAACCCAGATGTAACCTCTGATCCAATACATGGATGATATCTTGATAGCCAGTGACAGAACAGATCTAGAG	1158
STM	-----	1158
CONSENSUS-E	AAATTCGGACGTTCTACTCATTCACTAGTACATGGACGACTTACTAATTGGCAGTAACAGGAGCATGACAGAG	467
PAR	-----	467
CONSENSUS-B	CAACA??GATGTCA?tATAAT?CAGTACATGGATGACATcCTt?T?GCAAGtGAcAGaAGtGATCTgGAg	1172
BA_7312AR	---AT-----CC---C-----G-G---C--T-----A--A	467

CONSENSUS-A	CATGAcAaagt?gTcCTgCAgcTaaa?GAACTtcTaaATggcCTaGGaTT?TcTAcCCAGAtGAgAAgT	1305
ROD	-----T-GG--A-----C-G-----T-----	1213
NIHZ	-----G-----A-----A-----T--C-----A-	1210
ISY	-----A--A-----G-----G--T--C-----C--A---	1210
ST	-----G--G--T-----G-----G--T--C-----	1270
BEN	-----G-----A-----G--T-----T-----	1270
CAM2	-----G--T-----G-----AA-----C-----	1210
D194	-----A--T--A--A--A--G--G--C-----	1324
GH1	-----A-----A--G-----G--C-----	1270
UC2	-----G-----A--C-----G--C-----G-----	1270
MDS	-----G--A-----G--C--A--G--G--C-----A---	1270
KR	-----G-ACG-----T--A--T-----C--C-----	1270
S52907	-----GG--AA-----A--C--G-----T-----	664
CONSENSUS-B	CAtGAcAgGGTAGTGTC?CAACTAAAAGAGcTAtTAAATgACATGGGATTcTcTAcCCAGAAGAAAAgT	1241
D205	--C-----C-----T-----	1270
UC1	-----C-----	1273
EHOACG	-----T-----A-----T-----	1270
CONSENSUS-D	CATGACAAGGTAGTCTTGCAGCTAAAGGAGCTCCTAAATGACCTAGGGTTCTTAACCCAGAAGAAAAAT	702
FORTC2	-----	702
CONSENSUS-SD	CATGACAGGGTAGTTTACAgTtaAAgGAACT??TgAA?aGcATAGG?TTtTcTAcCCAGAAGAGAAGT	1172
MM251	-----C-----CT-A--T-----G--C-----A-	1273
MM32H	-----CT--T-----G-----A--A-	1285
MM239	-----C-----CT--T-----G-----A-	1285
MM142	-----A--CT-A--T-----G--AT-----A-	1273
MNE	-----CT-A--T-----G-----	1273
SMMH4	-----TC--CG--A--C-----	1162
SMMH9	-----A-----TC--C--T--A--C-----	1171
SMPBJ	-----G-----TC--C--T--A--C-----	1171
6P6	-----TC--C--T--A--C-----	1171
CONSENSUS-STM	CATGACAGGGTAGTTTACAGTTGAAGGAACCTCTAAATAATTTAGGATTTTCCACCCCTGAAGAGAAAT	1228
STM	-----	1228
CONSENSUS-E	CATGACAGGATGGTAGTACAATTAAGACATGCTGAACAACCTGGGGTTCAGCACCCAGAGGATAAGT	537
PAR	-----	537
CONSENSUS-B	CAtGAcAgGGTAGTGTC?CAACTAAAAGAGcTAtTAAATgACATGGGATTcTcTAcCCAGAAGAAAAgT	1241
BA_7312AR	-----T-A-----T-----C-----T--C-----A-	537
CONSENSUS-A	TCCaAAAAGACCCcCCataccaatGGATGGGcTaTGAAcT?TGGCCAACtAAaTGGAAGcTGCAGaAaAT	1374
ROD	-----C-----A-----T-----	1283
NIHZ	-----G-----T-GC-----T-A-----T--A----	1280
ISY	-----G-----G-----C-----AT--A----	1280
ST	-----G-----G-----A-G----	1340
BEN	-----TT-----G--A-----C-	1340
CAM2	-----GC-----G-----T-----	1280
D194	-----G-----G-TT-----T-G-----A-----	1394
GH1	-----GCTT-----A-----T-	1340
UC2	-----G-TT-----G-----G-----	1340
MDS	-----GC-----G-----	1340
KR	-----C--A-----A--C-----A-----	1340
S52907	-----G-----C-----T-----A-----T-----	734
CONSENSUS-B	TCCAAAAAGACCCCTCC?TTCaAaTGGATGGGtTATGAGCTCTGGCCAAA?AagTGGAAaCTGCAAAAAAT	1309
D205	-----G-----A-----	1340
UC1	-----G-----A-G-----	1343
EHOACG	-----A-----G-----G--A-----	1340
CONSENSUS-D	TTCAGAAAGACCCCTCCATATCATTGGATGGGCTATGAGTTGTGGCCAACAAGTGGAAACTACAAAAAT	772
FORTC2	-----	772
CONSENSUS-SD	TCCaAAAAGATCCCCATT?CA?TGGATGGG?TAtGAATGTGGCC?AC?AAATGGAA??TGCAaAA?AT	1234
MM251	-----T--A--G--C--G--A--GT-----G--	1343
MM32H	-----T--A--G--C--A--A--GT-----G--	1355
MM239	-----T--A--G--C--A--A--GT-----G--	1355
MM142	-----T--A--G--C--G--A--GT-----G--	1343
MNE	-----T--A--G--C--A--A--GT-----G--	1343
SMMH4	-----G-----C--G--A--C-----AC--G--A--	1232
SMMH9	-----C--G--A-----C--C-----AC-----A--	1241
SMPBJ	-----G-----C--G--A-----C--C-----AC-----A--	1241
6P6	-----G-----C--G--A-----C--C-----AC-----A--	1241
CONSENSUS-STM	TTCAGAAGGATCCTCCAATTCAATGGATGGGATATGAGTTATGGCCAACAAGTGGAAACTGCAAAAAAT	1298
STM	-----	1298
CONSENSUS-E	TTCAGAGAGAACCACCCCTTAAAAATGGATGGGGTATTTACTATACCCCAAGAAATGGAAACTACAAAAAT	607
PAR	-----	607
CONSENSUS-B	TCCAAAAAGACCCCTCC?TTCaAaTGGATGGGtTATGAGCTCTGGCCAAA?AagTGGAAaCTGCAAAAAAT	1309
BA_7312AR	-----G-----A--C-G-----G-----G-----	607

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	ACAaTgCCcCAaAAaGaa?taTGGACAGTcAATGACATCCaAAgCTaGTgGGtgTccTaaAtTGGGCa	1443
ROD	---G-----A-----G-----	1353
NIHZ	---GC-----G-----	1350
ISY	-----G--G-----T-----G--A-----C----G	1350
ST	-----G--G-----A--G-----	1410
BEN	---C-----G--CA-----A--T-----G	1410
CAM2	-----G--GG-G-----A-----	1350
D194	----A--T--G--A-----A--A--A--TT--G--C----G	1464
GH1	---C-----G--A-----C-----G--G--A--T-----G	1410
UC2	---C-----G--AC-----A-----AA--T-----G	1410
MDS	---G-----G-----A-----	1410
KR	-----G-----A-----	1410
S52907	---G-----A-----G-----	804
CONSENSUS-B	ACAaCT?CCAGAAAa?GA?GTTTGGACAGT?AATGacATTCA?AAacTaGTgGGAGTATTAAAcTGGGCA	1374
D205	-----G-----A--A-----G--CA-----A--G--A-----	1410
UC1	-----G-----G--A-----G-----A-----	1413
EHOACG	---G--A-----A--G-----A-----G--GT-----T-----	1410
CONSENSUS-D	AGAGCTGCCACAGAGAGAGGATTGGACAGTAAATGACATTAGAACTGGTAGGAGTACTAAATTGGGCA	842
FORTC2	-----	842
CONSENSUS-SD	AGAGTTGCCaCAAAGAGAGACCTGGACAGT?AATgAtATACA?AA?TTAGTAGGAGT??TAAATTGGGCA	1299
MM251	-----G-----G--G-----AT-----	1413
MM32H	-----G-----G--G-----AT-----	1425
MM239	-----G-----G--G-----AT-----	1425
MM142	-----G-----G--G-----AT-----	1413
MNE	-----A-----G-----G--G-----AT-----	1413
SMMH4	-----A-----A--C-----A--A-----GC-----	1302
SMMH9	-----G-----A-----A--A-----A--A-----GC-----	1311
SMPBJ	-----A-----A-----A--A-----GC-----	1311
6P6	-----A-----A-----A--A-----GC-----	1311
CONSENSUS-STM	AGAATTACCTCAGAGAGACGTTTGGACAGTGAATGATATCCAAAACTGGTAGGGTCTTAAACTGGGCA	1368
STM	-----	1368
CONSENSUS-E	AGAGCTTCCGAAAAAGAAAGATGGACAGTAAATGACATTAGAAAGTTAGTAGGAATACTAAATTGGGCA	677
PAR	-----	677
CONSENSUS-B	ACAaCT?CCAGAAAa?GA?GTTTGGACAGT?AATGacATTCA?AAacTaGTgGGAGTATTAAAcTGGGCA	1374
BA_7312AR	---A--A-----GG--G-----A-----G-----	677
CONSENSUS-A	GCaCAaaTCTAccCAGGgATAAAgACcAaacActTaTgTAggtTaAtTAgAGGAAAaATGACACTCACaG	1513
ROD	-----C-----C-----	1423
NIHZ	-----C-----C-----	1420
ISY	-----A-----A--C-----G-----C--G--	1420
ST	-----G--A-----C-----	1480
BEN	-----TT--A--A-----AC-----	1480
CAM2	-----G--A-----	1420
D194	--G--G--T-----A-----G--T-----AA--G-----	1534
GH1	-----T--A--A-----T--G-----C--C--A-----	1480
UC2	-----T--A--A-----G--C-----	1480
MDS	-----A-----A--T-----G-----G-----	1480
KR	-----C-----C-----	1480
S52907	-----C-----C-----	874
CONSENSUS-B	GCTCAACT?TT?CCTGGaAtTAAgACaAGGCACATATG?AaACTaAtTAgGGGAAAGATGACCCTaACAG	1441
D205	-----C--T-----C-----	1480
UC1	-----C--T-----T-----	1483
EHOACG	-----T--C--G--G-----C-----T-----T-----A-----	1480
CONSENSUS-D	GCACAAATTTATCCAGGAATAAAAACCAAAACATCTGTGCAGATTAATTAGAGGAAAAAGACCTTGACAG	912
FORTC2	-----	912
CONSENSUS-SD	GC?CAAATTTATCCAGG?ATAAA?AC?AAACATCT?TG?AG?tTAAT?AGAGGAAAAATGACT?TAACAG	1360
MM251	--T-----T-----A--C-----C--T--G-----T-----C-----	1483
MM32H	--T-----T-----A--C-----C--T--G-----T-----T-----	1495
MM239	--T-----T-----A--C-----C--T--G-----T-----C-----	1495
MM142	--T-----T-----A--C-----C--T--G-----T-----C-----	1483
MNE	--T-----T-----A--C-----C--T--G-----T-----C-----	1483
SMMH4	--A-----A-----G--T-----T--C--AC-----C-----T-----	1372
SMMH9	--A-----A-----G--T-----T--C--A-----C-----T-----	1381
SMPBJ	--A-----A-----G--T-----T--C--A-----C-----T-----	1381
6P6	--A-----A-----G--T-----T--C--A-----C-----T-----	1381
CONSENSUS-STM	GCACAAATTTATCCAGGAATTAATAACTAAACATCTGTGCAAAATTAATCAGAGGTAAGATGGCACTGACTG	1438
STM	-----	1438
CONSENSUS-E	GCACAAGTATATCCAGGAATCAAAAACAAAAATTTATGCAAGCTCATCAGAGGAAAAATGACCCTAACAG	747
PAR	-----	747
CONSENSUS-B	GCTCAACT?TT?CCTGGaAtTAAgACaAGGCACATATG?AaACTaAtTAgGGGAAAGATGACCCTaACAG	1441
BA_7312AR	-----T--C--C-----C--A-----C--G--G--C--A-----G-----	747

