Sequences in the *Gag* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
SUBTYPE A:				
ROD	HIV2ROD	M15390	Clavel,F.	Nature 324, 691 (1986)
NIHZ	HIV2NIHZ	J03654	Zagury,J.F.	PNAS 85, 5941 (1988)
ISY	HIV2ISY	J04498	Franchini,G.	PNAS 86, 2433 (1989)
ST	HIV2ST	M31113	Kumar,P.	JVI 64, 890 (1990)
UC2	HIV2UC2	U38293	Barnett,S.W.	Unpublished
BEN	HIV2BEN	M30502	Kirchhoff,F.	Virology 177, 305 (1990)
CAM2	HIV2CAM2	D00835	Tristem,M.	J. Gen. Virol. 72, 721 (1991)
D194	HIV2D194	J04542	Kuehnel,H.	PNAS 86, 2383 (1989)
GH1	HIV2GH1	M30895	Hasegawa,A.	ARHR 5, 593 (1989)
MDS	HIV2MDS	Z48731	Becker,M.	Unpublished
KR	HIV2U22047	U22047	Kraus,G.K.	PNAS 90, 4226 (1993)
7924A	HIV27924AG	L33081	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
60415K	HIV260415KG	L33076	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
FA	HIV2FAG	L33082	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
SUBTYPE B:				
D205	HIV2TRENGE	X61240	Dietrich Et Al,U.	ARHR 8, 1619 (1992)
UC1	HIV2UC1GNM	L07625	Barnett,S.W.	JVI 67, 1006 (1993)
EHOA	HIV2EHOA	L14545	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471 (1994)
60667K	HIV260667KG	L33078	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
JA	HIV2JAG	L33085	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
FT	HIV2FTG	L33084	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
7810A	HIV27810AG	L33080	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
ON	HIV2ONG	L33086	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
SUBTYPE C:				
2238	HIV2238G	L33077	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
SUBTYPE D:				
FO784	HIV2FO784G	L33083	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
SUBTYPE SD:				
MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539 (1987)
MM32H	SIVMM32H	D01065	Rud,E.W.	J. Gen. Virol. 75, 529 (1994)
MM1A11	SIV1A11AA	M76764	Luciw,P.A.	ARHR 8: 395 (1992)
MM239	SIVMM239	M33262	Regier,D.A.	ARHR 6, 1221 (1990)
MM142	SIVMM142	M16403	Chakrabarti,L.	Nature 328, 543 (1987)
MNE	SIVMNE	M32741	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)
SMMH4	SIVSMMH4	X14307	Hirsch,V.M.	Nature 339, 389 (1989)
SMMH9	SIVGAGAB	M80194	Courgnaud,V.	JVI 66, 414 (1992)
SMMPBJ	SIVSMMPBJA	M31325	Dewhurst,S.	Nature 345, 636 (1990)
6P12	SIV6P12	L09211	Novembre,F.J.	JVI 67, 2466 (1993)
SUBTYPE E:				
PA	HIVPAG	L33087	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)
SUBTYPE STM:				
STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783 (1992)
STM22579	MASIVGAG	X60667	Khan,A.S.	J. Med. Primatol. 20, 167 (1991)
HYBRIDS:				
BA_7312A	HIV7312AG	L33079	Gao,F.	JVI 68, 7433 (1994)

HIV2/SIV GAG

```
                -> Gag P17 Matrix
CONSENSUS-A     ATGGGCGCGAgAAaCTCCGTCtTGAGAGGGAAAAAaGcAGAcGAATTAGAAAaaaTtAGGTTACGGCCCg     70
ROD             ----------------------------------------T----------G---C-------------     70
NIHZ            ----------------------------------------T----------------------------     70
ISY             ----------A------------------------G-----T----------------------------     70
ST              ------------------------------------------------------G----------------     70
UC2             ---------------------C-------------G----------------------------------     70
BEN             -------------------------------------------------------G---------------     70
CAM2            -------------------------------------------------------G---------------     70
D194            -------------------------------------------------------G--------------A     70
GH1             ----------------------------------------T-----------G---------------A     70
MDS             -------------G-----------------------------------------G---------------     70
KR              -------------G------------------------T---T----------------------------     70
CONSENSUS-B     ATGGGCGCGAGAgGCTCCGTCtTGTCAGGGAAGAAaACAGATGAATTAGAAAAaGTTAGGTTACGGCCCG     70
D205            ---------------------C-----------------------------------------------     70
UC1             ------------A---------------------------------------------------------     70
EHOA            -----------------------------------G-----------------G----------------     70
CONSENSUS-SD    ATGGGcGcGAGAAACTCCGTCTTGTCAGGGAAGaAAGCAGATGAATTAGAAAAAaTTAGg?TACG?CCCg     68
MM251           ------------------------------------------------------------C----A----     70
MM32H           ------------------------------------------------------------C----A----     70
MM1A11          ------------------------------------------------------------C----A---A     70
MM239           -------T----------------------------------------------------C----A---A     70
MM142           ---------------------------------------------------------AC----A----     70
MNE             ------------------------------------------------------------C----A----     70
SMMH4           ---------------------------------G--------------------G-----T----G---A     70
SMMH9           -----T-T----------------------------------------------------T----G----     70
SMMPBJ          ------------------------------------------------------------T----G----     70
6P12            ------------------------------------------------------------T----G----     70
CONSENSUS-STM   ATGGGCGCGAGAAGCTCCGTCTTGTCAGGGAAAAAAGCAGATGAATTAGAAAAAGTTAGGTTACGGCCCG     70
STM             ----------------------------------------------------------------------     70
STM22579        ----------------------------------------------------------------------     70
CONSENSUS-B     ATGGGCGCGAGAgGCTCCGTCtTGTCAGGGAAGAAaACAGATGAATTAGAAAAaGTTAGGTTACGGCCCG     70
```

```
CONSENSUS-A   gCGGaAAGAAAAaaTAcAggtTAAAaCATaTTGTGTGGGCAGCGAAtgAATTgGacAgATTcgGATT?gC    139
ROD           -------------G------C--------------------------A-------------------A--    140
NIHZ          -------------G----A-------------------------------------------------A--    140
ISY           ----G--------------A-----------------------------------------------AA-    140
ST            ----------------T---C-----------------------------------------------G--    140
UC2           -------------G--------------------------------C---------------A----A--    140
BEN           -------------G-------------------------------------------T-A---------G--    140
CAM2          ------------------A-----------------------------------------------G--    140
D194          A-----------G----------------G----------------------A--------------G--    140
GH1           -------------G------C-------------------------C----------A---------G--    140
MDS           ------------------------------------------------------------------A--    140
KR            ----G-----------T--AC----G----------------------------G--A---------G--    140
7924A                                                 ----------------------------A--     30
60415K                                                ----------------------------A--     30
FA                                                    ------C--------------T-----G--     30
CONSENSUS-B   GCGGAAAGAAAAggTAtatgCTAAAACATaTAgTATGGGCAGtgAAcGAATTgGAcAGATTtGGATTaGC    140
D205          ------------A----------------G----------------------A-----------------    140
UC1           -----------------TGT------------A-------------------------------------    140
EHOA          -------------A--C----------------------------T-----A--G-----------G--    140
60667K                                                ---A--T-----A--A-----------G--     30
JA                                                    ------------------------------     30
FT                                                    ------T-----------------------     30
7810A                                                 --CA--------------------------     30
ON                                                    ----------------------------G--     30
CONSENSUS-C                                           AGCGAACGAATTGGACAGATTTGCATTAGC     30
2238                                                  ------------------------------     30
CONSENSUS-D                                           AGCAAATGAATTGGACAGATTTGGATTAGC     30
FO784                                                 ------------------------------     30
CONSENSUS-SD  gCGGaAAGAAAAaGTAcatGtTGAAGCATgTAGTATGGGCAGCAAATGAATT?GA?AGATTTGGATTAGC    136
MM251         ---------------------------------------------------A--T--------------    140
MM32H         ---------------------------------------------------A--T--------------    140
MM1A11        A--------------------------------------------------A--T--------------    140
MM239         A--------------------------------------------------A--T--------------    140
MM142         ---------------------------------------------------A--T--------------    140
MNE           ----G----------------------------------------------A--T--------------    140
SMMH4         A---------------T----------------------------------G--C--------------    140
SMMH9         --------------------C--------A----------------------G--C--------------    140
SMMPBJ        ------------G----CA-C--------A----------------------G--C--------------    140
6P12          ------------G-----A-C--------A----------------------G--C--------------    140
CONSENSUS-E                                           AGCCAGAGAATTAGACAGATTTGGATTGGC     30
PA                                                    ------------------------------     30
CONSENSUS-STM GCGGGAAGAAAAAGTACATGTTGAAACATGTAGTGTGGGCAGCAAACGAATTGGACAGATTTGGATTGGC    140
STM           ------------------------------------------------------------------------    140
STM22579      ------------------------------------------------------------------------    140
CONSENSUS-B   GCGGAAAGAAAAggTAtatgCTAAAACATaTAgTATGGGCAGtgAAcGAATTgGAcAGATTtGGATTaGC    140
BA_7312A                                              --CA--T-----A--------C-----G--     30
```

HIV2/SIV GAG

```
CONSENSUS-A   AGAgAgCCTGTTGGAgTCAAAAGAaGGTTGcCAAAaaATTcTtacAGTtTTAgAtCCAtTaGTaCCgACA    209
ROD           ------------------------G-----T---------------------------A-G---------    210
NIHZ          ------------------------------------------------------------------------    210
ISY           ----------------------------------------A--T----------A-----------A---    210
ST            ------------------------G-----------------------------------------------    210
UC2           ---A-A-------------------------------G-----C-----------------------A---    210
BEN           -------------------------------------G-----C-G--------------------A---    210
CAM2          ---------------A-------------------G--------A-------------------------    210
D194          ---------------A-------------------G-------A---------A-----------A---    210
GH1           -------------------------------------G-----C-----------------------A---    210
MDS           ---------------A--------G-----------------------C---------------------    210
KR            ---A-----------------------------------A----------------------G--A---    210
