

# VI

## HIV-2/SIVsmm Proteins

Introduction .....	575
Table of sequences in the HIV-2/SIVsmm protein alignments .....	576
Gag .....	579
Pol .....	584
Vif .....	592
Vpx .....	594
Vpr .....	595
Tat .....	596
Rev .....	597
Env .....	598
Nef .....	606

### HIV-2/SIV Protein Alignments

There are 55 complete or nearly complete genomes in our database that are from the HIV-2 and SIV-Sooty mangabey group. 25 are HIV-2 and 30 are SIVs (19 SIVsmm, 8 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).

Forty three of the 55 complete genomes are presented in the complete genomes alignment in this compendium, the other 12 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](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](http://www.hiv.lanl.gov/components/hiv-db/combined_search_s/query_one.comp?se_id=12666>X16109)). These same 43 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 43 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 (YXXLXXXXXXXXYXXL) allowing the virus to replicate in unstimulated PBMCs [Du *et al.*, *J. Virol* **70**(6):4157–61 (1996)].

**Table 1: Table of sequences in the HIV-2 SIVsmm Complete Genome Alignments**

Name	Accession	Region	Author	Reference
H2AB.CI.-.7312A	L36874	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Gao, F	Unpublished
H2A.-.-.CBL21	U05350	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> <b>76</b> (2):333–45 (1995)
H2A.-.-.CBL22	U05351	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> <b>76</b> (2):333–45 (1995)
H2A.-.-.CBL23	U05352	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> <b>76</b> (2):333–45 (1995)
H2A.CI.88.UC2	U38293	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Barnett, SW	<i>Virology</i> <b>222</b> (1):257–61 (1996)
H2A.DE.91.HOM	U73757	NEF	Fackler, OT	<i>Eur J Biochem</i> <b>247</b> (3):843–51 (1997)
H2A.DE.92.NEP	U73758	NEF	Fackler, OT	<i>Eur J Biochem</i> <b>247</b> (3):843–51 (1997)
H2A.DE.-.BEN	M30502	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kirchhoff, F	<i>Virology</i> <b>177</b> (1):305–11 (1990)
H2A.DE.-.PEI2	U22047	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Talbott, R	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>90</b> (9):4226–30 (1993)
H2A.FR.-.96151	AF170034	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96199	AF170043	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96201	AF170035	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96202	AF170040	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96203	AF170049	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96205	AF170031	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96206	AF170048	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96226	AF170030	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96323	AF170032	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96324	AF170046	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96325	AF170050	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96329	AF170045	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.FR.-.96330	AF170047	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2A.GH.-.GH1	M30895	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Hasegawa, A	<i>ARHR</i> <b>5</b> (6):593–604 (1989)
H2A.GM.87.D194	J04542	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kuehnel, H	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>86</b> (7):2383–7 (1989)
H2A.GM.90.CBL24	U05353	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> <b>76</b> (2):333–45 (1995)
H2A.GM.-.ISY	J04498	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Franchini, G	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>86</b> (7):2433–7 (1989)
H2A.GW.86.FG	J03654	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Zagury, JF	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>85</b> (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> <b>72</b> (3):721–4 (1991)
H2A.GW.-.ALI	AF082339	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Azevedo-Pereira, JM	Unpublished (1998)
H2A.GW.-.CAM1	U05359	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> <b>76</b> (2):333–45 (1995)
H2A.GW.-.CAM3	U05355	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> <b>76</b> (2):333–45 (1995)
H2A.GW.-.CAM4	U05356	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> <b>76</b> (2):333–45 (1995)
H2A.GW.-.CAM5	U05357	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> <b>76</b> (2):333–45 (1995)
H2A.GW.-.CAM6	U05358	ENV	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> <b>76</b> (2):333–45 (1995)
H2A.GW.-.MDS	Z48731	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Becker, M	Unpublished (1995)
H2A.IN.-.CRIK147	AY261999	TAT	Patel, VV	Unpublished
H2A.PT.-.1069	AJ344389	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1139	AJ344392	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1147	AJ344390	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1148	AJ344377	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.117	AJ344370	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.120	AJ344379	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> (5):1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1215	AJ344393	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> (5):1287–99 (2003)

H2A.PT.-.1227	AJ344391	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1268a	AJ344395	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1320	AJ344394	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1378	AJ344414	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1428	AJ344408	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.1570	AJ344404	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.223	AJ344380	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.268	AJ344410	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.281	AJ344371	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.293a	AJ344399	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.379	AJ344375	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.423	AJ344374	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.427	AJ344373	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.483	AJ344401	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.511	AJ344402	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.546	AJ344403	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.741	AJ344384	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.794	AJ344388	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.956	AJ344369	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.984	AJ344376	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.B1_1	AJ344406	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.EP	AJ344387	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.LF1	AJ344382	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.MP1	AJ344385	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.PT.-.P1	AJ344381	NEF	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> <b>84</b> :(5) 1287–99 (2003)
H2A.SN.85.ROD	M15390	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Clavel, F	<i>Nature</i> <b>324</b> (6098):691–5 (1986)
H2A.SN.-.ST	M31113	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kumar, P	<i>J Virol</i> <b>64</b> (2):890–901 (1990)
H2B.CI.88.UC1	L07625	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Castro, BA	<i>Virology</i> <b>178</b> (2):527–34 (1990)
H2B.CI.-.EHO	U27200	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Rey-Cuille, MA	<i>Virology</i> <b>202</b> (1):471–6 (1994)
H2B.CI.-.IC762993	U76639	NEF	Switzer, WM	<i>J Infect Dis</i> <b>177</b> (1):65–71 (1998)
H2B.FR.-.96200	AF170057	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2B.FR.-.96306	AF170061	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2B.FR.-.96307	AF170059	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2B.FR.-.96309	AF170060	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2B.FR.-.96339	AF170053	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2B.FR.-.9644	AF170058	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2B.FR.-.97227	AF170052	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2B.FR.-.97244	AF170056	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2B.FR.-.97245	AF170054	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2B.FR.-.97378	AF170055	ENV	Damond, F	<i>Virology</i> <b>280</b> (1):19–30 (2001)
H2B.GH.86.D205	X16109	ENV NEF	Dietrich, U	<i>Nature</i> <b>342</b> (6252):948–50 (1989)
H2B.GH.86.D205	X61240	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Kreutz, R	<i>ARHR</i> <b>8</b> (9):1619–29 (1992)
H2B.JP.01.KR020	AB100245	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Kusagawa, S	Unpublished
H2C.LR.-.2238POLB7	M87138	POL	Gao, F	<i>Nature</i> <b>358</b> (6386):495–9 (1992)
H2D.LR.90.FO784PA	M87110	POL	Gao, F	<i>Nature</i> <b>358</b> (6386):495–9 (1992)
H2D.LR.-.FORTC2	M87111	POL	Gao, F	<i>Nature</i> <b>358</b> (6386):495–9 (1992)
H2E.SL.91.PA	L33093	POL	Gao, F	<i>J Virol</i> <b>68</b> (11):7433–47 (1994)
H2G.CI.-.ABT96	AF208027	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Brennan, CA	<i>ARHR</i> <b>13</b> (5):401–4 (1997)
H2U.FR.96.12034	AY530889	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Damond, F	<i>ARHR</i> <b>20</b> (6):666–672 (2004)

MAC.US.-.239	M33262	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kestler, H	<i>Science</i> <b>248</b> (4959):1109–12 (1990)
MAC.US.-.251_1A11	M76764	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Planelles, V	<i>ARHR</i> <b>7</b> (11):889–98 (1991)
MAC.US.-.251_32H_PJ5	D01065	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Rud, EW	<i>J Gen Virol</i> <b>75</b> (3):529–43 (1994)
MAC.US.-.251_BK28	M19499	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Franchini, G	<i>Nature</i> <b>328</b> (6130):539–43 (1987)
MAC.US.-.BK28_H824	U86638	ENV POL REV TAT VIF VPR VPX	Edmonson, P	<i>J Virol</i> <b>72</b> (1):405–14 (1998)
MAC.US.-.MM142	M16403	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Chakrabarti, L	<i>Nature</i> <b>328</b> (6130):543–7 (1987)
MAC.US.-.SMM142B INSTITUT PASTEUR	BD131285	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Alizon, M	Patent: JP 2002030099-A 2 29-JAN-2002;
MNE.US.82.MNE_8	M32741	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Kimata, JT	<i>J Virol</i> <b>72</b> (1):245–56 (1998)
MNE.US.-.MNE027	U79412	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Kimata, JT	<i>J Virol</i> <b>72</b> (1):245–56 (1998)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Chen, Z	<i>J Virol</i> <b>70</b> (6):3617–27 (1996)
SMM.SL.-.SIVsm085c1	AY336737	VIF	Gaddis, NC	Unpublished
SMM.SL.-.SIVsm089c2	AY336738	VIF	Gaddis, NC	Unpublished
SMM.US.-.17EC1	AY033233	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Anderson, MG	<i>Virology</i> <b>195</b> (2):616–26 (1993)
SMM.US.-.17EFR	AY033146	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Flaherty, MT	<i>J Virol</i> <b>71</b> (8):5790–8 (1997)
SMM.US.-.445d3_2	AY221508	VPR	Dehghani, H	<i>J Virol</i> <b>77</b> (11):6405–18 (2003)
SMM.US.-.DeltaB670	M90048	ENV	Mullins, JI	Unpublished (1992)
SMM.US.-.F236_H4	X14307	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Hirsch, VM	<i>Nature</i> <b>339</b> (6223):389–92 (1989)
SMM.US.-.H445	AY221509	VPR	Dehghani, H	<i>J Virol</i> <b>77</b> (11):6405–18 (2003)
SMM.US.-.H9	M80194	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Fultz, PN	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>83</b> (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PBJ14_15	L03295	GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Fultz, PN	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>83</b> (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PBJ_143	M80193	ENV GAG POL REV TAT VIF VPR VPX	Fultz, PN	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>83</b> (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PBJ_6P6	L09212	GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Fultz, PN	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>83</b> (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PBJA	M31325	GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Fultz, PN	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>83</b> (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PBJC	L03296	NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Fultz, PN	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>83</b> (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PBJD	L03297	POL REV TAT VIF VPR VPX	Fultz, PN	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>83</b> (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PBJE	L03298	POL REV TAT VIF VPR VPX	Fultz, PN	<i>Proc Natl Acad Sci U S A</i> <b>83</b> (14):5286–90 (1986)
SMM.US.-.PGM53	AF077017	GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> <b>72</b> (11):8841–51 (1998)
SMM.US.-.PT573	AY221510	VPR	Dehghani, H	<i>J Virol</i> <b>77</b> (11):6405–18 (2003)
SMM.US.-.PT573	AY221511	VPR	Dehghani, H	<i>J Virol</i> <b>77</b> (11):6405–18 (2003)
SMM.US.-.PT583	AY221512	VPR	Dehghani, H	<i>J Virol</i> <b>77</b> (11):6405–18 (2003)
SMM.US.-.SME543	U72748	GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> <b>71</b> (2):1608–20 (1997)
STM.US.-.STM	M83293	ENV GAG NEF POL REV TAT VIF VPR VPX	Novembre, FJ	<i>Virology</i> <b>186</b> (2):783–7 (1992)



```

/ Gag p17 Matrix
MGVRNSVLGSGKKADELEKIRLRPNGKKYMLKHVVVAANELDRFGLAESLLENKKGQCQKILSVLAPLVPVPTGSENKLSLYNTVVCVIWCIHAEKVKHTEEAQIVQRHLVVETGTETMPKTSRPTAPSSG 130
MAC.US.-.239      --A-----R-----G-----R-----I-----R-----N-----S-----T-----D-----F-----L-----D-----KL-----A-----A-----K-----N-----P----- 130
H2A.CI.88.UC2    --A-----R-----V-----G-----R-----I-----K-----S-----R-----D-----F-----L-----D-----KLA-----A-----A-----K-----N-----P----- 130
H2A.DE.-.BEN     --A-----S-----R-----V-----G-----R-----I-----GK-----S-----IT-----D-----F-----L-----D-----G-----KL-----A-----ADK-----S-----A-----P----- 130
H2A.DE.-.PEI2    --A-----S-----R-----I-----K-----S-----T-----D-----F-----L-----D-----KL-----GA-----A-----K-----S-----P----- 130
H2A.GH.-.GH1     --A-----R-----S-----R-----I-----K-----S-----T-----D-----F-----L-----D-----KL-----R-----G-----A-----E-----A-----K-----NI-----P----- 130
H2A.GM.-.ISY     --AK-----R-----G-----R-----I-----T-----S-----I-----E-----T-----L-----D-----R-----G-----A-----E-----A-----K-----NI-----P----- 130
H2A.GM.87.D194  --A-----R-----V-----R-----R-----S-----K-----E-----F-----L-----D-----KLA-----A-----A-----K-----NI-----P----- 130
H2A.GW.-.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 130
H2A.GW.-.MDS     --A-----S-----R-----V-----G-----R-----I-----S-----T-----D-----F-----F-----D-----KFAR-----A-----A-----K-----N-----P----- 130
H2A.GW.86.FG     --A-----R-----G-----K-----I-----S-----T-----D-----F-----D-----G-----A-----A-----K-----N-----P----- 130
H2A.GW.87.CAM2CG --A-----R-----V-----G-----K-----I-----S-----R-----K-----D-----F-----D-----R-----AL-----AA-----A-----K-----D-----P----- 130
H2A.SN.-.ST      --A-----R-----G-----R-----I-----S-----T-----D-----F-----A-----D-----K-----A-----K-----K-----S-----P----- 130
H2A.SN.85.ROD   --A-----R-----R-----G-----R-----I-----K-----S-----T-----D-----M-----F-----D-----G-----R-----A-----A-----K-----S-----E 130
H2B.CI.-.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 127
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-----NK-----P----- 127
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----- 127
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-----K-----A-----K-----P----- 127
H2G.CI.-.ABT96  --A-----S-----V-----G-----S-----L-----Q-----V-----KV-----A-----I-----P----- 130
H2U.FR.96.12034 --A-----#-----V-----V-----A-----L-----V-----A-----E-----A-----K-----A-----x-----P----- 129
H2AB.CI.-.7312A --A-----G-----T-----V-----G-----I-----N-----S-----T-----M-----F-----L-----K-----D-----KLA-----S-----D-----KT-----TADK-----A-----T----- 127
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----- 129
MAC.US.-.MM142  --A-----G-----M-----A-----F----- 130
MAC.US.-.251_BK28 --A-----G-----A----- 130
MAC.US.-.251_1A11 --A-----G-----A-----I----- 130
MAC.US.-.251_32H_PJ5 --A-----G-----A----- 130
MAC.US.-.SMM142B --A-----G-----M-----A-----F----- 130
MNE.US.-.MNE027 --A-----G-----D-----A-----A----- 130
MNE.US.82.MNE_8 --A-----G-----A----- 130
SMM.US.-.H9     -----G-----I-----R-----L-----ADK-----A-----P----- 130
SMM.-.-.PBJ_143 -----G-----I-----R-----L-----ADK-----A-----P----- 130
SMM.US.-.PBJ14_15 --A-----G-----R-----K-----I-----L-----ADK-----A-----P----- 130
SMM.US.-.PBJ_6P6 --A-----G-----R-----K-----I-----L-----ADK-----A-----P----- 130
SMM.US.-.PBJA   --A-----G-----R-----Q-----I-----L-----ADK-----A-----P----- 130
SMM.US.-.SMB543 --A-----E-----V-----D-----ADK-----A-----P----- 130
SMM.US.-.17EC1  -----ADK-----A-----P----- 130
SMM.US.-.17EFR  -----ADK-----A-----P----- 130
SMM.US.-.F236_H4 --A-----E-----V-----D-----ADR-----A-----P----- 130
SMM.US.-.PGM53  --A-----T-----I-----A-----ADK-----I-----P----- 130
STM.US.-.STM    --A-----S-----V-----G-----S-----IT-----E-----F-----V-----K-----ANK-----A-----P----- 130

```

HIV-2/SIVsmm protein alignment: GAG



HIV-2/SIVsmm  
proteins

Gag p17 matrix \ p24 Capsid		
MAC.US.-.239	.RGGNYPVQQ.IGGNYVHLPLSPRTLNAWVKLIEEKKFGAEVVPGFQALSEGCTPYDINQMLNCVGDHQAAAMQIIRDIIINEEAADWDLQH..PQ..PAPQQGQLREPSGSDIAGTTSSVDEQIQWMYRQQ	254
H2A.CI.88.UC2	.K--F---.A-----V-----V-----V-----Q-----E-----A---.I.PGPLPA---D-R-----T-----	255
H2A.DE.-.BEN	.KR-----A---V-----V-----V-----E-----S---.I.PGPLPA---D-R-----T-----P-	255
H2A.DE.-.PEI2	-----A---S-V-----V-----V-----E-----V---.I.PGPLPA---D-R-----T-E-----F-A-	255
H2A.GH.-.GH1	---R-F---TG---I-V-----V-D-----E---D---A---.I.PGPLPA---D-R-----T-E-----P-	256
H2A.GM.-.ISY	.K--F---.A---I-V-----V-----V-----E-----V---.I.PGPLPA---D-R-----T-E---E---E	255
H2A.GM.87.D194	.K--F---.A---I-V-----V-----V-----E-----A---.I.PGPLPA---D-R-----T-----P-	255
H2A.GW.-.ALI	.Q--F---.VA---T-V-----D---V-----E-----VA---.I.PGPLPA---R-----T-E-----F-PR	255
H2A.GW.-.MDS	-----N---T-V-----V-----V-----E-----A---.I.PGPLPA---R-----T-----F-A-	255
H2A.GW.86.FG	.K..F---.VA---T-I---G---V-----V-----E-----VA---.I.PGPLPA---R-----T-E-----F-P-	253
H2A.GW.87.CAM2CG	.K-----S---T-V-----V-----V-----E-----AN---.I.PGPLPA---D-R-----T-E-----F-A-	255
H2A.SN.-.ST	.N--F---.VA---T-V-----V-----V-----E-----A---.I.PGPLPA---R-----T-E-----F-P-	255
H2A.SN.85.ROD	.K-----H.V---T-I-----V-----V-----E-----E-V---.I.PGPLPA---R-----T-E-----F-P-	255
H2B.CI.-.EHO	.L..A---.A---S---E-----E-----E-----Q---.S.PGMPMA---R-----T-E-----P-	250
H2B.CI.88.UC1	.G-----A---M---V-----V-----E-----E-----Q---.I.PGPLPA---D-R-----T-E-----A-	250
H2B.GH.86.D205	.G-----LA---E---E-----E-----E-----Q---.S.PGMPMA---D-R-----T-E-----A-	250
H2B.JP.01.KR020	-----VA---T-----V-----V-----E-----E---D---Q---.S.PGMPMA---D-R-----T-E-----P-	250
H2G.CI.-.ABT96	-----V-----V-----V-----L-----E-----E-----x-----QGP-PA-x---T-----TIE---TH---	255
H2U.FR.96.12034	G-----A---V-----V-----V-----L-----E-----E---D---T---.N.QGP-PA---R-----T-E-----P-	254
H2AB.CI.-.7312A	---S---.VA---V-----V---L-----E-----V---E-----Q---.V.PGPLPA---D-R-----T-E-----G-	250
SMM.SL.92.SL92B	-----V-N---T-----V-----V-----E-----E---PRG-Q-QPA-G---D-R-----TPS---E---A-	255
MAC.US.-.MM142	-----T-----S-----L-----Q-----T-E-----	254
MAC.US.-.251_BK28	-----S-----L-----Q-----T-E-----	254
MAC.US.-.251_1A11	-----S-----L-----Q-----T-E-----	254
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----S-----L-----Q-----T-E-----	254
MAC.US.-.SMM142B	-----T-----S-----L-----Q-----T-E-----	254
MNE.US.-.MNE027	.KR-----T-----I-----E-----E-----Q-----T-----	254
MNE.US.82.MNE_8	-----V---T-----E-----E-----Q-----T-----	254
SMM.US.-.H9	-----V---T-----V-----x-----E-----E-----x---PGPIPA---x---Tx---x---	255
SMM.-.-.PBJ_143	-----V---T-----V-----x-----E-----E-----x---PGPIPA---x---Tx---x---	255
SMM.US.-.PBJ14_15	.K-----T-----E-----E-----E-----PGPIPP---R-----T-----	255
SMM.US.-.PBJ_6F6	.K-----T-----E-----E-----E-----PGPIPP---R-----T-----	255
SMM.US.-.PBJA	.K-----T-----E-----E-----E-----PGPIPP---R-----T-----	255
SMM.US.-.SME543	-----V---T-----V-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-E-----	255
SMM.US.-.17EC1	-----V---T-----V-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-E-----	254
SMM.US.-.17EFR	-----V---T-----V-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-E-----	254
SMM.US.-.F236_H4	-----V---T-----V-----E-----E-----PGPLPA---R-----T-E-----	255
SMM.US.-.PGM53	-----T-----V-----E-----E-----PGPIPA---D-R-----T-E-----	255
STM.US.-.STM	-----V-----V-----L-----E-----KE-----M---.PPGPLPA-----PE-----	256





Gag p24 Capsid \ / p2 \ / p9 NC

```

MAC.US..239      NPIPVGNIYRRWIQLGLQKCVRMYNPTNILDVKQGPKEPFQSYVDRFYKSLRAEQTDAAVNWMTQTLLIQNANPDCKLVKGLGVNPTLEEMLTACQGVGGPGQKARLMAEALKEALAPVPI.PFAAAQ 383
H2A.CI.88.UC2   --V-----I-----V-----S-----A-P-----V-----M-----T-P----- 384
H2A.DE..BEN     --V-----I-----K-----I-----P-----M-----MG-S----- 384
H2A.DE..PEI2    --V-----I-----P-----V-----M-----I-----A----- 384
H2A.GH..GH1     --V-----I-----S-----P-----M-----T-P----- 385
H2A.GM..ISY     --V-----I-----I-----S-----V.S-----M-----I-----MR-A----- 383
H2A.GM.87.D194 --V-----I-----S-----P-----M-----S-----T-A----- 384
H2A.GW..ALI     --V-----I-----I-----S-----P-----V-----M-----MT-A----- 384
H2A.GW..MDS     --V-----I-----I-----P-----M-----MT-A----- 384
H2A.GW.86.FG    --V-----I-----IN-----P-----M-----T-----VM-A----- 382
H2A.GW.87.CAM2CG --V-----I-----I-----S-----P-----V-----M-----MG-P----- 384
H2A.SN..ST      --V--S-----I-----I-----P-----V-----I-----M-A----- 384
H2A.SN.85.ROD   --V-----I-----I-----P-----V-----M-----VIG-A----- 384
H2B.CI..EHO     --V-----I-----I-----M-----M-----I-----T-STN----- 379
H2B.CI.88.UC1   --V-----I-----I-----P-----M-----I-----T-A----- 379
H2B.GH.86.D205 --V-----I-----I-----P-----M-----I-----T-A-----V----- 379
H2B.JP.01.KR020 -----I-----I-----P-----V-----M-----I-----T-P-L-----V----- 379
H2G.CI..ABT96   -----x-----x-----x-----x-----P-----M-----x-----N-TAL----- 384
H2U.FR.96.12034 -----I-----P-----M-----I-----Q-M-----V----- 383
H2AB.CI..7312A  S-----A-T-RA--E--V-----PH-----I-----T-A----- 379
SMM.SL.92.SL92B --V--D-----P-----M-----M-D--TGSLVAAQFRGA 385
MAC.US..MM142   -----P-----T-----A----- 383
MAC.US..251_BK28 -----P-----T-----A----- 383
MAC.US..251_1A11 -----P-----T-----A----- 383
MAC.US..251_32H_PJ5 -----P-----T-----A----- 383
MAC.US..SMM142B -----P-----T-----A----- 383
MNE.US..MNE027 -----K-----IR-----P-----M-----K-----G-L----- 383
MNE.US.82.MNE_8 -----S-----P-----M-----G-L----- 383
SMM.US..H9      -----x-----S-----P-x-----xI-----x-----x-----D--TQG-L--x-V----- 384
SMM..PBj_143    -----x-----P-x-----xI-----x-----x-----D--TQG-L--x-V----- 384
SMM.US..PBj14_15 -----S-----P-----I-----D--TQG-L--V----- 384
SMM.US..PBj_6F6 -----S-----P--S-----I-----D--TQG-L--V----- 384
SMM.US..PBjA    -----P-----D--TQG-L--V----- 384
SMM.US..SME543 -----P-----M-----I-----R-DQL--V----- 384
SMM.US..17EC1   -----P-----M-----R-DQL--V----- 383
SMM.US..17EFR   -----P-----M-----R-DQL--V----- 383
SMM.US..F236_H4 -----P-----M-----R-DQL--V----- 384
SMM.US..PGM53   -----P-----M-----T-GQL--V----- 384
STM.US..STM     -----V-----T-----A-PS--R-----M-----VFQ-D-L----- 385