CONSENSUS-A	AaGAaGtaCAgTGGACAGAAaTaGCAGAAgCaGAgCTaGAaGaaAACA?AaTtATCtTaagcCAGgAACAA	1582
ROD	-----G-----C-----	1493
NIHZ	---G---G---G---A---	1490
ISY	-----G-G-----A-----	1490
ST	---G---A---A---C-----	1550
BEN	---G---G---C-----A---G---	1550
CAM2	---G---A-----A-----G-----A---	1490
D194	-G-G---A-----G---A---A---T---	1604
GH1	-----G---G-----A-----	1550
UC2	---G---G-----G---G---C-GA---	1550
MDS	---A---G-G---G-A---G-G---G---	1550
KR	-----C---G---A---G---A---G---	1550
S52907	-----G-----C-----	944
CONSENSUS-B	AaGA?GTaCA?TGGACaGAA?TaGCAGAgGCAGAgTtaCAGGA?AA?AAAATCATc?TAGaACAgGaaCA	1505
D205	---A---G---C---A---C---G-T---T---	1550
UC1	---A---A---T---T---G---C---TT---	1553
EHOACG	---G---A---T---T-G---A-C---A-C---A-G---	1550
CONSENSUS-D	AAGAAGTCCAGTGGACTGAGATGGCAGAGGCAGAGTATGAAGAGAACAAGATTATTCTCAGTCAAGAACA	982
FORTC2	-----	982
CONSENSUS-SD	A?GA?GTTTTCAGTGGACTGAGATGGCAGAGGCAGAAATATGA?GAAAA?AAgATAATTctCAGTCA?GAACa	1425
MM251	-G--A-----A---G---T---G---	1553
MM32H	-G--A-----A---G---T---A---G---	1565
MM239	-G--A-----A---G---T---A---G---	1565
MM142	-G--A-----A---G---T---A---G---	1553
MNE	-G--A-----A---G---T---A---G---	1553
SMMH4	-A--G-----A---C---A---A---	1442
SMMH9	-A--G-----A---C---C---A---C---	1451
SMPBJ	-A--G-----A---C---A---A---	1451
6P6	-A--G-----A---C---A---A---	1451
CONSENSUS-STM	AGGAGGTACAGTGGACAGAAATGGCAGAGGCAGAAATATGCAGAAAATAAAATTATTCTCAGTCAAGGAGCA	1508
STM	-----	1508
CONSENSUS-E	AAGAGGTTTCAGTGGACAGAAATGGCAGAGGCAGAAATGGCAGAAAATAAGATTATTCTAAGTCAAGGGACA	817
PAR	-----	817
CONSENSUS-B	AaGA?GTaCA?TGGACaGAA?TaGCAGAgGCAGAgTtaCAGGA?AA?AAAATCATc?TAGaACAgGaaCA	1505
BA_7312AR	-G--G--G--G-----C---A-G---A--T-----C--G-----	817
CONSENSUS-A	aGAgGGAcacTAtTAcCAaGAaGaaAagA?tTaGAaGCAACagTccaaAA?gatCAAGacaATCagTGG	1650
ROD	-----G-----G-----G-----	1563
NIHZ	---A-----G-----A-G-----G-A-----	1560
ISY	G-----G-----G-----T-----G-----	1560
ST	---A---TG-----G---G---GC-----A-----	1620
BEN	---A---T-T-----G---A---G---A---AAGC---GAC---A---	1620
CAM2	-----C---G-----G---G-----T---G-----	1560
D194	---TC---C---T---G-----G---AC-----ATC---AAGC-----	1674
GH1	---A---T-----A---G---A---AA-----	1620
UC2	G--A-----G---A-G---G---GA-----AAG-----A---	1620
MDS	-----G---A---A---G---G-----	1620
KR	G-----TG-----G---A-----G-----	1620
S52907	-----G-----G-----	1014
CONSENSUS-B	?GAAGGATCtTAcTACAA?GAAGGGTACtTcTAGAAGCAACAGT?CAGAAAAAaccTAGCAAAtCAGTGG	1572
D205	A-----G---A-----G-----A-----	1620
UC1	A-----G---A-----A-----	1623
EHOACG	G-----T---A-----T-----G-----T-----	1620
CONSENSUS-D	GGAGGGCTGTTACTATCAAGAAAGCAAACCTTGAAGCAACAGTAGTAAAAGATCAGGATAATCAATGG	1052
FORTC2	-----	1052
CONSENSUS-SD	AGAAgGATGTTA?TAcCAaGAaG?AAGCCAtTAGAgGC?aC?GTaATAAAGAgTCAGGA?AATCA?TGG	1489
MM251	---A---G---C---A---C---G---C---G---	1623
MM32H	---A---G---C---A---C---G---C---G---	1635
MM239	---A---G---C---A---C---G---C---G---	1635
MM142	---A---G---C---A---C---G---C---G---	1623
MNE	---A---G---C---A---C---G---C---G---	1623
SMMH4	---G---C---T---G---G---A---C---A---A---T---A---	1512
SMMH9	---G---C---T---G---G---A---C---A---A---T---A---	1521
SMPBJ	---G---C---T---G---G---A---C---A---A---T---A---	1521
6P6	---G---C---T---G---G---A---C---A---A---T---A---	1521
CONSENSUS-STM	GGAAGGGCAATACTACCGAGAAGACAAGCCTCTAGAGGCAACAGTAGTGAAAGATCAGGACAATCAATGG	1578
STM	-----	1578
CONSENSUS-E	GGAGGGAAGATACTATAGGGAAGAAACTTAGAAGCAACAGTACTAAAGAACCAAGATAATCAGTGG	887
PAR	-----	887
CONSENSUS-B	?GAAGGATCtTAcTACAA?GAAGGGTACtTcTAGAAGCAACAGT?CAGAAAAAaccTAGCAAAtCAGTGG	1572
BA_7312AR	G-----T-----A-----G---T-----T-----C-----	887

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	aCATAtAAaaTACACAgG? aGagAaaattCTaAAAGtaGGaAAaatgcaAAgataAAAAAtaccCata	1719
ROD	-----A--A-----G-G-----C-----	1633
NIHZ	-----GG-----GG-----C---GT--G--ATATGC--AGAT---ATA--CAT	1630
ISY	-----G-----G--A-----	1630
ST	-----G-----G--GA-----G-----C-	1690
BEN	-----C-----A-----C-----G-----	1690
CAM2	-----G-----A--A-----A-----C-----	1630
D194	G---C-----G---GGG-----G---G-----T---	1744
GH1	-----C-----A-----C-----G-----	1690
UC2	-----A-----C-----A-----C-----	1690
MDS	-----G-----G--A--C-----G-----C-----	1690
KR	-----A-G-----C-----	1690
S52907	-----A--C-----G-----G-----C-----	1084
CONSENSUS-B	ACATACAAaATTTCATCAGGGAAaTAaA?TccTAAAGTAGGAAAATATGCAAAGGTTAAAAACACcCACA	1641
D205	-----G-----G-----	1690
UC1	-----G-A-TT-----	1693
EHOACG	-----G-----G--A-----T-----	1690
CONSENSUS-D	TCCTACAAAATTTCATCAGGAAGACAAAATATTAAGTGGGTAAGTATGCAAAAATCAAAAATACACATA	1122
FORTC2	-----	1122
CONSENSUS-SD	TC?TATAAaATTCCCAAGaGACAAAaTACTgAAAGTAGGaAAATTTGCAAAGaT?AAaAATACACATA	1557
MM251	--T-----A--G-----	1693
MM32H	--T-----G-----A--G-----	1705
MM239	--T-----A--G-----	1705
MM142	--T-----A--G-----	1693
MNE	--T---G-----A-----A-----	1693
SMMH4	--A-----G-----T-----G-T-----	1582
SMMH9	--A-----G-----A-----C-----T-----	1591
SMPBJ	--A-----C-----T-----	1591
6P6	--A-----C-----T-----	1591
CONSENSUS-STM	TCCTATAAGATACACCAAGAAGACAAAATATTGAAAGTAGGCAAGTTTGCAAAATAAAAACACACATA	1648
STM	-----	1648
CONSENSUS-E	AGCTATAAGATTTCATCAGGGAGACAGAATTCTTAAAGTAGGAAAATTTCCCAAATAAAAAATACCCATA	957
PAR	-----	957
CONSENSUS-B	ACATACAAaATTTCATCAGGGAAaTAaA?TccTAAAGTAGGAAAATATGCAAAGGTTAAAAACACcCACA	1641
BA_7312AR	-----G-----	957
CONSENSUS-A	cCaAtgGggTCAgatTgtTaGCACAgGTAGTtCA?AAAATAGGAAAaGAaGCACTaGTcAttTGgGGACG	1788
ROD	-----AA-----G-----	1703
NIHZ	A-C-AC-----A-----	1700
ISY	---C-----G-----G-----G-----	1700
ST	---C--A-----C-CC-----A-----A-----	1760
BEN	-----AC-----G-----	1760
CAM2	-----A--A-----A-----A-----	1700
D194	-----C-AC-----A---C-A-----G-----G-----	1814
GH1	-----AC-----G-----C-----	1760
UC2	-----AC-----G-----G-----	1760
MDS	---C--A-----G-----	1760
KR	-----T-----A-----	1760
S52907	-----AA-----A-----G-----	1154
CONSENSUS-B	CcAA?GG?GTAAGAcTAcTgGCaCATGTAGT?CA?AAAATAGGAAAaGAAGCccTaGTcATCTGGGGAGA	1707
D205	---C--G-----T--G-----C-----	1760
UC1	---C--G-----T--G-----	1763
EHOACG	---T--A-----T---T-----C--A-----G-----AT-G-----	1760
CONSENSUS-D	CAAATGGAGTTAGATTATTAGCACATGTAGTACAAAAATAGGAAAAGAGGCAATAGTAATTTGGGGACG	1192
FORTC2	-----	1192
CONSENSUS-SD	C?AATGGAGTcAGa?TatTAGCACatGTA?T?CAGAAAATAGGAAA?GAAGCAaTAGT?AT?TGGGGAcA	1620
MM251	-C-----T---C-----A-A-----G-----G--C-----	1763
MM32H	-C-----T---C-----A-A-----G-----G--C-----	1775
MM239	-C-----G---C-----A-A-----G-----G--C-----	1775
MM142	-C-----T---C-----A-A-----G-----G--C-----	1763
MNE	-C-----T---C-----A-A-----G-----G--C-----	1763
SMMH4	-A-----T---C-----C---G-G-----A-----C---A--T-----G-	1652
SMMH9	-A-----CT-----G-G-----A-----A--A--T-----	1661
SMPBJ	-A-----T---G-G-----A-----A--A--T-----	1661
6P6	-A-----T---G-G-----A-----A--A--T-----	1661
CONSENSUS-STM	CAAATGGAGTTAGATTATTGGCACATGTGATTcAGAAGATAGGAAAAGCAATAGTgATCTGGGGACA	1718
STM	-----	1718
CONSENSUS-E	CAAATGGAGTAAAGACTATTAGCTAGTGTAGTACAGAAA	995
PAR	-----	995
CONSENSUS-B	CcAA?GG?GTAAGAcTAcTgGCaCATGTAGT?CA?AAAATAGGAAAaGAAGCccTaGTcATCTGGGGAGA	1707
BA_7312AR	---T--A-----A---A-----C--A---	995