7924A         ------------------------------T----G----A--T--------------------------    100
60415K        -----------------------------------G----------------------------------    100
FA            -------------------------------------G---A-C---------A-----------------    100
CONSENSUS-B   aGAgagCCtGTTGGaaTCAAAAGAAGGATGtCacAAAATTCttacgGtCTTAGctCCATTAgTaCCAACA    210
D205          ---------------------------------A----------AA------------------------    210
UC1           ------------------------------------------------------------------------    210
EHOA          --------G-----G---------------C-GG-------GG-AA-------GA---------------    210
60667K        ---A-A--------G---------------C--T--------CG-A-------AG---------------    100
JA            G----------------------------C-------------------------------------    100
FT            -----C---------G-------------------------------------------------------    100
7810A         -----C--------G--------------------------------C----------------------    100
ON            ----C-----------------------------------------------------------------    100
CONSENSUS-C   AGAAAGCCTGTTGGAGACCAAAGAAGGATGCCAAAAAATTTTAACAGTGTTAGAACCATTAGTTCCGACA    100
2238          ------------------------------------------------------------------------    100
CONSENSUS-D   AGAAAGCCTGTTGGAAAATAAAGAAGGGTGTCAAAAAATTCTCTCGGTCTTAGCTCCATTAGTACCGACA    100
FO784         ------------------------------------------------------------------------    100
CONSENSUS-SD  AGAAAGCCTGTTGGAgAACAAAGAAGG?TGTCAAAAAAT?CTTTC?GT?TTAGCTCCATTAGT?CC?ACA    200
MM251         ---------------------------A-----------A-----G--C--------------G--A---    210
MM32H         ---------------------------A-----------A-----G--C--------------G--A---    210
MM1A11        ---------------------------A-----------A-----G--C--------------G--A---    210
MM239         ---------------------------A-----------A-----G--C--------------G--A---    210
MM142         ---------------------------A-----------A-----G--C--------------G--A---    210
MNE           ---------------------------A-----------A-----G--C--------------G--A---    210
SMMH4         ---------------T-----------T-----------T-----A--T--------------T--G---    210
SMMH9         ---------------------------T-----------T-----A--T--------------T--G---    210
SMMPBJ        ---------------------------T-----------T-----A--T--------------T--G---    210
6P12          ---------------------------T-----------T-----A--T--------------T--G---    210
CONSENSUS-E   AGAAAGCCTGTTGGAAAACAAGGAAGGATGTCACAGAATACTGACAGTACTAGAACCATTAATGCCAACA    100
PA            ------------------------------------------------------------------------    100
CONSENSUS-STM AGAAAGCCTGTTGGAGTCAAA?GAAGG?TGTCAAAAAATT?TAAC?GTCTTAGAACCATTAGTGCCAACA    206
STM           ---------------------A-----G------------A----G------------------------    210
STM22579      ---------------------G-----T------------C----A------------------------    210
CONSENSUS-B   aGAgagCCtGTTGGaaTCAAAAGAAGGATGtCacAAAATTCttacgGtCTTAGctCCATTAgTaCCAACA    210
BA_7312A      ---A-A---------------------------G---------------------------A-G------    100
```

```
CONSENSUS-A   GGgTCAGAAAATTTAaAAAGcCTtTtTAAtACtgtCTGCGTcattTggTGc?T?CACGCAGAaGAGAAAG   277
ROD           --T-----------------T-----------------------------A-A----------------   280
NIHZ          --T-----------------------------------------C------A-A----------------   280
ISY           ------------------------A-------AC----------------T-G----------------   280
ST            ----------------------------------------------------TA-A----------------   280
UC2           --------------------------------C------------------T-G----------------   280
BEN           --------------------------------C------------------T-G----------------   280
CAM2          --T-----------------------------------------A------A-A----------------   280
D194          --------------------------------C------------------T-G----------------   280
GH1           ----------------------------C--A------------------T-G----------------   280
MDS           --T---------------------------------------------TT---A-A--------G-------   280
KR            --A-----------------------------------------------T-G----------------   280
7924A         --C-------------------------------------AG--------A-A----------------   170
60415K        --T--------------------C------------------GC-------A-A----------------   170
FA            ---------------C----T-----------A-----------C------T-G----------------   170
CONSENSUS-B   GGaTCAGAAAATTTAAAaAGcCTTTtTAATActGTCTGCGTcaTtTatTGCtTgCACGCAGaAgAGAAAG   280
D205          --G----------------------------TC-------------T----C------------------   280
UC1           ----------------------------------------------C----------------------   280
EHOA          --T-----------------T----A------C-----------C-T----C------------------   280
60667K        -----------------G--------------C------------------C---------G--------   170
JA            --------------------T--------------------TG---------------------------   170
FT            ----------------------------------------------TC---------------C------   170
7810A         -----------------------------------------G----------A----------------   170
ON            --T-----------------------------------------C--C----------------------   170
CONSENSUS-C   GGTTCAGAAAATTTAAAGAGCCTTTATAATACTACCTGCGTCATTTGGTGTTTACACGCAGAACAGAAAG   170
2238          ------------------------------------------------------------------------   170
CONSENSUS-D   GGTTCAGAAAATTTAAAAAGCCTTTACAATACTGTCTGCGTCATCTGGTGTTTACACGCAGAAGAGAAAG   170
FO784         ------------------------------------------------------------------------   170
CONSENSUS-SD  GG?TCAGAAAAtTTAAAgAGCCTTTATAAtACTGTCtGCGTCaT?TGGTGCATTCACGCAGAAGAGAAAG   268
MM251         --C--------------A--------------------------C-------------------------   280
MM32H         --C--------------A--------------------------C-------------------------   280
MM1A11        --C--------------A--------------------------C-------------------------   280
MM239         --C--------------A--------------------------C-------------------------   280
MM142         --C--------------A--------------------------C-------------------------   280
MNE           --C-----------------------------------------C-------------------------   280
SMMH4         --T--------C--------------------------------T-------------------------   280
SMMH9         --T--------------------------C------C-----C-T-------------------------   280
SMMPBJ        --T--------------------------C------------C-T-------------------------   280
6P12          --T--------------------------C------------C-T-------------------------   280
CONSENSUS-E   GGCTCTGAAAATTTAAAAAGCTTGTTTAACGCTGTCTGCGTAGTTTACTGCCTGCACGCAGCAGTGAAAG   170
PA            ------------------------------------------------------------------------   170
CONSENSUS-STM GGTTCAGAAAATTTAAAGAG?CTTTTTAATACTGTCTGCGTCATTTGGTGTATCCACGCAGAAGAGAAAG   275
STM           --------------------T-----------------------------------------------   280
STM22579      --------------------C-----------------------------------------------   280
CONSENSUS-B   GGaTCAGAAAATTTAAAaAGcCTTTtTAATActGTCTGCGTcaTtTatTGCtTgCACGCAGaAgAGAAAG   280
BA_7312A      --G-------------------------------------------GG-----A---------A------   170
```

HIV2/SIV GAG

```
CONSENSUS-A   tGAAAGAtACTGAaGaaGCAAaa...aaaataGtacaGAGACATCTAGtGGCAGAAACaggAACTgCAGA    344
ROD           ---------------G-------...C-------G-G-----------------------------------    347
NIHZ          ---------------G-------...C----------------------------------------------    347
ISY           -----------------------...-G-------GG-----------------------A---------    347
ST            C----------------------...C---AG---------------------------AA----A----    347
UC2           ----------------G------...---C---------------------------------------    347
BEN           -------------G--------G...---C---C------------------------T-----------    347
CAM2          -----------------------...-G-----C--T-----------C---------------------    347
D194          ----------------------G...---C---C-----------------------------------    347
GH1           -----------------------...---C------------------G---------------------    347
MDS           -------------G----------...--GT-C-C--G--------------------------------    347
KR            ---------------G-------...C----------------------------------------    347
7924A         -------C----------------...--G----------------------------------------    237
60415K        ---------------G-------...C----------------------------------------    237
FA            ---------------------G-...---C----------------------------------------    237
CONSENSUS-B   TGAAAGATACtGAGGAAGCAAAA...AAGaTaGCACAGaGcCATCTAGcgG?ggACaCa.........GA    337
D205          ----------A------------...--------------A----------C-------..........--    338
UC1           -----------------------...--------------A----------C-------..........--    338
EHOA          -----------------------...------------C-A--------A-C-------..........--    338
60667K        -----------------------...------------C-A-------T--GAA-----..........--    228
JA            -----------------------...-------------------------T-A----G..........--    228
FT            -----------------------...----------------------T--T----G--..........--    228
7810A         -----------------------...-------------------------C-A-----..........--    228
ON            -----------------------...-----G----------------T--T----G--..........--    228
CONSENSUS-C   TGAAACATACAGAGGAACGAAAC...GAGGTAGTAGAGAGACATCTAGCGGCAGAAACTAAAAATGCAGA    237
2238          -----------------------...----------------------------------------------    237
CONSENSUS-D   TGAAAGACACTGAGGGAGCAAAA...CAGATAGTGCAGAGACATCTAGTGGTGGAAACAGGAACTGCAGA    237
FO784         -----------------------...----------------------------------------------    237
CONSENSUS-SD  TGAAACAcACTGAgGAAGCAAAA...CA?ATAGTGCAGAGACA?CTAGTGgTGGAAACAGGAACAgCAGA    333
MM251         -----------------------...--G--------------C--------------------------    347
MM32H         -----------------------...--G--------------C--------------------------    347
MM1A11        -----------------------...--G-----A--------C--------------------------    347
MM239         -----------------------...--G--------------C---------------------A----    347
MM142         -----------------------...--G--------------C------A-------------------    347
MNE           -----------------------...--G--------------C--------------------------    347
SMMH4         -------T----------------...--A--------------T--------------------------    347
SMMH9         -------T-----A---------...--A--------------T--------------------------    347
SMMPBJ        -------------A---------...--A--------------T--------------------------    347
6P12          -------T-----A---------...--A--------------T--------------------------    347