```

HIV-2/SIVsmm protein alignment: GAG

581



HIV-2/SIVsmm  
proteins

		p8 NC \ / p1	\ / p6	PTAP motif	PSAP motif in HIV-2 B and U	
MAC.US.-.239	QR.GPRK.PIKCNWCGKEGHSARQCRAPRRQGCWKCGKMDHVMKCPDRQAGFLGLGFWGKKPRNFPMAQVHQGLMPTAPP.EDPAVDLLKKNYMLGKQQ.....REKQRESREKPYKE.VT					496
H2A.CI.88.UC2	-. . . .-R.T-R-----K-----PG-I-N--M-SR-----V-AP--I-----A--A--EK-L-Q-RK-REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-T-RR-.A-					507
H2A.DE.-.BEN	-. . . .-A-RY-----PG-I-N-E-----R-----VT-AP--I-----A--AE--ER--Q-RK-REQRERPYKEVTEDLLHL-Q--T-HR-.E-					507
H2A.DE.-.PEI2	-. . . .-R.T-----D-----SG--N-E-----I-----VTR-P--T-----A--A--EK-L-Q-RK-KEQKMRPYKEVTEDLLHL-QG-T-H--.A-					507
H2A.GH.-.GH1	-. . . .-V-R-----TG-----E-----M-----V-APP--I-----A-----ER--Q-RE-REQRERPYKEVTEDLLHL-QGKA-HR-.A-					508
H2A.GM.-.ISY	-. . . .KR.A-----VVPSS--T-----M-----EK--Q-RK-REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-T-HR-.T-					506
H2A.GM.87.D194	-. . . .-R.A-R-----K-----SG-I-N-E-----M-R-Q--A-AP--I-----I-----EK--Q-RK-REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-T-HRG.A-					507
H2A.GW.-.ALI	-. . . .-R.T-----K-----PG-L-N-E-----I-----VTR-P--T-----AE--A--EQ--Q-RK-REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-T-H--.E-					507
H2A.GW.-.MDS	-. . . .-R.T-----TG-I-----I-----V-P--T-----A-----EK--Q-RK-REQRERPYKEVTEDLLHL-QGKT-C--.T-					507
H2A.GW.86.FG	-. . . .-TF-----WS-----SG--N-----I-H--A--A--P--T-----L-----EK--Q-R-REQRERPYKEVTEDLLRF-QA-T-CR-.T-					505
H2A.GW.87.CAM2CG	-. . . .-R.T-----PG-I-TN-----I-----V-P--T-----L-----EK--Q-R-REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-A-CR-.T-					507
H2A.SN.-.ST	-. . . .-R.T-----AG-I--E-----V-IP--T-----I--VE--EK--Q-R-REQRERPYKEVTEDFL-L-KQ-T-CR-.T-					507
H2A.SN.85.ROD	-. . . .-AF-----PG-I-TN-----V-P--T-----V-----EK--Q-R-REQRERPYKEVTEDLLHL-QG-T--R-PP-					508
H2B.CI.-.EHO	P-.AGKR.TVT-----A-T--K-----QQG-I-S--E-----F-----V-AP--IV-S--MNPAGMTPQGAIPSPAPPADPAEMLKKNYMLGK--K-N--R-----					505
H2B.CI.88.UC1	-K.AGKRGTVT-----V-T-K-----QG-I-S--E-----T-----P-VT-S--MDPAGMTPRGATPSAPPADPAVEMLKSNYMKMGRO-----R-----					507
H2B.GH.86.D205	-K.AGKRGTVT-----Q-T-----TG-I-S--E-----T-----P-VT-S--MNPAGMTPRGATPSAPPADPAVEMLKSNYMKMGRO-----R-----					507
H2B.JP.01.KR020	--.AGKRGAVT-----I-T--K-----QG-I-S--E-----F-----V-AP--IL-S--MNPENMTPQGAIPSPAPPADPAVEMLKDYMLGR--KGG-----					507
H2G.CI.-.ABT96	-KT-GKRST-----TV-----PG-I--E-----F-----T-----P--T-S--M-----YMXLGR--K-Q-N-----					495
H2U.FR.96.12034	--G--R.-VR-----T--K-----E-PG-N--S--ETKV-----E-----P--T-----AE-----TPTAPPADPAVDLLKSNYMQGK--K-N--R-----					507
H2AB.CI.-.7312A	-K.AG-RGTVT-----G-T-K-----PG-N--N-E-----P-EIV-S--MNTAEGKTHQGAIPSPAPPADPAVEMLKSNYMLGKQ--KQGR-----					507
SMM.SL.92.SL92B	AKGQGN-PI-R-F--T-----K-----EEGRIQ-N--NQK-----T.TS-T-S-----ARIV-E.....YLEKAQREKTR-SR-----					493
MAC.US.-.MM142	-K-----N-----T-----E-----H-----G-----					492
MAC.US.-.251_BK28	K-----T-----					492
MAC.US.-.251_1A11	-----T-----					496
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----T-----					496
MAC.US.-.SMM142B	-K-----N-----T-----E-----H-----G-----					492
MNE.US.-.MNE027	-K-----Q-G-----F-----M-----T-----KR-----A					492
MNE.US.82.MNE_8	-K-----T-----Q-G-----F-----M-----T-----KR-----					492
SMM.US.-.H9	-K.-Qx-.I-x-x-x-----F-----x-----AG-----E-----MP--T--x-----KV-RR-----N-R-----					493
SMM.-.PBJ_143	-K.-Qx-.I-x-x-x-----x-----AG-----E-----MP--T--x-----KV-RR-----N-R-----					493
SMM.US.-.PBJ14_15	-K.-Q-.I-----x-----AG-----E-----MP--T-----KM-RR-----N-R-----					493
SMM.US.-.PBJ_6P6	-K.-Q-.I-----AG-----E-----MP--T-----KM-RR-----N-R-----					493
SMM.US.-.PBJA	-K.-Q-.I-----AG-----E-----MP--T-----KM-RR-----N-R-----					493
SMM.US.-.SME543	-K.-Q-R.T-----G--TG-----E-----F-----MP--I-----KM-RK-----N-R-----					493
SMM.US.-.17EC1	-----					496
SMM.US.-.17EFR	-----					496
SMM.US.-.F236_H4	-K.-Q-.T-----K-----TG-----E-----MP--I-----KM-RK-----N-R-----					493
SMM.US.-.PGM53	-K-----T-----K-----TG-----E-----MP--T-----R-----KM-RK-----N-R-----					493
STM.US.-.STM	-Q.-.R.TV-----A-T-K-KG-----QQG-Q--E--V--F-----H-----IP--T-----A--RS--K-----KT-----					493







MAC.US.-.239	EDLLHLNSLFGGDQ\$	510
H2A.CI.88.UC2	-----K--	521
H2A.DE.-.BEN	-----K--	521
H2A.DE.-.PEI2	-----K--	521
H2A.GH.-.GH1	-----K--	522
H2A.GM.-.ISY	-----N--	520
H2A.GM.87.D194	-----K--	521
H2A.GW.-.ALI	-----K--	521
H2A.GW.-.MDS	-----T--	521
H2A.GW.86.FG	-----K--	519
H2A.GW.87.CAM2CG	-----K--	521
H2A.SN.-.ST	-----K--	521
H2A.SN.85.ROD	-----K--	522
H2B.CI.-.EHO	-----E--	519
H2B.CI.88.UC1	-----E--	521
H2B.GH.86.D205	-----E--	521
H2B.JP.01.KR020	-----E--	521
H2G.CI.-.ABT96	xx----S--D--	509
H2U.FR.96.12034	-----N--	521
H2AB.CI.-.7312A	-----E--	521
SMM.SL.92.SL92B	-----E--	507
MAC.US.-.MM142	-----	506
MAC.US.-.251_BK28	-----	506
MAC.US.-.251_1A11	-----	510
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----	510
MAC.US.-.SMM142B	-----	506
MNE.US.-.MNE027	-----E--	506
MNE.US.82.MNE_8	-----E--	506
SMM.US.-.H9	-----E--	507
SMM.-.-.PBJ_143	-----E--	507
SMM.US.-.PBJ14_15	-----E--	507
SMM.US.-.PBJ_6F6	-----E--	507
SMM.US.-.PBJA	-----E--	507
SMM.US.-.SME543	-----E--	507
SMM.US.-.17EC1	-----	510
SMM.US.-.17EFR	-----	510
SMM.US.-.F236_H4	-----E--	507
SMM.US.-.PGM53	-----	507
STM.US.-.STM	-----E--	507



HIV-2/SIVsmm  
proteins

	/ Pol reading frame (-1 from Gag) p15	p15 peptide \ Protease	
MAC.US..239	FRPWSMGKEAPQFPHGSSASGADANCSPRGPSC.GSAKELHAVGQAAE.....	.RKAERKQREALQG.GDRGFAAPQFSLWRRPVVTAHIEGQPVEVLLDTGADDSIVTGIELGPHYTPKIV	114
H2A.CI.88.UC2	--DGLT-----L-R-P-S---T-ST-SRSGS.-PVR-IF-A-EK--.GAEGETIQGGDRGLT-P-AG-DTS-R.---	L-----K-----Y-D-----A-----DN---V-	127
H2A.DE..BEN	--VGPT-----S-L-RDP-P---T-STSGRS-S.-TVG-IY-AREK--.GAEGETIQGGDGLA-P-AE-DTS-R.---	L-----K-----Y-D-----A-----DN---V-	127
H2A.DE..PEI2	--D-P-----S-L-RDP-PA---T-ST-SR--S.RP-R-VL-AREE--.RAENETIQGGDRGLT-P-TR-DTT-R.---	L-----K-----YV-----A-----SN-S---	127
H2A.GH..GH1	--DG-----L-R-P-S---T-ST-SRS-S.-IGKIY-A-ER--.GAEGETIQGGDRGLT-P-AGKSTS-R.---	L-----K-----Y-V-----A-Q---DN-V---	127
H2A.GM..ISY	--A-T-----L-R-PKFA--NT-ST-N-S-S.-PTG-V-AREKT-.RAETKTIQRSDRGLA-S-AR-DTT-R.D--L-	L-----K-----Y-D-----A-----SN-S---	127
H2A.GM.87.D194	--DGPT--A--L-R-P-S---T-ST-NRS-S.-PVG-IY-AREK--.RAEGETIQGGDGGLT-P-AG-D-P-R.---	L-T-----K-----F-D-----A-----DN---V-	127
H2A.GW..ALI	--A-P-----S-L-RNP-SA-INT-ST-SRA-S.-P-GAVY-A-EK-K.RAEREAIQRGDGGLT-P-AG-DTT-R.---	L-----K-----Y-----A-----SN---S---	127
H2A.GW..MDS	--D-PL-----L-R-PGSA--NT-ST-SRS-S.-PTG-IY-AREK--.GAERETIQGGDRGLA-P-AGKDTM--DN-	L-----N-----A-----SN-S---	127
H2A.GW.86.FG	--D-PL--G--L-R-P-PA--NT-ST-I-S-S.-PTG-IY-ARKK-K.GAERETVQSGDRGLT-F-AG-DTM--D--L-	L-----K-----R-N---A-----SN-S---	127
H2A.GW.87.CAM2CG	--D-PL-----R-P-ST--NT-ST-I-S-S.-TG-IY-AREK--.GAETETIQGGDRGLT-P-TR-GPM--DN-	L-----K-----A-----SN-S---	127
H2A.SN..ST	--VGP-----C-PNPA--T-ST-DR--R.-PTR-V-AREK--.RAEREAIQRSDRGLP-A-ET-DTM-R.D--L-	L-----K-----V-----A-V---SN-S---	127
H2A.SN.85.ROD	--TGPL-----L-R-P-SA--T-ST-S-S-S.-TG-IY-AREKT-.RAERETIQSGDRGLT-P-AGDITI--ATN-L-	L-----K-----Y-----A-----NN-S---	128
H2B.CI..EHO	--VRPL-----S--R.PGTP-DS-I-A-DE--IRHDTSGCDSICTPCR.SSRGDAKELHATREE--GE--T--	L-----K-T---S-----A-----SN---S---	127
H2B.CI.88.UC1	--VRTL-----S-L--DP---S-TI-T-D--RGHDTSGGDTICAPCR.SSSGDAEKLHEDGET--EP--T--	L-----R-C---S-----A-----SN---S---	128
H2B.GH.86.D205	--VRTL-----S-L--DP---S-TI-T-DE--RGHDTSGGDTICAPCR.SSSGDAEKLHADGETT--EP--T--	L-----K-C---S-----V---A-----SN---S---	128
H2B.JP.01.KR020	--I-PL-----S-L-CSP-TP-DT-I-TTNE--REHDTSGCN-ICAPCR.SSSGDVEGLHAARE---G-G-T--	L-----K-Y---S-----A-----SD---S---	128
H2C.LR..2238POLB7	.....	.....	0
H2D.LR.90.FO784PA	.....	.....	0
H2D.LR..FORTC2	.....	.....	0
H2E.SL.91.PA	.....	.....	0
H2G.CI..ABT96	--V-TL-----S-L--DP-P--S-SISTTD--SRPTEELHAXGEE-K.....GAEKQT---xx---L---	L-----Y-S-----A-----SN-S---	110
H2U.FR.96.12034	--A-PL--K-S-L--P-PA-T-P-S.-SSRTSS--DPDPSSSGPSS.G...SAKELHATGQETKGE--TI--G---	L-----K-I--Y---K--N---A--K-E-Y---T---	124
H2AB.CI..7312A	--A-TL-----S-L--P---DS-I-A-DEH-R.-QDTSGSDTIC-PCRSVSGDAEKLHATREA--EAG---	L-----Q-Y-----A-----SN---S---	128
MAC.US..251_BK28	.....	.....	110
MAC.US..251_1A11	.....	.....T-----D-----L-----	114
MAC.US..251_32H_PJ5	.....	.....A-----L-----	114
MAC.US..BK28_H824	.....	.....	0
MAC.US..MM142	.....	.....PL-----RT-----L-----	110
MAC.US..SMM142B	.....	.....PL-----RT-----L-----	110
MNE.US..MNE027	--L-P-----PN---T-----K-----T--	L-----K-----G-----A-----A-----	110
MNE.US.82.MNE_8	--L-P-----PN---T-----K-----T--	L-----K-----A-----A-----	110
SMM..-PBJ_143	--A-P-----PD---T-x-S---TE--EG-K-	L-----GE--T--NG-----I-Y-E-----A-----N---	110
SMM.SL.92.SL92B	---P---S-L--AD.NII-TVST--S-S.PDSQGVSRSTEGK.....D-BEQ---G---R---R-L---L---	L-----A-----G--R---	107
SMM.US..17EC1	.....	.....	114
SMM.US..17EFR	.....	.....	114
SMM.US..F236_H4	--A-P-----PD---T---S---TE--ED-K-	L-----GE--T--NG-----Y-E-----A-----N---	110
SMM.US..H9	--A-P-----PD---T-x-S---TE--EG-K-	L-----GE--T--NG-----Y-E-I-----A-----N---	110
SMM.US..PBJ14_15	--A-P-----PD---T---S---TE--ED-K-	L-----GE--T--NG-----I-Y-E-----A-----N---	110
SMM.US..PBJ_6P6	--A-P-----PD---T---S---TE--ED-K-	L-----GE--T--NG-----I-Y-E-----A-----N---	110
SMM.US..PBJA	--A-P-----PD---T---S---TE--ED-K-	L-----GE--T--NG-----I-Y-E-----A-----N---	110
SMM.US..PBJC	.....	.....	0
SMM.US..PBJD	.....	.....	0
SMM.US..PBJE	.....	.....	0
SMM.US..PGM53	--A-P-----PD---T---S---TE--ED-K-	L-----GE--T--G-----A-Y-E-----A-----N---	110
SMM.US..SMB543	--V-P-----PD---T---S---TE--ED-K-	L-----GE--T-----Y-E-----A-----N---	110
STM.US..STM	--L-P-----L--PNT-----PS-R---EK--A-E-	L-----E-EDT-----A-----LQ---V-	110



	Protease \ Pol p51 Reverse Transcriptase	
MAC.US.-.239	GGIGGFINTKEYKNVEIEVLGKRIKGTIMTGDTPINIFGRNLLTALGMSLNFP IAKVEPVKVALKPGKDGPKLKQWPLSKEKIVALREICEK.MEKDGLLEEAPPTNPYNTPTFAIKKDKNKWRMLIDF	243
H2A.CI.88.UC2	-----K-N-VRA-----I-----L-V-RI--I-IT-----R-----T--VE--K-----E-----	256
H2A.DE.-.BEN	-----K-N-VRA-----I-----L-V-I--I-T-----R-----T--E--K-----E-----	256
H2A.DE.-.PEI2	-----K-N-KV-A-----I-----L-V--D-I--I-----VR--T--E--K-----RE-----	256
H2A.GH.-.GH1	-----I--I--K-N-VRA-----I-----L--I--I--T-----R-R--T--E-----E-----	256
H2A.GM.-.ISY	-----D--R--N-KVRA-----I-----L-V-I--I-T-----QR--TR--E-----RE-----	256
H2A.GM.87.D194	-----K-N-VRA-----I-AT-----L-V-LD-I--T-----R-----T--E--K-----RE-----	256
H2A.GW.-.ALI	-----ED--K-N-V-A-----I-----L-V-I--IE-R-----R--T--E--K-----T-RE-----	256
H2A.GW.-.MDS	-----VRA-----I-----L-V-I--I-IM-----R-----T--E--K-----RE-----	256
H2A.GW.86.FG	-----V-A-----V-----L-V-I--I-IM-----R-----T--E--K-----E-----	256
H2A.GW.87.CAM2CG	-----VRA-----I-----L-V-I--I-IM-----R-R--T--E--K-----E-----	256
H2A.SN.-.ST	-----R--N--VRA-----I-----L-V-I--I-IM-----R--T--E--K-----RE-----	256
H2A.SN.85.ROD	-----N-KVRA-----I-----L-V--I-IM-----R--T--E--K-----E-----	257
H2B.CI.-.EHO	-----N-----V--VRA-V-----I-NS--T--V-RI--Q--E--IR-----L-K-----E-----S-----	256
H2B.CI.88.UC1	-----D--V--VRA-----I-NT--T--V--I--K-----IR-----L-K-----E-----R-----	257
H2B.GH.86.D205	-----D--V--VRA-----I-NT--T--V--I--E-----IR--R--L-K-----E-----	257
H2B.JP.01.KR020	-----V--K-RA-----I-NT--T--V--I--K-----IR-----L-K-----#--E-----R-----	257
H2C.LR.-.2238POLB7	.....	0
H2D.LR.90.F0784PA	.....	0
H2D.LR.-.FORTC2	.....#-----E-----V--I--R--M--R-----E--K-----RE-----S-----	90
H2E.SL.91.PA	.....#--E--R-----R--S-----	35
H2G.CI.-.ABT96	-----K-V--QA-V-----I-VK-----R--M--IR-----Q--D--QE-----T-----	239
H2U.FR.96.12034	-E-E-----KPH--N-K--T-R-----E-----G-EAL-IGG-----R-----LE--K-----E-----	253
H2AB.CI.-.7312A	-----I--V--KVRS-----I-NT--T--V--I--Q-----IR-----L-----E--S-----	257
MAC.US.-.251_BK28	-----K-----L-----T--V-----	239
MAC.US.-.251_1A11	-----R-----L-----V-----	243
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----L-----	243
MAC.US.-.BK28_H824	-----L-----SP-----	0
MAC.US.-.MM142	-----L-----SP-----	239
MAC.US.-.SMM142B	-----L-----SP-----	239
MNE.US.-.MNE027	-----T-----R-----	239
MNE.US.82.MNE_8	-----K-----E-----T-----R-----I-----	239
SMM.-.-.PBJ_143	-----D-K-K--V-----M--L--x-I--T-----R-----I-----x-----L--xx-R-----	239
SMM.SL.92.SL92B	-----RT-K--V-RE-L-----I-A--V--Y-V--YT--K--E-M--R-----Q--T-----E--R-----N-D-----	236
SMM.US.-.17EC1	-----D-K-K--V-----M--L--I--T-----R-----I-----x-----L--xx-R-----	243
SMM.US.-.17EFR	-----D-K-K--V-----M--L--I--T-----R-----I-----x-----L--xx-R-----	243
SMM.US.-.F236_H4	-----D-K-K--V-----M--L--I--T-----E--R-----I-----x-----L--xx-R-----	239
SMM.US.-.H9	-----D-K-K--V-----M--L--x-I--T-----R-----I-----x-----L--xx-R-----	239
SMM.US.-.PBJ14_15	-----D-K-K--V-----M--L--I--T-----R-----I-----x-----L--xx-R-----	239
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----D-K-K--V-----M--L--I--T-----R-----I-----x-----L--xx-R-----	239
SMM.US.-.PBJA	-----D-K-K--V-----M--L--I--T-----R-----I-----x-----L--xx-R-----	239
SMM.US.-.PBJC	.....	0
SMM.US.-.PBJD	.....	0
SMM.US.-.PBJE	.....	0
SMM.US.-.PGM53	-----D-K-K--V-----M--L-V--I--T-----R-----	239
SMM.US.-.SME543	-----D-K-K--V-----M--L--I--T-----E--R-----I-----	239
STM.US.-.STM	-----F--N--K-----V-----T-----I-----E--K-----	239