CONSENSUS-A	aaTaCCaAAATTTcACcTaCCaGTaGAgAGaGA?acCTGGGAgCAGTGGTGGGATaACTAcTGGCAaGTg	1857
ROD	-----A-T-----	1773
NIHZ	G-----T-----A	1770
ISY	-----A-----A-----T-----	1770
ST	-----A-----T-----A-----	1830
BEN	G-----G-----G-----G-----	1830
CAM2	-----T-----GGT-----G---	1770
D194	-G-G-----G-----C-----A-----A	1884
GH1	G-----C-----T-----G-----G-----	1830
UC2	G-----G-----G-----G-----G---	1830
MDS	-----G-----A-----T-----G-----G---	1830
KR	-----A-----A-----T-----T-----	1830
S52907	-----G-----G-----A-----T-----A-----	1224
CONSENSUS-B	GATACCAgTgTTCCATCTgCCAGTAGAAAGAGACATGGGAcCAGTGGTGGACAGATTACTGGCAAGTA	1777
D205	-----	1830
UC1	-----A-----	1833
EHOACG	-----A-----A-----T-----	1830
CONSENSUS-D	GGTTCGAAATCCCACTTACCAATAGAAAGAGATGTTTGGGAACAATGGTGGTCAGACTATTGGCAAGTA	1262
FORTC2	-----	1262
CONSENSUS-SD	GGT?CCaAaATTcCA?TT?CCAGT?GAgAGaGA??T?TGGGAACA?TGGTGGACAGA?TATTGGCA?GTA	1680
MM251	---C-----C-----A-----T-----G-----TG-A-----G-----C-----G---	1833
MM32H	---T-----C-----A-----T-----AG--TG-A-----G-----C-----G---	1845
MM239	---C-----C-----A-----T-----AG--TG-A-----G-----C-----G---	1845
MM142	---C-----C-----A-----T-----AG--TG-A-----G-----C-----G---	1833
MNE	---C-----C-----A-----T-----A-----TG-A-----G-----C-----G---	1833
SMMH4	---G-----T-----G-----A-----A-----AA-T-----A-----T-----A---	1722
SMMH9	---G-----G-----T-----T-----G-----A-----R-----AA-T-----A-----T-----A---	1731
SMMPBj	---G-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----AA-T-----A-----T-----A---	1731
6P6	---G-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----AA-T-----A-----T-----A---	1731
CONSENSUS-STM	GATCCCAAATTCCACTTGCCAGTAGAGAGAGAGGTCTGGGAACAATGGTGGGACAGATTATTGGCAGGTA	1788
STM	-----	1788
CONSENSUS-SO	-----	9
SMMM7	-----GCCCCGC??GT?	12
SMMLIB1	-----CA--A	5
AG--G		
CONSENSUS-B	GATACCAgTgTTCCATCTgCCAGTAGAAAGAGACATGGGAcCAGTGGTGGACAGATTACTGGCAAGTA	1777
CONSENSUS-A	ACATGGaTCCcAGAcTGGGACTTcgTaTctAcCccCaCCacTgGTCAGgtTagcaTTTAAcCt?GTAggaG	1926
ROD	-----G-----G-----G-----G-----	1843
NIHZ	-----T-----C-----	1840
ISY	-----C-----GT-----G-----AA--	1840
ST	-----A-----G-----A-----T-----G-----GAA--	1900
BEN	-----G-----T-----A-----A-----	1900
CAM2	-----AC-----T-----A-----G---	1840
D194	-----G-----G-----A-----GA-----T-----G-----	1954
GH1	-----G-----A-----A-----A-----	1900
UC2	-----A-----GA-----A-----	1900
MDS	-----T-----T-----A-----AA--	1900
KR	-----T-----A-----AA--	1900
S52907	-----G-----G-----G-----G-----	1294
CONSENSUS-B	ACcTGGATCCcAGaAaTGGGATTTTGTCTCaACCCcACCATTaAaTAAGAcTAGCCTAcAACCTaGTCAAAG	1847
D205	-----G-----C-----G-----	1900
UC1	--T-----G-----	1903
EHOACG	-----GT-----T-----G-----	1900
CONSENSUS-D	ACCTGGATACCAGAATGGGATTTTGTATCTACACCTCCTCTAGTTAGACTAGTTTTTAACTTGGTAAAAG	1332
FORTC2	-----	1332
CONSENSUS-SD	ACcTGGATACC?gAaTGGGA?TTt?T?TCAACaCC?CCctTAGT?AGAtTAGTcTTCAA?CTaGTaAA?G	1742
MM251	-----G-----G-----T-----A-----C-----G-----A-----AC-----A-----T-----G-----G---	1903
MM32H	-----A-----T-----A-----C-----A-----AC-----A-----T-----G-----G---	1915
MM239	-----G-----T-----A-----C-----A-----GC-----A-----T-----G-----G---	1915
MM142	-----G-----T-----CA-----C-----A-----A-----A-----T-----G-----G---	1903
MNE	-----GA-----T-----A-----C-----A-----AC-----A-----T-----G-----G---	1903
SMMH4	-----A-----T-----C-----G-----G-----T-----C-----C-----T-----C-----A---	1792
SMMH9	-----A-----C-----G-----G-----T-----C-----C-----T-----C-----A---	1801
SMMPBj	--T-----A-----C-----G-----G-----T-----C-----C-----T-----C-----A---	1801
6P6	-----A-----A-----C-----G-----G-----T-----C-----C-----T-----C-----A---	1801
CONSENSUS-STM	ACATGGATACCAGAATGGGATTTTGTATCCACACCTCCTTTAGTAAGATTAGTCTTTAATTTAGTAAAAG	1858
STM	-----	1858
CONSENSUS-SO	A???G???ACCA???TG?????AT?TC?AC?CC?CCT?T?GT?AG?TTAGT?TTCAA??TGGTAAAAGG	52
SMMM7	-TCC-CCC-----T-CTCCCGA--T--G--C--T--C-A--C--A-----G-----TT-----	80
SMMLIB1	-CAT-GAT---GAA--G.ATTTT--A--C--A--C-----T-G--T--G-----C-----CC-----	74
CONSENSUS-B	ACcTGGATCCcAGaAaTGGGATTTTGTCTCaACCCcACCATTaAaTAAGAcTAGCCTAcAACCTaGTCAAAG	1847