CONSENSUS-E   TGAAAGATACAGAGGAAGCGAAAAAACATGTACAGCAGCACCACCTAGTGGCAGGAGGTAAAACTACAGA    240
PA            ----------------------------------------------------------------------    240
CONSENSUS-STM TGAAACATACTGAGGAAGCAAAG...CAAGTGGTAAAGAGACATCTTGTGGTAGA?ACTGGAACTGCA?A    340
STM           -----------------------...-----------------------------G------------A-    347
STM22579      -----------------------...-----------------------------A------------G-    347
CONSENSUS-B   TGAAAGATACtGAGGAAGCAAAA...AAGaTaGCACAGaGcCATCTAGcgG?ggACaCa.........GA    337
BA_7312A      ----------C-------------...---C------------------T--TA-----T.........--    228
```

```
                                                        Gag P17 Matrix \/ P24 Capsid
CONSENSUS-A   gAAAATGCCAaatAcAAGTAGACCAaCAGCACCAcCTAGcGgGaaaggaggaAAcTtCCCcGTgCAaca?    413
ROD           -----------GC---------------------T------A---G--------T-A---A--------T    417
NIHZ          ----------------------------------------------.....--------------G--A    411
ISY           --------------T--------------------------------G--------------------A    417
ST            A----------G--------------------------------C-----------------A-----A    417
UC2           ------------------------------------T-----------------------A-----G    417
BEN           ---------------------------------------T------A---------A------------A    417
CAM2          ----------G----------------------------T-----G--------T-A----------AGC    417
D194          --------------T------------------------T-----------------------------G    417
GH1           A----------G--------------------------------G----A----------T--A-----G    417
MDS           ------------------------------------------G-----------A---------GA-T    417
KR            C----------GC------------G------------------G---G-----T-A------------A    417
7924A         ---------------------------------------------------------A----------AGC    307
60415K        -----------GC-----------------------------G-------------------------T    307
FA            ---------------------------------------------GT--------------T--------G    307
CONSENSUS-B   aAAAatgCCagCTacaagtAaAcCAacagcacCacCTAGcgGC......agAaatTAtCCAGTGCAgCAg    401
D205          -----------------A------------------------.....G-------------------A    402
UC1           G-------------------G----------------------.....G-------C------------    402
EHOA          --------------TG----------GTAA----A-----C--.....CT-GC---------------A    402
60667K        --------------------G-------------T--------.....G-------------------A    292
JA            -----C--------------G------------G--------.....-----C---------------    292
FT            ----G-----------------T----------------T---.....---------------------    292
7810A         ------------------------------------------.....---------------------    292
ON            -----C--------------G----------------------.....-----C-----------A---    292
CONSENSUS-C   AAAAATGCCAGCCACAAGTAGACCAACAGCTCCATCTAGTGGCGGCAGAGGAAATTACCCAGTGCAGCAA    307
2238          ----------------------------------------------------------------------    307
CONSENSUS-D   CAAAATGCCATCAACGAGTAGACCAACAGCACCACCTAGTGACAGAGGAAGAAATTACCCAGTGCAGCAA    307
FO784         ----------------------------------------------------------------------    307
CONSENSUS-SD  ?Ac?ATGCCA??AACAAGtAGACCAACAGCACCA?cTAGtGGCAgAGGAGGAAATTACCCAGT?CA?CAA    396
MM251         A--T------AA----------------------T----C-----------------------A--A---    417
MM32H         A--T------AA----------------------T----C-----------------------A--A---    417
MM1A11        A-TT------AA------C--------T------T----C-----------------------A--A---    417
MM239         A--T------AA----------------------T----C-----------------------A--A---    417
MM142         A--T------AA----------------------TT---C-----------------------A--A---    417
MNE           A--T------AA----------------------T----------------------------A--A---    417
SMMH4         C-GA------GC------C---------------C----------------------------G--G---    417
SMMH9         C-AA------GC----------------------C----------------------------G--G---    417
SMMPBJ        C-AA------GC----------------------C---------A------------------G--G---    417
6P12          C-AA------GC----------------------C---------A------------------G--G---    417
CONSENSUS-E   GAAACTGCCTCCTCAGAGTAGACCAACAGCGCCACCTAGTGGAGGTGGAGGGAATTATCCAGTGCAACAG    310
PA            ----------------------------------------------------------------------    310
CONSENSUS-STM CAAAATGCCTGCCACAAGTAGACCAACAGCACCACCTAGTGGCAGAGGAGGAAATTACCCAGTACAGCAA    410
STM           ----------------------------------------------------------------------    417
STM22579      ----------------------------------------------------------------------    417
CONSENSUS-B   aAAAatgCCagCTacaagtAaAcCAacagcacCacCTAGcgGC......agAaatTAtCCAGTGCAgCAg    401
BA_7312A      -----CA--TA--G--GAC------G----GA--T----T---.....--------C--------A--A    292
```

HIV2/SIV GAG

```
CONSENSUS-A   ???gtaGgcGGCAACTAtaccCAtgTgCCgcTgAGtCCCcGAACtCTAAATGCtTGGGTaAAatTAgTaG    480
ROD           ...--------------C------A-A-----------------C--------C----------------    484
NIHZ          ...----CT---------------A-A--A---------G----------------------------G-    478
ISY           ...A--------------GT----C------------------C-----------------G-------    484
ST            ...--G-C----------------------A--A-----------C------------------C------    484
UC2           ...-C---T---------GT---------A-----C----------------------------------    484
BEN           ...-CG--T---------GT---------A-----C-----------------A--------------G-    484
CAM2          ...A----------------T-----------A-----------------------------------    484
D194          ...-C--------------T---------------C----------------------------------    484
GH1           ACA-GC--T----------T---C-----A-----C----------------------------------    487
MDS           ...A---------------------------T--------------------------------------    484
KR            ...A---CT---------T-----------T----C--------C-----------------G-----G-    484
7924A         ...A----------------------------------------C--------------G----------    374
60415K        ...----------------------A-A--------C----------------------------------    374
FA            ACA-GC--T--------CGT---------A--A--------------------------------A---    377
CONSENSUS-B   ...gTaGCtGGcAAtTAtgtCCAccTGCCgcTAAGCCCcCGaACCtTAAATGCcTGGGTAAAatTagTaG    468
D205          ...C-G--------C--C-----------------------------------T--------G-------    469
UC1           ...A----------C--C------A-------------T-----------------------G-------    469
EHOA          ...A--------------TC-----------------------------------------------------    469
60667K        ...A-------A------TC------------------T--G-----------------------G----    359
JA            ...--G--C--------C-----------------------------------------------C------    359
FT            ...-----C---------------G--------------------C--------------------A---    359
7810A         ...--G--C--------C-----T-----------------------------------------------    359
ON            ...-----C---------------G--------------------C--------------------A---    359
CONSENSUS-C   ...GTAGCAGGCAATTATGTCCACCATCCTCTAAGTCCTAGAACACTGAATGCATGGGTAAAGTTAGTAG    374
2238          ...----------------------------------------------------------------------    374
CONSENSUS-D   ...GTCGGCGGAAATTATGTCCACCTACCGCTGAGCCCCAGAACATTAAATGCATGGGTTAAGTTAGTGG    374
FO784         ...----------------------------------------------------------------------    374
CONSENSUS-SD  ...aTAGGTGG?AA?TATacCCACCTaCCaTTAAG?CC?AGAACATTAAATGC?TGGGTAAAATTgaTAG    458
MM251         ...--------T--C---GT------G--------C--G--------------C----------------    484
MM32H         ...--------T--C---GT------G--------C--G--------------C----------------    484
MM1A11        ...--------T--C---GT------G--------C--G--------------C----------------    484
MM239         ...--------T--C---GT------G--------C--G--------------C----------------    484
MM142         ...--------T--C--------------------C--G--------------C-----------A----    484
MNE           ...G-------T--C--------------------C--G--------------C----------------    484
SMMH4         ...G-------C--T---GT---------C-----T--A--------------T-----------AG---    484
SMMH9         ...G-------C--T--------------T-----T--A--------------T------------G---    484
SMMPBJ        ...--------C--T--------------T-----T--A--------------T----------------    484
6P12          ...--------C--T--------------T-----T--A--------------T----------------    484
CONSENSUS-E   ...ATAGGAAATAACTATGTGCACTCTCCACTGTCCCCAAGAACATTGAATGCATGGGTCAAATTAGTAG    377
PA            ...----------------------------------------------------------------------    377
CONSENSUS-STM ...GTAGGCGGCAATTATGTCCACCTACCATTAAGCCCAAGAACCTTGAATGCATGGGTAAAGTTAGTGG    477
STM           ...----------------------------------------------------------------------    484
STM22579      ...----------------------------------------------------------------------    484
CONSENSUS-B   ...gTaGCtGGcAAtTAtgtCCAccTGCCgcTAAGCCCcCGaACCtTAAATGCcTGGGTAAAatTagTaG    468
BA_7312A      ...---------------------G----AT--------------C----------------------G-    359
```

```
CONSENSUS-A   AgGAaAAgAAgTTCGGGGCAGAAGTAGTGCCaGGaTTtCAgGCaCTCTCAGAAGGCTGCACGCCCTATGA   550
ROD           -------A------------------------------------------------------------   554
NIHZ          ----------A--------------------------------------------------------   548
ISY           ----G--A-----------------------G-------------------------------------   554
ST            ------------------------------------------------------------------   554
UC2           ------------------------------------------------------------------   554
BEN           ------------------------------------------------------------------   554
CAM2          ------------------------------------------------------------------   554
D194          ------------------------------------------------------------------   554
GH1           ----C----------------------------------A-----------------------------   557
MDS           -A----------------------------------------------------------------   554
KR            -A--------------------------------G-------------------------------   554
7924A         -A--G--------------------------------C-----G--------------------------   444
60415K        -------A------------------------------------------------------------   444
FA            ----T--------------------------------------------------------------   447
CONSENSUS-B   AaGAaAAGAAgTTCGGGGcagAaGTaGTaCCAGGATTcCAgGCACTATCaGAaGGgTGcACcCCtTATGA   538
D205          ---------------------------------------T-----------------A--------------   539
UC1           ------------------------------------------------------A-----T--------   539
EHOA          ----G--------------------------------T-------------------------------   539