HIV-2/SIVsmm protein alignment: POL



HIV-2/SIVsmm  
proteins

	RELNRVTQDFTEVQLGIPHPAGLAKRKRITVLDIGDAYFSIPLDEEPRQYTAFTLPSVNNAEPGKRYIYKVLPGQWKGSPAIFQYTMRHVLEPFPRKANPDVTLVQYMDLILIASDRDLEHDRVVLQSKE	373
MAC.US.-.239	RELNRVTQDFTEVQLGIPHPAGLAKRKRITVLDIGDAYFSIPLDEEPRQYTAFTLPSVNNAEPGKRYIYKVLPGQWKGSPAIFQYTMRHVLEPFPRKANPDVTLVQYMDLILIASDRDLEHDRVVLQSKE	373
H2A.CI.88.UC2	-----I-----K-----V-----Y-D--P-----V-----QI-----I-I-----G---K---L--	386
H2A.DE.-.BEN	---K---I---K---SI-V---H-D---A---M---O---I---I---G---K---L--	386
H2A.DE.-.PEI2	---K---E---I---KR---V---H-D---T---M---H---O---I---I---G---K---L--	386
H2A.GH.-.GH1	---I---I---K---V---H-D---H---O---H---O---I---I---G---K---L--	386
H2A.GM.-.ISY	---K---I---KR---V---Y-D---O---II---K---L--	386
H2A.GM.87.D194	---I---I---K---V---H-D---E---V---FM-QI---I-I---G---K---L--	386
H2A.GW.-.ALI	---K---I---KR---V---H-S---H---QI---Q---I---I---K---L--	386
H2A.GW.-.MDS	---K---I---KR---V---H-D---O---III---K---L--	386
H2A.GW.86.FG	---K---I---KR---V---H-D---QI---E---III---K---L--	386
H2A.GW.87.CAM2CG	---K---I---KR---V---H-D---I---O---S---III---K---L--	386
H2A.SN.-.ST	---K---I---K---V---H-D---I---S---O---II-I---K---L--	386
H2A.SN.85.ROD	---K---I---KR---V---H-D-P---H---Q---K---III---L--	387
H2B.CI.-.EHO	---K---E---SK---V---V---PD---A---L---AK---D---N---II---V---S---S---L--	386
H2B.CI.88.UC1	---K---I---EKR---V---PN---I---S---K---D---S---III---S---S---L--	387
H2B.GH.86.D205	---K---NWVF-.TRQV-EKR---I-V---PN---QS-C-S-K-D---S---III---S---S---L--	386
H2B.JP.01.KR020	---K---E---I---KR---V---H-D-P---PD---SVGK---D---D---I---V---S---L--	387
H2C.LR.-.2238POLB7	.....	0
H2D.LR.90.F0784PA	.....	0
H2D.LR.-.FORTC2	---K---V---R---V---K---T---R---NI---S---I---K---L--	220
H2E.SL.91.PA	---KA---KEMEQ---V---P---I---Q---V-E-Q---S-L-I---L-G-N-SMT---M-V-L-D	165
H2G.CI.-.ABT96	---EKR---VD---H---K---D---E-xIxI---V---Q---L--	369
H2U.FR.96.12034	---S---EKR---V---C-D---I---T---NL---E-AVII---N---QL-S-L--	383
H2AB.CI.-.7312A	---K---E---EKR---I-V---V---PD---I---S---K---D---R---N---II---V---S---K---S-L--	387
MAC.US.-.251_BK28	.....	369
MAC.US.-.251_1A11	.....	373
MAC.US.-.251_32H_PJ5	.....	373
MAC.US.-.BK28_H824	.....	0
MAC.US.-.MM142	.....	369
MAC.US.-.SMM142B	.....	369
MNE.US.-.MNE027	---K---V---H---N---V---L--	369
MNE.US.82.MNE_8	---K---V---H---N---V---L--	369
SMM.-.-.PBj_143	---K---x---R---V---xH-x-N---I---L--	369
SMM.SL.92.SL92B	---KM-E---KEME---V---P---I---Q---A---Q---L---L-G-N-GLT---KM-T-LRD	366
SMM.US.-.17EC1	.....	373
SMM.US.-.17EFR	.....	373
SMM.US.-.F236_H4	---K---R---V---N---I---L--	369
SMM.US.-.H9	---K---x---R---V---xH-x-N---I---L--	369
SMM.US.-.PBj14_15	---K---R---V---H---N---I---L--	369
SMM.US.-.PBj_6P6	---K---R---V---H---N---I---L--	369
SMM.US.-.PBjA	---K---R---V---H---N---I---L--	369
SMM.US.-.PBjC	.....	0
SMM.US.-.PBjD	.....	0
SMM.US.-.PBjE	.....	0
SMM.US.-.PGM53	---R---V---H---N-G---I---L--	369
SMM.US.-.SME543	---K---R---V---N---IH---L--	369
STM.US.-.STM	---K---I---R---V---G---NI---R---I---L--	369

586

HIV-2/SIVsmm protein alignment: POL





MAC.US.-.239	LLNSIGFSTPEEKFKDPPFQWGMGYELWPTKWLKQKIELPQRETWTVNDIQKLVGLNWAQAIPGKIKTKHLRCLIRGKMTLTEEVDQWTEMAEAEYEENKIILSQEQEGCYQEGKPLEATVIKSQDNQW	503
H2A.CI.88.UC2	--GL-----K-----Q--K-----I-----L--L--R--D---H---E-E---IQ-----	516
H2A.DE.-.BEN	--GL-----D-----C-----LQ--KDI-----S-----L--L-----Y---E-E---IQ--GH--	516
H2A.DE.-.PEI2	--GL-----D-----YK-----O--K-V-----L--L-----E---E-E---Q-D-----	516
H2A.GH.-.GH1	--GL-----D-----L-----LQ--K-I-----K-----L--L-----Y---E-E---IQ-N-----	516
H2A.GM.-.ISY	--GL-----D-----Y-----O--K-V-----K-----P-----L--L-----H---E-E---Q-D-----	516
H2A.GM.87.D194	--GL-----D-----Y-----O--K-I-----K-----L--L-----S---EEE-----	516
H2A.GW.-.ALI	--GL-----D-----YK--G-----O--K-V-----H-----G-----L--L--R-----H---E-E---Q-D-----	516
H2A.GW.-.MDS	--L-----D-----YR-----O--K-V-----I-----L--L--RV-----H---E-E---Q-D-----	516
H2A.GW.86.FG	--GL-----D-----YR-----O--K-V-----L--L--R-----K--H---E-K---Q-D-----	516
H2A.GW.87.CAM2CG	--NL-----D-----YR-----O--K-V-----L--L--R-----H---E-E---Q-D-----	516
H2A.SN.-.ST	--GL-----D-----Y-----RQ--K-V-----RN-----L--L-----E---E-E---Q-D-----	516
H2A.SN.85.ROD	--GL-----D-----YH-----Q--K-I-----L-----L--L--R-----H---E-E---Q-D-E---	517
H2B.CI.-.EHO	--NM-----K-----K-----Q--EK-V-----LF-----R-I-K-----L---FQ-----E---S--K--V---Q-NLA---	516
H2B.CI.88.UC1	--DM-----K-----K-----Q--EK-V-----LF-----R-I-K-----L---LQ-----E---S--K--V---Q-NLA---	517
H2B.GH.86.D205	--DM-----K-----K-----Q--EK-V-----A-----LF-----R-I-K-----L---LQ-----E---S--K-RV---Q-NLA---	516
H2B.JP.01.KR020	--D-----K-----K-----Q--E-R-----LF-----R-I-----L---FQ-----E---S--K--I---Q-NLA---	517
H2C.LR.-.2238POLB7	.....	0
H2D.LR.90.F0784PA	.....	0
H2D.LR.-.FORTC2	--DL--L-----YH-----D-----K-----S-----V-D-----	350
H2E.SL.91.PA	M--NL-----D--RE--LK--L-Y-K-----EK-R-----I-----V-----N--K-----LS--LA-----G--R--R-EEN---L-N-----	295
H2G.CI.-.ABT96	--Kx--D-----RE--Y-----x--K-----N-xEK-----x--L-----N-xK-----x--L--LQ-----x-x--A--K-xE-x---Q-NL---	499
H2U.FR.96.12034	--KT-----D-----HK-----K-----E-DV-----V-----K--K-----FA-----A--R-EEN---L-N-----	513
H2AB.CI.-.7312A	--DM-----K-----QI-E-V-----DM-----LF-----R-I--K-----L---MQ-----G---S--K--V---Q-NLA---	517
MAC.US.-.251 BK28	.....	499
MAC.US.-.251_1A11	.....	503
MAC.US.-.251_32H_PJ5	.....	503
MAC.US.-.BK28_H824	.....	0
MAC.US.-.MM142	.....S-----S-----	499
MAC.US.-.SMM142B	.....S-----S-----	499
MNE.US.-.MNE027	.....K-----N-----	499
MNE.US.82.MNE_8	.....K-----N-----	499
SMM.-.-.PBJ_143	.....P--P-----P-----	499
SMM.SL.92.SL92B	M--NL-----D--N--L--L-Y-K-----EK-R-----N--KM-----L--LA--R--N--R--R-DE---L-N-----	496
SMM.US.-.17EC1	.....	503
SMM.US.-.17EFR	.....	503
SMM.US.-.F236_H4	--G-----N-----I-----	499
SMM.US.-.H9	.....N-----P--P-----P-----	499
SMM.US.-.PBJ14_15	.....S-----	499
SMM.US.-.PBJ_6P6	.....	499
SMM.US.-.PBJA	.....	499
SMM.US.-.PBJC	.....	0
SMM.US.-.PBJD	.....	0
SMM.US.-.PBJE	.....	0
SMM.US.-.PGM53	.....K-----	499
SMM.US.-.SME543	--G-----I-----	499
STM.US.-.STM	--NL-----DV-----K-----A-----A-----Q--R-D---V-D-----	499

HIV-2/SIVsmm protein alignment: POL

587

HIV-2/SIVsmm  
proteins



HIV-2/SIVsmm  
proteins

	p51 Reverse Transcriptase \ / Pol	p15 RNase H	
MAC.US.-.239	SYKIHQEDKILKVGKFAKIKNTHNTNGVRLLAHVIQKIGKEAIVIWGQVPKFLPVEKDVWEQWWTDYQVQVTPWPEWDFISTPPLVRLVFNLVKDPVIEGEETYYTDGSCNKQSKGKAGYITDRGKDKVKV		633
H2A.CI.88.UC2	T-----E-----Y-----Q-V-----L---RI-----RET-----DN-----V-----T---G---P-T--F-----R-----V---R---R-		646
H2A.DE.-.BEN	T-----E-----Y-----Q-V-----L---RI-----RET-----DN-----V-----T---G---P-A--F-----R-----V---R---R-		646
H2A.DE.-.PEI2	T-----GE-----Y-----V-----L---RI-----RET-----DN-----D---V-----A---P---F-----R-----R---R---RI		646
H2A.GH.-.GH1	T-----E-----Y-----Q-V-----L---RI-----RET-----DN-----V-----T---G---P-A--F-----R-----R-V---R---R-		646
H2A.GM.-.ISY	T--V--GE-----Y-----Q-V-----L---RI-----RET-----DN-----D---V-----A---P-A--F-----R-----R---R---RI		646
H2A.GM.87.D194	A-----GERV-----Y-----Q-V-----L---R-----R-T---DN-----V-----T---G---P-T--F-----R-----V---R-R-R-		646
H2A.GW.-.ALI	T-----GE-----E-Y--M-----Q-V-----L---RI-R---RET-----D-----D---V-----A---L-A--F---P---R-----R---R---R-		646
H2A.GW.-.MDS	T--V--GE-T-----Y--V-----Q-V-----L---RI-----REI---D-----D---V-----P-A--F-----R-----V---K-R---		646
H2A.GW.86.FG	T--V--GE-----G--IC-D-KYPYQR-----Q-V-----L---RI-----R-T---DN-----D---V-----A---GE-VP-A--F-----R-----R---R---		646
H2A.GW.87.CAM2CG	T-----E-----Y---H---K-----Q-V-----L--\$-RI-----RE-----DN-----D---V-----A---G---P-T--F-----R-----V---R---I		645
H2A.SN.-.ST	T-----GG-----Y--V-----Q-V-----L---RI-----R-T---DN-----D-----D---V-----A---L-A--F-----R-----R---RL		646
H2A.SN.85.ROD	T-----E-----Y--V-----I---Q-V-----L---RI-----REI---DN-----D---V-----A---G---P-A--F-----R-----V---R---K		647
H2B.CI.-.EHO	T-----G-----Y--V-----V-----L---EI-M---RET-D-----V-----I---AY-----L--V-----A-----V-----P		646
H2B.CI.88.UC1	T-----GNR-----Y--V-----V-----L---EI-V---RET-D-----V-----AY-----L-KV-----RA-----V-----P		647
H2B.GH.86.D205	T-----GN-V-----Y--V-----V-----L---EI-V---RET-D-----V-----I---AY-----L--R-----RT-----V-----P		646
H2B.JP.01.KR020	T-----G-R--R-----Y--V-----L-T---EI-M---RET-D-----V-----I---AY-----L--V-----RT-----V-----A		647
H2C.LR.-.2238POLB7	.....		0
H2D.LR.90.F0784PA	.....		0
H2D.LR.-.FORTC2	-----Y-----V-----R---S---I-R-----S-----V-----E-L-KT--F-V---HR-----V---DRE-T-A		480
H2E.SL.91.PA	-----G-R--.KVGKFPQIKNTHNTNGVR-LASVVQK		331
H2G.CI.-.ABT96	T--V--GNR-----Y-----V-x---L---KL-F---R-T-----D---V--H---Y---E-L-QT-----T-x---V-----x-		629
H2U.FR.96.12034	T--G-RT-----V-----V-----KI-M---RE-----VLD--V-----AY-----E-LL-----RA-Q---V-----R--P		642
H2AB.CI.-.7312A	T-----GN-V-----Y--V-----I---V-----L---I-M---RET-D-----V-----AY-----L-KV-----RT-----V---R---P		647
MAC.US.-.251_BK28	-----R-----		629
MAC.US.-.251_1A11	-----N-----		633
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----K-----		633
MAC.US.-.BK28_H824	-----V---S-----		0
MAC.US.-.MM142	-----V---S-----		629
MAC.US.-.SMM142B	-----V---S-----		629
MNE.US.-.MNE027	-----K-----K---V-----R-----		629
MNE.US.82.MNE_8	-----K-----K---V-----R-----		629
SMM.-.-.PBj_143	-----V-----R---xEI-----V-----E-Q-A--F-V-R---R---R---V---RG-T-L		629
SMM.SL.92.SL92B	-----G-R-----I---N-V---SL---KT-F---RE--D-----A---I-----K--V--I---RN-----V---E--LP		626
SMM.US.-.17EC1	-----V-----V-----V-----L---E---R-----REI-----D---V-----E-Q-A--F-V---R---R---V---R-A-L		633
SMM.US.-.17EFR	-----V-----V-----V-----L---E---R-----REI-----D---V-----E-Q-A--F-V---R---R---V---R-A-L		633
SMM.US.-.F236_H4	-----S-----V-----I---R---xEI-----V-----E-Q-A--F-V-R---R---R---V---RG-T-L		629
SMM.US.-.H9	-----V-----V-----V-----L---E---R---REI-----V-----E-Q-A--F-V---R---R---V---R-A-L		629
SMM.US.-.PBj14_15	-----V-----V-----V-----L---E---R---REI-----V-----E-Q-A--F-V---R---R---V---R-A-L		629
SMM.US.-.PBj_6P6	-----V-----V-----V-----L---E---R---REI-----V-----E-Q-A--F-V---R---R---V---R-A-L		629
SMM.US.-.PBjA	-----V-----V-----V-----L---E---R---REI-----V-----E-Q-A--F-V---R---R---V---R-A-L		629
SMM.US.-.PBjC	.....		0
SMM.US.-.PBjD	.....		0
SMM.US.-.PBjE	.....		0
SMM.US.-.PGM53	-----VE-----R-----REI-----V-----E-Q-A--F-V---R---R---V---R-A-P		629
SMM.US.-.SME543	-----V-----V-----V-----L---E---R-----REI-----D---V-----E-Q-A--F-V---R---R---V---R-A-L		629
STM.US.-.STM	-----I-----RE-----A-----V-----E-L-T--F-V---R-----N--A		629





	Pol p15 RNase H \ / Pol p31 Integrase	
MAC.US..239	LEQTTNQAELEAFMLALTDSPGPKANIIVDSQYVMGIITGCPTESESRLVNQIIEEMIKKSEIYVAVVPAHKGIGGNQEBIDHLVSGQIRQVLFLEKIEPAQEEHDKYHSNVKELVFKFGLPRIVARQIV	762
H2A.CI.88.UC2	-----A--A-----V-----VASQ-----I-----D---EAV---I-----V-----E---I---IH---I-QL-----	775
H2A.DE..BEN	-----V-R--A-----V-----VA-Q-----N-I-----EAV-----E---I---TH---I-LL-----	775
H2A.DE..PEI2	-----A-----VA-Q-----K-----ETL-----V-----E---I---SH---K-----	775
H2A.GH..GH1	--R-----A-T-----V-----VV-Q-----I-----D---EAV-----R-----E---M---TH---I-QL-----	775
H2A.GM..ISY	-----A-V-----V-V-----V-Q-A-----I-K-----EA-----R-----G---AH---NL-----	775
H2A.GM.87.D194	-----S-----A--A-----V-----VA-Q-----N-I-----D---EAV-----V-----E---I---TH---I-QL-----	775
H2A.GW..ALI	-----AL-V-----V-----VA-Q-----N-I-----EA-----V-----E---I---SH---NL-----	775
H2A.GW..MDS	-----A-----VV-Q-----N-I-----EA-----V-----E---I---SH---QL-----	775
H2A.GW.86.FG	-----A-----VA-Q-----N-I-----EA-----V-----E---I---SH---I-KL-----	775
H2A.GW.87.CAM2CG	-----A-----VA-Q-----N-I-----EA-----V-----E---T---CH---DI-QL-----	774
H2A.SN..ST	-----A-V-----V-----VA-Q-----KI-----EA-----V-----E---I---SH---K-----	775
H2A.SN.85.ROD	-----A-----V-----V-----SASQ-----KI-----EA-----V-----E---I---SH---I-NL-----	776
H2B.CI..EHO	-----AL-Q---QV-----VAAQ---T-PI-RE-----EK--G-----L---V---VAAQ---I-----E--N---H---I-QL-----	775
H2B.CI.88.UC1	-----AL-Q---QV-----VA-Q---T-P-----EA--G-----R-L---V---E--G-----H---QL--K---	776
H2B.GH.86.D205	-----AL---E-QV-----AAQ---T-PI-AK-----EAV--G-----L---V---E--G-----H---I-QL--K---	775
H2B.JP.01.KR020	-----AL-Q---QV-----AAQ---T-PI-KT-V-----EA--G-----L---V---HI---N---E--G-----H---I-QL--K---	776
H2C.LR..2238POLB7	.....#L---A-Q---T-P---R---L-R-EAV-IS-----L---V-----ERF---A---TH---I-NL--K---	95
H2D.LR.90.F0784PA	.....#I---VA-Q---K-----EA--I-----R---V---D-E---I-----I---K-----I	95
H2D.LR..FORTC2	-Q-----L-Q---VA-Q---K-----EA--I-----R---V---D-E---I-----I---K-----I	609
H2G.CI..ABT96	-----x---A---Q---V---x---x---AxQ---T-P---K---x---ExL--G-----V-x---x---ExF-----TH---I-QL--K---	758
H2U.FR.96.12034	-----A---E---V---VT---I---A-Q---T-P---SK---L-R-EAV-G-----V-----E---QH---I-QL--K---	771
H2AB.CI..7312A	-----AL-Q---QV-----VA-Q---T-PI-K-----EA--G-----L---V---E---G-----H---I-QL--K---	776
MAC.US..251_BK28	-----T-----	758
MAC.US..251_1A11	-----K-----V-----	762
MAC.US..251_32H_PJ5	-----	762
MAC.US..BK28_H824	-----T-----S---I-----L--K---	0
MAC.US..MM142	-----T-----S---I-----L--K---	758
MAC.US..SMM142B	-----T-----S---I-----L--K---	758
MNE.US..MNE027	-----T-----L--K---	758
MNE.US.82.MNE_8	-----T-----L--K---	758
SMM..PBJ_143	-----YL--A-----VA-Q-----EA-----x---V-----E-----x---L--K---	758
SMM.SL.92.SL92B	---A-----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---	755
SMM.US..17EC1	-----	762
SMM.US..17EFR	-----	762
SMM.US..F236_H4	-----YL--A-----A-Q-----EA-----V-----#K---E-----L--K---	758
SMM.US..H9	-----YL--A-----VA-Q-----K---EA-----x-E---V---E---E-----K---x---L--K---	758
SMM.US..PBJ14_15	-----SL--A-----VA-Q-----EA-----V-----E-----L--K---	758
SMM.US..PBJ_6F6	-----YL--A-----VA-Q-----EA-----V-----E-----L--K---	758
SMM.US..PBJA	-----YL--A-----VA-Q-----EA-----V-----E-----L--K---	758
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PGM53	-----YL--A-----A-Q-----EA-----V-----E-----I--L--K---	758
SMM.US..SME543	-----YL--A-----VA-Q-----EA-----V-----E-----I--L--K---	758
STM.US..STM	-----A--A-----V-----Q-----K-----EA-----V-----E-----I--L--K---	758

HIV-2/SIVsmm protein alignment: POL



HIV-2/SIVsmm  
proteins

MAC.US.-.239	DTCDKCHQKGEA IHGQANS DLGTWQMDCTHLEGGKIIIVAVHVASGFIEAEV I PQETGRQTALFLLKLAGRWPITHLHTDNGANFASQEVK MVAWAGIEHTFGV PYNPQS QGVVEAMNHLKNQIDRIRE	892
H2A.CI.88.UC2	N--AQ-Q-----V-AEI-V-----S-----S-----P-T-----V--QS-----S---	905
H2A.DE.-.BEN	NS-AQ-Q-----V-AEI-V---Y-----S-----S-----P-T-----V--QS-----S---	905
H2A.DE.-.PEI2	N--AQ-Q-----VDAE-----S-----S-----T-----T-----QS-----S---	905
H2A.GH.-.GH1	N--AQ-Q-----V-AEI-V-----S-----S-----S-T-----I--QS-----S---	905
H2A.GM.-.ISY	N--AQ-Q-----V-AE-----S-----S-----T-----V--QS-----E---	905
H2A.GM.87.D194	N--AQ-Q-----V-AEI-V-----S-----S-----P-T-----I--QS-----S---	905
H2A.GW.-.ALI	N--AQ-Q-----V-AE-----V--I-----S-----S-----S-V-T-----V--QS-----S---	905
H2A.GW.-.MDS	N--AQ-Q-----V-A-----V-----S-----S-----S-V-T-----I--QS-----S--D	905
H2A.GW.86.FG	N--AHVQ-----V-AE-----S-----S-----T-----V--Q-----S---	905
H2A.GW.87.CAM2CG	N--AQYQ-----V-AEV-----S-----S-----T-----V--Q-----S---	904
H2A.SN.-.ST	N--TQ-Q-----V-AE-----S-----S-----T-----I--QS-----S---	905
H2A.SN.85.ROD	NS-AQ-Q-----V-AE-----S-----S-----T-----I--QS-----S---	906
H2B.CI.-.EHO	NS---Q-----V--E-----V-----S-----T--D--A--I--Q-----E-----D	905
H2B.CI.88.UC1	NS---Q-----V--AE-----V-----S-----T--D--A--I--Q-----D	906
H2B.GH.86.D205	NS---Q-----V-A-----S-----T-PS-----V--Q-----L-D	905
H2B.JP.01.KR020	NS---Q-----V-AE-----S-----T--D--A--I-V-Q-----D	906
H2C.LR.-.2238POLB7	N--HV-Q-----V-A-----V-----A-----T-----V-V-----	225
H2D.LR.90.F0784PA	-----R-----V-AE-----V-----S-----T-----V--Q-----K--D	225
H2D.LR.-.FORTC2	-----R-----V-AE-----VT-----x-----	657
H2G.CI.-.ABT96	NSYHS-Q-----V-AE-----V-----V-----T-----V--QA-----S-----K--K--D	888
H2U.FR.96.12034	N--HV-Q---M--V-TEV-----VV-----T-----V-----E---	901
H2AB.CI.-.7312A	NS---Q-----V--V-AE-----V-----S-----T--D-----V--Q-----D	906
MAC.US.-.251_BK28	-----V-----V-----	888
MAC.US.-.251_1A11	-----V-----V-----	892
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----V-----V-----	892
MAC.US.-.BK28_H824	.....	0
MAC.US.-.MM142	-----V-----S-----	888
MAC.US.-.SMM142B	-----V-----S-----	888
MNE.US.-.MNE027	-----V-----S-----T-----	888
MNE.US.82.MNE_8	-----V-----S-----	888
SMM.-.-.PBJ_143	-----x-----V-xx-----G-----x-----S-----T-----x-Q-x-----x-----T-----	888
SMM.SL.92.SL92B	NA-N--Q-----T-AEV-----V-----R-----I-S--K-----T-----L-V-QS-----DL--KN--K--	885
SMM.US.-.17EC1	-----	892
SMM.US.-.17EFR	-----	892
SMM.US.-.F236_H4	-----V-AE-----T-----Q-----T-----	888
SMM.US.-.H9	-----L--x-----V-xx-----G-----x-----S-----T-----x-Q-x-----x-----T-----	888
SMM.US.-.PBJ14_15	-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----	888
SMM.US.-.PBJ_6F6	-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----	888
SMM.US.-.PBJA	-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----	888
SMM.US.-.PBJC	.....	0
SMM.US.-.PBJD	.....	0
SMM.US.-.PBJE	.....	0
SMM.US.-.PGM53	---H-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----	888
SMM.US.-.SME543	---R-----V-AE-----S-----T-----Q-----T-----	888
STM.US.-.STM	-----V-AE-----S--V-----T-----Q-----T-----D	888