HIV2/SIV POL

	Reverse Transcriptase \ / RNase H	
CONSENSUS-A	AtCCtaTACcAGGgGcAGAgACcTTcTACACaGATGGATCCTGcAATAggCAaTCAAaaGAaGGaAAAAGC	1996
ROD	-----T-----	1913
NIHZ	-G---G-----A--T-----G-----G-----	1910
ISY	-----G-----T-----G-----	1910
ST	---C---T---A-----A-----G-----	1970
BEN	-----A-----A-----G-----G-----	1970
CAM2	-----A-----	1910
D194	-----A-----T-----A-----A-----G-----	2024
GH1	-----A-----A-----G-----G-----	1970
UC2	-----A-----A-----G-----G-----	1970
MDS	-----T---A-----	1970
KR	---C-----T-A-----T-----G-----	1970
S52907	-----T-----	1364
CONSENSUS-B	ACCCCTAGAAggggtAGAAACcTACTACACAGATGGaTCCTGcAAcAgAgCCTCAAAGGAaGGAaAAAGC	1917
D205	-----AG-----G-----T---A-----	1970
UC1	-----AA---G-----G-----G-----G-----	1973
EHOACG	-----A-----T-----T---A-----A-----G-----	1970
CONSENSUS-D	AACCCCTAGAGAAGACAGAAACCTTCTATGTAGATGGCTCGTGCCACAGACAATCTAAAGAAGGGAAAGC	1402
FORTC2	-----	1402
CONSENSUS-SD	A?CCTATAcAGGGAG?AGAAAC?T?TTATgtAGATgGATC?TGTAaTA??CAGTCAA?AGAAGGAaAAAGC	1804
MM251	-C-----G-----A-----C-A---AC-----A-----AA-----A-----G-----	1973
MM32H	-C-----A-----A-----C-A---AC-----A-----AA-----A-----G-----	1985
MM239	-C-----G-----A-----C-A---AC-----A-----AA-----A-----G-----	1985
MM142	-C-----G-----A-----C-A---AC-----A-----G-AA-----A-----	1973
MNE	-C-----A-----A-----C-A---A-----A-----AA-----A-----G-----	1973
SMMH4	-G-----C-----A-T-----C-----GG-----G-----	1862
SMMH9	-G-----C-----A-T-----A---C-----GG-----G-----	1871
SMPBJ	-G-----C-----A-T-----C-----GG-----G-----G-----	1871
6P6	-G-----C-----A-T-----C-----GG-----G-----G-----	1871
CONSENSUS-STM	AACCCCTGGAAGGAACAGAAACATTTTATGTGGATGGCTCATGTAAACAGGCAATCTAAAGAAGGGAAAGC	1928
STM	-----	1928
CONSENSUS-SO	A?CCC?T?GA?G?A?TAG?AAC?TT?TATGT?GATGG?TC?TGCAATA?A?A?TC?AA?G??GGAAA?GC	102
SMMM7	-T---A-C--A-A-A---G---A-T---G---C---T---A-C-G--A--A-AG---A---	150
SMMLIB1	-A---C-A--.-G-G---A---C---C---A---A---A---G-G-A--T--G-TA---G---	143
CONSENSUS-B	ACCCCTAGAAggggtAGAAACcTACTACACAGATGGaTCCTGcAAcAgAgCCTCAAAGGAaGGAaAAAGC	1917
CONSENSUS-A	AgGATAtgTaACAGATAgAGG?AgAGACaAgGTaA??gtAtTaGAGCaAACTaCCAAtCAGCAaGCAGAA	2063
ROD	-----G-A-----AGAA-C-----	1983
NIHZ	-----A-----G-----G-----AA-----	1980
ISY	-----A-----A-A-----A-----GGA-----C---A-----	1980
ST	-----CA-----A-----G-GGC-----C-----	2040
BEN	-----A-A-----A-----A-----A-----G-----	2040
CAM2	-----A-----AAA-C-----G-----	1980
D194	-----G-----G-----GA-----AT-----	2094
GH1	-C-----G-----A-----GA---C---A-G-----	2040
UC2	-----A-----A-----GA-----A-----	2040
MDS	-----A---G-----AG---C-----	2040
KR	-----A-----G-----GGA---G-----	2040
S52907	-----G-A-----AGAA-C-----	1434
CONSENSUS-B	AGGATATGTcACaGACAGGGGAAAaGATAAgGTTAAAgTgtTAGAaCAGACAACAAAtCAaCAAGCAGAA	1987
D205	-----T-----C-----	2040
UC1	-----C---G-----	2043
EHOACG	-----G-----A-----CCA-----A-----G-----G-----	2040
CONSENSUS-D	AGGTTATGTAAcAGATAGGGACAGAGAAAAACAAAAGCCTTACAACAAACTACCAATCAACAAGCAGAA	1472
FORTC2	-----	1472
CONSENSUS-SD	AGG?TAT?T?ACaGAtAgGgGCA?AGaCAA?g?AAAA?TgtTaGAACAGACTAC?AatCAACAAGCAGA?	1865
MM251	---A---A-C-----A-----A-T---G-----T-----A-----	2043
MM32H	---A---A-C-----A-----A-T---G-----T-----A-----	2055
MM239	---A---A-C-----A-----A-T---G-----T-----A-----	2055
MM142	---A---A-C-----C-----A-----G-T---G-----T-----A-----	2043
MNE	---A---A-C-----A-----A-T---G-C-----T-----A-----	2043
SMMH4	---C---G-G---G-----G-----A-C---C-T-----C---C-----G-----	1932
SMMH9	---C---G-G---A---G---G---GAC---C---C-G-----C-----G-----	1941
SMPBJ	---C---G-G---A---G---G---G-C---C---C-G-----C-----G-----	1941
6P6	---C---G-G---A---G---G---G-C---C---C-G-----C-----G-----	1941
CONSENSUS-STM	AGGCTACATAACTGATAGAGGAAAAACAAAGTAAAGCTTTAGAACAGACTACTAATCAACAAGCAGAA	1998
STM	-----	1998
CONSENSUS-SO	AGG?TACATAACAGACAGA?G?AG???CAAA?TAAAG???TTAGAACA?ACTACCAATCAG??AGCAGA?	158
SMMM7	---A-----A-G---GAG---A-----TTC-----G-----CG-----A-----	220
SMMLIB1	---G-----G-A---AGA---G---GCT-----A-----AA-----G-----	213
CONSENSUS-B	AGGATATGTcACaGACAGGGGAAAaGATAAgGTTAAAgTgtTAGAaCAGACAACAAAtCAaCAAGCAGAA	1987

CONSENSUS-A	tTAGAaGcCTTtgcgATGgCacTaaCAGACTCaGGtCCaAAaGttAAAtATtaTAGTAGAcTCACAgtATG	2133
ROD	C-----G-----	2053
NIHZ	-----A-----C-----A---	2050
ISY	-----A-----G-----C-----G-----	2050
ST	-----G-----G-CC--C-----A---	2110
BEN	-----T--CG-----GG-----C--G--C-----T-----	2110
CAM2	-----C-----	2050
D194	C-----GG-----C-G-----C-----	2164
GH1	-----A--G-----G-----C-----	2110
UC2	C---G-----GG-----G--C-C-----	2110
MDS	-----A-----C-----C-----	2110
KR	-----C-A-----T-----CC-----	2110
S52907	-----G-----	1504
CONSENSUS-B	CTTGAAGCATTGCAcTAGCAcTAcagGAcTCAGgACCACAaGtcAAcATCATAGTAGAtTCACAATATG	2057
D205	-----T-----T--ACA-----A-----T-----	2110
UC1	-----T-----C-----	2113
EHOACG	-----G-----T-----	2110
CONSENSUS-D	CTAGAAGCATTCTCTTGGCATTACAAGATTcAGGTCCAAAGGCAAACATTATAGTAGATTCCCAATATG	1542
FORTC2	-----	1542
CONSENSUS-SD	TtgGAAGC?TTt??c?T?GC?TT?gCAGA?TCaGG?CCAAA?gCAAATATTATAGTAGAtTC?CAATATG	1924
MM251	--A-----A--CT-A-G--A--GA---C-----G---GA-----A-----	2113
MM32H	-----A--CT-A-G--A--GA---C-----G---G-----A-----	2125
MM239	-----A--CT-A-G--A--GA---C-----G---G-----A-----	2125
MM142	-----A--CT-A-G--A--GA---C-----G---G-----C--A-----	2113
MNE	-----A--CT-A-G--A--G---C-----G---G-----A-----	2113
SMMH4	-----C--CTATC-A--C--A---T--G--A---A-----C-----	2002
SMMH9	-----C--TATC-A--C--A---T-----A---A-----C-----	2011
SMPBJ	-----C--CTA-C-A--C--A---T-----A---A-----C-----	2011
6P6	-----C--CTA-C-A--C--A---T-----A---A-----C-----	2011
CONSENSUS-STM	TTAGAAGCATTGCCATGGCCTTGGCGGACTCAGGTCCAAAAGCAAATATTGTGGTAGACTCACAATATG	2068
STM	-----	2068
CONSENSUS-SO	?TAGAAGC?TTTCT?ATGGCA?T??AGA?TCAGG??CAGA?GCAAATATTATAGTAGATTC?CAATA?G	215
SMMM7	T-----C-----C-----G--AAC---T-----AG---G-----T-----T-	290
SMMLIB1	C-----A-----T-----A-GCA---C-----TC---A-----C-----C-	283
CONSENSUS-B	CTTGAAGCATTGCAcTAGCAcTAcagGAcTCAGgACCACAaGtcAAcATCATAGTAGAtTCACAATATG	2057

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	TAATGGGaaTAgtagcagGCCAaCCaaCaGAgTCAGAAgTAgaaTAGTaAAccAaATcATaGAaGAaAT	2203
ROD	-----G--CAGT--A-----A-----G--G-----	2123
NIHZ	-----G-----G-----A-----G-A-----T-G-----	2120
ISY	-----A-----GG-T--A-----G-----TA--T-----G--	2120
ST	-----G-----A-----G-----T-----	2180
BEN	-----G-----G-----A-----G-----G-----	2180
CAM2	-----G-----G-----A-----T-----	2120
D194	-----G-----A-----T--G--C--	2234
GH1	-----T-----T--G--C--	2180
UC2	-----A-----G-----T-----C--	2180
MDS	-----G-T-----A--G-----T--G-----G--	2180
KR	-----G-----G-----A-----G--A-C-----	2180
FA	-----T-----A-----A-----T--G--C--	69
5132P1	-----G-----A-----A-----T--G--C--	69
S52907	-----A-----A-----G-----G-----	1574
CONSENSUS-B	TCATGGGAATA?TAGCTGgACAgCCAACAGAAACaGAgTCACCaaTAGTaaataAaATAATTGAAGAAAT	2126
D205	-----C-----C-----GCA-----	2180
UC1	-----G-----G-----C-----C-----	2183
EHOACG	-----G-----C--A-----A-----G-----GAG-----	2180
JA	-----A-----	69
ON	-----A-----A-----G-----	69
CONSENSUS-C	GTTAGGGATTATAGCAGGGCAGCCAACAGAAACAGAGTCCCCACTAGTAAACAGAATCATAGAAGAATT	69
POLB7	-----	69
CONSENSUS-D	TCAT?GGAAT?GTGGCAGGACAACCTACAGAATCAGA?AGCAAATTAGT?AATCAGATAATAGAAGAAAT	1609
FORIC2	---G-----G-----A-----	1612
POLC12	---A-----A-----G-----	69
CONSENSUS-SD	TTATGGG?ATAaTA?CAGG???cCC?AC?GAATCAGA?AG?AG??TAGT?AAcCA?ATAATAGaagAAAT	1981
MM251	-----A-----A---ATG---T--A-----G--C--GC---T---A-----	2183
MM32H	-----A-----A---ATG---T--A-----G--C--GC---T---A-----	2195
MM239	-----A-----A---ATG---T--A-----G--C--GC---T--T--A-----	2195
MM142	-----A-----A---ATG---T--A-----G--C--GC---T---A-----	2183
MNE	-----A-----A---ATG---T--A-----G--C--GC---T---A-----	2183
SMMH4	-----C-----G---TCAG--C--T-----A--T--AT---A---G-----G---	2072
SMMH9	-----C--G--G---TCAA--C--T-----A--T--AT---A---G-----GA---	2081
SMPBJ	-----C--G--G---TCAA--C--T-----A--T--AT---A---G-----	2081
6P6	-----C--G--G---TCAA--C--T-----A--T--AT---A---G-----G---	2081
CONSENSUS-STM	TGATGGGAATCATAACAGGACAGCCCACAGAATCGGAGAGCAAGTTAGTAAATCAGATAATAGAAGAAAT	2138
STM	-----	2138
CONSENSUS-SO	T?ATGGGGAT?GT??CA?GGCA?CC?ACTGAATCAGAAA?TAA??TAGTAAATCA?AT?ATAGAAGA?AT	272
SMMM7	-G-----A--GA--A---A--C-----G---AA-----G--A-----A--	360
SMMLIB1	-T-----T--AG--G---G--T-----A---CC-----A--T-----G--	353
CONSENSUS-B	TCATGGGAATA?TAGCTGgACAgCCAACAGAAACaGAgTCACCaaTAGTaaataAaATAATTGAAGAAAT	2126
BA_7312AI	-----G-----G-----G-----	69