60667K        -G----------------AGA-C--G----------------------------A--------C-----   429
JA            -G--------A-------------------------------------------------------   429
FT            ----------------------------G-----------A--------G--------------------   429
7810A         -G--T-----A-----------------------------------------------T-----------   429
ON            ----------------------------G-----------A--------G--------------------   429
CONSENSUS-C   AAGAAAAGAAGTTTGGGGCAGAGGTAGTACCAGGATTTCAGGCACTGACAGAAGGGTGCACACCCTATGA   444
2238          ------------------------------------------------------------------   444
CONSENSUS-D   AGGACAAAAAATTCGGGGCAGAGGTAGTGCCAGGGTTTCAGGCACTATCGGAAGGCTGCACTCCGTATGA   444
FO784         ------------------------------------------------------------------   444
CONSENSUS-SD  A?GAgAA?AAATTTGG?GCAGA?GTAGTGcCAGGATTTCA?GC?CT?TCAGAAGGcTGCac?CCCTAtGA   520
MM251         -G--A--G--------A-----A-----------------G--A--G--------------C--------   554
MM32H         -G--A--G--------A-----A-----------------A--A--G--------------C--------   554
MM1A11        -G--A--G--------A-----A-----------------G--A--G--------T-----C--------   554
MM239         -G--A--G--------A-----A-----------------G--A--G--------T-----C--------   554
MM142         -G-----G--------A-----A------T----------G--A--G------------CTC--------   554
MNE           -G-----G--------A-----A-----------------G--A--G--------------C--------   554
SMMH4         -A-----A--------G-----G-----------------A--G--A--------------T--------   554
SMMH9         -A-----A--------G-----G-----------------A--G--A--------------T-----Y--   554
SMMPBJ        -A-----A--------G-----G-----------------A--G--A--------------T--------   554
6P12          -A-----A--------G-----G-----------------A--G--A--------------T--------   554
CONSENSUS-E   AAGAAAAGAAATTTGGAGCAGAGGTAGTGCCAGGCTTCCAGGCATTATCAGAAGGATGCACCCCGTATGA   447
PA            ------------------------------------------------------------------   447
CONSENSUS-STM AGGAAAAGAAATTTGGTGCAGAAGTGGTG?CAGGATTTCAGGC?CTATCAGAAGGCTGTACCCCCTATGA   545
STM           ----------------------------C-------------A--------------------------   554
STM22579      ----------------------------T-------------G--------------------------   554
CONSENSUS-B   AaGAaAAGAAgTTCGGGGcagAaGTaGTaCCAGGATTcCAgGCACTATCaGAaGGgTGcACcCCtTATGA   538
BA_7312A      -G--------A-----------------G--------T--------------G--A--T-----------   429
```

HIV2/SIV GAG

```
CONSENSUS-A   tATtAAtCAaaTGCTTAAtTGTGTGGGCGAcCAtCAaGCAGCtATGCAaATAATCAG?GAaATtATtAAT    619
ROD           ---C--C-----------------------------------C-----G--------G--G-----C---    624
NIHZ          ---------G-------------------------------------------------G------------    618
ISY           ----------------------------------------G--------------A------------    624
ST            ------------------------------------------------------------G------------    624
UC2           ---C--------------------------T--A--------C-----G--------A--------C---    624
BEN           ------------------------------T--C-----------------------A--G---------    624
CAM2          C-----------------------------------------------------------G--G---------    624
D194          ---C--------------------------T--C-----------------------A------------    624
GH1           ---C--C-----------------------T--C-----------------------A--G-----C---    627
MDS           ------------------C-----------T--------------------------G-----C------    624
KR            ------------------------------------------------------------A--G---------    624
7924A         C-----------------------------------------------------------G-----C------    514
60415K        ------C------------------------------G--------------------G------------    514
FA            ---C------C-------------------T--C-----------------------A--------C---    517
CONSENSUS-B   TATtAATCAgATGcTAAATTGTGTAGGaGAaCAtCAgGCAGCCATgcAAaTtATTAGgGAaATAATcAAT    608
D205          ---A-------------------------------------------------------A------------    609
UC1           ---A--------------------------C-------------------------------------    609
EHOA          -------------T-----------------------------------------------G-----T---    609
60667K        -------------T----------------C--------------CG----C--------------T---    499
JA            ---------A-----------------G--------A--------------------------------    499
FT            ----------------------------------C--------------------------------    499
7810A         ---------A--------------------------A--------------------------------    499
ON            ---C-----------------------------C-----------------------------------    499
CONSENSUS-C   TATTAATCAATTGCTAAATTGTGTAGGAGATCATCAGGCTGCTATGCAGATTATTAGAGAAATTATCAAT    514
2238          ------------------------------------------------------------------------    514
CONSENSUS-D   CATCAATCAGATGCTAAATTGTGTAGGAGAACATCAGGCAGCCATGCAGATCATAAGGGAAATAATCAAT    514
FO784         ------------------------------------------------------------------------    514
CONSENSUS-SD  cATtAATCA?ATG?TAAATTGTGT?GGAGA?CATCA?GCaGC?ATGCA?ATtAT?AGAGAaATTATAAAt    582
MM251         ---------G---T----------G-----C-----A--G--T-----G-----C-----T---------    624
MM32H         ---------G---T----------G-----C-----A--G--T-----G-----C-----C---------    624
MM1A11        ---------G---T----------G-----C-----A--G--T-----G-----C-----C--C-----C    624
MM239         ---------G---T----------G-----C-----A--G--T-----G-----C-----T--------C    624
MM142         ---------G---T----------G-----C-----A--G--T-----G--C--C-----T---------    624
MNE           ---------G---T----------G-----A-----A-----T-----G-----C--------------C    624
SMMH4         T--------A---C----------A-----A-----G-----C-----A-----T-----G---------    624
SMMH9         T--C-----A---C----------A-----A-----G-----C-----A-----T---------------    624
SMMPBJ        ---C-----A---C----------A-----G-----G-----C-----A-----T---------------    624
6P12          ---C-----A---C----------A-----G-----G-----C-----A-----T---------------    624
CONSENSUS-E   CATCAACCAGATGCTTAATTGCGTGGGGGAACATCAGGCAGCCATGCAAATTATCAGAGAGATAATCAAT    517
PA            ------------------------------------------------------------------------    517
CONSENSUS-STM CATCAATCAA?TGTTAAATTGTGTGGGGGAGCATCAAGCAGCCATGCAAATTATAA?AGAGATCATAAAT    613
STM           ----------C-------------------------------------------A-------------    624
STM22579      ----------A-------------------------------------------G-------------    624
CONSENSUS-B   TATtAATCAgATGcTAAATTGTGTAGGaGAaCAtCAgGCAGCCATgcAAaTtATTAGgGAaATAATcAAT    608
BA_7312A      ------------------------------------------------G-C------------------    499
```

```
CONSENSUS-A   GAaGaAGCAGCaGAtTGGGAtgcgcaaCA?CCaATACCA...GGCCCCTTaCCAGCgGGgCAGCTtAGaG    685
ROD           --G-----------A-------T------T---------...-----------------------------    691
NIHZ          --G-----------C-------TTGC---T--C------...-----------------------------    685
ISY           --------------C-------TA-----T---------...-----------------------C----    691
ST            --------------------C--A-----C---------...-----------------------C--G-    691
UC2           -----------G--------------G--C---------...--------------A-------------    691
BEN           --------------C------T----G--C---------...--------------A--A-----C----    691
CAM2          --------------C--------CA-T--T---------...-----------------------C----    691
D194          --G-----------------------G--C---------...--------------A-------------    691
GH1           --C--------------------A--G--C---------...--------------A-------------    694
MDS           --------------------------G--T---------...----------------------------    691
KR            ----------------------T------C---------...--------G-------------------    691
7924A         ----T-----------------TTGC---T---------...--------------A-----------G-    581
60415K        --------------A-------T------T---------...----------------------------    581
FA            -----------------------A--G--C---------...--------G-----A-------------    584
CONSENSUS-B   GAGGAaGCaGCaGAcTGGGACCAgCAgCAcCCg?taCCa...GGcCCAcTgCCaGCAGGaCAaCTtAGGG    674
D205          --------------------------A------TC----...------A----G----------------    676
UC1           -----G--G-----------------------A-----...--T-------------------------    676
EHOA          -----------------------A-----T--ATCG---...------A----------G-----C----    676
60667K        --------G--G--A--------A-----T--ATCG---...------A----G-----------C----    566
JA            ---------------------------------G-G---...--T-----A-----------G-------    566
FT            -----G--G--------------------T--AA-----...----------------------------    566
7810A         -----------G---------------------TC---G...--------A-----------G-------    566
ON            -----G---------------------------A-----...--T-------------------------    566
CONSENSUS-C   GAGGAAGCAGCCGATTGGGATGAACACCACCCAGTACCA...GGCCCACTGCCAGCAGGACAGCTTAGGG    581
2238          ----------------------------------------...----------------------------    581
CONSENSUS-D   GATGAGGCAGCAGATTGGGATCAGCAGCATCCACAACCA...GGCCCACTACCAGCAGGACAGCTCAGAG    581
FO784         ----------------------------------------...----------------------------    581
CONSENSUS-SD  GA?GAgGCTGCaGATTGGGA?TT?CA?CACCCaCAaCcA...G?TCCac?AC?A???GGaCAaCTTAG?G    638
MM251         --G-----------------C--G--G------------...-C-----A--A-...-----G-----G-    688
MM32H         --G-----------------C--G--G------------...-C-----A--A-...-----G-----G-    688
MM1A11        --G-----------------C--G--G------------...-C-----A--A-...-----G-----G-    688
MM239         --G-----------------C--G--G------------...-C-----A--A-...-----------G-    688
MM142         --G-----------------C--G--G----------A-...-C-----A--A-...-----G-----G-    688
MNE           --G-----------------C--G--G----------A-...-C-----A--A-...-----G-----G-    688
SMMH4         --A--A-----C--------T--A--A-----G------...-G-----T--C-GCA--G--------A-    691
SMMH9         --A--------T--------T--A--A-----R--G---...-G----AT--C-GCA-----------A-    691
SMMPBJ        --A--A-----T--------T--A--A-----G--G---...-G---GAT--C-CCA-----------A-    691
6P12          --A--A-----T--------T--A--A-----G--G---...-G---GAT--C-CCA-----------A-    691
CONSENSUS-E   GAAGAAGCAGCAGATTGGGACGTACAGCATCCAAGA......GGGCAACCGCCAGCACAGGGCCTAAGAG    581
PA            ------------------------------------.....----------------------------    581
CONSENSUS-STM GAGGAAGCTGCTGATTGGGAC?TGCAGCATCCACAACC????GGTCCGCTGCCAGCAGGGCAACTTAGAG    678
STM           ---------------------A----------------ACCG----------------------------    694
STM22579      ---------------------G----------------G...----------------------------    691
CONSENSUS-B   GAGGAaGCaGCaGAcTGGGACCAgCAgCAcCCg?taCCa...GGcCCAcTgCCaGCAGGaCAaCTtAGGG    674
BA_7312A      -----G--G------------------------G-G---...--T-------------------------    566