590

HIV-2/SIVsmm protein alignment: POL







Pol p31 Integrase \

MAC.US..239	QANSVETIVLMAVHCMNFKRRGGIGDMTPAERLINMITTEQEIQFQQSKNSKFKNFRVYVYREGRDQLWKGPGLLWKGEVAVILKVGTDIKVVP RRKAKIIKDYGKGKEVDSSSHMEDTGEAR.EVA\$	1018
H2A.CI.88.UC2	---T-----L-R--N--K-Q-----V--A-----R---RQ-L---P-L-GAR-DG.---	1031
H2A.DE..BEN	---TI-----L-R--N--Q-----V-----R---RQ-L---P-L-GAR-DG.-M-CPC	1034
H2A.DE..PEI2	---TM-----LHA--L---F-----D--V---I-----R---RR---L-G-R-DG.---	1031
H2A.GH..GH1	---TI-----L-R--N--Q-----D--V---A---I-----R---RQ-L---HLEGARE-DG.---	1031
H2A.GM..ISY	---TM-----V--V-----L-A--L---F---N--Q-----D--V---I-----R---PRQ-M-G-L-GAR-DG.-M--	1031
H2A.GM.87.D194	---TI-----L-R--N--K-Q-----D--V---A-----R---RQ-L---L-GAR-DG.---	1031
H2A.GW..ALI	---T-----S-----L-T--L---P-----D--V-----R---RQ-L--GP-L-GAR-DG.---	1031
H2A.GW..MDS	---T-----S-----L-A--L---F-----D--V---I-----R---RQDM--GP-L-G-R-DG.---	1031
H2A.GW.86.FG	---T-----I-----L-A--L---F-----D--V---E-----R---RQ-M-G-L-GAR-DG.-M--	1031
H2A.GW.87.CAM2CG	---T-----S-----L-A--L---F-----D--V-----R---RQ-L---L-GAR-NG.---	1030
H2A.SN..ST	---T-----V-A---L-A--LQ--F-----D--V---A---II-----R---RQ-M-G-NL-GAR-DG.---	1031
H2A.SN.85.ROD	---TI-----I-----S-----L-A--L-D--F-----D-----LV-----R---RQ-M-G-L-GAR-DG.-M--	1032
H2B.CI..EHO	--V-I--V---T-----IV-----L-T--L--Q-----D-----I---E---I-----RN-----L-C-ADV--MQ--.---QSN	1034
H2B.CI.88.UC1	--V-I--V---A-----V-----F-A--L--Q--Q-----L---E---I-----RH-----L-CGTD---RQ---.M-QSG	1035
H2B.GH.86.D205	--V-I--V---T-----V-----F-A--L--Q--Q-----I---E---I-----RH-----GL-C-AD---RQ---.M-QSD	1034
H2B.JP.01.KR020	--V-I--V---A-----IV---A---L-T-KL-Q---F-----I---E---I-----N-----L-C-AN---Q---.M-QPS	1035
H2C.LR..2238POLB7	---TM-----x	236
H2D.LR.90.FO784PA	-----x	236
H2G.CI..ABT96	---I-----I-----T-----I---E-----TN---RQTG.---	1014
H2U.FR.96.12034	---TM-----A---I---S---L---AD---LI---I---R---L---NL-GAEKV..-M-LPD	1030
H2AB.CI..7312A	--V-I--V---A-----V-----F-A--L--Q--Q-----I---E---I-----RH-----L-C-TDV---RQ---.M-QSS	1035
MAC.US..251_BK28	-----S-----T-----M-----	1014
MAC.US..251_1A11	-----M-----	1018
MAC.US..251_32H_PJ5	-----N-----	1018
MAC.US..BK28_H824	.....#-----	104
MAC.US..MM142	-----M-----	1014
MAC.US..SMM142B	-----M-----	1014
MNE.US..MNE027	---M-----L-----	1014
MNE.US.82.MNE_8	---M-----L-----V-----	1014
SMM.-.-.PBJ_143	---I-----I---I-----V-----E---E---L-G-L-----	1014
SMM.SL.92.SL92B	--E---L---A---IV---L-T-YLN-Q---Q---A---VI---E---RQ-MG--AS---Q\$	1004
SMM.US..17EC1	-----	1018
SMM.US..17EFR	-----	1018
SMM.US..F236_H4	---I-----V-----E-----L-G-L-----	1014
SMM.US..H9	---I-----I---I-----E-----L-G-L-----	1014
SMM.US..PBJ14_15	---IVS-----V-----E-----L-G-L-----	1014
SMM.US..PBJ_6F6	---IVS-----V-----E-----L-G-L-----	1014
SMM.US..PBJA	---I-----V-----E-----L-G-L-----	1014
SMM.US..PBJC	.....#-----E-----L-G-L-----	90
SMM.US..PBJD	.....#-----E-----L-G-L-----	90
SMM.US..PBJE	.....#-----E-----L-G-L-----	90
SMM.US..PGM53	---I-----V-----E-----L-GP-L-----	1014
SMM.US..SME543	---I-----V-----R-----E-----L-G-L-----	1014
STM.US..STM	---T--V-----K--L-----V-----G-L--R--G.---	1014

H2A.DE..BEN	QVPEIQNKRPRGGALCSPPPQGGMGVLDLQOQNIPTRTKKSSRNTGILEPNTRKRMALLSCSKINLVYRKVLDRCYPRLCRHPNT\$	1118
H2B.CI..EHO	\$	1034
H2B.CI.88.UC1	QVPEA\$	1040
H2B.GH.86.D205	\$	1034
H2B.JP.01.KR020	QISET\$	1040
H2U.FR.96.12034	QTP#V\$	1034
H2AB.CI..7312A	QVSEA\$	1040

HIV-2/SIVsmm protein alignment: POL



HIV-2/SIVsmm  
proteins

MAC.US..239	MEEEEKRWIAVPTWRIPERL.ERWHSLIKYLKYKTKDLQKVCYVPHFKVGVAAWWTCSRVIFFPLQEGSHLEVQGYWHLTPEKGLWSTYAVRITWYSKNFWTDVTPNYADILLHSTYFPCFTAGEVRRRAIRGE	129
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-----	129
H2A.DE..BEN	--DRN-V--V-G-M.-K-A-V--R--EE-R--H-----GK--I-A-N-----SH--L--TEK-----DC--I--S-----	129
H2A.DE..PEI2	--GE--V--V-G-M.-K--V--HR--EG--H-----GN--I-A-N-----S-----TER--DC--S-I--S-----	129
H2A.GH..GHI	--G-N-V--V-G-RM--V--R-R--EE-R--H-----KGE--I-A-N-----SHS--TER--D--I--S-----	129
H2A.GM..ISY	-DQG--V--V-G-M.-K--V--R--EQ-R--H-----KGN--I-A-N-----S-S-M--EG--DC--T-I--S-----	129
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-----	129
H2A.GW..ALI	--G-S-V--V-G-M.-K--V--R--E--H-----GR--I-A-N-----S-----TEK-----DC--S-I-G--S-----	129
H2A.GW..MDS	--G-T-V--V-G-M.-K--V--R--EE-R--H-----KGN--I-A-N-----S--L--TEK-----DC--S-I--T--A-----	129
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-----	129
H2A.GW.87.CAM2CG	--G-S--V--V-G-M.-K--V--R--EQ--H-----RGD-R--I-A-N-----S--M--TEK-----DC--T-I--S-----	129
H2A.SN..ST	--G--V--V-G-M.--V--R--E--H-----KGE--I-A-N-----S-S-L--TEK-----DC--S-I--S-----	129
H2A.SN.85.ROD	--D--V--V-G-M.-K--V--E--H-----KGN--I-A-N-----S-S--TEK-----DC--V-I--S-----	129
H2B.CI..EHO	-----N-----C-----R--Q-S--H-----K-A--N--R-F-S--L--ERS-Y--DV--R--GS--SS--N-----	129
H2B.CI.88.UC1	--G-N-V--V--K--V--HR--E--Q-S--H-----K-EAY--N--R-F-S--L--KRS-Y--DV--Q--GS--S--N-----	129
H2B.GH.86.D205	--D-V--G--R--GE--Q-S--H-----I--NK-AW--N--R-F-S--L--ER--Y--DV--Q--GS--S--N-----	129
H2B.JP.01.KR020	-----N-----K--V--HR--E--EQ-T--H-----K-AY--I--N--R-F-A--L--K-S-Y--DV--H--GS--F--N-----	129
H2G.CI..ABT96	-----G--K--F--F--AV--H-----TKEA--I--N--Q--L--TRK-Y--ET--Q--GS--D-----	129
H2U.FR.96.12034	-----N-V--V-R--H--N--E--H-----KK--A--N--S--L--TRG--DC--Q--GS--S-----	128
H2AB.CI..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-----	129
MAC.US..BK28_H824	-----V-----A--H-----N--R--R--D--E-----	129
MAC.US..MM142	-----V-----A--H-----N--R--R--D--E-----	129
MAC.US..251_BK28	-----V-----A--H-----N--R--R--D--E-----	129
MAC.US..251_1A11	-----V-----A--H-----N--R--R--D--E-----	129
MAC.US..251_32H_PJ5	--G-----Y-----R-----R-----D-----V-----	129
MAC.US..SMM142B	-----V-----A--H-----N--R--R--D--E-----	129
MNE.US..MNE027	-----H-----E-Q--N--R--R--D-----	129
MNE.US.82.MNE_8	-----H-----K-Q--N--R--H--R--DC-----	129
SMM.SL.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--	130
SMM.SL..SIVsm089c2	-----H--V--N--E-AV--H--EKEA--N--S--L--TR--DL--I-GA--S-Y-Q--	129
SMM.SL..SIVsm085c1	-----H--N--E--AV--H--GET--N--TR--S--EV--Q--G--S-Y-Q--K--	129
SMM.US..H9	--N-V--G--K--H--N--A--H--RDEA--N--x--R--A--D--T--G--SE--	129
SMM.US..PBj_143	--N-V--G--K--H--N--A--H--RDEA--N--x--R--A--D--T--G--SE--	129
SMM.US..PBj14_15	--N-V--G--K--H--N--A--H--RDEA--N--x--R--A--D--T--G--SE--	129
SMM.US..PBj_6P6	--N-V--G--K--H--N--A--H--RDEA--N--x--R--A--D--T--G--SE--	129
SMM.US..PBjA	--N-V--G--K--H--N--A--H--RDEA--N--x--R--A--D--T--G--SE--	129
SMM.US..PBjC	--N-V--G--K--H--N--A--H--RDEA--N--x--R--A--D--T--G--SE--	129
SMM.US..PBjD	--N-V--G--K--H--N--A--H--RDEA--N--x--R--A--D--T--G--SE--	129
SMM.US..PBjE	--N-V--G--K--H--N--A--H--RDEA--N--x--R--A--D--T--G--SE--	129
SMM.US..SME543	--N-V--H--N--MA--H--RDET--N-A--H--R--DC--T--SE--Q--	129
SMM.US..17EC1	-----RDET--N-A--R--D--T--SE--K--	129
SMM.US..17EFR	-----RDET--N-A--R--D--T--SE--K--	129
SMM.US..F236_H4	--N-V--K-G--K--FR--A--H--RDE--N-A--RK--D--T--G--SE--	129
SMM.US..PGM53	--N-V--K-G--K--FR--A--H--RDE--N-A--RK--D--T--G--SE--	129
STM.US..STM	-----V--G--H--N--E-S-A--H-----GEA--N--E--TR--S--DC--Q--G-----	129





MAC.US..239 QLLSCCRFPRAHKYQVPSLQYLALKVV..SDVRSQGENPTWKQWRDRNRRLRMAKQNSRGDKQGGKPPTKGANFPGLAKVLGILA\$ 214

H2A.CI.88.UC2 K----NY-Q--A-----V-Q.QND-P-RKG-AR-----HW---V-R-DY-SLE-----APR-H--V---E---- 215

H2A.DE..BEN K----NY-Q--A-----V-Q.QND-P-RKGTAR-----HW---V-REDH-SL--G-SE-SAPR-H--V---E---- 215

H2A.DE..PEI2 K----NY-Q--RSK--L--F--V-Q.QNG-P-KNST-R-R--SNYW--F-L-RKDG--H---SE--AS--Y--V---E---- 215

H2A.GH..GH1 K----NY-Q--V-----V-Q.QND-P-RKGTAR-----HW---V-R-DY-SL--SE-SAPR-H--V---E---- 215

H2A.GM..ISY KS----NY-Q--SK-----F--V-Q.QNDKP-RD-T-R-----NY-----L-R-DG-SH---SE-AQ--Y--V---E---- 215

H2A.GM.87.D194 K----NY-Q--A-----V-Q.QNG-P-RKGAAR-----HW---V-R-DY-SL--G-SE-SAPR-H--V---E---- 215

H2A.GW..ALI K----NY-Q--S-----F--V-Q.QNGKP-RNST-R-----Y-----V-R-D--L-----ES-AP-H--V---E---- 215

H2A.GW..MDS K----NY-Q--S--T--F--V-Q.QNG-P-RDST-R-R--Y-A--L-R-D--SH---ES-APR-Y--V---E---- 215

H2A.GW.86.FG K----KY---RS-----F--V-Q.QND---NSA-R-R-G-Y-----R-D--Y---SES-PTR-H---E--E---- 215

H2A.GW.87.CAM2CG K----KY---RS-----F--V-Q.QND-P-RDRT-R-----Y-----L-R-D--SY---SES-AP-Y--V---E---- 215

H2A.SN..ST K----NY-Q-----F--V-Q.QNG-P-RD-T-R-----NY-----V-R-DG-SH---SE--APR-Y--V---E---- 215

H2A.SN.85.ROD K----NY---RA-----F--V-Q.QND-P-RDST-R-R--Y-----L--D--SH---SSES--PRTY--V-E-E---- 215

H2B.CI..EHO KI--H-NY-S--TG-----F--R--QEGKDG---ST-R-R--NS---I---RD-I-TSQ-SSSQSLAQ-TY-----E----- 216

H2B.CI.88.UC1 KI--Y-NY-S--EG-----F--R--IQEGKDG---SA-R-R--N---SI-L-RK-NNRAQ-GSSQ-LAPRTH-----E----- 216

H2B.GH.86.D205 KI--Y-NY-S--EG-----F--R--QEGKNG---SA-R-R--NS--SI-L-RK-NNRAQ-GS-Q-FAPRTY-----E----- 216

H2B.JP.01.KR020 KI--Y-NY-S--RG-----F--R--QEGGNGP---SAAR-R-R--N---SI--RK-NNRAQ-SSCQSSAQ-TY-----E-----R 217

H2G.CI..ABT96 -I----NY-T--R-----F--Q--QKG.HG-K--Sx-R-R-R-G-----I---RK--xR-Q-DSSQSF-Q--Y----- 215

H2U.FR.96.12034 -----N--S--RQ-----F--RALQ.DGRSKR.---R-FR--NC---FQL-RK-CERYQ-GSSATSSQ-TY-----A---- 213

H2AB.CI..7312A KI--Y-NY-S--EG-----F--R--QEGKNG---SA-R-R--S---I---RK-NSRTQ-GSSQ-FAPRTY-----E----- 216

MAC.US..BK28\_H824 -----K---R-----R-----H-----S--V-----E-----D-----E----- 214

MAC.US..MM142 R-----K---R-----R-----H-----S-----D----- 214

MAC.US..251\_BK28 -----K---R-----R-----H-----S-----D----- 214

MAC.US..251\_1A11 -----K---R-----R-----Y-----S--S-----E----- 214

MAC.US..251\_32H\_PJ5 -----K---R-----R-----H-----S--V-----E----- 214

MAC.US..SMM142B R-----K---R-----R-----H-----S-----D----- 214

MNE.US..MNE027 -----N-----R---Y---R-----S-----S-----D----- 214

MNE.US.82.MNE\_8 -----T-----R---Y---R-----S-----S-----VD----- 214

SMM.SL.92.SL92B -V--Y-GYAV--HSS-Q--L-----L.QND-PK-K--R-----N-----VT-Y-G-PESNNSSTT--RV-----E-----GR 217

SMM.SL..SIVsm089c2 -I---N--S--Q--S--RF--RAL..Q.DG-KRA--SRE--G---S--L-RK---CQ-NSS--L--R-H----- 213

SMM.SL..SIVsm085c1 -I---N--T--QG--S--F--RAL..Q.NGTK-T--PR--RGGN-----GK--G-Y--GS-ESFA-R-D----- 213

SMM.US..H9 K----K--K--N-----T---H-x-x-x-Nx--x-L-T--x-RN--GSESFAx-----x----- 214

SMM.US..PBj\_143 K----K--K--N-----T---H-x-x-x-Nx--x-L-T--x-RN--GSESFAx-----x----- 214

SMM.US..PBj14\_15 K----K--K--N-----T---H-----N-----L-R--RN--GSESFAE-T-----V- 214

SMM.US..PBj\_6P6 K----K--K--N-----T---H-----N-----L-R--RN--GSESFAE-T----- 214

SMM.US..PBjA K----K--K--N-----T---H-----N-----L-R--RN--GSESFAE-T----- 214

SMM.US..PBjC K----K--K--N-----T---H-----N-----L-T--RN--GSESFA----- 214

SMM.US..PBjD K----K--K--N-----T---H-----N-----L-T--RN--GSESFA----- 214

SMM.US..PBjE K----K--K--N-----T---H-----N-----L-R--RN--GSESFAE-T----- 214

SMM.US..SME543 K----K--K--N-----T---H---R-D-----GN-----RN--GSS-S-AE----- 214

SMM.US..17EC1 -----K--K--N-----T---H-----D-----N--K-----RN--GSS-S-AE----- 214

SMM.US..17EFR -----K--K--N-----T---H-----R-D-----N-----I-----RN--GSESFAE----- 214

SMM.US..F236\_H4 K----K--K--N-----T---H-----D-----N--K-----RN--GSS-S-AE----- 214

SMM.US..PGM53 K----K--K--N-----T---H-----R-D-----N-----I-----RN--GSESFAE----- 214

STM.US..STM K-----TK--N-----EH----R--TAR----G--GSI-V-T--G--H-P--S--S-E-TD----- 214

HIV-2/SIVsmm  
proteins



```

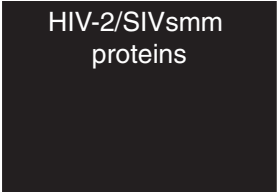
MAC.US.-.239      MSDPRERIPPGNSGEETIGEAPEWLNRTVEEINREAVNHLPRELIFQVWQRSWEYWHDEQGMSPSYVKYRYLCLIQKALFMHCKKGCRCLEGEHGAG..GWRPGPPPPPPGLA$ 112
H2A.CI.88.UC2    -T---V-----D--I-AL-----R-----L-S--T-----M--M-I-L---T---G---P-----V- 112
H2A.DE.-.BEN     -T---V-----E--I-AL-----R-----A--T-----M--I-T-F-R--T--#-G---P-#GLEDQ-----V- 112
H2A.DE.-.PEI2    -A---KTV---G--V-----A--E-M--A-----R-----DL--Q--T-----R-M-Y-M-I-V---T---G---P-----V- 111
H2A.GH.-.GH1     -T---V-----D--I-AL-----R-----D-----T-----M--V-I-F-R--T---G---P-----S-----V- 112
H2A.GM.-.ISY     -TN---T-----E---D-D--A-----R-----R--T-----M--V--F---T--R---P-----S-----V- 112
H2A.GM.87.D194   -A---V-----D--I-AL-----R-----A-----T-----M--VYI-F---T---R---P-----V- 112
H2A.GW.-.ALI     -AN---TV-----D---AL-----R-----Q--T-----M--MYT-FM---T---G---P-----S-----V- 112
H2A.GW.-.MDS     -A---TV-----EQ--A--D--A-----R-----T--T-----M--MYI-GR--T-R-----P-----V- 112
H2A.GW.86.FG     -T---TV-----E--A--D--A-----H-----R-----T--T-----M--MY--A-RDGT--G-M-QK..-GDQ-----V- 112
H2A.GW.87.CAM2CG -T---TV-----E--A--D--A-----R-----Q--T-----M--V-I-F-R--T---G---P-----V- 112
H2A.SN.-.ST      -AG---T-----D---A-----R-----I--T-----M--M-I-S-R--T---G---P-----S-----V- 112
H2A.SN.85.ROD    -T---TV-----A-----A-----R-----E--T-----I---VY--VR--T---R---P-----V- 112
H2B.JP.01.KR020  -.-.-V-----E--IT-L--V-----A---E---TI--T-----M---Y--LAR--A--R---P-----P----- 111
H2B.CI.-.EHO     -.-.-V-----V-----ET-L-HL--V-----K--A--RE---I--T-----M--M-I-FA--G--R---P-----S----- 111
H2B.CI.88.UC1    -.-.-V---D-----D--E--IT-L--V-----C-A--RE---S--T-----L-M--M-V-YT---Q---P-----S----- 111
H2B.GH.86.D205   -.-.-V---D---V---A--E--IT-L--V-----A--RE---I--T-----L-M--M-V-YT---Q---P-----S----- 111
H2G.CI.-.ABT96   -.-.-x--E--D-----E--xT---I-----R-----A--T-----L-M--M-V-----T--QK---P-----Q----- 111
H2U.FR.96.12034  -G---V-----E--V---S--E--RD--A--Q-----Q--R---E--T-----E--T-----Q---P-----S-----I- 112
H2AB.CI.-.7312A  -.-.-V---D---V---A--E--IV-L-----A--R-D---I--T-----L---M-V-FA--T--RG---P-----R----- 111
MAC.US.-.251_1A11 -.-.-V-----Q-----M----- 112
MAC.US.-.251_BK28 -.-.-V-----Q--T----- 112
MAC.US.-.MM142    -.-.-V-----Q----- 112
MAC.US.-.251_32H_PJ5 -.-.-V-----Q-----M----- 112
MAC.US.-.BK28_H824 -.-.-V-----Q--T----- 112
MAC.US.-.SMM142B -.-.-V-----Q----- 112
MNE.US.-.MNE027  -.-.-V-----Q----- 112
MNE.US.82.MNE_8  -.-.-V-----Q----- 112
SMM.-.-.PBJ_143  -xx--x-----xx--x-D--H--x---A---x---R-x---M--V--T-x-----GE----- 112
SMM.SL.92.SL92B  -T---V-----HN---AL-QT--Q-----R-C---V---Y---A---VQ-M--M-Q-FR---T-R---SQ---T----- 112
SMM.US.-.H9      -xx--x-----xx--x-D--H--x---A---x---R-x---M--V--T-x-----GE----- 112
SMM.US.-.SME543  -.-.-V-----E---G---A-----M--E--T---I-----T----- 112
SMM.US.-.PBJ_6P6 -.-.-V-----D--D---A-----R-----M--V--T-----M-----GE----- 112
SMM.US.-.PBJC    -.-.-V-----D--H---A-----R-----M--V--T-----M-----GE----- 112
SMM.US.-.PBJD    -.-.-V-----D--H---A-----R-----M--V--T-----S--M-----GE----- 112
SMM.US.-.PBJE    -.-.-V-----D--D---A-----R-----M--V--T-----M-----GE----- 112
SMM.US.-.17EC1   -.-.-V-----D--D---A-----R-----M--V--T-----M-----GE----- 112
SMM.US.-.17EFR   -.-.-V-----D--D---A-----R-----M--V--T-----M-----GE----- 112
SMM.US.-.F236_H4 -.-.-V-----K-----A-----R-----M--E--T-----V-----E-----T----- 112
SMM.US.-.PBJ14_15 -.-.-V-----D--D---A-----R-----Y--M--V--T-----M-----GE----- 112
SMM.US.-.PBJA    -.-.-V-----D--D---A-----R-----M--V--T-----M-----GE----- 112
SMM.US.-.PGM53   -.-.-V-----D--D---A-----R-----R--M--E--T-----V--R-----E-----S----- 112
STM.US.-.STM     -.-.-V-----A-E-----H---D-----R-----PG-----S-R----- 112