CONSENSUS-A	GATAAA?AAgGAAgCAaTCTATGTtGCaTGGgTCCCaGCCAtAAAGGCATAGGaGGAAAcCagGAagTa	2272
ROD	-----A-----C-----G-----	2193
NIHZ	---G--A-----G-----C-----	2190
ISY	---A-----G-----C-----T--A--A-T	2190
ST	---A-----C-----T---G---	2250
BEN	---G-----G-----	2250
CAM2	---A-----G-----	2190
D194	---G--A---G-----	2304
GH1	---G--A---G-----C--G-----	2250
UC2	---G--A---G-----A-----	2250
MDS	---A-----C-----T-----	2250
KR	---A---A-C-----C-----T-----	2250
FA	---G--A-----	139
5132P1	---G-----G-----A--	139
S52907	---A-----C-----G-----	1644
CONSENSUS-B	GATCAAAAAGGAagcAaTATATGTAGGATGGGTgCCAGCTCACAAaGGACTaGGTGGTAATCAGGAAGTA	2196
D205	-----A--G--G-----A-----G-----	2250
UC1	-----A-----G-----	2253
EHOACG	-----AA-----A-----G-----G-----	2250
JA	-----	139
ON	-----	139
CONSENSUS-C	AATAAGGAAGGAAGCTGTTTACATCAGCTGGGTGCCAGCTCACAAAGGTCTCGGAGGAAATCAAGAAGTA	139
POLB7	-----	139
CONSENSUS-D	GATTAAAAA?GAGGCAATATACATTGCATGGGTACCAGCACACAAA?G?ATAGGAGGAAACCAAGAAGTA	1676
FORIC2	-----A--G-----A--G-----	1682
POLC12	-----G-----G-A-----	139
CONSENSUS-SD	GATtAAAAAGg?AG?AATTTATGTaGCATGGGTaCC?GCACA?AAAagg?ATAGGAGgaAA?CAAGAA?TA	2044
MM251	-----TC--A-----A---C---T-----C-----A--	2253
MM32H	-----TC--A-----A---C---T-----C-----A--	2265
MM239	-----TC--A-----A---C---T-----C-----A--	2265
MM142	---C-----AC--A-----G-----A---C---T-----C-----A--	2253
MNE	-----AC--A-----G--A---C---T-----C-----A--	2253
SMMH4	-----A--C-----T-----T-----A-----C--T-----G--	2142
SMMH9	-----A--C-----T-----T-----RRA-----A--T-----G--	2151
SMPBJ	-----A--C-----T-----T-----A-----T-----G--	2151
6P6	-----A--C-----T-----T-----A-----T-----G--	2151
CONSENSUS-STM	GATTA AAAAGGAAGCAATTTATGTAGCATGGGTACCAGCACATAAAGGAATAGGAGGAAATCAGGAGGTA	2208
STM	-----	2208
CONSENSUS-SO	GATCAAAAAGACAGC??TATATGT??CAT?GGTACCAGCTCATAAAGG??TAGGA?GAAATCA?GAA?TA	332
SMM7	-----AG-----GA---A-----TC-----A---A--	430
SMMLIB1	-----TA-----AG---G-----AA-----G-----G---G--	423
CONSENSUS-B	GATCAAAAAGGAagcAaTATATGTAGGATGGGTgCCAGCTCACAAaGGACTaGGTGGTAATCAGGAAGTA	2196
BA_7312AI	-----	139

HIV2/SIV POL

	RNase H \ / Integrase	
CONSENSUS-A	GA?CAttTAGTAgTCAGGGcATcAGACAAgTatTaTtcct?GAaAaaATAGAgCCcGcTCAaGAaGAAC	2340
ROD	--T-----G-----T-----G--G--G--G-----G-----G-----	2263
NIHZ	--T-----T-----T-----A--G-----A-----G--G-----	2260
ISY	--C--C-----A--G--G-----G-----	2260
ST	--T--C-----A--G-----A-----G--G-----	2320
BEN	--C-----A-----G-----G-----G-----	2320
CAM2	--T-----G--A-----C--G--A--G-----T--G-----	2260
D194	--C-----G-----G-----G-----	2374
GH1	--C-----G-----A--GG-----C-----	2320
UC2	--C-----C--T--G--G-----T--C--G-----	2320
MDS	--T--C-----G--A-----	2320
KR	--T-----T-----A-----G-----	2320
FA	--C--C-----G-----G--G-----	209
5132P1	--C-----G-----T--G-----C-----G-----	209
S52907	--T-----G-----T-----G--G--AATAG	1686
CONSENSUS-B	GACCACCTAGTAgTCAAGGAATtAGgCAggTtcTaTTccTAGAAAAGATAGAACCAGCaCAaGAaGAaC	2266
D205	-----C--A--CT--G-----A-----C--G-----G-----	2320
UC1	-----	2323
EHOACG	-----G--C-----A--AA--C-----T-----A-----T-----	2320
JA	-----	209
ON	-----T-----	209
CONSENSUS-C	GACCACCTAGTAAGTCAAGGAATTAGGCAAGTATTATTCTTAGAAAAAATAGAACCAGCACAGGAAGAGC	209
POLB7	-----	209
CONSENSUS-D	GACCATCTAGTCAGCCAAGG?ATTAGACAGGTCTGTTTCTAGAAAAAATTGAACCAGCACAGAAGACC	1745
FORTC2	-----A-----	1752
POLC12	-----G-----	209
CONSENSUS-SD	GA?CAcCTaGTTAGtCAaGg?ATTAGACAAGT?CT?TTCTT?gAAAA?ATAGA?CCAGCaCAaGAAGA?C	2106
MM251	--C-----G--G-----T--C--G--G--G-----G-----A-----	2323
MM32H	--C-----G-----T--C--G--G--G-----G-----G--A-----	2335
MM239	--C-----G-----T--C--G--G--G-----G-----A-----	2335
MM142	--C-----G-----T--C--G--G--G-----G-----A-----	2323
MNE	--C-----G-----T--C--G--G--G-----G-----A-----	2323
SMMH4	--T--G--C--G--A-----C--A--AA--A--A-----G-----	2212
SMMH9	--T--T-----AA-----C--A--A--A--A--G--G--G-----	2221
SMPBJ	--T--T--G-----A-----C--A--A--A--A--G--G--G-----	2221
6P6	--T--T--G-----A-----C--A--A--A--A--G--G--G-----	2221
CONSENSUS-STM	GATCATTGGTAAGTCAGGGAATTAGACAGGTCTATTCTTAGAAAAAATAGAACCAGCTCAAGAAGAGC	2278
STM	-----	2278
CONSENSUS-SO	GA?CATTT?GTTAGTCAA?G?ATTAG?CAAGT??T?TTC?TAGA?AA?ATAGAACCAGCCCAAGAAGA?C	390
SMMM7	--C-----A-----A--G--G--CT--G--C--A--G-----G-----	500
SMMLIB1	--T-----G--A-----A--TC--A--T--G--A-----A-----	493
CONSENSUS-B	GACCACCTAGTAgTCAAGGAATtAGgCAggTtcTaTTccTAGAAAAGATAGAACCAGCaCAaGAaGAaC	2266
BA_7312AI	-----C--G--G-----	209

CONSENSUS-A	AtGaaAAATATCATAgCAaTaTaAAAGAacTa?ccCATAAAATTTGgaaTaCCCcaacTaGTgGCAAGaCA	2409
ROD	-----G-----GT-T-----A-TT-----G--	2333
NIHZ	-----GT-----A-G-----	2330
ISY	---G-----G-----G-----G-----T-----A-C--G-----	2330
ST	-----G-----T-----C-G--A--T-----	2390
BEN	-----T-----A-----TT-----A-----	2390
CAM2	-----C--G-----G--TG-----AT-----	2330
D194	-C-----A-----	2444
GH1	-----G-----A-----A-----	2390
UC2	-----G--GAT-----A-----	2390
MDS	-----G-----T-----T-----	2390
KR	---G-----G-----T--T-----C-G--A-----	2390
FA	-----G--A-T-----A-----	279
5132P1	-----A-----C-----	279
CONSENSUS-B	ATGAAAA?TAtCATggcAATGTAAAGAacTaGTtCATAAAATtGGaaT?CcacaatTAGTgGCAAAACA	2334
D205	-----A-----G--C-----C-----T-----	2390
UC1	-----G--C-----T-----C--C-----G-----	2393
EHOACG	-----A-----AAT-----C-----G--T-----G---	2390
JA	-----G-----C-ACAGT-----	279
ON	-----G--C-----C-----G-----A-----	279
CONSENSUS-C	ATGAAAGATTTTCATAGCAATGCCAAAGAGCTGACACACAAATTTGGTATACCTAACTTAGTGGCTAAACA	279
POLB7	-----T-----	279
CONSENSUS-D	ATGAGAAATACCATAG?AATATAAAAGAACTAGTATTCAAATTTGGT?TGCCAAAATTAGTAGCAAGACA	1813
FORTC2	-----T-----C-----	1822
POLC12	-----C-----T-----	279
CONSENSUS-SD	ATga?AAaTACCATAG?AAtgTAAAGaAATTgGTATTCAAATTTgG?TTACC?AG?cTAGT?GC?AaACA	2169
MM251	---T-----T-----A-----C--AA--G--C-G---	2393
MM32H	---T--G-----T-----A-----C--AA--G--C-G---	2405
MM239	---T-----T-----A-----C--AA--G--C-G---	2405
MM142	--AGT-----T--CA-----A-----C--A--G--C---	2393
MNE	---T-----T-----A-----C--A--G--C---	2393
SMMH4	---A--G-----C-----T-----T--G--A--A----	2282
SMMH9	---A-----C-----A-----R-T-----T--G--A--A----	2291
SMPBJ	---A-----C-----T-----T--G--A--A----	2291
6P6	---A-----C-----A-----T-----T--G--A--A----	2291
CONSENSUS-STM	ATGAAAAATATCATAGCAATGTGAAAGAGCTAGTCTTCAAGTTTGGCATAccaaggctagtagCAAAGCA	2348
STM	-----	2348
CONSENSUS-SO	A?GA?AA?TATCA?AGCAAT?TAAAGAATTTGGT?TTTAAAT?T?G?ATACCAAGATT?GTAGCAAACA	450
SMMM7	-C--A--A-----C-----G-----C-----T-A-G-----A-----	570
SMMLIB1	-T--G--G-----T-----A-----G-----A-G-C-----G-----	563
CONSENSUS-B	ATGAAAA?TAtCATggcAATGTAAAGAacTaGTtCATAAAATtGGaaT?CcacaatTAGTgGCAAAACA	2334
BA_7312AI	-----A-----G--G-----T-----C-----	279