```

HIV2/SIV GAG

```
CONSENSUS-A   A?CCAaGaGGgTCTGAcATAGCAGG?ACAACAAGCACAGTAGAaGAaCAgATCcAgTGGATGTttAGgcc    753
ROD           -G-----G--A--------------G-------------------------------------------    761
NIHZ          -G----------------------G--------------------G--------------------A--    755
ISY           -T---C----A--------------G-----------------G---------G-A-------A-----A    761
ST            -G-----G--A--------------G--------------------G-----------------------    761
UC2           -C-----G-----------------A-----------------T--G----------------A-----A    761
BEN           -C-----------------------A-----------------T-------------------A------    761
CAM2          -C-----------------------A----------------------------A------------G-    761
D194          -C-----G-----------------A-----------------T-------------------A-----A    761
GH1           -C-----G-----------------A-------------------------------------A------    764
MDS           -A-----------------------G-----------------T-----A--------------C---G-    761
KR            -A--------------T--------G-------------------------------------------AG-    761
7924A         -A-----------------------A--------------------G--------------------AG-    651
60415K        -G-----------------------G-----------------T--------------------------    651
FA            -C-----G--A--------------A-----------------T-------------------A----G-    654
CONSENSUS-B   AcCCaAGAGGgTCaGAtATAGCgGGaACCACCAGCACAGTaGAgGAacAgATACAgTGGATGTaCAGggc    744
D205          ----------------------A--------------------------------------------    746
UC1           ----C-----------------A--------------------------A--------------------    746
EHOA          -A--------------C--------------------------A-----------------------AC-    746
60667K        -A--------------C--------------------------A-----------A-------G------    636
JA            ----------------C-----------------------G-----GG----------------------    636
FT            ----C-----------------A-------------------------A------------------CA    636
7810A         -------------G--C--------G--------------G-----G--------A--------------    636
ON            ----C-----------------A--------------------------A------------------CA    636
CONSENSUS-C   ATCCAAGGGGCTCTGACATTGCAGGAACAACCAGCACGGTAGAAGAACAGATACAGTGGATGTATAGAGC    651
2238          ------------------------------------------------------------------------    651
CONSENSUS-D   ATCCACGAGGATCTGATATAGCAGGAACCACTAGCACAGTGGAGGAACAAATACAGTGGATGTACAGGCA    651
FO784         ------------------------------------------------------------------------    651
CONSENSUS-SD  AGCC???aGGATCaGAcATTGCAGGAAC?ACTAGtaCAgTAGAtGAACAAATcCA?TGGATGTAcAG?CA    702
MM251         ----GTC---------T-----------A------T-------------------G-----------A--    758
MM32H         ----GTC---------T-----------A------T-------------------G-----------A--    758
MM1A11        ----GTC---------T-----------A------T-------------------G-----------A--    758
MM239         ----GTC---------T-----------A------T-------------------G-----------A--    758
MM142         ----GTC---------T-----------A--------------A-----------G-----------A--    758
MNE           ----GTC---------------------A--------------------------G-----------A--    758
SMMH4         ----AAG---------------------T--------------------------A-----------G--    761
SMMH9         ----AAGR-----C--------------T-----C---S----C--------T--A--------Y--G--    761
SMMPBJ        ----AAG------C--------------T-----C--------C--------T--A--------T--G--    761
6P12          ----AAG------C--------------T-----C--------C--------T--A--------T--G--    761
CONSENSUS-E   ACCCATCAGGATCAGACATAGCAGGGACAACCAGTACCCCCGCAGAACAAATAGAGTGGATGTACAGGAA    651
PA            ------------------------------------------------------------------------    651
CONSENSUS-STM AACCAAG?GGGTCAGATATAGCAGG?ACTACTAG??CA??AGAGGAACAAATTCAATGGATG?ACCGGCA    741
STM           -------C-----------------G--------CT--CC----------------------T-------    764
STM22579      -------T-----------------A--------TA--GT----------------------C-------    761
CONSENSUS-B   AcCCaAGAGGgTCaGAtATAGCgGGaACCACCAGCACAGTaGAgGAacAgATACAgTGGATGTaCAGggc    744
BA_7312A      ----C-----A-------------------------------------------------------G    636
```

```
CONSENSUS-A   acaaAAtCC?gTaCCaGTaGGgAaCATCTAtAGaAGaTGGaTcCAgATAGGgcTgCAgAAgTGtGTCAGg    822
ROD           ---------T-----------A----------------------------AT-----------------    831
NIHZ          ---------T-----------C-----------G--------T--------A-----A-----C------    825
ISY           -G-------T-----------A-----------G-----------------A-----------------A    831
ST            ---------T-----------A-G------------------------------A--------C------    831
UC2           G--------C--G--G--------------C--------------------------------------A    831
BEN           ---------C-----G--------------C--------------A-----------A-----------A    831
CAM2          ---------C------------------------------------------------------------    831
D194          --C------C--G--G--------------C--G--------------------A-----A---------    831
GH1           ---------C--G--G--------------C-----------------------A---------------    834
MDS           ---G-----T--------G--A-----------------------------------------------    831
KR            ---------TA----------------------G----------------A-----------C------    831
7924A         ------C--T--------G--A-------------------------------------A--C------    721
60415K        ---------C-----------A----------------------------A-----------C------    721
FA            ---------CA----G--------------C-----G---G-------------A---------------    724
CONSENSUS-B   cCaAAaTCCTgTcCCaGTaGGaAACATtTAtAGaAGaTGGATtCAa?TAGGgcTgCAgAAaTGTGTcCGg    813
D205          ------------------G---------------------------T----AT----------------A    816
UC1           A-----------T--G-----G--------C---------------A----------------------    816
EHOA          ------------------G--------C--------G--------GT-------A---------------    816
60667K        ----------------------------------------------GA----------A------------    706
JA            ---------------------------------G------------T-------------G---------    706
FT            A-C---------T--G-----G--------C-----------C---A----------------------    706
7810A         ----------A----------------------G--------C---T----A--------G---------    706
ON            G-C---------T--G-----G--------C---------------A-------------------T---    706
CONSENSUS-C   ACAGAACCCAGTACCGGTAGGCAACATCTATCGGAGATGGATCCAACTAGGCCTGCAAAAGTGTGTCAGA    721
2238          ------------------------------------------------------------------------    721
CONSENSUS-D   GCAGAATCCCATACCAGTTGGAAATATCTATAGGAGATGGATCCAGCTAGGGTTACAGAAATGTGTCAGA    721
FO784         ------------------------------------------------------------------------    721
CONSENSUS-SD  aCA?AACCCcATACCAGTAGGcAACATtTAcAGgAG?TGGATCCAAcT?GGG?TGCA?AAATGtGT?AGA    766
MM251         ---G--------------------------------A-----------G---T----A--------C---    828
MM32H         ---G--------------------------------A-----------G---T----A--------C---    828
MM1A11        ---G--------------------------------A-----------G---T----A--------C---    828
MM239         ---G--------------------------------A-----------G---T----A--------C---    828
MM142         ---G--------------------------------A-----------G---T----A--------C---    828
MNE           ---G--------------------------------A-----------G---T----A--------C---    828
SMMH4         ---A--------------------------T--A--G---------T-A---C----G--------A---    831
SMMH9         G--A-----T-----------------C-----R--G---------T-A---C----G-----C--A---    831
SMMPBJ        G--A-----T-----------T-----C-----A--G-----------A---C----G--------A---    831
6P12          G--A-----T-----------T-----C-----A--G---------T-A---C----G--------A---    831
CONSENSUS-E   TCCAAATCCAATCCCTGTGGGAGACATCTATAGAAGATGGATCCAGCTAGGGCTCCAGAAATGTGTCAGA    721
PA            ------------------------------------------------------------------------    721
CONSENSUS-STM GCAAAATCCTATACCGGTAGGAAACATCTACAGGAGATGGATTCA?CTAGGG?TACAAAAATGTGTCAGA    809
STM           ---------------------------------------------A------C-----------------    834
STM22579      ---------------------------------------------G------T-----------------    831
CONSENSUS-B   cCaAAaTCCTgTcCCaGTaGGaAACATtTAtAGaAGaTGGATtCAa?TAGGgcTgCAgAAaTGTGTcCGg    813
BA_7312A      T----G----A----------G-----------------------GC----AT-------G---------    706
```

HIV2/SIV GAG

```
CONSENSUS-A   AtGTACAAcCCaACcAACaTccTAGAc?TaAAaCAgGGACCAAAgGA?cCgTTcCAaAGcTATGTaGAtA    890
ROD           -----------G---------------A------------------G----------------------    901
NIHZ          --------T------------------A----T--A-----------A--A-------------------    895
ISY           --------T-----------T------A-------A--------A--GT----------------G----    901
ST            --------------------------A-------------------G--A-----G--T----------    901
UC2           ------------------G--T-----G----G-----------A--AT-A-----G-----------C-    901
BEN           -A------------T------T-----A----------------A--A--------------------C-    901
CAM2          -----------G---------------A------------------GT-A-------------------    901
D194          --------------T------T----TG-G--G-----------A--AT-------G-----------C-    901
GH1           --------------T------T-----G----G--------------A--------G--------G--C-    904
MDS           --------T------------------G-------------------G----------------------    901
KR            --------T------------------G-------------------G----------------------    901
7924A         --------T-----------------TG-------------------AT-A--T------              781
60415K        -----------G---------------A----------------A--G------------              781
FA            --------------T---G--------G-G--G--------------AT-------G---              784
CONSENSUS-B   ATGTAcAAtcCtACtAAtATAcTaGAcaTAAAacAaGGgCCAAAaGAaCCcTTCCAAAgCTAtGTAGATA    883
D205          --------------C--C---T----------G--G--A-----G--G----------------------    886
UC1           --------------C--C---T----------G--G--A-----------T-----------C-------    886
EHOA          -----------------------G--------G-------------------------------------    886
60667K        --------C-----C--------G--------G-----------G--G----------A-              766
JA            -----T--C--------------G---------G----A---------------------              766
FT            -----------C---------T----TG----------------G---------------              766
7810A         -----T--C--------------G--------------A---------------------              766
ON            ---------T-C--C------T----TG----------------G---------------              766
CONSENSUS-C   ATGTATAATCCAACTAACATTCTAGACGTGAAACAGGGTCCAAAAGAACCATTTCAGAGT              781
2238          ------------------------------------------------------------              781