```



MAC.US.-.239	M. . . . .EERPPENEGPQREPWEVVEVLEELKEEALKHFDPRLLLTALGNHIYNRHGDITLEGAGELIRILQRALFMHFRGGCIHSRIGQPGGGNPLSAIPPSRSMLS	101
H2A.CI.88.UC2	- . . . . .#GRS\$-MIV\$I---\$R-----I--D-Y-----N---R---K-----S--L-V-GSR---\$TRRRRT-CP-T-TP-G-H-	81
H2A.DE.-.BEN	-TEAPT-F---DGT-R-DLGS-D-I-T-R-I-----R-----I---YV-H-----R---KT-----V--A-NR---\$TRRRRT-CP-A-TP-A-H-	104
H2A.DE.-.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-	105
H2A.GH.-.GH1	-TEAPT-F---DGT-R-LGGD-IRI-G-I-----I---Y-HS-----P--R-----V-L-A-NR---S-TRRRRT-FP-A-TP-G-Y-	105
H2A.GM.-.ISY	-TEAPA-F---DGT-P--G---I-I-R-I-----I---Y-T-----R---V---T--A-G-----R-R-----TP-N-Q-	105
H2A.GM.87.D194	-TEAPT-F---DGT-R-LGST-I-T-K-I-----C-I---Y-----R---V---V-I-A-DR-K--TRRRRA-CP-A-TP-G-H-	105
H2A.GW.-.ALI	-TEAPT-F--AGM--HQGAR---I--R-I-----R--M-I---GY-T-----R-R--NA-----A-GR--V--TR-R-----TP-N-Q-	105
H2A.GW.-.MDS	-TEAPT-L---DGT-P--G---I-I-R-IT-----RS-----R--T-----R--A-G-----TR-----TP--Q-	105
H2A.GW.86.FG	-TEAPT-L---DRT-P--G-A-I-I-R-IE---R-----RY-T-----R---A--A-G---TR-----TP-G-H-	105
H2A.GW.87.CAM2CG	-TEAPT-L---DGT-P--G---I-I-RDI-----G--A-----R-R--V---T--A-N-----TR-----TP-R-\$-	104
H2A.SN.-.ST	-TEAPT-S---DRT-P--G---I-T-R-I-\$-----IT--Y-A-----RG-----LL--A-GR---R-R-----TP-G-R-	104
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-	105
H2B.JP.01.KR020	-TEAAP-T-----D-----E--ED-----Q--R-----F-G-----IA-----L-----Q-----V---\$	101
H2B.CI.-.EHO	-AEAVP-I---DKN-----EQ--D---I-Q-----F--N-----KL--L--Q-----S	101
H2B.CI.88.UC1	-AEAAP-T-----S-----E--ED-M-I-Q---R-----F-S-----A-----K-----L--A-Q-----S	101
H2B.GH.86.D205	-AEAAP-I-----N-----E-IG-I---I-Q-----F-S-----A-----K-----L--A-Q-----S-----T---P\$	101
H2G.CI.-.ABT96	-AE...I---D-A-----I-----Y-D-----K-----L---D-RC---GNA-----T---GVF-	102
H2U.FR.96.12034	-AE...I---DGA---G---R-I-----VR-----Y-----K-----I-L---R---SSR---TTV---\$	97
H2AB.CI.-.7312A	-AEAAS-T-----D-----E--ED---I-Q---R-----F-S-----A-----K-----L-----Q-----T---EG-Q-	105
MAC.US.-.251_1A11	- . . . . . \$---G-----G-----R-----	100
MAC.US.-.251_BK28	- . . . . . N-----T---\$	97
MAC.US.-.MM142	- . . . . . K-----I--S-S-----T	101
MAC.US.-.251_32H_PJ5	- . . . . . N-----T---GV--	101
MAC.US.-.BK28_H824	- . . . . . T-----T---\$	97
MAC.US.-.SMM142B	- . . . . . K-----I--S-S-----T	101
MNE.US.-.MNE027	- . . . . . D-----Y-D-----K-----N-----S-----T	101
MNE.US.82.MNE_8	- . . . . . D-----K-----T---S-----T---R	101
SMM.SL.92.SL92B	- . . . . . HA--D-TNP-----IRD-----YV-DTY---I---I-K---K---L--H--T---R-P---GS--SA-DV--	100
SMM.US.-.F236_H4	- . . . . . A---D-A-----Y-D-----I--S-A-----S.....GV--	89
SMM.US.-.H9	- . . . . . T---D-A-----x---x---Nx---x---Y-D-----G--I---R---S--x---T--x-GV--	101
SMM.US.-.PBJA	- . . . . . T---D-A-----I---N---Y-D-----I---R---S-----T---GV--	101
SMM.US.-.PBJ_6P6	- . . . . . T---D-A-----I---N---Y-D-----I---R---S-----T---GV--	101
SMM.US.-.PBJC	- . . . . . T---D-A-----I---N---Y-D-----I---R---S-----T---DV--	101
SMM.US.-.PBJD	- . . . . . T---D-A-----I---N---Y-D-----I---R---S-----T---DV--	101
SMM.US.-.PBJE	- . . . . . T---D-A-----I---N---Y-D-----I---R---S-----T---GV--	101
SMM.-.-.PBJ_143	- . . . . . T---D-A-----x---R---Nx---x---Y-D-----I---R---S--x---T--x-GV--	101
SMM.US.-.PBJ14_15	- . . . . . T---D-A-----I---N---Y-D-----I---R---S-----T---GV--	101
SMM.US.-.SME543	- . . . . . A---D-A-----I---Y-D-----I--S-A-----SR---T---A--	101
SMM.US.-.17EC1	- . . . . . A---D-A-----Y-D-----I---S-A-----SR---T---A--	101
SMM.US.-.17EFR	- . . . . . A---D-A-----Y-D-----I---S-A-----SR---T---A--	101
SMM.US.-.PGM53	- . . . . . T---D-A-----K---V-----Y-D-----I---A-----SR---T---GV--	101
SMM.US.-.PT583	- . . . . . A---D-A-----I---Y-D-----I--S-A-----SR--x	90
SMM.US.-.PT573	- . . . . . A---D-A-----I---Y-D-----I--S-A-----SR--x	90
SMM.US.-.PT573	- . . . . . A---D-A-----I---Y-D-----I--S-A-----SR--x	90
SMM.US.-.H445	- . . . . . A---D-A-----I---Y-D-----I--S-A-----SR--x	90
SMM.US.-.445d3_2	- . . . . . A---D-A-----I---Y-D-----I--S-A-----SR--x	90
STM.US.-.STM	- . . . . . TH---D-----I-Q--R-----S---Y-D-----K-----I---R-----AT---T-GV--	101

HIV-2/SIVsmm protein alignment: VPR





HIV-2/SIVsmm proteins

Table with 3 columns: Accession ID, Protein Sequence, and Position. Includes entries like MAC.US..239, H2A.CI.88.UC2, H2A.DE..BEN, etc.



	exon \ / exon	
MAC.US..239	MSNHEREEELRKRRLRLIHLHQTNPYPTGPGTANQRRQRKRWRRRWQQLLALADRIYSFPDPPTDPLDLAIQQLQNLAIESI PDPPTNTPEALCDPTEDSRSPQD\$	107
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-	103
H2A.DE..BEN	--ERAD--G-QGK--LR-----Q---S--N-R-R-Q-LR-V---NKLCAV---S---R--H-R-T-QEL-----DL--S...DSNQGLAET-	103
H2A.DE..PEI2	-NGRAD--G-QRKQ--R-----Q-L--R--N-R-RKQH-R-V---NS--T---A-S---R--R-G-T-QEL-----L--SSESTNNQGLAETVNSLPVWVVDPRSPAGPCKDY	130
H2A.GH..GH1	-HEKADG--QE---R-----H---S--N-R-Q--LR-V---KL-T-----S---R--D-R-T-HEL-----DL--S...DSNQGLAET-	103
H2A.GM..ISY	-TERAD--GV-RK---R-----Q-L--R--N-R--E--K-I-----T---A-P--QT---G-T-OTL-----T...Q-LAETQGSPLPAVWVVDPRSPVGPREGY	119
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...DSNQGLAET-	103
H2A.GW..ALI	-TERAG--D-QRK---R-----Q-----N-R--Q-G-IV---FT---ASS---R-V-H-G-T-QDL---DL--SSESADNNQGLAET-	107
H2A.GW..MDS	-NERAD--G-QRK---R-----Q---R--N-R--Q-R-I---S--T---A-S---QT---G-T-QDL---HL--S...Q-PAAT-	100
H2A.GW.86.FG	-TERAD--G-QRK---R-----Q---S--N-R--KQ--R-I---S--T---A-S---R--H-G-T-QDL---L--SPESTNSNQ-LAEA-	107
H2A.GW.87.CAM2CG	-TERAD--G-QRK---R-----Q---S--N-R--Q-R-I---T---A-P--RT--H-E-T-QDL---HP--S...Q-LAEA-	100
H2A.SN..ST	-NERAE---RK---R-----Q---S--N-R--KQ--R-V---K-T---A-S--EQT--H-G-T-QEL-----L--SSESIDSSQ-LAEI-	107
H2A.SN.85.ROD	-NERAD--G-QRK---R-----Q---S--N-R--KQ--R-I---S--T---A-S---QT--H-G-T-QEL-----HL--S...Q-LAET-	100
H2B.CI..EHO	-NAR--.D-Q-G--L-----Q---S--N-R--KQ-GL-I-----HPL--S--EG-----R---I-KDL-N--S--T...QA-TCIPPIWDQLVPRSNPSSSQGCGRDS	121
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--T...QAFTCIPPVWDQLVPRSNPSSNEGGERDS	121
H2B.GH.86.D205	-TAR-G..D-Q-E--L-----Q---S--N-R--K--GL-I-----H--STA-AEE--N---R---TV-DL-N--P-LNQSPPT...QAPGCVPPVWDQLVPRSPSSGKGYGRNS	124
H2B.JP.01.KR020	-TTR-K..D-Q-G--LR-----Q---S--N-R--GL-I---Q-HPL--S--EE--N---K-TV-DL-T--SI-T...QT-TCIPPIWDRLVPRSNPSSDEBGCGRDS	121
H2G.CI..ABT96	---L-E-.-F-----Q---x--N-R-K-KQ--L-I-----x--ARE-----S-T-QDx--S--AV-KN...QDP-SN-	100
H2U.FR.96.12034	---P-E..GVQR-----F-----N-R--Q--L-I---K--T-----S-V-----G--QDL-E--AVV--H...Q-TSAP-	98
H2AB.CI..7312A	-TAR-K..D-Q-GI--L-----Q---S--N-R--K--GL-I-----HPL-NS-AEE-----RR---TV-DL-N--SS-TT...QAPVCVPPVWDQLVPRSPSSSGGYGRDS	121
MAC.US..251_BK28	--S-----S-----R-----K-----G-----	107
MAC.US..251_1A11	--S-----R-----K-----G-----N-----	107
MAC.US..251_32H_PJ5	--S-----R-----G-----N-----	107
MAC.US..BK28_H824	--S-----S-----R-----RG-----	107
MAC.US..MM142	-RS-TG---R-----S-S---KR--Q-----I-----N---A-	107
MAC.US..SMM142B	-RS-TG---R-----S-S---KR--Q-----I-----LRRIR---A-	107
MNE.US..MNE027	--S-AE---R-----S-----N-R--Q--F---V-----N-----V-----I--I-H---SP-----	107
MNE.US.82.MNE_8	--S-AE---R-----S-----N-R--Q-----N-----V-----I--I-H---NP-----	107
SMM.-..PBJ_143	--SN-E..-R-----xx-----R-R--xQ---I--x-----A-----G---xL-N--ASA---...LK-AAESP\$	100
SMM.SL.92.SL92B	-Q-P-E..-R-----I-----A---S--N-R--K--I-IV-----A-DI-----FDS-S-Q-L-E--TV--T...LR-QSAD\$	99
SMM.US..17EC1	-N-----R-----T-----	107
SMM.US..17EFR	-N-----R-----T-----	107
SMM.US..F236_H4	--ST-E..-R-----F-----Q-----R-R--Q--I-----V-----G---EL--N--ASA---...LN-VAKSP\$	100
SMM.US..H9	--SN-E..-R-----F-----xx-----R-R--xQ---I--x-----A-----G---xL-N--ASA---...LK-AAESP\$	100
SMM.US..PBJ14_15	T-SNGE..-R-----S--D-----R-R--Q--I-----V-----R---EL-N--ASA---...LK-AAESP\$	100
SMM.US..PBJ_6F6	--SN-E..-R-----D-----R-R--Q--I-----V-----R---EL-N--ASA---...LK-AAESP\$	100
SMM.US..PBJA	--SN-E..-R-----D-----R-R--Q--I-----V-----R---EL-N--ASA---...LK-AAESP\$	100
SMM.US..PBJC	--SN-E..-R-----F-----D-----R-R--Q--I-----V-----G---EL-N--ASA---...LK-AAESP\$	100
SMM.US..PBJD	--SN-E..-R-----F-----D-----R-R--Q--I-----V-----G---EL-N--ASA---...LK-AAESP\$	100
SMM.US..PBJE	--SN-E..-R-----D-----D-----R-R--Q--I-----V-----R---EL-N--ASA---...LK-AAESP\$	100
SMM.US..PGM53	--SSAG--R-----F-----Q-----R-R--Q--I-----A-S---V---D-SL-N---SV---...TENPRSRQD\$	104
SMM.US..SME543	--ST-E..-R-----F-----Q-----R-R--Q--I-----N-----G---DL---SA---...TLK-AAKSS\$	100
STM.US..STM	--DQ-E..-R-----QF-----Q-----N-R--Q--N-----N-----AS-----V---G-S-QDL---P-L-K...DLQDTAEN\$	99

HIV-2/SIVsmm protein alignment: REV

H2A.DE..PEI2	ERDSCERVERLVGGNGTDRQGNTCSSKKDQAGGRTCPVVRGSGINRETL\$	179
H2A.GM..ISY	KRDSYERGEELVGGSGTNRKGDTRRSSTKDQAGSRNCPVDRDRDISKETL\$	168
H2B.CI..EHO	CERGEDLVGSPQESGRRDHCNTQEDQTRG\$	150
H2B.CI.88.UC1	CEHRKSPMSESSQKDSGSNHRDPQEDQTRT\$	150
H2B.GH.86.D205	CECRRDLMGGSQESGESNHRDPQENQTRT\$	153
H2B.JP.01.KR020	YKHRKGPMGGSQKNSGNNRRDPQEDQTRTRTRPLVRDAVLQEHKGEGRNV\$	171
H2AB.CI..7312A	CEHREDLMGGSQEDGEGNHRSPQKNQGTGA\$	150

HIV-2/SIVsmm  
proteins

597



HIV-2/SIVsmm proteins

Table with columns for protein identifiers (e.g., MAC.US., H2A., H2B.), amino acid sequences, and numerical values (e.g., 126, 112, 114).







MAC.US.-.239 I . . . . TTTASTTSTTASAK . . . . VDMVNETSSCIAQDNCT.GLEQEQMISCKFNMTGLKRDKKKEYNETWYSADLVCEQGNNT . . . . GNESRCYMNHNCNTSVIQESCDKHYWDAIRFRYCAPPGYA 239

H2A.-.-.CBL21 . . . . TTMKNIS-TARPT-GI-NT . . . . ESILK-N---ST-T-A---E---ETVD-Q-----E---Q-T-----K-V---SSTS SVTS . . . . KTNWTKG---S-----T-----M-----F- 233

H2A.-.-.CBL22 . . . . TKTRRNMTIAQ-I-TT- . . . . AVVI-D-DP--KTN--- -GE-DIVN-E-D---V---QS-R-----V---S-TSNNT . . . . Q-----K-----KG-----TM-----F- 229

H2A.-.-.CBL23 . . . . NTDARN--PT-A-PRTIKP . . . . TEIS-N---RAN--S- -GE-EVNV-Q-----E---Q-----K-V---GNGT . . . . TDT-----T-----M---K-----F- 229

H2A.CI.88.UC2 . . . . NMTNATAKPTAARP--NPSY . . . . LTII--S-T-VGA-----GD-G-VN-----EQ--I-G-TD-----D-V--DST-K . . . . TNNT--R-----K-----SMK-----T----- 236

H2A.DE.-.BEN . . . . RVQGN--PNPR--SSTSRPPTSAASII . . . . N-ENNT-A- -GY-E-MQ-E---K---EQ--RR-KD--LE-V--DNMT . . . . AGT--R-----I-K-----M-----F- 233

H2A.DE.-.PEI2 . . . . NSTS-ES-NSTSEG-TV . . . . PEIL--T---TNN-S-D-GS-EVVD-R---QL--PQQ-S-----K-V--DTT-G . . . . SRK-----T-----M-----LC 225

H2A.FR.-.96151 . . . . SALPNDTTSPTN-TPSA . . . . PNIIRDN-T--REN--- -GD-D-LQ-N-S---EQ--R-N-D---G-V--T . . . . G-----I-K---R-----K-----D-K-----F- 160

H2A.FR.-.96199 . . . . TTSQN--PT-SP--T-SRNx . . . . TLEIK-GN--KGN--- -GE-E-VN-T-S---Q---TQ-R-x---K-V--T--T- . . . . T-Q-----T-----Q-----TM-----F- 149

H2A.FR.-.96201 . . . . NNATNN-A--RPTG . . . . TSE--P--RT--- -GE-EIV-Q-----E---Q-----K-V--SN-G- . . . . N-----T-----R-----F- 135

H2A.FR.-.96202 . . . . NTTNN-PAQ--AT--PGSTTE . . . . ISVI-G---AIA-S- -GE-ETVD-Y-----E---I---L-----R-V--P--E . . . . NGD-----D-----R-----M-----F- 153

H2A.FR.-.96205 . . . . TTPPSN--NA--T--TAPSN . . . . QT---N---RN-S-A- -GY-GIVQ-E---EQ---K-SD--AE-V--DKADG-NQT . . . . R-----R-----K-----M-----F- 149

H2A.FR.-.96226 . . . . GSSTTT-PGSTM-TASKAST . . . . PT-I---A-VGK--- -GD-D-VE---EQ---G-D--LR-V--DNKTGDP . . . . T-T-IR---I-K-----F- 165

H2A.FR.-.96323 . . . . NST-NN--TTTG . . . . MIEI---P-TRA--A- -GE-EIVN-Q-----E---Q-----K-V--SYKTG . . . . DGKN-----T-----K-----F- 149

H2A.FR.-.96329 . . . . SS--IT--TNST-STTT . . . . KPEI---P--RT--- -E-EIVR-Q-D---E---T-R---K-V--SNRTG . . . . NET-----T-----TM-----L----- 161

H2A.GH.-.GH1 . . . . NS-TNN-T-G-TT . . . . GMSEINET-PSYS . . . . GK-EIVN-Q-Y---E---Q-----K-V--SN-TK . . . . DGKN-----T-----K----- 224

H2A.FR.-.96324 . . . . #KEI--SDT--C-----GE-E-V-Q-----E---L-----K-V--SNRTE . . . . NETNI-----T-----SM-----FG 17

H2A.FR.-.96330 . . . . #NLI--NP--KN-S- -GD-DIMQ-N-S---R--EP-L-D---E---SNDTAG . . . . I---IRT---T-----M-----F- 97

H2A.FR.-.96203 . . . . #NLI--NP--KN-S- -GD-DIMQ-N-S---R--EP-L-D---E---SNDTAG . . . . I---IRT---T-----M-----F- 58

H2A.FR.-.96206 . . . . #NLI--NP--KN-S- -GD-DIMQ-N-S---R--EP-L-D---E---SNDTAG . . . . I---IRT---T-----M-----F- 96

H2A.GM.87.D194 . . . . NITSG--ATSPSPN . . . . ITIID-N-T--GDN--- -GK-EVVE-E---EQ--RK-DA--R-V--DKT-G- . . . . GT--R-----K-----MK-----F- 222

H2A.GM.90.CBL24 . . . . NNTA--PEGEAQ-STAATATGAMI . . . . P-VSTN--- -GD-E---E---Q---L-----K-V--DSTPGNST . . . . Q-----T-----M-----F- 234

H2A.FR.-.96325 . . . . NISTES--SPSPGS-L . . . . KPLI--SDP--KA--PR--GD-E-VN-R---Q--P-Q-----K-V--PF-T-T . . . . QT-----T-----T-----F- 230

H2A.GW.-.CAM1 . . . . TSTGN--STRARI . . . . SEEIK-N--SA--P- -KE-E-VM-Q-----E---Q-----N-V--KPNG-ST . . . . T-QT-----T-----SM---T---F- 232

H2A.GW.-.CAM3 . . . . NNTQSSNTA-E-PAK-ME . . . . INEI---P-MRT--S- -KE-E-V-Q-----E---RR-T-S--T-V--AD--SSK . . . . SNTSK-----T-----F- 234

H2A.GW.-.CAM4 . . . . KRMTGN--T-A--LLND . . . . TTL--S-T--GAN--- -E-ELME-Q-----Q--V-R---K-V--DTN-TNTNK . . . . TD-Q-T-----T-----TM-----F- 235

H2A.GW.-.CAM5 . . . . TTLSNK--S--A . . . . NLAI DNTPT--KN-T-P- -D-D-VT-H---AL--P-R---T-V--DNST . . . . QT--K-----R-----M-----F- 227

H2A.GW.-.CAM6 . . . . NSTGNV--IPS-TAATTPG . . . . MTVI---P-MRA--S- -QR-E-VE-Q-S-A-A--P-Q-----Q-V--KA-G . . . . SDQ.K-----R-----M-----F- 237

H2A.GW.-.MDS . . . . STRNTT-N#HRSHNHQ--HNHSTK#NTTIS-N-P-RA--S- -E-E-VK-Q-----QI--Q-----S-V--GEM . . . . T-Q--S-----K-----TM-----F- 243

H2A.GW.86.FG . . . . TRNM-TW-GR-DTON . . . . ITII-D-H-ARA--- -KE-E-D-Q-S---E---R-Q-T-A--K-V--DNNT . . . . SSQ-K-----T-----M-----F- 223

H2A.GW.87.CAM2CG . . . . DTTMIR--P--AK . . . . EAPISDN-P--RTN--S- -E-KIVK-H---E---Q-----S-V--DNSTDTQ . . . . T--TT-----T-----M-----F- 232

H2A.SN.-.ST . . . . NS--KN-TS-PTTTTA . . . . NTIIG-N--RT--- -GE-E-VD-Q-----E---L-----K-V--SNDTK . . . . KE.KT-----T-----TM-----F- 227

H2A.SN.85.ROD . . . . ESSTGNN--SKS---TTPTDQ . . . . EQEIS-DTP-ARA--S- -GE-ET-N-Q-----E---Q-----K-V--TN-S . . . . T-QTQ-----T-----F- 233

H2A.GM.-.ISY . . . . NASTESA-VA--PSG . . . . P-I-D-DP--QLN--S- -RE-D-VE-Q-----EL--Q-S---K-V--SD-S . . . . DRK-----T-----M-----FV 224