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	aATAGTAAACaCATGtgCCcAatgcCAaCAGAAAGGaGAgGcTATACATGGGCAaGTAAATGCAGAA?Ta	2478
ROD	-----T-----T-----G-A-----C--	2403
NIHZ	-----TGTG-----G-----C--	2400
ISY	-----G-----A-----G-A-----C--	2400
ST	-----CA-----T-G-----G-----T--	2460
BEN	G-----T-----AT-----G-A-C-----A--	2460
CAM2	-----AT-----G-----G-G	2400
D194	G-----A-C-----A--	2514
GH1	G-----C-----G-----A--	2460
UC2	G-----C-----A--	2460
MDS	-----T-----CT--	2460
KR	-----T-----G-A-----G-----C-G	2460
FA	G-----A--	349
5132P1	G-----A-A-----A-C-----C--	349
CONSENSUS-B	aATAGTAAAcTCCTGTGATAAATGcCAACAAAAAGGgGAAGCTgTTCATGGACAGGTAAATgCAGAACTA	2404
D205	G-----T-----A-----C--	2460
UC1	-----	2463
EHOACG	-----T-----A-----T-----	2460
JA	-----	349
ON	-----	349
CONSENSUS-C	GATAGTAAATACTTGTTCATGTGTGTCAACAGAAAGGAGAGGCCATACATGGGCAAGTAAATGCAGATTTA	349
POLB7	-----	349
CONSENSUS-D	?ATAATAGA?AC?TGTGATAAATGTCACCGAAAGGGAGAGGCAATACATGGGCAAGTAAATGCAGAA?TA	1879
FORTC2	G-----T-C-----C--	1892
POLC12	A-----C-T-----T--	349
CONSENSUS-SD	gATAGTAGACACaTGTGATAAATG?CA?CagAAAGGAGAAgCtATACATGGgCA?GtAAAT?CaGaaCTA	2235
MM251	-----C-----T-T-----G-----T-T--	2463
MM32H	-----T-T-A-----G-----T-T--	2475
MM239	-----C-----T-T-----G-----G-C-----T-T--	2475
MM142	-----T-T-A-----G-----T-C--	2463
MNE	-----T-T-----G-----T-T--	2463
SMMH4	-----C-C-----C-----A-----G-----	2352
SMMH9	A-----C-C-T-----Y-----A-----G-R-R--	2361
SMPBJ	-----C-C-----C-----A-A-----G-----	2361
6P6	-----C-C-----C-----A-A-----G-----	2361
CONSENSUS-STM	AATAGTGGATACATGTGACAAGTGCCACCAGAAAGGAGAAGCTATACATGGGCAAGTAAATGCAGAGTTA	2418
STM	-----	2418
CONSENSUS-SO	GATAGT?GA?ACCTGTGA?AAATGCCA?CA?AAAGGAGAAGC?AT?CA??G?CA?GTAAA??CAGA?TT?	505
SMMM7	-----A-T-----T-----G-G-----T-A-TA-A-G-----CA-----G-A	640
SMMLIB1	-----G-C-----C-----T-A-----A-C-CG-G-A-----TG-----A-G	633
CONSENSUS-B	aATAGTAAAcTCCTGTGATAAATGcCAACAAAAAGGgGAAGCTgTTCATGGACAGGTAAATgCAGAACTA	2404
BA_7312AI	-----T-----A-----	349

CONSENSUS-A	GGcactTGGCAAATGGACTgCACaCActTAGaaGGAAAaaTCATtATAGTAGCAGTaCATGTTGCaAGtG	2548
ROD	-----T-----G-----	2473
NIHZ	-----T-----G-----	2470
ISY	---C-----	2470
ST	-----	2530
BEN	--GT-----A-----	2530
CAM2	---C-----TC---G-----C-----	2470
D194	--GT-----G-----	2584
GH1	--TGTC-----G-----	2530
UC2	--GT-----T-----	2530
MDS	-----T-T-----G-----	2530
KR	-----G-----C-----	2530
FA	--TGTC-----	419
5132P1	---GTC-----G-----	419
CONSENSUS-B	GG?ACaTGGCAgATGGACTGTACACA?TTAGaaGGaaAaggTcATAATAGTgGCAGTcCATGTAGCCAGTG	2472
D205	--G-----T-----AA-T-----	2530
UC1	--A-----C-----	2533
EHOACG	--G-----A-----T-----G-----T-----T-----	2530
JA	--A-G-----C-----	419
ON	--A-----C-----G---A-----	419
CONSENSUS-C	GGAACATGGCAAATGGACTGTACCCATTTAGAAGGAAAAGTTATCATAGTAGCAGTCCATGTGGCCAGTG	419
POLB7	-----	419
CONSENSUS-D	GGAACTTGGCAGATGGACTGTACACA?CTAGAGGGAAAAGTAA?CATAGTAGCTGTACATGTGGCTAGTG	1947
FORTC2	-----C-----C-----	1962
POLC12	-----T-----T-----	419
CONSENSUS-SD	GGGACTTGGCAAATGGAcTGTACcCA?CTAGAgGG?AAAATAaT?ATAGTTGCAGTACATGT?GcTAGTG	2301
MM251	-----T-----A-A-----G-C-----A-----	2533
MM32H	-----T-----T-----A-----C-----A-----	2545
MM239	-----T-----T-----A-----C-----A-----	2545
MM142	-----T-----T-----A-----G-C-----A-----	2533
MNE	-----T-----T-----A-----C-----A-----	2533
SMMH4	-----G-C---A-C-----T-----G-----	2422
SMMH9	-----A-C---C-----T-----G-G-----	2431
SMPBJ	-----A-C---C-----T-----G-----	2431
6P6	-----A-C---C-----T-----G-----	2431
CONSENSUS-STM	GGGACTTGGCAGATGGACTGTACACATCTAGAAGGCAAGATAATTATAGTAGCAGTACATGTAGCTAGTG	2488
STM	-----	2488
CONSENSUS-SO	?GAA??TGGCAAAT?GACTG?ACACA??TAGAGGGCAAA?T??TTATAGT?GC?GTACATGT?GCTAG?G	561
SMMM7	A--TT-----A---C---CC-----G-TG-----A-A-----G---T-	710
SMMLIB1	G--CC-----G---T---TT-----A-AA-----G-T-----A---C-	703
CONSENSUS-B	GG?ACaTGGCAgATGGACTGTACACA?TTAGaaGGaaAaggTcATAATAGTgGCAGTcCATGTAGCCAGTG	2472
BA_7312AI	--G-----A-----T-----G---A-----A-----	419

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	GaTTtATAGAAgCAGaAgTcATCCACAGgAAtCaGgAAGgCAgACaGCaCTcTTCcTatTaAAAcTGGC	2618
ROD	-----A--A-----G-----	2543
NIHZ	-----G-----T-----A-----G--T--C-G-----	2540
ISY	-----A-----	2540
ST	-----A--G-----C-----	2600
BEN	---C-----	2600
CAM2	-----A-----T---	2540
D194	---C-----	2654
GH1	---C-----T-----G-----	2600
UC2	---C-----G-----	2600
MDS	-----G-----A-----G-----	2600
KR	-G-----T-----A--G-----A-----	2600
FA	---C-----A-----A-----A--A-----	489
5132P1	---C-----C-----	489
CONSENSUS-B	GaTTtATAGA?GCAGAgGTAATACCCCAAGAAaCaGGAAGACA?ACAGCTCTCTCCTgtTAAA?tTGGC	2539
D205	-G-----A-----G-----G-----AC---G-----	2600
UC1	-----G-----A-----A-----	2603
EHOACG	---C---A---A-----G-----GC---	2600
JA	-----G-----A-----G-----G-----A-----	489
ON	-----G-----A-----A-----A-----	489
CONSENSUS-C	GCTTTATAGAAGCAGAGGTAATCCCAAGAAACTGGCAGACAAAACAGCTCTTTTCTGTAAAATTGGC	489
POLB7	-----	489
CONSENSUS-D	GATTTATAGAAGCAGAAGTCATTCCACAGGAAACAGGAAGACAAACAGCTTTATTCCTGTAAAATTGGC	2017
FORTC2	-----	1972
POLC12	-----	489
CONSENSUS-SD	GATTcATAGA?GCAGAAgTAATtCC?Ca?GAaACAGGAAGACA?ACAGCACT?TTTCTGtTAAAaTT?GC	2365
MM251	-----A-----A--A--G-----G-----A-----G-----	2603
MM32H	-----A-----A--A--G-----G-----A-----G---	2615
MM239	-----A-----G-----A--A--G-----G-----A-----G---	2615
MM142	-----A-----A--A--G-----G-----A-----G---	2603
MNE	-----A-----A--A--G-----G-----A-----G---	2603
SMMH4	---T---G-----C--G--G-----A-----G-----G--A--	2492
SMMH9	-----G-----C--G--G-----A-----G-----C-----A--	2501
SMPBJ	-----G-----G--G-----A-----G-----C-----A--	2501
6P6	-----G-----C--G--G-----A-----G-----C-----A--	2501
CONSENSUS-STM	GGTTTATAGAGGCAGAAGTAATCCCAAGAAACAGGGAGACAGACAGCATTGTTTCTGTTGAAGTTAGC	2558
STM	-----	2558
CONSENSUS-SO	G?TTCAT?GA?GCAGAAGT?AT?CC?CAAGA?ACAGGAAG?CAGACAGC??TGTT?CTG?TAAAATTAG?	618
SMMM7	-A-----A--G-----A--C--A-----A-----A-----AT---C---T-----C	780
SMMLIB1	-T-----C--A-----G--T--G-----G-----G-----TC---T---C-----T	773
CONSENSUS-B	GaTTtATAGA?GCAGAgGTAATACCCCAAGAAaCaGGAAGACA?ACAGCTCTCTCCTgtTAAA?tTGGC	2539
BA_7312AI	-G-----A-----A-----A-----GC---	489