CONSENSUS-D   ATGTACAACCCAACTAACATTCTGGATATAAAACAAGGGCCAAAAGAGACGTTCCAGAGC              781
FO784         ------------------------------------------------------------              781
CONSENSUS-SD  ATGTATAAcCCAACAAaCATT?TaGATGT?AAACAAGG?CCAAAAGAGcCATTTCA?AGCTAtGTAGA?A    831
MM251         ---------------------C-------A--------G-----------------G-----------C-    898
MM32H         ---------------------C-------A--------A-----------------G-----------C-    898
MM1A11        ---------------------C-------A--------G-----------------G-----------C-    898
MM239         ---------------------C-------A--------G-----------------G-----------C-    898
MM142         ---------------------C-------A--------G-----------------G-----------C-    898
MNE           ----------------G----C-------A--------G-----------------G-----------C-    898
SMMH4         ---------------------T-------G--------A-----------------A-----C-----T-    901
SMMH9         --------T------------T-G-----G--------A---------T-------A-----------T-    901
SMMPBJ        --------T------------T-G-----G--------A-----------------A-----------T-    901
6P12          --------T------------T-G-----G--------A-----------------A-----------T-    901
CONSENSUS-E   ATGTATAATCCAACAAACATTCTGGACGTCAAACAGGGGCCCAAAGAATCTTTTCAGAGC              781
PA            ------------------------------------------------------------              781
CONSENSUS-STM ATGTACAATCCAGTTAACATTTT?GAC?TAAAGCAAGG?CCAAAAGAA?CGTTCCAAAGTTATGTAGACA    875
STM           -----------------------A---G----------G---------A---------------------    904
STM22579      -----------------------G---A----------A---------C---------------------    901
CONSENSUS-B   ATGTAcAAtcCtACtAAtATAcTaGAcaTAAAacAaGGgCCAAAaGAaCCcTTCCAAAgCTAtGTAGATA    883
BA_7312A      --------------------------TG--------------------------------              766
```

```
CONSENSUS-A   GaTTCTAcAAaAGCtTgAGGGCAGAaCAaaCAGAtcCaGCaGTaAAaAAtTGGATGACcCAaACaCTGCT    960
ROD           ----------------------------------------G--G----------------------    971
NIHZ          -G-------------------------------------------------------------------    965
ISY           ----------------A-----------G------G-------G--G--------------G--G-----    971
ST            ----------G-------------------------------------------------------------    971
UC2           -G-----T--------A--------G---G----C--G--------------------------------    971
BEN           -G-----------------------------------C-----------------------------G-----    971
CAM2          ----------------------------------------------------------------------    971
D194          --------------C-A-----------------C--G--T-----------------------G-----    971
GH1           -G-----T-----------------------------G--------G--C--------------G-----    974
MDS           -----------------------------------G-------G--------------T--G--------    971
KR            --------------C-A-----------------C-----------------------------------    971
CONSENSUS-B   GATTCTACAAAAGCTTACGGGCAGAgCAAACAGACCCAGCAGTgAAAAATTGGATGACACAAACACTGCT    953
D205          -------------------------A--------------------------------------------    956
UC1           ----------------------------------------------------------------------    956
EHOA          ------------------------------------------A-------------------------    956
CONSENSUS-SD  G?TTCTACAAaAGtttAAGAGCaGAaCAaACAGAtcCaGCAgTaAAgAaTTGGATGACtCAAACACTGCT    900
MM251         -G-----------C---------------------G-----------------------------------    968
MM32H         -G-----------C---------------------G-----------------------------------    968
MM1A11        -G--------------------------G------G-----------------------------------    968
MM239         -G--------------------------G------G-----------------------------------    968
MM142         -G----------------------------------------------------------------------    968
MNE           -G-----------C----------------------------------------------------------    968
SMMH4         -A------------C----------G-----------C--------------------C-----------    971
SMMH9         -A--------G---C--------------------C--G---S-G--A-----------------------    971
SMMPBJ        -A--------G---C--------------------C--G-----G--A-----------------------    971
6P12          -A--------G--C-C------T-----------C--G-----G--A-G---------------------    971
CONSENSUS-STM GGTTCTACAAGAGTTTGAGAGCAGAACAAGCAGATCCA?CAGTGAAAAATTGGATGACTC?GACAC?GCT    942
STM           ---------------------------------------T----------------------G-----T---    974
STM22579      ---------------------------------------G----------------------A-----C---    971
CONSENSUS-B   GATTCTACAAAAGCTTACGGGCAGAgCAAACAGACCCAGCAGTgAAAAATTGGATGACACAAACACTGCT    953

CONSENSUS-A   agTaCAgaatgCcAACCCAGAcTGtAAgTTAGTacTAAAaGGacTaGGgATgAAtCCtACCtTAGAaGAg   1030
ROD           ------A--------------------A-----G--------------------C---------------   1041
NIHZ          -A-------------------T-----A---------------T----A--------------------A   1035
ISY           ---G--A...T-G--------------------------G------------------------------   1038
ST            ---G-----------------------------------------------A-----------------A   1041
UC2           G----------------------------------------G--G--A--------C---C--------   1041
BEN           -A----------------------C--------------------G-----------C---C--------   1041
CAM2          ---G-----------------------A-----------G---T-------------------------   1041
D194          -A----------------------C---------T----------------------C---C----G---   1041
GH1           -A----------------------C--------------------G-----------C---C--------   1044
MDS           -A----A--------------------A-----------------G------------------------   1041
KR            G--------------------------A-----------------G--------------------G---   1041
CONSENSUS-B   gATTCAGAATGCTAACCCAGATTGCAAgTTAGTgCTTAAGGGCTTgGGAATGAAtCCCACcTTAGAgGAA   1023
D205          ----------------------------------------------------------------------   1026
UC1           A-------------------------------A-----------A------------------------   1026
EHOA          --------------------------A--------------------------C-----A-----A---   1026
CONSENSUS-SD  GATTCAAAATGCtAACCCaGAtTG?AA?cTaGTGCT?AAGGG?CTGGGtatgAATCCCAC??TAGAAGAA    964
MM251         ------------------------C--G--------G-----G------G----------CC--------   1038
MM32H         ------------------------C--GT----A--G-----A------G----------CC--------   1038
MM1A11        ------------------------C--G--------G-----G------G----------CC--------   1038
MM239         ------------------------C--G--------G-----G------G----------CC--------   1038
MM142         ------------------------C--G--------G-----G-------C---------CC--------   1038
MNE           ------------------------C--G--------G-----G------------------CC--------   1038
SMMH4         ------------------------T--A--------C-----T-----C-----------TT--------   1041
SMMH9         ------------C-----G--C--T--AT-G-----C-----T-----Y--A--------TT--------   1041
SMMPBJ        ------------C-----G--C--T--AT-G-----C-----T--------A--------TT--------   1041
6P12          ------------C-----G--C--T--AT-G-----C-----T--------A--------TT--------   1041
CONSENSUS-STM AAT?CAAAATGCTAATCCAGACTGCAAATTGGTATTGAAAGGTCTGGGCATGAATCCCACCCTAGAAGAG   1011
STM           ---T------------------------------------------------------------------   1044
STM22579      ---C------------------------------------------------------------------   1041
CONSENSUS-B   gATTCAGAATGCTAACCCAGATTGCAAgTTAGTgCTTAAGGGCTTgGGAATGAAtCCCACcTTAGAgGAA   1023
```

HIV2/SIV GAG

```
                                                P24 Capsid \/ X peptide
CONSENSUS-A   ATGCTgACcgCCTGtCAgGGggTAGG?GGaCCAgGCCAgAAaGCcAGacTAATGGCaGAaGCCcTaAAgG   1099
ROD           ---------------------------T--G--------------T---T----------G-----G--A-   1111
NIHZ          ---------A----------------G-----------------T---T---------------------   1105
ISY           -----A-----------A---A----T--------------G---------------------T----A-   1108
ST            -----A--------------------T---------------------T--------------T------   1111
UC2           --------------C-----------C-----------A-----------------T-----------A-   1111
BEN           -----A--------C-----------C--------------------G--------T-----------A-   1111
CAM2          -----A--T--------A--A-----T-----------------T------------------T------   1111
D194          --------T-----C-----A-----C------A----------------------T-------------   1111
GH1           --------T-----------------T-----------A-----------------C--------G----   1114
MDS           -----A--------------A-----A-----------------T---T----------G---T------   1111
KR            --------------------AA----A--------------------T--------------T------   1111
CONSENSUS-B   ATGCTaACgGCCTGCCAaGGGATAGGAGGCCCAGGGCAGAAGGCAAGGCTAATGGCtGAgGCcTTAAAAG   1093
D205          ---------------------------------------------------------C--A----------   1096
UC1           -----G--------------------------------------------------------------   1096
EHOA          --------A--------G-------------------------------------------T-------   1096
CONSENSUS-SD  ATGcTGAC?GCcTGTCA?GGAGTAGGaGGgCCaGGACAaAA?gCtAGatTAATGGCAGAaGC??TgAAAG   1029
MM251         --------G--T-----A--------G--A--------G--G--------------------CC------   1108
MM32H         --------G--T-----A--------G--A--------G--G--------------------CC------   1108
MM1A11        --------G--T-----A--------G-----------G--G--------------------CC------   1108
MM239         --------G--T-----A--------G-----G-----G--G--------------------CC------   1108
MM142         --------G--------A--------G-----------G--G--------------------CC------   1108
MNE           --------G--T-----A-----------A-----------G--A-----------------CC------   1108
SMMH4         --------A--------G-----------------------A-----G--------------AT------   1111
SMMH9         ---T----A--------G--------R--------------AS-----C----------G--AT------   1111
SMMPBJ        ---T----A--------G-----------------------A------C----------G--AT-A----   1111
6P12          ---T----A--------G-----------------------A------C----------G--AT-A----   1111
CONSENSUS-STM ATGTTAACAGCATGTCAAGGGGTTGGGGGACCAGGACAGAAAGCTAGACTGATGGCAGAAGCCTTGAAAG   1081
STM           ------------------------------------------------------------------------   1114
STM22579      ------------------------------------------------------------------------   1111
CONSENSUS-B   ATGCTaACgGCCTGCCAaGGGATAGGAGGCCCAGGGCAGAAGGCAAGGCTAATGGCtGAgGCcTTAAAAG   1093

                          X peptide \/ P9 NC
CONSENSUS-A   AGGccaTggcaCCagcCCCtATCCCATTtGCAGCAGCCCAaCAg............AgaAgGacaaTtAa   1157
ROD           ---T---A-G---T--------------C-----------G---...............----A-G--T----   1169
NIHZ          ---T---------------C--------------------G---................----A----T-C--   1163
ISY           --------CG----------------------------------.............-A----G-------   1166