H2B.FR.-.97378 . . . . #---SDP--RNNS-P- -I--QH-VG-Q-----EK--Q---D--A--Q--R--G . . . . EQ-I---RT-----SL-----F- 17

H2B.FR.-.96339 . . . . #---SDP--RNNS-P- -I--QH-VG-Q-----EK--Q---D--A--Q--R--G . . . . EQ-I---RT-----SL-----F- 93

H2B.FR.-.97245 . . . . #---SDP--RNNS-P- -I--QH-VG-Q-----EK--Q---D--A--Q--R--G . . . . EQ-I---RT-----SL-----F- 6

H2B.FR.-.9644 . . . . #---SDP--RNNS-P- -I--QH-VG-Q-----EK--Q---D--A--Q--R--G . . . . EQ-I---RT-----SL-----F- 3

H2B.FR.-.96307 . . . . #---SDP--RNNS-P- -I--QH-VG-Q-----EK--Q---D--A--Q--R--G . . . . EQ-I---RT-----SL-----F- 56

H2B.FR.-.96309 . . . . #---SDP--RNNS-P- -I--QH-VG-Q-----EK--Q---D--A--Q--R--G . . . . EQ-I---RT-----SL-----F- 3

H2B.FR.-.96306 . . . . #---SDP--RNNS-P- -I--QH-VG-Q-----EK--Q---D--A--Q--R--G . . . . EQ-I---RT-----SL-----F- 5

H2B.CI.-.EHO . . . . SSASKE--S-ASLRSST . . . . QTLL--D-K-QN-S-A- -IGL-E--D-Q-K---ES-Q-KD--KQ---K-TR . . . . S--K-IKT---I-----SL-----F- 232

H2B.CI.88.UC1 . . . . NTGTN--KPT-TPITTT-PS . . . . ENLL-D--P--KN-T-P- -IGL-NIVD-Y---R--E-Q-KD--EK--E-NGN . . . . STSTI--RT-----SL-----F- 232

H2B.FR.-.96200 . . . . DQEG-KGSV-PTT . . . . GTLI--DP--KNNS-A- -GE-KIMN-Q-----R--ET-Q-D---E--E-TNRKEQSTNRTGP-T-K-IKT---T-----Y-----SL-----F- 141

H2B.FR.-.97227 . . . . TEGGNKNE-TT-ATI-PTSTAKSAEPTSNMIGG--A-G--A--M-DIVQ-R---R-ESTQ-D--AB-I--DETG-EANSS-GT-NK--IKT---T-----SL-----F- 173

H2B.FR.-.97244 . . . . NITDQEEV--TV-TTIDNSR . . . . P-EIDDSNP--KNNT-K- -GK-NLM-----R--EQ-Q-----E--E-KS . . . . K-IKT---T-----SL-----F- 162

H2B.GH.86.D205 . . . . PGNAS--T-KPTTTSRG . . . . LKTI--DP--KN-S- -GE-EIMQ-N-S---R--EL-Q-KD--E--E-NNTRKY . . . . T---IRT---TI-----SL-----FF 233

H2G.CI.-.ABT96 . . . . G---VTPATVPTTKMVT . . . . AEL--S--Q-LMY--- -IQS-S-VG-----QR-----Q-Qx--S-KS . . . . E-----R-----F- 239

H2U.FR.96.12034 . . . . A---A--T-PAMQES-K . . . . VI--EP--RNNS-S- -PLV-R-----Q--K---H-I---T . . . . SES--K-----F- 235

H2AB.CI.-.7312A . . . . NSTTA--PPS-TNNTTTTTEPTTGGPEI--FP-MRT--- -GE-E-VD-Q-----E---T-Q-S---K-V--SN-AS . . . . DGRD-----T-----F- 234

MAC.US.-.251.1A11 . . . . S . . . . T.AAPKAM-E . . . . IN-I-----VH-----G-----S----- 238

MAC.US.-.BK28.H824 . . . . S . . . . T--TTAAP . . . . E--IDMV-----N-----T-----D-----T----- 238

MAC.US.-.MM142 . . . . S . . . . T--TAKSVET . . . . R-I-----P-VVH-----P-----S-----C---D---C----- 242

MNE.US.-.MNE027 . . . . S . . . . AP-TK-TTT . . . . EIEV--N-T-VNR-----P-----R-----S-----ED----- 240

SMM.SL.92.SL92B . . . . ATTTSSP--T-PLTAASPSG . . . . EEI--D-M--TKNN--S- -I--P--G-Q-----Q-RQ-----R-----G-----NES-----Y----- 242

SMM.US.-.PBJ.143 . . . . PAPTTTQ--TTQA--PTSP . . . . ITAKV--DSDP--RSN-----P--V-----R-----R-----NS-EN . . . . ETD-K-----x----- 247

SMM.US.-.Del1aB670 . . . . V . . . . P--TVP-A-PSKET . . . . ANV--DSDP--VKNN-----P-P-V-----Q-----T--I--NT . . . . ES-K-----I-----T----- 238

STM.US.-.STM . . . . TVT . . . . TV-PT-AAAATKPEL-----VSNN-----E-SLVG-----R-----S--I---NVTGE . . . . R-----L----- 238

HIV-2/SIVsmm protein alignment: ENV

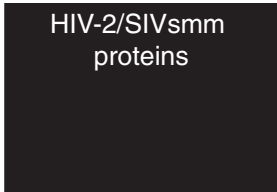
HIV-2/SIVsmm  
proteins

\*^\*^\*^\*^\* \* \*      ^^^ ^^^      ^^^      ^^^ | -      ^^^      V3 loop      -|

MAC.US.-.239	LLRCNDTNYSGFMPKCSKVVSVSSCTRMETQTSTWFGNGTRAENRTYIYWHGRDNRT.IIISLNKYNYLTMKCRPGNKTVLPVTIMSGLVFHS.QP.INDRPKQAWCWFGGKWKDAIKEVKQTIVKHP	365	
H2A.-.CBL21	-----K-----E-N-T--A-T-----I-H-K-----V-I-L--HR---.R-V--RK-M-----E--RE-MQ---L---	360	
H2A.-.CBL22	-----E-N--A-T-----M-----H--IH-K-----V-I-L--YK---.R-VL-TK-R-----Q-R--E-MQ---LA---	356	
H2A.-.CBL23	-----A-N--AAT-----IH-K-----V-I-L--R---.V-K-R-----K-E--G-MQ---E-LA---	356	
H2A.CI.88.UC2	-----A-N-P--AA-----H--H-K-----V-I-L--HR---.AV--KK-R-----K-N--G-MQ---LAG---	363	
H2A.DE.-.BEN	-----E--T--AA-----R-K-----I-L-----T-R---R-----R-RE-MQ---L-Q---	359	
H2A.DE.-.PEI2	-----E--P--AAT-----TH--H-K-----S--I-LR-R---.R-I--E-----D--K-MQ---L---	352	
H2A.FR.-.96151	-----T-E-N--AA-----H-K-----A-I-L-----K-R---R-----R-RE-MQ---R-LTR---	286	
H2A.FR.-.96199	-----E-N--A-T-----X--K-----SIH-----V-I-L-----Q-R---E--G--N-MQ---LAR---	275	
H2A.FR.-.96201	-----E--AA-----D-----AIH-K-----V-I-L-----K-R---R-----K-R-RE-ME---LT---	261	
H2A.FR.-.96202	-----E-N--A-T-----S-----IH-----V-I-L--AR---.R-VL-RK----F-E-E-RE-MQ---LA---	280	
H2A.FR.-.96205	-----E-N--AA-----K-----H--IH-K-----V-I-L--I---.K-R---R-----K-N-EG-MQ---LA---	275	
H2A.FR.-.96226	-----E-N--AT-----R-K-----I-V-I-L-----Q-R---E--N--G-MQ---LA---	291	
H2A.FR.-.96323	-----E-N--AA-----IH-K-----V-I-L-----K-R---K-Q--E-MQ---LI---	275	
H2A.FR.-.96329	I-----E-N--T-----K-----IH-K-----V-I-L-----K-R---K-R--E-MQ---L---	287	
H2A.GH.-.GH1	-----E--A-T-----K-----SIH-K-----V-I-L-----T-R---K--RE-MQ---LI---	350	
H2A.FR.-.96324	-----E-N--IA-T-----I-----TH--SLH-K-----V-I-L--FK---.S-K---K-E--E-MQ-ESKPLQSM-	144	
H2A.FR.-.96330	-----E-N--A-T--E-----IR-K-----V-I-L-----T-R---K--E-MQ---E-LA---	223	
H2A.FR.-.96203	-----E-N--ATT-----R-K-----I-I-L-----K-R---R-E-N-TE-MQ---E-LAR---	184	
H2A.FR.-.96206	-----S-N--A-T-----K-----T--H-K-----V-I-L-----K-R---K-N-TE-MQ---E-LA---	222	
H2A.GM.87.D194	-----E--AA-----H-K-----V-I-L--RR---.R-VY-KK-G-----Q-N-IE-MR---LA---	349	
H2A.GM.90.CBL24	-----E-N-T--ATT-----S-----IH-K-----V-I-L-----N-R---K--E-MQ---LA---	360	
H2A.FR.-.96325	.#-----E-N--AAT-----V--F-----H--H-K-----V-I-L-----K-R---K-E-RE-MR---E-Lax---	124	
H2A.GW.-.ALI	-----D-I--A-N--AAT-----H--H-K-----V-I-L--I---.K-R---K-E-RK-MQ---E-L---	356	
H2A.GW.-.CAM1	-----E-N--IATT-----S-S-----VH-----V-I-L-----R-R---K-N-TE-MQ---L---	358	
H2A.GW.-.CAM3	-----D--E-N--ATT-----SLH-K-----V-I-L-----T-R---K--E-MQ---E-LA---	360	
H2A.GW.-.CAM4	I-----D--K-N--AA-----K-----K-----TH--SVH-K-----V-I-L-----M-R---K-E--G-M--LLE---	361	
H2A.GW.-.CAM5	-----T-A-N--AA-----NIK-----V--S-F--H-K-----V-I-L-----K-R---K-N-RE-ME--V---	353	
H2A.GW.-.CAM6	-----E-N--ATT-----S-----LH-K-----V-I-L-----R---K-Q-RE-ME---LKE---	363	
H2A.GW.-.MDS	-----Q-N--A-T-----K-----AS--SLH-K-----V-I-L-----R-R---K-N-RR-MQ---E-I---	369	
H2A.GW.86.FG	-----A-N--AAT-----H-K-----NF-----H-K-----I-F--FK---.V-KK-R-----E-Q--E-MQ---E-LA---	350	
H2A.GW.87.CAM2CG	I-----K--A-N--A-T-----K-----H--S-Y-----V-I-L--QR---.R-I--K-R---K-N-TE-MQ---LAE---	359	
H2A.SN.-.ST	-----E-N--AAT-----F-----VH-K-----V-I-L-----R-R---K-E--E-M--L-LA---	353	
H2A.SN.85.ROD	-----A-N--A-T-----SLH-K-----I-KQIML--H--HY---.K-R---K--MQ---E-LA---	361	
H2A.GM.-.ISY	-----E-N--A-T-----P--L-----IL--E--V-I-L--RR---.KI--KK-R---R-K-E-RE-MQ---L---	351	
H2B.FR.-.97378	-----S-----HN--IA-----I-----ERSRV-----H--IH-K-----K--A--L---.T-----N-TE-----ID---	144	
H2B.FR.-.96339	-----N--A-----K-RSRI-----H--H-K-----K-I--A--L---.T-R-----N-TE--R--IN---	220	
H2B.FR.-.97245	M-----N-----L-----SKS-----TH--KIR-----V-I-----K-R---Q-N-TE--Q--E--KR---	132	
H2B.FR.-.9644	V-----N-----M-----Y-----V-I--N---.L-T-R-----E-D-RG--E--E--M---	129	
H2B.FR.-.96307	-----SN-----NK-----H--Y-----V-I-V-----T-R---E-D-RG--Q--E--KN---	182	
H2B.FR.-.96309	CSA-----N-----A-----S-----TH--IN-----A-I--I---.R-R---R-----N-TG-----E-I---	129	
H2B.FR.-.96306	-----N-----L-----PK-----K--IR-----I-V-----E-R---R-N-T--O--E--AN-S---	131	
H2B.CI.-.EHO	-----K-----N-----LY-----K-----S-----H-K-----M-V-IRTV--IL---.K-----K-N-TE--Q--E--KN---	357	
H2B.CI.88.UC1	H2B.FR.-.96200	-----N-----AA-----A-S-----T--M--SK-----H-----I-I--N---.L-T-R---K-N-IE--R--E-I---	358
H2B.FR.-.97227	-----S-----N--A-----L-----K-----T--SIH-K-----V-I-V--I---.T-R---K-N-TE--E--I---	267	
H2B.FR.-.97244	-----N-----A-----S-----IR-----V-I-V--I---.K-R---K-N-TE--R--E--IN---	299	
H2B.GH.86.D205	-----N-----A-----S-----K-----TF--SIY-K-----V-I-V--I---.K-R---K-N-TE--Q--E--I---	288	
H2G.CI.-.ABT96	-----N-----A-----S-----E-K-----T--SIH-K-----V-IRTV--L---.K-R---K-N-TE--R--I---	359	
H2G.CI.-.ABT96	-----A-N--T-----Ix-----I-----E-R---E-MQ---E-V---	365	
H2U.FR.96.12034	-----N-----T--RG-----S-----Y-----A--NN-----N--G--Q--E--AN---	361	
H2AB.CI.-.7312A	-----N-----M--SK-----IH-K-----V-I-L---.K-R---K-E-RE-MQ---LI---	360	
MAC.US.-.251.1A11	-----N-----I-----Q-----R-----N-----E-----M-----	364	
MAC.US.-.BK28.H824	-----N-----R-----H-----A-----V-E-----R--N--E-----	364	
MAC.US.-.MM142	-----N-----R-----H-----A-----V-E-----R--N--E-----	368	
MNE.US.-.MNE027	-----K-----N-----SK-----N-----E-----R-E-N--E-----	366	
SMM.SL.92.SL92B	-----A-N--GS-----I-----E-R---RE-MQ---K---	368	
SMM.US.-.PBJ.143	-----A-N-T--x-S-----x--R-----E-----E--R--xxL---	373	
SMM.US.-.DeltaB670	-----A-N--F-----IR-----A-----S-----F-----I-----E-N---E-S-K-Q---E---	364	
STM.US.-.STM	-----T--A-N-----S-----S-----E-----E-RG---E-L---	364	



MAC.US.-.239	RYTG.TNNTD.KINLTAP.GGG.DPEVTFMWTNCRGEFLYCKMWNFLNWVEDRNTAN.....QKPKHQHKRNYPVCHIRQIINTWHK.VGKNVYLPPREGDLTCNSTVTSLIANIDW...IDGNQTNIT	481
H2A.-.CBL21	--R.-.K-E.N-TFAG-.E-S---AY-----N-T-----NTTNOT.....QH-----L-S-----I-----TY---D-	469
H2A.-.CBL22	--K.-.E.S-TF---R-S---Y-----N-T-----NKTGQT.....Q-----K-----E-S-----IL-----VN---	465
H2A.-.CBL23	--K.-.E-K.N-F---K-S---AY-----N-T-----I-NKT.....H-----E-----I-----AN--N-D-	462
H2A.CI.88.UC2	--K.-.D-S---FVK-.V-S---Y-----F-N-T-----N-TSQK.....Q--A-----QY-----E-----I-----T---	472
H2A.DE..BEN	--K.-I-D-G---F-K-.A-S---A-----N-T-----K-QT.....R-----K-----E-A-E-----I-----ID..KNRTH---	467
H2A.DE..PEI2	--R.-.D-Q---F-QP-K-S-A-VY-----N-TR---I-N-AHP.....Q--A-----R---Q-I-----E-V-----I-----M...FD---S-	460
H2A.FR..96151	--R.-.D-Q---F-KH-.K-S---MY-----N-T-----N-TNQT.....QH--A-----V-----R-----E-----I-----L-D-----	396
H2A.FR..96199	--R.-.D-G.N-F---RSS---AY---K-----N-T-----ANQT.....Q-----K-----E-V-----I-----I...DTQ---	385
H2A.FR..96201	--K.-.D-K.N-TFAK-.R-S---AY-----N-T-----NTSQP.....RH--A-----K-----Q-----I-----V...RD---	369
H2A.FR..96202	--K.-.D---F-K-.A-S---EY-----N-T-----NKTNPPT.....QH--A-----K-----R---H-----E-I---S---I---V-I...I---	389
H2A.FR..96205	--K.-.D-S---FAK-.V-S---Y-----N-T-----I-NKTGI.....Q--A-----K-----E---D-----I-----AD..TNAT---	385
H2A.FR..96226	KHK-.A--AE.T-KFRE-.RNS---AY-----F-N-T---I-N-TKP.....Q--A-----K-----Y-----E-----I-----ETN..STE-R---	401
H2A.FR..96323	--K.-.H-F-K-.R-S---AY-----N-T-----N-PNQT.....QH--A-----K-----E-----S---I-----ETN..STE-R---	384
H2A.FR..96329	--R.-.D-A---DF-K-.A-S---AY-----N-T-----N-TGP.....QH--A-----K-----Q-----I-----EVN.VNNT-R-S---	398
H2A.GH..GH1	--K.-.D-K.N-F-K-.R-S---AY-----N-T-----N-PNQT.....QH--A-----K-----Q-----I-----V...NS---	459
H2A.FR..96324	--R.-.E-N---F---R-S---AYL-----N-T-----I-ENQT.....R--A-----K-----R-----E-V-----T...DANQT---	255
H2A.FR..96330	--K.-.K-E.N-TF---K-S---AY-----F-N-T-----N-TNQT.....RH-----K-----E---T-----I-----A...QE---	332
H2A.FR..96203	--K.-.D-K.N-SF---K-S---AY-----N-T-----I-N-T.....L--A-----V-----E-----I-----M...TV---	291
H2A.FR..96206	--K.-.D-S.R-F-K-.I-S---AY-----N-T-----NKTGTK.....RN--A-R-K-----N-----E-----M---YV..NEST-R---	332
H2A.GM.87.D194	--G.-.D-G---F-K-.I-S---Y-----N-T-----NKTNT.....HG--A-----T-----E-----I-----S...---	458
H2A.GM.90.CBL24	--K.-.D-S---FIG-.K-S---AY-----F-N-T---N-TNQT.....WH-----K-----E-S-----I-----V...KN---	469
H2A.FR..96325	--KR.I-G-x.N-KFAK-.S-S---AY-----N-T-----N-TNQT.....QH--A-----K-----E-----I-----V...GN-x---	233
H2A.GW..ALI	--K.-.D-N.Q-F-K-.R-S-A-VY-----H-N-T---NKTGOE.....QH--A-----K---I---A-----E-----T...---	465
H2A.GW..CAM1	--R.-.D-G.N-F---K-S---AY-----F-N-T---NKTGE.....H-----K-----E-----I-----TDM..N-TE---	468
H2A.GW..CAM3	--K.-.D-K---FA-.R-S---AY-----N-T-----N-TEMRT.....WH-----K-----E-----I-----V...EA---	470
H2A.GW..CAM4	--K-.AT-IN.N-R-AE-.K-S---AY-----N-T-----N-TGGP.....QH--A-----K---A---E-R-----E-V-----M...RNSD---	470
H2A.GW..CAM5	--R-.EP-KT.V-FI-.K-S---AY-----F-N-T---NKTGOE.....QH--A-----K---A---E-R-----E-I-----I-----ETNM..HKT---	463
H2A.GW..CAM6	--KK.F-V-N.N-TPE-.R-S---AY-----N-T-----N-TNQT.....Q-----K-----R-----E-----I-----NVD...NQTS---	472
H2A.GW..MDS	--K.-.S-IT.N-TF---K-S---AY-----N-T-----N-TDKP.....WH-----K-----R-----E-V-----I-----D...KD---	478
H2A.GW.86.FG	--K-.NRSRTEN-KFK-.R-S---Y-----S-N-T---N-TGQK.....Q--A-R-----R---L-----E-----I-----A-D---	459
H2A.GW.87.CAM2CG	--K.-.K-IT.D-TFK-.ER-S---Y-S---F-N-T---NKPNTT.....Q--A-----R-----L-----E-----I-----E...R-NQT---	469
H2A.SN..ST	--K.-.D-E---RFI---ERS---AY-----N-T-----N-TNQT.....QH-----K-----Q-----I-----G...GE---	462
H2A.SN.85.ROD	--R.-.D-R.N-SFA-.K-S---AY-----N-T-----I-NKT.....H--A-----K-----R-----E-S-----I-----QMN---	468
H2A.GM..ISY	--K.-.D-N---F---EKDS---AY-----N-T-----NKTGO.....QH-----E-----E-S-E-----I-----V...DGD-R---	460
H2B.FR..97378	--D-.R-IT.N-TI---T---A-KY-----N-IK---I-NK-TE.....K---T-Q-----E-S-V-N---L-----SNET-K-Q---	254
H2B.FR..96339	--N-.K-IT.D-I---T---KY-----N-TK---ID---TD.....K---T-Q---V-----H---L---EFS---FL---E---GNSTE-G-Q-V	331
H2B.FR..97245	--S-S.N---GH.SK-S-I-H-----N-T-----N-TGTT.....R-D---K-V-----RY-----T-N-----E...SDKD-Y-K-R	243
H2B.FR..9644	--HK-.SK-IT.Q-K-AK-.SA-S---RY-----F-S-T---F---N-TGTO.....A---K-V-----T-S-----V...NQTD-A-S-A	239
H2B.FR..96307	--K-IT.E-K-AR-.SA-S---K-----F-S-T---N-TGVO.....K--A---K-----T-S-----Y-N-E---	291
H2B.FR..96309	--D-T-.K-VS-HTK-S-Q-AY-----F-N-T---H-I-N-T---I-----#-R-I-#---N-----Y...NE-T---S	237
H2B.FR..96306	--K-IT.N-K-AEH.SK-S---RY-----N-T-----N-TNPT.....Q-----K-V-----I-D---M---V...D-NTT---	241
H2B.CI..EHO	--S-.T-IS.Q-R-AEH.ARSS---RY-----N-TF---N-TGL.....AS---V-----I-R-----E-S-----K-L---	466
H2B.CI.88.UC1	--K.-.E-R-R-VG-.SA-S---RH-----F-N-T---N-TGTT.....QK--T---K-V-----Y-----T-S---S-----VYYDGNMTR---	471
H2B.FR..96200	--K.-.A-N-S-VSEHAR-S-AAY-----N-T-----GKTNKT.....R-----I-----E-S-----D-NA...GD-A---S	377
H2B.FR..97227	--P-.E-N-S-AEH.SV-S---RY-----N-T-----YN-AG.....V--D---P-V-----N-----E---T-D---A...NDTA---	407
H2B.FR..97244	--K-GATDIA.N-S-VS-H-K-S-AAY-----F-N-T---N-TNPT.....Q--A---K-----T-I-----E-I-----I-----S...A-A---S	399
H2B.GH.86.D205	--K-GAK-IT.SVK-VSEH-K-S---T-Y-----N-T-----NKTNTT.....R--A-----I-----E-S-----NS...NST---S	470
H2G.CI..ABT96	S-K-.D-K.x-TF-T-.E-S---K-----T---I---MTL.....L--Q-RQR-----EE..NRSN-H---I	483
H2U.FR.96.12034	--H-.K-IS.Q---AE-.A---S-K-----T---N-SMEG.....TSR-R-----V-----R-----M---NK---S	477
H2AB.CI..7312A	--K.-.D-R.N-TF-K-.T-S---AY-----N-T-----N-TGQT.....QH--A-----K-----Q-----V...DVG-N-R---	471
MAC.US.-.251.1A11	-----VT-----RS-G-----I-----T-----	480
MAC.US.-.BK28.H824	-----S-----R-----SLTT.....R-----N---T---S---	480
MAC.US.-.MM142	-----K-LTG...TT---Q-----	484
MNE.US.-.MNE027	-----D-R-----SSPRW.TT-TK-----R-----N-E---	484
SMM.SL.92.SL92B	--K.-.xxx.Q-K-----xIKNGS.RW.TS-NQ---RYQK-----x-----x-----E-----N-K---	489
SMM.US.-.PBJ.143	-----DAE.R-----R-----INGSIW.KL-DKR-R-----x-----x-----E-----N-K---	493
SMM.US.-.DeltaB670	-----D-A.-RIV-----I-N-S-SEMRDW.NKNK---Q-----V-----Q-----I-----TNN-E---	485