CONSENSUS-A	cAGtAGGTGGCCAATAACaCAcActTgCACACAGAcAATGGtgCCAACTTCACtTCACAGGAaGTgAAgATG	2688
ROD	A-----T-----T-----G-----	2613
NIHZ	-----C-----T-----A---	2610
ISY	-----T-----G--A---	2610
ST	-----T-----A-----	2670
BEN	-----G-----CC-----	2670
CAM2	T--C-----A-----T-----A-----	2610
D194	-----CC-----	2724
GH1	-----A-----CT-----	2670
UC2	-----CC-----A--A---	2670
MDS	T-----T-----	2670
KR	-----C-----T-----C-----A-----	2670
FA	---C-----CT-----C-----A---	559
5132P1	-----CT-----	559
CONSENSUS-B	cAGCAGATGGCctATcACACACcTgCaCACAGACAA?GG?GCCAACTTcACcTCACaAgatGTgAAgATG	2607
D205	-----A-----C--T-----C-AG--A---	2670
UC1	-----C-----C-----	2673
EHOACG	-----C--T-----T-----A---	2670
JA	-----A-----T--C-----C-----	559
ON	-----G-----T--C-----	559
CONSENSUS-C	AGCAAGATGGCCTATTACCCACCTACACACAGATAATGGTGCCAAATTCACCTTCACAGGAAGTAAAAATG	559
POLB7	-----	559
CONSENSUS-D	AAGCAGATGGCCGATCACACACCTGCACACAGACAACGGTGCCAACTTCACCTTCACAAGAGGTGAAAAATG	2087
POLC12	-----	559
CONSENSUS-SD	aaGCAGATGGCC?AT?ACaCATCTgCA?AC?GATAATGGTGCCcAA?TT??CaTC?CAAGAAGT?AA?ATG	2425
MM251	-G-----T--T-----A--C--A-----T--C--TG-C--G-----A--G---	2673
MM32H	-G-----TG-T-----A--C--A-----T--C--TG-C--G-----A--G---	2685
MM239	-G-----T--T-----A--C--A-----T--C--TG-T--G-----A--G---	2685
MM142	-----T--T-----C--A-----T--C--TG-T--G-----A--G---	2673
MNE	-----T--T--G---A--C--A-----C--TG-T--G-----A--G---	2673
SMMH4	TG-----C--C-----T--T-----T--CA---A-----G--A---	2562
SMMH9	C-----C--C-----T--T-----T--CA---A-----G--A---	2571
SMPBJ	C-----C--C-----T--T-----T--CA---A-----G--A---	2571
6P6	C-----C--C-----T--T-----T--CA---A-----G--A---	2571
CONSENSUS-STM	AAGCAGATGGCCTGTcACACACCTGCACACGGATAATGGCGCTAACTTCACCTCGCAGGAGGTAAAGATG	2628
STM	-----	2628
CONSENSUS-SO	?AGCAG?TGGCC?AT?AC?CA??TGACACAGATAATGGTGC?AACTT??C?TC?CAAGAAGT?AAGATG	675
SMMM7	T---G---C--C--A--CC-----T---TG-T--G-----A-----	850
SMMLIB1	A---A---T--T--C--TT-----C-----CA-C--A-----G-----	843
CONSENSUS-B	cAGCAGATGGCctATcACACACcTgCaCACAGACAA?GG?GCCAACTTcACcTCACaAgatGTgAAgATG	2607
BA_7312AI	A-----C--T-----T-----T--T-----T--T-----A-----	559

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	GTgGCaTGGTGGatAGGtATAGAAcAAAtCCTTtGGAGTaCCTTACAAtCCACAAAGCCAaGGAGTAGTaG	2758
ROD	--A-----G-----A-----G-----G-----	2683
NIHZ	--A-----G-----A-----G-----	2680
ISY	--A-----G---C-----G-----	2680
ST	-----C-----G-	2740
BEN	-----G-----C-----G-----	2740
CAM2	--A-----G---C-----A-----C-----	2680
D194	-----G-----G-----G-----	2794
GH1	-----G-----C-----G-----	2740
UC2	-----G-----G-----C-----G-----	2740
MDS	--A-----	2740
KR	--A-G-----C-----	2740
FA	-----G--A--C-----	629
5132P1	-----G-----C-----G-----G-----	629
CONSENSUS-B	GtgGCcTGGTGGgTAGG?ATAGAAcAAcCtTtGG?GTaCCCTAtAAcCCAcAAAGTCaGGAGTAGTaG	2675
D205	--A-----A-----T--T--A-----A-----G-	2740
UC1	-C-----A--G-----G-----	2743
EHOACG	-CA-----A--G-----A--A--G-----T--G-----	2740
JA	-----A-----G-----G-----	629
ON	-----G-----G-----	629
CONSENSUS-C	GTGGCGTGGTGGGTAGGCGTGGAAcATAcCTTTGGAGTAcCTTACAACCCAcAGAGTCAGGGAGTAGTAG	629
POLB7	-----	629
CONSENSUS-D	GTAGCATGGTGGGTAGGAATAGAGCAAAcCTTTGGGGTGCCATATAACCCAcAGAGTCaAGGTGTAGTAG	2157
POLC12	-----	629
CONSENSUS-SD	GTTGCaTGGTGGGCAGGgAT?GA?CA?ACCTTTgGGGTaCC?TA?AATCCAcAGAG?CA?gGaGTAGTGG	2488
MM251	-----A--G--C-----A--C-----T--G-----	2743
MM32H	-----A--G--C-----A--C-----T--G-----	2755
MM239	-----A--G--C-----A--C-----T--G-----	2755
MM142	-----A--G--C-----A--C-----T--G-----	2743
MNE	-----A--G--C-----A--C-----T--G-----	2743
SMMH4	-----C-----T--A--G-----G--T--T-----C--A-----	2632
SMMH9	-----T-----R--T--A--G-----R-----T--T-----C--AR--G-----	2641
SMPBJ	-----T-----T--A--G-----T--T-----C--A--G-----	2641
6P6	-----T-----T--A--G-----T--T-----C--A--G-----	2641
CONSENSUS-STM	GTAGCCTGGTGGCGGGAATAGAAcAAcCTTTGGAGTAcCTTACAAtCCAcAGAGCCAAGGAGTAGTGG	2698
STM	-----	2698
CONSENSUS-SO	GTAGC?T?GTGGCA?A?ATAGAAcA?AC?TTT??GTACCATA?AATCCAcA?AGTCAA?GAGTAGTAG	733
SMMM7	-----C--A-----G--T-----C--C---AAG-----T-----A-----A-----	920
SMMLIB1	-----A--G-----A--C-----G--T---GGA-----C-----G-----G-----	913
CONSENSUS-B	GtgGCcTGGTGGgTAGG?ATAGAAcAAcCtTtGG?GTaCCCTAtAAcCCAcAAAGTCaGGAGTAGTaG	2675
BA_7312AI	-----T-----A-----T--A-----C-----	629

CONSENSUS-A	AaGCaATGAATCAcCAccTaAAaAAAtCAgATAagtAgAATtAGAGAAcAgGCaAAAtACAaTaGAAACaAT	2828
ROD	-----T-----C--A-----C-----	2753
NIHZ	-----T--T-----GAC-----G-----G-----	2750
ISY	-----G-----GAA-----G-----G-----	2750
ST	-----C-----G-----C--G-----	2810
BEN	-----G-----	2810
CAM2	-----G-----	2750
D194	-----	2864
GH1	-----T--G-----C--	2810
UC2	-----G-----T-----G-G-----	2810
MDS	---C-----C-----C--T-----G-----	2810
KR	-----T-----C-----C-----G-----G-----	2810
FA	-G-----G-----C-----	699
5132P1	-----A-----A-----	699
CONSENSUS-B	AAGCAATGAACCATCA?CT?AAAA?CAaATAGAtAGaaTcAG?GAtCAgGCAGTATCAaTAGAgACAGT	2741
D205	-----C--G--T-----C--C--A--C--A-----	2810
UC1	-----C--A-----C-----G--C-----	2813
EHOACG	-----T--G--T--G--C--T--A-----	2810
JA	-----C--A-----C-----G-----	699
ON	-----T--A-----C-----G-----C--A-----	699
CONSENSUS-C	AGGCCATGAACCATCATCTGAAAAACCAATAGATAGAATCAGAGAGCAGGCAAACACAATGGAGACCAT	699
POLB7	-----	699
CONSENSUS-D	AAGCAATGAATCATCATTTAAAGAATCAAATAGACAAAATTAGAGACCAGGCAAATTCAGTAGAAACCAT	2227
POLC12	-----	699
CONSENSUS-SD	AAGCaATGAA?CA?CAtcTaAAAA?CAaATAGATAGAAT?AG?GAACAaGCAAAtTCaATaGaaC?AT	2551
MM251	-----T--C--C--G--AT-----C--G-----G-----C--	2813
MM32H	-----T--C--C--G--AT-----C--G-----G-----C--	2825
MM239	-----T--C--C--G--AT-----C--G-----G-----C--	2825
MM142	-----T--C--C--G--AT-----C--G-----G-----C--	2813
MNE	-----T--C-----AT-----C--G-----G-----C--	2813
SMMH4	-----C--T--T-----CC--G-----T--A-----C-----G--T--	2702
SMMH9	---G---C--T-----CC-----T--A---G-----T--	2711
SMPBJ	---G---C--T-----CC-----T--A---G-----T--	2711
6P6	---G---C--T-----CC-----T--A---G-----TTT--T--	2711
CONSENSUS-STM	AAGCCATGAATCATCATTTAAAGACCCAGATAGACAGAATTAGAGATCAAGCAAACACAGTAGAAACTGT	2768
STM	-----	2768
CONSENSUS-SO	A?GCAATGAA?CATCA?CT?AAGA?CA?ATAGA?A?AATTAG?GA?CA?GCAAATTCA?TAGAAAC?AT	789
SMMM7	-A-----T-----C--A---AT--G-----G--G-----A--G--G-----G-----A--	990
SMMLIB1	-G-----C-----T--G---CC--A---C--A---G--T--A-----A-----C--	983
CONSENSUS-B	AAGCAATGAACCATCA?CT?AAAA?CAaATAGAtAGaaTcAG?GAtCAgGCAGTATCAaTAGAgACAGT	2741
BA_7312AI	-----T-----T--G-----T-----G-----A-----A-----	699