ST            -------------------C-------------------------.............--------------   1169
UC2           ----TT-AA-----C----------------------------A.............--G----------G   1169
BEN           ----T----G----AG---------------------------A...............----A-G------G   1169
CAM2          ---------G----C-------------C-----------G---............--------G-----   1169
D194          ----TT--A-G--------------------------------A.................------G------G   1169
GH1           ----TT--A-----C----------------------------A...............----A-GT-----G   1172
MDS           --------A-------------------C-----------G---............--------------   1169
KR            -----C-A-----------------------------------.............--------------   1169
CONSENSUS-B   AgGCCtTaACACCTgCacCCAtaCCGTTTGCtGCCGcTCAACaAAaAGCAGGgAAGAGagggACaGTGAC   1163
D205          -----C------------------------------T---------------------------------   1166
UC1           ----------------------------------------------------A-----------G-----   1166
EHOA          -A-----G------T-CA---AT--------C----------C--G------------G...--------   1163
CONSENSUS-SD  AgGC?CTg?c?CcAGggCcAcTCCC?TTTGCaGCAG?CCAacAGAa?GGAC?A...aGaAAG?cAATtaA   1088
MM251         ----C--CG-A----T----A----T----------C---GA---GG----C-...------C-------   1175
MM32H         ----C--CG-A----T----A----T----------C--------GG----C-...------C-------   1175
MM1A11        ----C--CG-A----T----A----T----------C--------GG----C-...------C-------   1175
MM239         ----C--CG-A----T----A----T----------C--------GG----C-...------C-------   1175
MM142         ----C--CG-A----C----A----T----------C---------G----C-...------C-------   1175
MNE           ----C--TG-A--------------T----------C---------G----C-...------C-------   1175
SMMH4         ----A---AGG----AT-A------A----------T---------A----A-...--G---A----C--   1178
SMMH9         -T--A---A-G-A------------A-----R----T---------A----A-...R-----AT----W-   1178
SMMPBJ        -T--A---A-G-A------------A----------T---------A----A-...------AT------   1178
6P12          -T--A---A-G-A------------A----------T---------A----A-...------AT------   1178
CONSENSUS-STM AGG?CTTCCAACCAG?CCCACTGCCCTTCGCAGCAGCCCAACAGCAGGGA......CGAAGGACAGTAAA   1143
STM           ---T-----------A-----------------------------------.....--------------   1178
STM22579      ---C-----------G-----------------------------------.....--------------   1175
CONSENSUS-B   AgGCCtTaACACCTgCacCCAtaCCGTTTGCtGCCGcTCAACaAAaAGCAGGgAAGAGagggACaGTGAC   1163
```

```
CONSENSUS-A   gTgcTGGAAtTGtGGaAAgGAgGGgCACTCGGCaAgACAaTGccGaGCaCCtAGAAGaCAgGGCTGCTGG   1227
ROD           A--------C-----------A-----------------------------------G------------   1239
NIHZ          ---------------------A--A-----------------GA-C--G---------------------   1233
ISY           ---T-----------------A-------------------------G---------------------   1236
ST            ------------C--------A-------------------------------------A---------   1239
UC2           ---T-----C-----G--------A--------G-A---G-----------------------------   1239
BEN           --AT-----C--------------A--------------G-----------------------------   1239
CAM2          A--------------G-------------------------------------------G------------   1239
D194          ---T--------------------A--------G-A---G-----------C------------------   1239
GH1           ---T-----C--C-----------A--------G-----G--------G---------------------   1242
MDS           ------------------A-----------------------------------------------------   1239
KR            ---------------------T-----------------------------------------------   1239
CONSENSUS-B   ATGCTGGAACTGtGGCAAgg?gGGACAcACAGCCAgGCAaTGCAgGGCCCCTAGAAGaCAGGGATGCTGG   1232
D205          ------------------ACA-----------------------------------------------   1236
UC1           --------------------TA-------------A---------------------------------   1236
EHOA          ------------C-------C------T-----------G----A------------G------------   1233
CONSENSUS-SD  GTGTTgGAAtTGTgG?AAgGA?GGACACTCTGCAAg?CAATgCAGagCCCC?AGAAGACAgGGcTGCTGG   1154
MM251         ---------------G-----G--------------G--------------A-----------A------   1245
MM32H         ---------------G--A--A--------------G--------------A-----------A------   1245
MM1A11        ---------------G--A--G--------------G--------------A-----------A------   1245
MM239         ---------------G--A--G--------------G--------------A-----------A------   1245
MM142         ---------------G-----A--------------G--------------A-----------A------   1245
MNE           ---------------G--A--G--------------G---------A----A------------------   1245
SMMH4         ---------------A-----G-------------AA--------G-----T------------------   1248
SMMH9         -----R---C---R-A-----A--------------A----T---------T--------R---------   1248
SMMPBJ        ---------C-----A-----A--------------A--------------T------------------   1248
6P12          ---------C-----A-----A--------------A--------------T------------------   1248
CONSENSUS-STM ATGCTGGAATTGTGGGAAAG?AGGGCACACTGCAAAACAGTGTAAAG?CCCGAGAAGACAAGG?TGTTGG   1210
STM           --------------------C--------------------------G---------------T------   1248
STM22579      --------------------A--------------------------C---------------C------   1245
CONSENSUS-B   ATGCTGGAACTGtGGCAAgg?gGGACAcACAGCCAgGCAaTGCAgGGCCCCTAGAAGaCAGGGATGCTGG   1232

                                                 \/ Pol ORF start
CONSENSUS-A   AAaTGTGGcAAg?CAGGACAcaTCATGgCAAA?TGCCCaGA?AGACAGGC?GGTTTTTTAGGgaTgGGcc   1293
ROD           --G-----T---C--------------A----C--------T--------A-----------AC------   1309
NIHZ          --G-----T---T-------TG----------T--------T--------T--------------T----   1303
ISY           ------------T-------------------C--------T--------T------------C-T--A-   1306
ST            ------------G-------------------A--------A--------G------------T------   1309
UC2           ------------C-------------------T-----G--C--------G------------------T   1309
BEN           --G---------C-------------------C-----G--A--------A------------T------   1309
CAM2          --G---------C--------------A----T-----T--T--------G--------------T----   1309
D194          --G---------T-------------------C-----G--A--------A------------------   1309
GH1           ------------A--------G----------A--------A--------A-----------------T-   1312
MDS           ------------A-------T-----------G--------C--------G--------------T----   1309
KR            -----------AT-------TG----------C--------A--------T--------------T----   1309
CONSENSUS-B   AAATGTGGAaAacaAGGACACATCATGTCAAAATGCCCAGAAAGACAGGCgGGTTTTTTAGGGTTaGGaC   1302
D205          ------------AC----------------------------------------------------------   1306
UC1           ------------------------------------------------T-------------------   1306
EHOA          ---------C-G-------------------------------------------------------C--C-   1303
CONSENSUS-SD  AA?TGTGGAaAAa?gGgcCATGTTATGGCcAAATGCCCagA?AGACAgGCgGGTTTTTTAGG?cTTGGcC   1220
MM251         --A----------T--A------------------------C--------------------C-----T-   1315
MM32H         --A----------T--A------------------------C--------------------C-----T-   1315
MM1A11        --A----------T--A------------------------C--------------------C-----T-   1315
MM239         --A----------T--A------------------------C--------------------C-----T-   1315
MM142         --A----------T--A-----------------------A-C--------------------C-------   1315
MNE           --A------C---T--------------------------C--------A-----------CT------   1315
SMMH4         --G----------C---T--------------------T--A--------------------G-------   1318
SMMH9         --G---------GCA--------------T--------C--A--------------------G-------   1318
SMMPBJ        --G---------GCA--------------T--------C--A-----A--------------G-------   1318
6P12          --G---------GCA--------------T--------C--A-----A--------------G-------   1318
CONSENSUS-STM AAATGTGGA?AAC?GGGCCATCAGATGGCCAAATGCCCAGAAAGACAGGT?GGTTTTTTAGGCTTTGGCC   1277
STM           ---------C---A-----------------------------------G-------------------   1318
STM22579      ---------A---C-----------------------------------A-------------------   1315
CONSENSUS-B   AAATGTGGAaAacaAGGACACATCATGTCAAAATGCCCAGAAAGACAGGCgGGTTTTTTAGGGTTaGGaC   1302
```

HIV2/SIV GAG

```
                                P9 NC \/ P6
CONSENSUS-A   catGGGGAAAGaAGcCcCGCAAcTTCCCcGtGgcCCaagttcCgCaGGGGCTg.................   1346
ROD           -T--------------------------------------------------.................   1362
NIHZ          AC------------G---------------C---------C-----------A.................   1356
ISY           ---------------------------------T--C-AG-T----------A.................   1359
ST            ----------------------T-----T---------A-C------------.................   1362
UC2           --C-----------------------------------C---T---------.................   1362
BEN           --C-------------T---------------A------CC--T---------.................   1362
CAM2          -C--------------------T--------------------A--------A.................   1362
D194          --C--------C------------------C--------C---T---------.................   1362
GH1           ---------------------------------------C---T-C-------.................   1365
MDS           -C-----------------------------------G--------------A.................   1362
KR            ----------------T---------------A---G---C------------.................   1362
CONSENSUS-B   CCTGGGGAAAGAAGCCTCGCAAcTTCCCCaTgaccCAaGtgCCtCAGGGagTgacaCCATCTGCaCCCCC   1372
D205          ----------------------------------------------------------------------   1376
UC1           ----------------------------------------------------------------------   1376
EHOA          ----------------------T------G-C...--G-CA--C-----GA-AGTG--------G-----   1370
CONSENSUS-SD  CaTGGGGAAAGAAGCCCCGCAATTTCCCCATGGCcCA?aTGC?TCAGGGGCTG.................   1271
MM251         ----------------------------------T--AG---A----------.................   1368
MM32H         ----------------------------------T--AG---A----------.................   1368
MM1A11        ----------------------------------T--AG---A----------.................   1368
MM239         ----------------------------------T--AG---A----------.................   1368
MM142         -T---------------------------------T--AG---A----------.................   1368
MNE           -------------------------------------A----A----------.................   1368
SMMH4         -------------------------------------G----C----------.................   1371
SMMH9         -------------------------------------G----C----------.................   1371
SMMPBJ        -------------------------------------G----C----------.................   1371
6P12          -------------------------------------G----C----------.................   1371
CONSENSUS-STM CATGGGGAAAGAAGCCCC?CAACTTCCCCATGGCCCAAATACCTCAGGGGCTG?????????????????   1329