HIV-2/SIVsmm  
proteins

Accession	Protein	Residue
MAC.US.-.239	gp120 \ / gp41 TM	609
H2A.-..CBL21	F-----S-----SSAP.G-----P-----T--A-----S-----M-----A-----S-	596
H2A.-..CBL22	F-----TE---SSTP.M-----M-----S-----M-----A-----S-----S-	592
H2A.-..CBL23	F-----AE---SSTP.M-----M-----S-----M-----A-----S-----S-	589
H2A.CI.88.UC2	F-----I-----F--SE--SSAP.A-----L-----S-----I-----A-----S-----S-	599
H2A.DE.-.BEN	F-----I-----F--QR--SSTP.V-----R-----S-----M-----A-----H---S-	594
H2A.DE.-.PEI2	F-----SE---SSAP.Q-----V-----S-----HPGLYW-----M-----R---R--S-	587
H2A.FR.-.96151	F--D-----I-----F--Q---SSAP.V-----I-----S-----M-----A-----R---R--S-	523
H2A.FR.-.96199	F-----SE---SSTP.V-S-----S-----M-----A-----S-----S-	512
H2A.FR.-.96201	F-----I-----F--KE---SSTP.V-----S-----M-----A-----S-----S-	496
H2A.FR.-.96202	F-----I-V---F--SQ---SSAPAHG-----T-----S-----M-----A-----S-----S-	518
H2A.FR.-.96205	F-----I-----F--ER---SSAP.G-----S-----M-----A-----S-----S-	512
H2A.FR.-.96226	F-----AO---SSAP.A-----S-----M-----A-----S-----S-	528
H2A.FR.-.96323	F-----KN-----I-----F--NE---SSAP.V-S-----S-----M-----A-----S-----S-	511
H2A.FR.-.96329	F-----I-V---F--PE---SSTP.G-----T-----S-----M-----A-----S-----S-	525
H2A.GH.-.GH1	F-----I-V---F--RE---SSAP.V-----S-----M-----A-----S-----S-	586
H2A.FR.-.96324	F-----SQ---SSTP.G-K---L-----S-----M-----A-----L---S-	382
H2A.FR.-.96330	F-----I-V---F--SE---SSAP.G-----T--A---T-----S-----M-----A-----S-----S-	459
H2A.FR.-.96203	F-----I-----F--AQ---SSTP.R-HT-----T-----S-----M-----A-----S-----S-	418
H2A.FR.-.96206	F-----I-----F--SE---SSAP.P-H---M-----TV-----S-----M-----A-----S-----S-	459
H2A.GM.87.D194	F-----I-V---PF--KE---SSAP.V-----G-----S-----M-----A-----S-----S-	585
H2A.GM.90.CBL24	F-----SEQ---LSSP.K-----T--A---S-----M-----A-----R---S-	596
H2A.FR.-.96325	F-----I-V---F--SE---SSAM.G-----T--A---S-----M-----A-----S-----S-	360
H2A.GW.-.ALI	F-----SER---SSTP.R-----T-A---S-----M-----A-----R---S-	592
H2A.GW.-.CAM1	F-----TE---SSAH.G-Q-----T--V---T---S-----M-----A-----L---S-	595
H2A.GW.-.CAM3	F-----SE---SSAH.K-HT-----S-----M-----A-----S-----S-	597
H2A.GW.-.CAM4	F-----I-V---F--Q---SPAP.T-S-----A-T---T---S-----E---M-----A-----S-----S-	597
H2A.GW.-.CAM5	F-----D-K-----I-V---F--SE---SSAP.G-----R-----S-----M-----A-----R---S-	590
H2A.GW.-.CAM6	F-----G-----F--EQ---SSDH.G-Q-----T--A---S-----M-----A-----S-----S-	599
H2A.GW.-.MDS	F--D-----F--PE---SSAH.G-H-----T--A---S-----M-----A-----S-----S-	605
H2A.GW.86.FG	F--A-----F--S---SSAH.Q-HT-----S-----M-----A-----S-----S-	586
H2A.GW.87.CAM2CG	F--D-----F--SQ---SPAH.G-P---A-----T--V---T---S-----I---A-----S-----S-	596
H2A.SN.-.ST	F-----I-V---F--P---SSAP.V-----T--A---S-----M-----A-----S-----S-	589
H2A.SN.85.ROD	F-----F--KE---SSAH.G-HT-----VS-----M-----A-----Q---R---S-	595
H2A.GM.-.ISY	F-----V---F--AE---SSAP.G-H---L-----T--A---S-----FR-----M-----A-----R---S-	587
H2B.FR.-.97378	PG---D-----K---F--E---SVK.P-----L-----M-----T---S-----L---S-	381
H2B.FR.-.96339	PG-D-N-----R---F--EIR---SVK.P-----L-----M-----T---S-----I---PTL-SS-	458
H2B.FR.-.97245	--G--S-M-----M-----F--I---SSVT.P-----L-----M-----T---S-----L---S-	370
H2B.FR.-.9644	---G-----F--I---SSAT.P-----M-----S-----x-A-----L---S-	366
H2B.FR.-.96307	---G-----F--I---SSAT.P-----M-----M-----S-----L---S-	418
H2B.FR.-.96309	V---S-----F-----SSAK.P-----L-----M-----S-----A-----S-----S-	364
H2B.FR.-.96306	---S-----F--I---SSAT.P-----M-----#-M-----S-----#-----L---S-	367
H2B.CI.-.EHO	V---S---K-----F--SI---SSVT.P-----L-----S-----V-----A-----S-----S-	593
H2B.CI.88.UC1	---G-----F--EI---SSTT.P-----M-----L---M-----T---S-----L---S-	598
H2B.FR.-.96200	V---S-----F--S---SSEK.P-----M-----M-----T---S-----L---S-	504
H2B.FR.-.97227	---S-----F--I---SSVT.P-----L-----M-----T---S-----L---S-	534
H2B.FR.-.97244	V---S-----F--E-R-SSAK.P-----L-----M-----S-----S-----S-	526
H2B.GH.86.D205	V---S-----F-----R-SSVK.P-----M-----M-----T---S-----PV-----A-----S-	597
H2G.CI.-.ABT96	F-----F--N---SSVT.PK-----M-----T---S-----M-----R---S-	610
H2U.FR.96.12034	-----R---F--P---SSVT.P-----S-----M-----S-----S-----	604
H2AB.CI.-.7312A	F-----I-V---F--SE---SSTP.G-H-----T--A---S-----M-----A-----S-	598
MAC.US.-.251.1A11	-----N-R-----L-----	608
MAC.US.-.BK28.H824	-----N-----V-----S-----	608
MAC.US.-.MM142	-----N-----V-----S-----	612
MNE.US.-.MNE027	-----N-----P-----	612
SMM.SL.92.SL92B	-----M--H-----ST..-K-----	616
SMM.US.-.PBJ.143	SMM.US.-.PBJ.143-----F--S---T-A-----S-----xx-S-	621
SMM.US.-.DeltaB670	SMM.US.-.DeltaB670-----F--N-R---T-A-----S-----S-----S-	613
STM.US.-.STM	A-----N-----ST..-T-----T-----	612



HIV-2/SIVsmm protein alignment: ENV

MAC.US.-.239	* GCAFRQVCHTTVPW...PNSASLTPKWNNETWQEWERKVFLEENITALEEAAIQQEKNMYELQKLNWDVFGNWFPLASWIKYIQYGVYIVGVVILLRIVIVQMLAKLRQGYRPFVSSPPSYFOQT	735
H2A.-.-.CBL21	---V-DT-Q-D--M--K--QQIRY--A--STS--Q-----T--R-----I-A--I--V---SRF-K-----P--A-L--V	722
H2A.-.-.CBL22	---V-D--R-D-M---QQIRY--A--SGQ--Q-----T-----F--I--VA-----V---SR--K-----G-V--I	718
H2A.-.-.CBL23	---V-DT--E--M---G-IRD--A--SQQ--Q-----T-----II-IVV-----SR--K-----G-L--I	715
H2A.CI.88.UC2	---T-----V-D--R--M---KQ-RY--A--SQS-----T-----I-A--A--V--L-SRF-K-----G-L--I	725
H2A.DE.-.BEN	---V-D--S-D-K-M---KQ-RY--A--SQS-----IL-----T--V-----H---I-A--A--V--L-SRF-K-----G-L--I	720
H2A.DE.-.PEI2	---Y---L---E-N-IV-D--M---QQTRD--A--SRS--Q-----T-----VII-I-A-----V--L-SR--K-----G-I--I	713
H2A.FR.-.96151	---EYKNY---D-M---KQ-N--A--SEK--Q-----N--I-S--E-T-----I-I-A--A--V---SRF-K-----F--G-L--I	649
H2A.FR.-.96199	---V-D---D-D-M---QR-RY--A--STR-----V---SR--R-----F--G-I--I	638
H2A.FR.-.96201	---G-E--D--M---KQIRY--A--SQN--Q-----I-----T-----I--IVA--A--L-SR--K-----G-R--I	622
H2A.FR.-.96202	---V-D--A--D-M---Q--EQIRY--A--SES--Q-----V-----IVV-----V---SR--R-----G-L--I	644
H2A.FR.-.96205	---V-E--K-D-D-M---KR-RY--A--SQD-QG---G---G---D--I-----T-----A-I-A--A-----SR--K-----G-L--I	638
H2A.FR.-.96226	---V-D--Q-D--M---KQ-RY--A--SQS--Q-----T-----H---V---A--V---ISR--K-----G--I	654
H2A.FR.-.96323	---V-D--K-D--M---Q-RY--A--SQQ--Q-----T--R-----I--IVV-----V---SR--K-----G-L--I	636
H2A.FR.-.96329	---V-D--K-D--M---Q--EQIRY--A--SVS--Q-----S-----I-A-KV--V---SR--R-----G--I	651
H2A.GH.-.GH1	---V-D--S-D--M---KQ-RY--A--SQS--Q-----T-----V--A-----L-SR--K-----G-L--I	712
H2A.FR.-.96324	---V-S--A-D--M---QQ-H--A--SV--Q-----S-----T--V-----T-A-----NR--K-----G-I--I	508
H2A.FR.-.96330	---V-DT--D--M---K-QLIRH--A--SES--Q-----T-----R---A-I-VF--V--V---SR--K-----G--I	585
H2A.FR.-.96203	---I-D--D-Q-M---E--RY--A--SQS--Q-----T--V-----L-IVI--A-----SR--K-----F--G-V--I	544
H2A.FR.-.96206	---S-----V-D--N-E-M---E--RY--A--SQK-----M--E--Q---Y-----I--VF--A--VI---SR--K-----G-V--I	585
H2A.GM.87.D194	---V-D--D--M---KR-HY--A--SQS--Q-----T-----I--G--A--L-SR--K-----G-L--I	711
H2A.GM.90.CBL24	---V-D--Q-D--M---Q--HQ-RY--A--SE--Q-----VII-I-A-----IV-V---SR--K-----G-L--I	722
H2A.FR.-.96325	---VG.NN--D--M---Q--QQIHY--A--SE--Q-----T-----I--A-----V---SR--R-----F--G-L--I	485
H2A.GW.-.ALI	---V-N--K-D-D-M---QQ-RY--A--SEQ--R-----T-----T--L-TA-V-----I--IVA--V---SR--K-----G-I--I	718
H2A.GW.-.CAM1	---V-D--D--M---Q--RY--A--SQS--Q-----R-----T-----I--V-----SR--K-----G-I--I	721
H2A.GW.-.CAM3	---V-D--D--M---Q--HY--A--SEM--Q-----I-----T--R-----I--V--A--VI---SRF-K-----G-I--I	723
H2A.GW.-.CAM4	---V-----V-D--N--M---LRTRY-DA-SQ--Q-----S-----T--R-----IVV-----ISR--K-----G-L--I	723
H2A.GW.-.CAM5	---T-D--D--M---H-IRD--A--SDS--Q-----S-----T--R-----F-II-VA-----V---SR--K-----G-I--I	716
H2A.GW.-.CAM6	---V-D--D--M---Q--RY--A--SQS--Q-----Q-----T--L-V---C-A-I-V---V---SR--K-----G-I--I	725
H2A.GW.-.MDS	---V-S--E-D-E-M---Q--RY--A--SQK-----Q-----I-----I--V-----V---SR--K-----G-I--I	731
H2A.GW.86.FG	---S-----V-DT--D--M---Q--RY--A--SQS--Q-----T--L-FT-VR-----V---SR--K-----G-I--I	712
H2A.GW.87.CAM2CG	---A-E--D--M---Q--RY--A--SQS--Q-----L-----N-----T--S-----I--V-----V---SR--K-----S-G-I--I	722
H2A.SN.-.ST	---V-DT--D--M---QRIRN--A--SES--Q-----I-----I--V-----V---SR--K-----A--I	715
H2A.SN.85.ROD	---V-D--A-D-D-M---KQ-RY--A--SKS--Q-----I-----T--V-----L-I-A--A-----V---SR--K-----G-I--I	721
H2A.GM.-.ISY	---V-DT--E--M---H-IR--A--SES--Q-----I-----T-----M---IVA-----V---SR--K-----G-I--I	713
H2B.FR.-.97378	---S-----I---KT-K-D-Q-M---Q--QM-EG-DA--KA-----Q--N-----I-----FT--R--YI-L-V-S-I-V-----L----K-----A--I	507
H2B.FR.-.96339	---S-----NT-K-D-Q-M---Q--KM-ES-DA--QA-----Q--N-----N--I-S--FT--G--YI-L-V--I--V-----L----K-----AR--I	584
H2B.FR.-.97245	---ET--D--M---Q--Q--NY-DA--Q-----Q-----FT--MA--RL-L-V-A-L-V-----I---Rx-K-----x-N--I	496
H2B.FR.-.9644	---ET-L-D--M---R-NY-DA--Q-----N--I-N-----T--R--HL-L-V--L-V-----VI---R--K-----T--I	492
H2B.FR.-.96307	---ET-L-Q-E-M---K--QR-H--DA--HM-----N-----I-----T-----HL-L-V-A--V--A--VI---R--K-----T--I	544
H2B.FR.-.96309	---D--E--M---K--N--A--D--Q-----Q--K-----N--I-S--T--E--RL-LC-A-L-V-----V---R--K-----T--I	490
H2B.FR.-.96306	---D--D--M---Q--Q--NY-DA--Q--N-----FT--G--RL-L-V-A-L-V-----I---R--K-----A--I	493
H2B.CI.-.EHO	---V-E--K-D--M---Q--Q--R--DA--K-----R-----Q--I-S--FT--MA--RL-L--I-IVV--A--I---R--K-----T--I	719
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--I	724
H2B.FR.-.96200	---DTFK--D--M---Q--KQ-N--DA-----I-----T-----HL-L-V-A-L-V-----V-----E--K-----T--I	630
H2B.FR.-.97227	Q-----DTFM--R-D-M---KQ-N--DA--KS-----Q-----FT--MV--RL-L-V-A-L-V-----I---R--K-----T--I	660
H2B.FR.-.97244	---DTI-----M---Q--KE-N--A-----T-----HL-L-V-A-L-V-----V-----R--K-----F--T--I	652
H2B.GH.86.D205	---ET--N--M---Q--KQ-H--DA-----I-----T-----HL-L--A-LVV---V-----R--K-----T--I	723
H2G.CI.-.ABT96	---DALGA-KT-E-Q--M---KQIN--D--R-----T--V--VYL-L-V-A--V--V--I-GR-----x-----V--I	740
H2U.FR.96.12034	---I-DT--N-D-M---E--NY-----Q--A-----N--I-----T--V--VYL-L-V-A-I-I-----V--L-GS--K-----H---VE-I	730
H2AB.CI.-.7312A	---V-D---D-D-M---Q--KQIRD--A--SES--Q-----V-----IVA--VI--V---IGR--R-----G---I	724
MAC.US.-.251.1A11	-----D-T-----R-----I-V-----P-----S-	733
MAC.US.-.BK28.H824	-----D-----A-----T-----I-I-----R-----S-	734
MAC.US.-.MM142	-----N-----R-----	737
MNE.US.-.MNE027	-----N-----R-----	738
SMM.SL.92.SL92B	---L-----D--V-D--M---K--E--A--QM---RL-----T--VR-----FL-I-IV-----V---SR-----H--I	742
SMM.US.-.PBJ.143	---x-----DT--x--Mx---KQ-N--A--xx-----x-----xx-xx--x--Tx-----L--L--G-----V---R-----AxVx--I	747
SMM.US.-.DeltaB670	---DT--V-D--M---K--S--A--QM---V-----I-----T--R-----L--L--VG-----V---R-----A--V--I	739
STM.US.-.STM	---D--V-D--M---A--Q-----V-----T--VR-----L-I-LVM--VA--M-L--R--K-----CR--I	738

HIV-2/SIVsmm proteins



HIV-2/SIVsmm proteins

MAC.US..239	HIQQDPALPTREGKERDGGEGGNSSWPQWIEYIHFLIRQLIRLLTWLFSNCRITLLSRVYQILQPIQLRSLATLQRIREVLRTLTLYQYG..WSYFHEAVQAVVRSATETLAGAWGLWETLRRGRWI	863
H2A...CBL21	--HKHRGQ-PS-ET-E-V-DSV-D---\$P-A-----L-----IG-YNI---I-KSF-T---S-G-QRA-TA--DW-PGAA-----CE-I..Q-L-FA-ATR---TSV-RNFCG-MGQI--G-	849
H2A...CBL22	--HK-WEQ-D--T-E-V-DNA-S---\$P-R-----V-----Y-S-D---SFL--A-.....DW-LKAA-----CE-I..Q-FR-FAKPTR-----R---GG-G-I--E-	834
H2A...CBL23	--HK-WEQ-A-ET-E-V-NNV-D-L\$-P-R-----H-----G-YNI-N---ISLT-R-VF-S-QRA-TA--DW--DAA-----CE-I..QG-F-FA-ATR---T-R---GA-Q-I--G-	842
H2A.CI.88.UC2	--HT-RGQ-AN-ET-G-A-DAS-YDF--P-N-QL--HL-T---G-Y-I-D---ANSPTRRRL-S-N.....TA-DW-LKAA-----CE-I..Q-F-IA-T-R-----RG-CKAVQ-I--G-	849
H2A.DE...BEN	--HK-RGQ-AN--T-E-V-GDS-YDL--P-N-VQ---HL-T---IG-YNI-D---KNSPTRRRL-S-S.....TA-DW-LKAAQ-----CE-I..Q-F-FA-TTR-----W---AA-I--G-	844
H2A.DE...PEI2	--HK-WEQ-D--ETDE-A-NSI-D---P-A-----G-Y-V-KD---SFPT-L-F-S-QRA-TT--DW-LTIA-----CE-I..Q-VL-VLA-TTR---S-R---GAMG-I--G-	841
H2A.FR...96151	--HT-RGQ-AN--T-G-AED-S-YDL---PL#--S	683
H2A.FR...96199	--HK-WEQ-G-ET-E-V-DSA-G---P-A-----H-----NR-CNI-N---SSP--RG.....xATxDW--Lx	715
H2A.FR...96201	P-HK-RGQ-AN-ET-EG--ND--YR-----RN--I--YNS---LKTF-T-LV.....LRP-LP-A-----CE-I..QK	708
H2A.FR...96202	--HT-RGQ-AN-ET-E-ARDVS-YDL--P-N-LQ---HL-T	686
H2A.FR...96205	--HT-RGQ-AN-ET-E-A-DAS-YEL--P-N-Q---HL-T---G-TI--D---KNSLTRRL-S-S....TT--DW--LKAAQ-----CE-x	729
H2A.FR...96226	--HT-RGQ-AN--I-G-A-GD--YDL--P-N-Q---HL-----G-YNT--D---KNSLTRRL-S-N....AA--DW--LKAAL-----CE-I..Qx	747
H2A.FR...96323	--HK-WGQ-V-ET-E-A-NSV-x	660
H2A.FR...96329	--HK-WEQ-A--T-E-A-NNV-D-L---P-A-x	685
H2A.GH...GH1	--HT-RGQ-AN--T-E-DRDDD-YDL\$-P-N-----HL-T---G-YKI-D---TNSPTHRL-S-N....TA-DW-LKAA-----GE-I..Q-F-FAKTTR---S--G-CAAVQ-V--G-	835
H2A.FR...96324	--HK-WEP-N--T-E-V-YSV-D---P-A-L---HL-----G-YNI-N---ISLT--N.....DW-Lx	585
H2A.FR...96330	--HK-WEQ-D-GET-E-V-DNV-D-L---P-R-----G-YNI-DS---SF-T-L-SRG...#GG--DW-x	664
H2A.FR...96203	--HK-WEQ-A-ET-EGV-SDA-GR--P-L---P-----R-YDI-N---ISLT--F-S-QRA-TA--DW-LK-A-----CE-x	640
H2A.FR...96206	--HKGRGQ-AN-ET-EG--DN-DYR-----L---RN--I--YNS---KTF-T-RLLVAY.....CE-I..QKE	665
H2A.GM.87.D194	--HT-RGQ-AN-ET-E-A-DDS-FGL--PLN-Q---HL-T---G-YNS-G---KNSPTRRRL-S-S....TA-DW-LKAA-----CE-I..Q-FR-FA-T-R--I---RG-C-AAQ-I--G-	835
H2A.GM.90.CBL24	--HRHWEQ-D-GET-E-V-DNV-T-L---P-A---L---IG-YNI-D---SSL-----S-QRA-TA--DW-L-AA-----CE-I..Q-L-LT-ATR-----RN-GA-Q-I--G-	850
H2A.FR...96325	--HK-WEQ---EI-E-V-NSV-D---P-A-----L---R-YNT-D--F-IS-T-L---AGQPQGTG	562
H2A.GW...ALI	--HK-QEQ--GET-E-V-DNV-DRL--P-A-L---HL-A--IG-Y-I-D---ISP-----FRS-QRA-TT--DW-LKAA-----CE-I..Q-FR-FA-I-R---TNT-R---GAVQWV--R-	846
H2A.GW...CAM1	--HK-LEQLA-ET-E-V-SNV-DRF--P-A-----L---R-YNS-D---IFLT--N.....DW-ASTAF--CE-I..Q-F-FG-A-K---TS-CRS--R--G-I--G-	842
H2A.GW...CAM3	--HK-QEQ-D-ET-E-V-IN--DR---P-A-T---L---R-YNS-D---SFLT--F-N.....DW-LRTAF--RQ-I..Q-F-FA-ATR---TS-CRG--R--DNF--G-	844
H2A.GW...CAM4	--HT-KEQ-A-GET-E-V-DNV-D-L---P-A-L---L---R-Y-S-D---SFPT-----RA-TA--DW-LKAA-----CE-I..Q-F-FA-T-R-----RN--AMG-L--G-	844
H2A.GW...CAM5	--HK-WEQ-ANGET-G--NNA-DN-----R-----G-YNS-N---KSFLT-L.....DW-LNTAF--CE-I..Q-F-FA-ATR---TS-GRS--G--G-I--G-	833
H2A.GW...CAM6	--HK-LEQ-AN--T-E-V-NN--YR---P-A---L---R-Y-S-D---SFLT--N.....DW-LRTAF--CE-I..Q-F-FA-F-R---S-CRS--G--G-I--G-	846
H2A.GW...MDS	--HK-REQ-D-ET-E-V-GN--DR---P-A-----L---R-YNS-D---IFLT--F-N.....DQ-LRIAF--CE-I..Q-F-FA-VTR---TS-CRG--G--G-I--G-	852
H2A.GW.86.FG	--HK-QEQ-A-ET-E-V-SN--DR---P-A---L---G-YNI-D---ISP--F-S-QRA-TA--DW-LKAA-----CE-I..Q-F-LA-TTR---GR--RA-Q-I--G-	840
H2A.GW.87.CAM2CG	--HK--EQ-AS-ET-E-V-GN--DR-----G-YNI-N---IF-T-----N.....DW-PKVAF--CE-I..Q-F-AA-A-R-----CR-V-GM-Q-I--G-	843
H2A.SN...ST	--HK-REQ-A-ET-E-V-NSV-DNW--P-R-----NR-YNI-D---SF-T-L-S-S-RRA-TAV--DW-FNTA-----GE-I..Q-FR-FA-ATG---TN--RGF--G--GQI--G-	843
H2A.SN.85.ROD	--HK-RGQ-AN-ET-E--SN--DRY--P-A-----R-Y-I-D---SFLT-L-Y-N.....DW-LRTAF--CE-I..Q-F-AA-ATR---CRG--RV-E-I--G-	842
H2A.GM...ISY	--HK-WEQ-D-ET-E-V-NDV-SR---P-----L---R-YNS-D-----YL--P.....DW-LKAA-----CE-I..Q-F-LA-VTR---TS-GRS--GA-G-I--G-	830
H2B.FR...97378	R-RK-REQ-AN-ET-EG--ND--YR-----x	542
H2B.FR...96339	--HK-RGQ-AN-ET-EG--ND--Y-LG-G	613
H2B.FR...97245	P-HKHRGQ-AN-ET-DE--SDEVYR-x	523
H2B.FR...9644	--RKGRGQ--S-ETGEE--DNEDYR-----DTSK	527
H2B.FR...96307	P-RKNRGQ-AN-ET-EE--DS-DYR-----L---RN--I--YNG--D--LKT-----RP.....LPFA-----CE-I..QKEx	632
H2B.FR...96309	P-RKGRGQ-AN-ET-EG--DD-DYR-----L---RN--I--YNG---LKTF--V--P.....LLFA-----CE-I..QRK	577
H2B.FR...96306	P-RKHRGQ-AS-ET-DE--SDEAYR-----A-----RN--I--YNG--N-MLKTF--V--V--P.....IS-A-----CE-I..QKx	580
H2B.CI...EHO	P-RK-RGQ-AN-ET-EG--NNE-YR-----P---RD--I--Y-G---KTF-T--V--.....P-LPPA--R--IS-F..Q-I--AA-A-G---S-ARTS-GV---AAGE-	836
H2B.CI.88.UC1	P-RKHRGQ-AN-ET-DE--NE-AYR-----A-----RN--I--YNG--N-LKTS--A-.....P-LS-A-----IS-F..Q-I--AT-A-R---NTGRA--KA---TAEA-	841
H2B.FR...96200	P-RK-RGQ-AN-ET-EG--SD--D---P-T---Hx---G-YNS--N-V--TFLT--LF-N.....DW-LRAAL-----CE-I..x	719
H2B.FR...97227	P-HKHRGQ-AN-ET-DE--SD-VYR-----GN-----YNG--N--LKTF--A-R.....P-LP-A-I---CE-I..Q-Gx	748
H2B.FR...97244	P-RKRRGQ-AS-ET-EE-x	671
H2B.GH.86.D205	P-RK-RGQ-AN-ET-EG--ND-DYR-----L---RN--I--YNG---LKTF--HQ-STN.....QP--LPVA-----IS-F..Q--LR-AA-ATG---S-GET---A---AA-A-	843
H2G.CI...ABT96	--RK-QEx--K-EI-GES-NK--YR-----x---GN---Y---A---Ix-T--LF--I-R--A--H--L-AA-FS--FR-L..Q-CT-AT-A-Q---TST-RA--K--G-V--G-	868
H2U.FR.96.12034	P--R-QEQ--KGEI-EGA-DS--YR-----R-----H-----Y-S-D---IC-S--LF-SI.....R-HL-IA-----WQYF..K-F-FGKA-R---SRTGRE---G-V--L	851
H2AB.CI...7312A	R-HK-QEQ-AN-ET-EG--ND--YR-----RN--I--YDG---LKTF-T--A-.....P--LLFA-----IG-F..Q---AAGATG---STGRT--A---TA-G-	841
MAC.US...251_1A11	-----Q-----G-----R-----N-----VD-----\$-A-----	860
MAC.US...BK28_H824	-----G-----A-----RGV-----Q-----G-----R-----	862
MAC.US...MM142	-T-----K--KG--GS-----A-----F-----R-----L-----AQ-----E--A-Q-----	865
MNE.US...MNE027	--R--Q---K--T-G--DS-----A-----F--F-T-----V-----Q---VA-----G-V---	866
SMM.SL.92.SL92B	---R-QE--AK--T-GE--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-	870
SMM.US...PBJ_143	P-xTQGE--K--E-G--xR--R-x-----S-DW-L-xC---V--S--R--A---I-V-I-A.....R-LQ--Axxw-KFxR---S--R-----G-V--G-	875
SMM.US...DeltaB670	P-HKGQEP--E-G--DR--SR-----C-L-I---VF--FSI-----V--IA-----CRW-Q---G--A-G-----S-----G-V--V	867
STM.US...STM	P-HKGQEQ--K--T-EG--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-	866