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	AGTAcTaATGGCAgTTCATTGCATGAATTTTAAAAAGaAGGGGaGGAATAGGGGATATGACcCCagcAGAA	2898
ROD	-----A-----G-----T--T-----	2823
NIHZ	---T-----	2820
ISY	-----T---	2820
ST	-----G-----	2880
BEN	---G-----	2880
CAM2	-----T--T-----	2820
D194	-----	2934
GH1	-----	2880
UC2	-----G-----	2880
MDS	-----T-----	2880
KR	---T-----	2880
FA	-----	708
5132P1	-----	708
CONSENSUS-B	TGT?cTAATGGCAaCTCACTGCATGAATTTTAAAAAGaAGGGGAGGAATAGGGGATATGACCCCTGCAGAA	2810
D205	---A-----	2880
UC1	---A-----G-----G	2883
EHOACG	---GT-----	2880
JA	---G-----	708
ON	---A-----	708
CONSENSUS-C	AGTCTTGAT	708
POLB7	-----	708
CONSENSUS-D	AGTACTCAT	2236
POLC12	-----	708
CONSENSUS-SD	AGTA?TAATGGCAgTTCATTGcATgAATTTTAAAAAGaAGGGGAGGAATAGGGGATATGACTCCAGCAGAA	2620
MM251	---T-----	2883
MM32H	---T-----	2895
MM239	---T-----	2895
MM142	---T-----	2883
MNE	---T-----	2883
SMMH4	---C-----T-----	2772
SMMH9	---C-----A-----C-----	2781
SMPBJ	---C-----	2781
6P6	---C-----	2781
CONSENSUS-STM	AGTACTCATGGCAGTTCCTGCATGAATTTTAAAGAAAAGGGGAGGACTAGGGGATATGACCCAGCAGAA	2838
STM	-----	2838
CONSENSUS-SO	AGT?CTCATGGCA??TCATTGCATGAATTTTAAAAAGaAGGGGAGGAATAGGGGATATGAC?CCAGCAGAA	855
SMMM7	---G-----GT-----C-----	1060
SMMLIB1	---A-----AC-----T-----	1053
CONSENSUS-B	TGT?cTAATGGCAaCTCACTGCATGAATTTTAAAAAGaAGGGGAGGAATAGGGGATATGACCCCTGCAGAA	2810
BA_7312AI	---G-----	708
CONSENSUS-A	AGAcTAAcTcAATATGaTcACcaCAGAACaGAAATACAATTCCTCCAagcaAAAAATTCAAAaTTaaAAa	2968
ROD	---T-----G-----C-----G	2893
NIHZ	---A-----	2890
ISY	---G-----	2890
ST	-----G---TG-----G-----C---	2950
BEN	-----C---T-----AG-----T--T---	2950
CAM2	-----G-----C-----	2890
D194	-----T-C-----AG-----T--T---	3004
GH1	-----C---T-----AG-----T--T---	2950
UC2	-----C---T-----AG-----T--C---	2950
MDS	-----C-----	2950
KR	-----C-----	2950
CONSENSUS-B	AGAcTAGTtAACATGATAACcACAGAaCAAGAAATACAgTTCtTCCAAGCAAAAAATTAAAAATTtCAAA	2880
D205	-----G-----	2950
UC1	-----	2953
EHOACG	---A---C-----T-----A---C---A-----C-----	2950
CONSENSUS-SD	AGATTAgT?AA?ATGATcAC?ACAGAACAAGAAATACAATTcCAACAATCAAAAAA?TCAAAAATTTAAAA	2686
MM251	---A-T-C-----T-----T-----C-----	2953
MM32H	---A-T-C-----T-----T-----C-----	2965
MM239	---A-T-C-----T-----G-----T-----C-----	2965
MM142	---A-T-C-----T-----T-----C-----	2953
MNE	---C-T-C-----T-----C-----	2953
SMMH4	---C-T-----C-----T-----	2842
SMMH9	---C-T-----T-C-----T-----	2851
SMPBJ	---C-T-----C-----T-----	2851
6P6	---C-T-----C-----T-----	2851
CONSENSUS-STM	AGATTAGTTAATATGATCACCACAGAACAAGAAATACAATTTCAACAATCAAAAAATTCAAAAATTTCAAAA	2908
STM	-----	2908
CONSENSUS-SO	AGATT??T?AATATGATCACCACAGAACAAGAAATACAATTTCCA?CAATCAAAAAATTCAAAAATTTAAAA	921
SMMM7	---AA-T-----A-----	1130
SMMLIB1	---GG-C-----G-----	1123

CONSENSUS-A	AtTTtCgGGTCTATTtCAGAGAAGGCAGAgATCAgcTGTGgAAGGaCCTGGgGAaCTaCTGTGGAAGgGG	3038
ROD	-----T-----A--	2963
NIHZ	-----G-----	2960
ISY	-----A--A-----C-----G-----A--	2960
ST	-----	3020
BEN	---C-A-----A-----T-----	3020
CAM2	-----T-----	2960
D194	-A-C-A-----A-----A-G-----	3074
GH1	-C-C-A-----A-----A-----	3020
UC2	-A-C-A-----A-----C-----A-----	3020
MDS	-----T-----G-----	3020
KR	---C-----	3020
CONSENSUS-B	ATTTCCaGGTCTATTACAGAGAAGGCAGAGATCAACTCTGGAAgGGACCTGGTGA?CTATTGTGGAAGG	2949
D205	-----A-----	3020
UC1	-----A-----G-----	3023
EHOACG	-----G-----T-----	3020
CONSENSUS-SD	ATTTTCGGGTCTATTACAGAGAAGGCAGAGA?CAgCTGTGGAaGGACCcGGTgAGCTATTGTGGAAGG	2755
MM251	-----T--A-----G-----	3023
MM32H	-----T--A-----G-----	3035
MM239	-----T--A-----G-----	3035
MM142	-----T-----G-----	3023
MNE	-----T-----T-----	3023
SMMH4	-----C-----	2912
SMMH9	-----C-----	2921
SMPBJ	-----C-----	2921
6P6	-----C-----	2921
CONSENSUS-STM	ATTTTCGGGTCTATTACAGGAAGGCAGAGATCAACTATGGAAGGGACCCGGTgAGCTATTGTGGAAGG	2978
STM	-----	2978
CONSENSUS-SO	ATTTTCGGGTCTATT?CAGAGAAGGCAGAGA?CAACT?TGGAAGGACCCGGTGA??T??TGTGGAAGG	984
SMMM7	-----T-----C-----G-----AT-AC-----	1200
SMMLIB1	-----A-----T-----C-----GC-GT---	1186
CONSENSUS-A	aGAcGGAGCaGTCaTAGTCAAGGTAGGgaCaGAcATAAAAgTAgTaCCAAGaAGgAAgGCcAAGATcATc	3108
ROD	---A-----C-----A-----A--A-----A-----	3033
NIHZ	-----A-----A-----T	3030
ISY	G-----T-----A-----A-----	3030
ST	G-----G-T-----A--A-----A--T-----	3090
BEN	---A-----	3090
CAM2	-----A-----T-----A--A-----G-----A-----	3030
D194	-----G-G-----T-----	3144
GH1	-----G-----A-----T-----	3090
UC2	---A---G-----G-----T-----	3090
MDS	-----A-----A-----	3090
KR	---T-----A--G-----A--T-----	3090
CONSENSUS-B	GGAAGGAGCAGTCaTCATAAAGGTAGGGACAGAAATCAAAGTaaTACCAGaAGaAAAGCAAAGATcATA	3019
D205	-----G-----G-----A--T-----	3090
UC1	-----C-----G-----G-----	3093
EHOACG	-----	3090
CONSENSUS-SD	GGAAGGAGCAGTCaTC?TAAAGGTAGGgACAGA?AT?AAGGTAGTACC?AGgAG?AA?GCTAAaATTATC	2819
MM251	-----T-----C--T-----C--A--A--G-----	3093
MM32H	-----T-----C--T-----C--A--A--G-----	3105
MM239	-----T-----C--T-----C--A--A--G-----	3105
MM142	-----T-----A--C--T-----C-----A--G-----	3093
MNE	-----G--T-----C--T-----C--A--A--G-----G-----	3093
SMMH4	-----C-----G--C-----A-----G--A-----	2982
SMMH9	-----C-----G--C-----A-----G--A-----	2991
SMPBJ	-----C-----G--C-----A-----G--A-----	2991
6P6	-----C-----G--C-----A-----G--A-----	2991
CONSENSUS-STM	GGAAGGAGCAGTCATCGTAAAGGTAGGGACAGACATTAAGTAGTACCAAGGAGAAAGGCTAAATCATC	3048
STM	-----	3048
CONSENSUS-SO	GGAAGGAGCA	994
SMMM7	-----	1210

HIV2/SIV POL

CONSENSUS-A	AgaGACTATGGAggAAGgCaaGAg?TGGATAGt?gttCCcAccTGGAGGGTgCCAGGGAG??gATGGAG	3173
ROD	-----A-----A-----G-----...-----	3100
NIHZ	-A-----A-----G-----TT-----	3097
ISY	-----CC-----A-----CG-----	3097
ST	-A-----A-----CG-----A--T-----	3157
BEN	--G-----A--G--AC-----A--C-----	3157
CAM2	-----C-----CA-----	3097
D194	--G-----AC-----A-----	3211
GH1	-----AC-----GAG-----	3157
UC2	--G-----C-----A--C-----	3157
MDS	-----CA-----G--C--T-----A-----	3157
KR	-----G--G--A-----T-----A-----	3157
CONSENSUS-B	AGGcACTATGGAGGAgGAAAAGaATTGGATTGtaGTgCCGACaTGGAGGATACCAGGCAG...GCTAGAG	3086
D205	-----G-----	3157
UC1	-----G-----G--A-----	3160
EHOACG	---A-----C-----G-----T-----	3157
CONSENSUS-SD	AAAGA?TATGGAGGAGGAAAAGA?tTGGATAGt?GTTCCAC?TGGAGGATACCGaGAG...GCTAGAG	2882
MM251	-----T-----GG-----CA-----A-----	3160
MM32H	-----T-----G-----GG-----CA-----A-----	3172
MM239	-----T-----GG-----CA-----A-----	3172
MM142	-----T-----GA-----A-----A-----	3160
MNE	-----T-----GG-----CA-----A-----	3160
SMMH4	-----C-----A-----G-----T-----	3049
SMMH9	-----C-----A-----G-----T-----G-----	3058
SMPBJ	-----C-----A-----G-----T-----G-----	3058
6P6	-----C-----A-----G-----T-----G-----	3058
CONSENSUS-STM	AAAGATTATGGAGGAGGAAAAGAGGTGGATAGTGGTCCACCTGGAGGATACCAGGGAG...GCTGGAG	3115
STM	-----	3115
Integrase \ / Stop codon		
CONSENSUS-A	AagTGGCATagCCTTGTCaAGTACCTGAAATACAGAACAAAAGACCTAGAGGAGGTGCCTATGTTCCCC	3243
ROD	--A-----	3108
NIHZ	-GA-----	3105
ISY	--A-----	3105
ST	-G-----	3165
BEN	--A-----GC-----	3227
CAM2	-----	3105
D194	-G-----	3219
GH1	-G-----	3165
UC2	-G-----	3168
MDS	-----	3168
KR	-----	3168
CONSENSUS-B	AgaTGGCACAGTCTgaT?AAGTACCTGAAGCA	3117
D205	-----	3174
UC1	-A-----G--C-----	3192
EHOACG	--G-----A--T--	3177
CONSENSUS-SD	AgGTGGCATAG	2893
MM251	-----	3168
MM32H	-----	3180
MM239	-----	3180
MM142	-----	3168
MNE	-----	3168
SMMH4	-----	3057
SMMH9	-A-----	3066
SMPBJ	-A-----	3066
6P6	-A-----	3069
CONSENSUS-STM	AGGTGGCA	3123
STM	-----	3123