STM           ------------------A---------------------------------.................   1371
STM22579      ------------------G----------------------------------ACGCCAACTGCCCCTCC   1385
CONSENSUS-B   CCTGGGGAAAGAAGCCTCGCAAcTTCCCCaTgaccCAaGtgCCtCAGGGagTgacaCCATCTGCaCCCCC   1372

CONSENSUS-A   ....................................AcACCAACAGCACCcCCagtaGAtCCaGcAGtg   1379
ROD           ....................................--------------------G------------   1395
NIHZ          ....................................------------------T-G------------   1389
ISY           ....................................------------------A-G------------   1392
ST            ....................................-----------------GA----C----T--A-   1395
UC2           ....................................-T-----------------C------G----C-   1395
BEN           ....................................-T------------T--G-C-----------C-   1395
CAM2          ....................................------------------T-G------------   1395
D194          ....................................-T----------------A--------------   1395
GH1           ....................................-T-----------------C-------------   1398
MDS           ....................................--------------------C-------------   1395
KR            ....................................-------------------C---C-------CA   1395
CONSENSUS-B   GATGaACCCAGCAgagGGCATGACACCTCgGGGgGCGAcaCCATCTGCgCCCCCTGCAGATCCAGCAGtG   1442
D205          ----------------------------------------------------------------------   1446
UC1           ----G-----------------------------------------------------------------   1446
EHOA          -------------TTC-------------A---T----TT--------A-------------------A-   1440
CONSENSUS-SD  ....................................Ac?CCAACTGCTCCcCCAGAgGAtCCAGCTGTG   1303
MM251         ....................................--G--------------------C---------   1401
MM32H         ....................................--G--------------------C---------   1401
MM1A11        ....................................--G--------------------C---------   1401
MM239         ....................................-TG--------------------C---------   1401
MM142         ....................................--G-----------------A--A---------   1401
MNE           ....................................--G--------------------C---------   1401
SMMH4         ....................................-TA-----------------------------   1404
SMMH9         ....................................--A-----------Y------------------   1404
SMMPBJ        ....................................--A-----------------------------   1404
6P12          ....................................--A-----------------------------   1404
CONSENSUS-STM ?...................................???A?GCCAACTGCCCCTCCAG?AGACCCAGCTGCG   1360
STM           ....................................-C-----------------A-------------   1404
STM22579      A...............................GAG-T-----------------T-------------   1422
CONSENSUS-B   GATGaACCCAGCAgagGGCATGACACCTCgGGGgGCGAcaCCATCTGCgCCCCCTGCAGATCCAGCAGtG   1442
```

```
CONSENSUS-A   GAcCTacTgGAgAaaTAtaTGCAGCAaGGgAgaaagCAgAggGAG............CAGAgagagAGaC   1437
ROD           --T----------------------------A--GA-----A---............-------------   1453
NIHZ          ----------------------------A-A--G---A------............-------------   1447
ISY           --------------G--C-----------------A-----A---............------C-A----   1450
ST            --------A-----G--C-------------A--G------A---...........-----------G-   1453
UC2           -----GT-A---------T-------G------------------.................-----G-------   1453
BEN           --A--GT------G-----------------------------.................-----G-------   1453
CAM2          --T----------------------------A--G----------............------C------   1453
D194          -----GT----------------------------------A---............-----G-------   1453
GH1           --T---T----A-G------------G------G-----------.................-----G-------   1456
MDS           ----------------------------------------------.........------------   1453
KR            -----G--A-----G--CT-------------G-------AA---...............----A-AT-----   1453
CONSENSUS-B   GAGATGCTgAAaAgcTACATGcAgaTgGGGAgacAgCAGAgaGAG............AgCcGAGAGAGAC   1500
D205          --------------T--------------------A---------...........------------   1504
UC1           ---------------------A-----------------------...........------------   1504
EHOA          --------A--G-A---------AC-A----AGA------AG---.............-A-A---------   1498
CONSENSUS-SD  GATCT?CT?AAgAA?TACATG?AgtTGGGCA?a?aGCAGAG?GA?????????????A?CAgAgaGA??C   1350
MM251         -----G--A-----C------C---------AGC-------A--A............-G--------AG-   1459
MM32H         -----G--A-----C------C--C------AGC-------A--AAAGCAGAGAGAA-G--------AG-   1471
MM1A11        -----G--A-----C------C---------AGC-------A--AAAACAGAGAGAA-G--------AG-   1471
MM239         -----G--A-----C------C---------AGC-------A--AAAGCAGAGAGAA-G--------AG-   1471
MM142         -----G--A-----C------C-C-------AGC-------A--A............-G-----G--AG-   1459
MNE           -----G--A--A--C------C---------A-C-------A--A............-G--A-AG--AG-   1459
SMMH4         -----A--G-----T------A--A------G-A-------G--G............-A--------GA-   1462
SMMH9         -----A--G-----T------A--G------G-AG------G--G............-A--------GA-   1462
SMMPBJ        -----A--G-----T------A--A------G-AG------G--G............-A--------GA-   1462
6P12          -----A--G-----T------A--A------G-AG------G--G............-A--------GA-   1462
CONSENSUS-STM GATCTGCTGAGAAGTTACATGCAGCTGGGCAAGAAGCAGAGAGAG............AGCAG?AAGACAC   1417
STM           ----------------------------------------------.........------G-------   1462
STM22579      ----------------------------------------------.........------A-------   1480
CONSENSUS-B   GAGATGCTgAAaAgcTACATGcAgaTgGGGAgacAgCAGAgaGAG............AgCcGAGAGAGAC   1500

CONSENSUS-A   CaTACAAaGAgGTGACaGAgGACTTaCTGCaccTCGAgcAgggagAgaCaCCacaCAgaGaG????cgAC   1503
ROD           -------G--A-------------------------------G---------T----G---CCAC-A--   1523
NIHZ          -G-----G--A-------------------GTT---------C----------TG---G---...A----   1514
ISY           ----------A--------------G-----T--------A---------------------...A----   1517
ST            ----------A--------------C-----G------A-ACA----------TG-------...A----   1520
UC2           -------G--------G--A-------------------------------T-G-------...G----   1520
BEN           ----------------G--------G---------------A----------T---------...GA---   1520
CAM2          -------------------------------------A--A------G-C---TG---G---...A-A--   1520
D194          -------G--------G-------------------------------G--C-------G-...G----   1520
GH1           ----------------G--A------------------------A-AG----T----------...G----   1523
MDS           -------------------------G------------------A--------TG--AG---...A-A--   1520
KR            -------G----------------------------A--A----------------A----...G----   1520
CONSENSUS-B   CCTACAAGGAGGTG.....................................................AC   1516
D205          --------------..................................................--   1520
UC1           --------------..................................................--   1520
EHOA          --------------..................................................--   1514
CONSENSUS-SD  CTTACAAGGAGGTg....................................................AC   1366
MM251         --------------..................................................--   1475
MM32H         --------------..................................................--   1487
MM1A11        -----------A--..................................................--   1487
MM239         --------------..................................................--   1487
MM142         --------------..................................................--   1475
MNE           --------------..................................................--   1475
SMMH4         --------------..................................................--   1478
SMMH9         -------------A..................................................--   1478
SMMPBJ        -------------A..................................................--   1478
6P12          -------------A..................................................--   1478
CONSENSUS-STM C?TACAAGGAGGTG....................................................AC   1432
STM           -C------------..................................................--   1478
STM22579      -T------------..................................................--   1496
CONSENSUS-B   CCTACAAGGAGGTG.....................................................AC   1516
```

HIV2/SIV GAG

```
                                                P6 \
CONSENSUS-A   AGAGGAcTTGCTgCACCTCAATTCTCTCTTTGGAAaaGACCAGTAG   1549
ROD           ---------------------------------------------   1566
NIHZ          ---------------------------------------------   1557
ISY           -----------------------------------C------     1560
ST            ---------------------------------------------   1563
UC2           ------------------------------------------------1566
BEN           ---------------------------------------------   1563
CAM2          ---------------------------------------------   1563
D194          ------------A--------------------------------   1563
GH1           ---------------------------------------------   1566
MDS           ------T----------------------------C----------   1566
KR            ------T---------------------------------------   1566
CONSENSUS-B   AGAGGATTTGCTGCACCTCAATTCTCTCTTTGGAGAAGACCAGTAG   1562
D205          ---------------------------------------------   1563
UC1           ---------------------------------------------   1563
EHOA          ------------------------------------------------1560
CONSENSUS-SD  aGAGGATTTGCTGCACCTCAATTCTCTCTTTGGAGaAGACCAgTAG   1412
MM251         -----------------------------------G-------     1518
MM32H         -----------------------------------G-------     1530
MM1A11        -----------------------------------G-------     1530
MM239         -----------------------------------G-------     1530
MM142         -----------------------------------G-------     1518
MNE           ---------------------------------------------   1518
SMMH4         ---------------------------------------------   1521
SMMH9         G--------------------------------------------   1521
SMMPBJ        G--------------------------------------------A   1521
6P12          G---------------------------------------A---     1524
CONSENSUS-STM AGAGGATTTG?TGCACCTCAATTCTCTCTTTGGAGAAGACCAG     1474
STM           ----------C--------------------------------     1521
STM22579      ----------G----------------------               1530
CONSENSUS-B   AGAGGATTTGCTGCACCTCAATTCTCTCTTTGGAGAAGACCAGTAG   1562
```