MAC.US.-.239	LAIPRRIRQGLELTL\$	879
H2A.-.-.CBL21	-----A--A---	865
H2A.-.-.CBL22	--V-----A-IA---	850
H2A.-.-.CBL23	--V-----A-IA---	858
H2A.CI.88.UC2	--V-----A-IA---	865
H2A.DE.-.BEN	--V-----A--A---	860
H2A.DE.-.PET2	--V-----A--A---	857
H2A.GH.-.GH1	--V-----A-IA---	851
H2A.GM.87.D194	--V-----A-IA---	851
H2A.GM.90.CBL24	--V-----A--A---	866
H2A.GW.-.ALI	--V-----A-IA---	862
H2A.GW.-.CAM1	--V-----A--A---	858
H2A.GW.-.CAM3	--S-----A-IA---	860
H2A.GW.-.CAM4	--V-----A--A---	860
H2A.GW.-.CAM5	--V-----A--A---	849
H2A.GW.-.CAM6	-----A-IA---	862
H2A.GW.-.MDS	--V-----A-IA---	868
H2A.GW.86.FG	--V-----A--A---	856
H2A.GW.87.CAM2CG	--V-----A--A---	859
H2A.SN.-.ST	--V-----A-IA---	859
H2A.SN.85.ROD	--V-----A-IA---	858
H2A.GM.-.ISY	--V-----A-IA---	846
H2B.CI.-.EHO	I-----A--A---	852
H2B.CI.88.UC1	I-----A---	857
H2B.GH.86.D205	I-----	859
H2G.CI.-.ABT96	-----	884
H2U.FR.96.12034	R-----F--A---	867
H2AB.CI.-.7312A	I-V-----A---	857
MAC.US.-.251_1A11	-----	876
MAC.US.-.BK28_H824	-----	878
MAC.US.-.MM142	-----	881
MNE.US.-.MNE027	-----E-----	882
SMM.SL.92.SL92B	A-----M-N-	886
SMM.US.-.PBJ_143	---xx-----	891
SMM.US.-.Del1aB670	-----A---	883
STM.US.-.STM	G-----	882

HIV-2/SIVsmm proteins

Table with 3 columns: Accession ID, Protein Name, and Residue Number. It lists various HIV-2/SIVsmm protein sequences and their alignments, including a specific R17Y mutation noted at the top. The table contains multiple rows of sequence data and their corresponding residue counts.





	- max HIV-1 similarity -	
MAC.US..239	KGGLGIIYYSARRHRILDIYLEKEEIGIPDWQDYTSVSGPIRYPKTFGLWKLVPVN.VSDEAQEED...HYLMHPAQTSSQWDDPWGEVLAWKFDPTLAYTYEAYVRYPEEFGSKSGLSEEEVRRRLT.	248
H2A.CI.88.UC2	-----MF--RD-----L-----V-----N--H--V--MC-----M-Q--ED--T...NC-----RY--IH--T-V-R-NSM--E-K-FTL-----H--P-K-WKAK-K.	249
H2A.DE..BEN	-----Q-MF--R-----N--H--V--MY-----S-E-L-Q--E--A...NC-V-----RH--EH--T-V-Q-SM--N-K-FTL-----H--P-K-WKAK-K.	249
H2A.DE..PEI2	-----D-M--E-----M-----N--H--V--F-----D--PQ--E--E--D...C-L-----GS--H--T-M-R--R--E-T-FN-----Y--P--WKAK-K.	246
H2A.DE.91.HOM	-----M--E-----M-----V-----N--H--V--MF-----D--NPQ--EE--SDT...SC-----I--RH--H--T-I-R-----S--FI--H-----H--MP--WKA--K.	249
H2A.DE.92.NEP	-----MF--E-----M-----N--A--M--MF-----D--TQ--GDDT--D...C-----I--KF--KH--T-V-R--M--E-K-FQL-----H--P--WKA--K.	249
H2A.GH..GH1	R-----D-MF--RD-----L-----N--H--V--MC-----D--Q--ED--T...N--T-----RH--EH--T-L-R-----D--K-FILH-----H--P--K-WKAK-K.	248
H2A.GM..ISY	-----M--E-----M-----N--H--L--V--MF-----T--PQ--GEDT--T...LC--S--V--RF--H--T-V--M--HE--TTFIL-----H--ME--DDWKAK-K.	249
H2A.GM.87.D194	-----F--RE-----LF-----N--H--T--MY-----D--I-Q--E--V--T...NC-V-----RY--EH--T-V-R--M--S-K-FILH-----H--P--K-WKAK-K.	249
H2A.GW..ALI	R-----MF--E-----N--H--M--MF-----D--PQ--GEDT--T...C-L--V--RH--TH--T-V-R--K--HD--K-FILH-----Y--P--D-WKA--K.	250
H2A.GW..MDS	-----MF--E-----N--H--T--C-----D--LPQDENTET...C-V-----I--KF--QH--T-V-R--SL--E-T-FKL-----H--P--WKA--K.	248
H2A.GW.86.FG	-----LF--Q-----L--D-----...-----FTL-----HN--P--K-WKA--K.	173
H2A.GW.87.CAM2CG	-----LF--E-----L--D-----A--N--H--V--MF-----D--T-Q--GEDT--TDTET--C-L-----RH--MH--T-V--SM--LK--FT-----H--P--D-WKAK-K.	253
H2A.PT..956	-----MF--E-----A--N--H-----D--APO--EE--N--A...NC-L-----RF--H--T-V-R--SM--S-T-FIKH-----HN--P--N-WKA--K.	249
H2A.PT..117	-----MF--E-----E--H--V--Q-----D--IPE--EGD--GT...C-L-----GRF--H--T-V-R--HM--E-T-F-K--RH-----P--K-WKAK-K.	248
H2A.PT..281	-----F--H--K--L-----VA--N--H--T--MF-----D--IPR--EE--N--A...NC-L-----RF--QH--T-V-R-----D--T-FN-F-----HN--P--K-WKAK-K.	249
H2A.PT..427	-----F--Q--K--L-----VA--N--H--T--MF-----D--IPR--EE--N--A...NC-L-----RF--QH--T-V-R-----D--T-FN-F-----HN--P--K-WKAK-K.	249
H2A.PT..423	-----MF--E-----N-----A--N--H--V--MF-----D--I-Q--GEDA--T...C-V-----I--KF--QH--T-I-Q--M--FD--T-FT-F-----KH-----P--WKA--K.	241
H2A.PT..379	-----MF--E-----L-----N--Y-----Y-----E--PE--GDD--GT...C-L-----RF--H--T-V-R--M--LE--T-----Y--D--P-DVWKAK-K.	249
H2A.PT..984	-----MF--E-----L-----N--Y-----Y-----E--PE--GDD--GT...C-L-----RF--H--T-V-R--M--LE--T-----Y--D--P-DVWKAK-K.	249
H2A.PT..1148	-----MF--EK-----S--H--V--F--F-----D--IPQDD...G...T--C-L-----NRL--H--T-V-R--M--HE--T-----H--Y-----P--WKA--K.	247
H2A.PT..120	-----MF--Q-----L-----A--N--H--T--MY-----D--IPG--EENN--A...NC-L-----RF--QH--T-V-R-----D--T-FN-F-----HN--P--K-WKAK-K.	249
H2A.PT..223	-----I--G--Q-----K-----N--H--V--F--F-----D--VSP--GEDT--T...YC-----RF--H--T-M-----K--FT-F-----Y--MP--WKA--K.	249
H2A.PT..P1	-----MF--NE--K-----A--N--H--V--MF-----D--IPE--EGD--GT...C-L-----Q--KF--H--T-V--SM--LQ--T-FIKH-----H--P--K-WKAK-K.	249
H2A.PT..LF1	-----MF--E-----V--Q-----VL--N--H--V--MF-----D--PQ--EGD--V...NC-L-----RF--H--T-V-R--M--HE--T-----H--P--WKA--K.	249
H2A.PT..741	R-----D-MF--E-----V--Q-----N-----N--H--V--MF-----D--I-Q--EGDT--T...V-----KF--H--QT--V-R--M--E-T-FKQ-----KH-----P--D-WKA--K.	249
H2A.PT..MP1	-----LF--Q--E--L-----V-----N--H--T--MF-----D--IPR--EE--N--A...NC-L-----RL--QH--T-V-R-----D--A-FN-F-----HN--P--K-WKAK-K.	249
H2A.PT..EP	-----M--D-----N--H--RF-----D--PQ--GDD--GT...C-----KF--HR--T-V-R--M--E-K-FNL-----H--P--WKA--K.	249
H2A.PT..794	-----MF--E-----PQ--GDDT--T...C-----KF--LH--T-V-E--M--FD--FT-----KH-----P--D-WKA--K.	249
H2A.PT..1069	-----MF--E-----Y--V-----STLPBEGEGDE--D--DGT--L-----L-----KF--H--P-V-R--M--LN--K-FNL-----Y-----P--K-WKAK-K.	253
H2A.PT..1147	-----MF--EK-----N-----N--H--V--F-----D--PQ--GEDI--T...C-----IGRF--H--T-V-R--M--FD--V-FKKH-----H--P--WKA--K.	249
H2A.PT..1227	-----MF--E-----K-----Q-----N-----N--H--MF-----D--PQ--GEDI--T...C-----IGRF--H--T-V-R--M--FD--V-F-----H--P--WKA--K.	249
H2A.PT..1139	-----MF--D-----T-----N--H--T--MF-----D--IPO--GE...T...C-V-----V--KF--H--T-V-R--M--HD--V-FK-H-----H--P--WKA--K.	247
H2A.PT..1215	-----MF--D-----K-----V-----N--H--FY-----D--IPO--GNGT--T...C-----HF--H--T-V-R--K--HD--V-FNL-----YQ-----P--K-WKAK-K.	249
H2A.PT..1320	-----MF--E-----V-----N--H--V--F-----D--IPO--GNDT--T...C-----I--HF--QH--T-I-R--K--HD--I-FRL-----YQ-----P--WKA--K.	249
H2A.PT..1268a	-----M--E-----A--N--H--FY-----D--IPO--NNS--T...C-----I--NF--H--T-V--K--HD--V-FD-----YQ-----P--WKA--K.	249
H2A.PT..293a	-----MF--E-----K-----N--H--T--MF-----D--PQ--GDT--T...C-V-----V--KF--H--T-V-R--M--D--V-FRL-----H--P--WKA--K.	249
H2A.PT..483	-----MF--E-----N--H--MH-----D--PQ--GKDT--T...C-----V--RF--H--T-L-R--M--HD--V-FRL-----H--P--WKA--K.	249
H2A.PT..511	-----FH--EE--Q-----A--N--H--V--MF-----D--GALLEGEED--GT...C-----KFN--H--T-V--SM--E-K-FTLF-----H--P--WKA--K.	250
H2A.PT..546	-----MF--CE-----N--H--M-----D--STLPGEED--GT...C-L-----GRF--H--T-V-R--M--HE--K--ILH-----H--P--WKA--K.	250
H2A.PT..1570	-----MF--D-----K-----V-----N--H--V--F-----D--IPO--GNDT--T...C-----HF--H--R-V-R--K--HN--V-FNL-----Y-----P--K-WAK-K.	249
H2A.PT..B1_1	-----MF--E-----L-----A--N--H--V--F-----D--PQ--GEDT--T...C-V-----I--KF--QH--T-V-R--M--FD--V-FRL-----H--P--D-WKA--K.	249
H2A.PT..1428	-----MF--E-----L-----V-----N--AH--T--RF-----D--ITO--EDT--DT...C-V-----KF--H--T-V-R--M--N--FN-----Y-----P--WKA--K.	248
H2A.PT..268	-----MF--E-----Q-----Q-----N--H--F-----D--QAEEDT--T...C-----F--IH--T-V-R--M--S--T-FIKH-----H--P--WKA--K.	249
H2A.PT..1378	E-----MF--E-----M-----N-----N--H--V--F-----D--IPO--EEDT--T...NC-L-----PF--HR--R-V-R--M--HE--T--K-----Y-----P--W-A-K.	249
H2A.SN..ST	-----L--D--R--V-----G--N--H--V--F-----D--PQ--GDDS--T...C-V-----RF--H--T-V-R--K--FS--FI-----Y-----P--D-WKA--K.	248
H2A.SN.85.ROD	R-----MF--E-----K--N-----A--N--H--V--MF-----D--PQ--GEDT--T...C-V-----KF--H--T-V-E--L--S--FI-----H--P--WKA--K.	249
H2B.CI..EHO	--E-----F--E--K--T--N--VSG--N--H--V--F-----I--MIA--PEDE--T...C-V-----A-----HE--T-V-Q--SL--D--V-FS-F-----YQ--MP--K-WKAK-R.	231
H2B.CI.88.UC1	-----E-----T--N--VSG--N--Y-----R-----D--IPE--ERGA--T...SC-V-----I--S-----IH--T--R--L--HD--V-FN-----YQ--P--K-\$KA--K.	230
H2B.CI..IC762993	-----KE-----IKK--#--NT--FKNKK--VSK--LN--H-----K\$--\$-----IPEKNK--AKT...SC-----P--NNLH--KT--V--Q--NSF--N--V--FN--F--K--KYQ--E--P--#K\$KAK--K.	226
H2B.GH.86.D205	Q-----M--E-----T--F--N-----VSG--N--H-----Y-----E--PAATR--E--T...C-----I--S-----IH--T-I-Q--SL--D--V-FN-F-----YQ--P--WKA--K.	233
H2G.CI..ABT96	-----E-----M--Q-----N--A-----x-----T-----T...C-V-----P-----ET-----D--R--FILH-----RW--P--AVWKEK-K.	249
H2U.FR.96.12034	-----D--F--Q-----N-----N-----T--W--MC-----E--DAN--K-----R...L--VGS--CBE--H--A--V--SS--S--Q--FIKC-----K-----.	251
H2AB.CI..7312A	-----F--E-----T--F--N--R--VGG--N--Y-----H-----E--AAVTR--E--T...C-V-----AA-----H--T-V-Q--SL--SD--FN--F-----YQ--P--K-WKA--K.	232
MAC.US..251_1A11	-----I--H-----L--M-----I-----V-----I-----K--K--A.	249
MAC.US..MM142	-----I--H-----L--M-----I-----V-----I-----K--K--A.	248
MNE.US..MNE027	-----E--K-----V-----P-----G...N--L-----V-----I-----.	249
SMM.US..SME543	-----NEK-----M--M-----N--L--T--MH-----D-----T...C-V-----H-----E--S--K--FIK-----K-----.	249
SMM.US..PBJC	-----I--K--L-----N--A--MF-----D-----T...C-----E--D--K--F--KH-----K-----.	247
SMM.US..PBJA	-----D--K--L-----N--A--MF-----D-----T...C-----K--N--K--F--EH-----Q--K--Q-----.	247
SMM.US..PBJ_6P6	-----D--K--L-----N--A--MF-----D-----T...C-----K--N--K--F--EH-----Q--K--Q-----.	247
SMM.US..PGM53	-----E--K--L-----T-----N-----MF-----S--A-----T...C-V-----I-----SQ--R--FI--H-----K-----.	249
SMM.SL.92.SL92B	-----D-----E-----N-----N-----F-----Q-----D-----NN--T...C-V-----V--Y--HS--K-----N--H-----F--H-----W--T--E--E--AN.	251
STM.US..STM	-----E-----M-----V-----N--A-----Q-----D--M--N-----DGT...V-----H-----V-----L--H-----F--H-----PK--E-----.	250

HIV-2/SIVsmm protein alignment: NEF

HIV-2/SIVsmm proteins



HIV-2/SIVsmm  
proteins

MAC.US.-.239	.ARGLLNMD.KK.ETR\$	262
H2A.CI.88.UC2	----IPYS.E.\$	257
H2A.DE.-.BEN	----IPYS.E.\$	257
H2A.DE.-.PET2	----IPFS.\$	253
H2A.DE.91.HOM	----IPHS..	256
H2A.DE.92.NEP	----IPHS..	256
H2A.GH.-.GH1	----IPYS...\$	255
H2A.GM.-.ISY	----IPFS...\$	256
H2A.GM.87.D194	----IPYS.E.\$	257
H2A.GW.-.ALI	----IPFS...#	257
H2A.GW.-.MDS	----IPFN...\$	255
H2A.GW.86.FG	----IPFS...\$	180
H2A.GW.87.CAM2CG	----IPFS...\$	260
H2A.PT.-.956	----IPYS...\$	256
H2A.PT.-.117	----IPFE...\$	255
H2A.PT.-.281	----IPCRSTLx	260
H2A.PT.-.427	----IPCRSTLx	260
H2A.PT.-.423	----IPCRSTLx	260
H2A.PT.-.379	----IPFD...\$	248
H2A.PT.-.984	----IPFS...\$	256
H2A.PT.-.1148	----IPFS...\$	254
H2A.PT.-.120	----IPCRSTLx	260
H2A.PT.-.223	----IPCRSTLx	260
H2A.PT.-.P1	----IPFS...\$	256
H2A.PT.-.LF1	----IPCRSTLR	260
H2A.PT.-.741	----IPFN...\$	256
H2A.PT.-.MP1	----IPCRSTLx	260
H2A.PT.-.EP	----IPFS...\$	256
H2A.PT.-.794	----IPFS...\$	256
H2A.PT.-.1069	----IPFS...\$	260
H2A.PT.-.1147	----IPFS...\$	256
H2A.PT.-.1227	----IPFS...\$	256
H2A.PT.-.1139	----IPF...\$	253
H2A.PT.-.1215	----IPFSE...\$	257
H2A.PT.-.1320	----IPFSE...\$	257
H2A.PT.-.1268a	----IPYS...\$	256
H2A.PT.-.293a	----IPFN...\$	256
H2A.PT.-.483	----IPFS...\$	256
H2A.PT.-.511	----IPFN...\$	257
H2A.PT.-.546	----IPFS...\$	257
H2A.PT.-.1570	----IPFSE...\$	257
H2A.PT.-.B1_1	----IPFS...\$	256
H2A.PT.-.1428	----IPFH...\$	255
H2A.PT.-.268	----IPFN...\$	256
H2A.PT.-.1378	----IPFN...\$	256
H2A.SN.-.ST	----IPFS...\$	255
H2A.SN.85.ROD	----IPFS...\$	256
H2B.CI.-.EHO	----IPTE...\$	238
H2B.CI.88.UC1	----IPTD...\$	237
H2B.CI.-.IC762993	.-KKIPYR#...\$	233
H2B.GH.86.D205	----IPTD...\$	240
H2G.CI.-.ABT96	.Q---PIE...\$	256
H2U.FR.96.12034	----PVKNC.\$	260
H2AB.CI.-.7312A	----IPTE...\$	239
MAC.US.-.251_1A11	-----S-	263
MAC.US.-.MM142	-----E---R----S-	262
MNE.US.-.MNE027	-----K-----S-	263
SMM.US.-.SME543	----IYK---.\$#--S-	262
SMM.US.-.PBJC	-----K-----S-	261
SMM.US.-.PBJA	-----K-----K-S	261
SMM.US.-.PBJ_6P6	----FK---.K-S	261
SMM.US.-.PGM53	-----K-----S-	263
SMM.SL.92.SL92B	KPKPQKK-----S-	266
STM.US.-.STM	-----K-----S-	264

