

HIV2/SIV Complete Genomes

BEN	AGAAAGGCGGGCCGAGAGTACCAAAAG... GCGGCGGTGTTGAGACCGGAGTGAAGAAGGCCCTCC... GGGTGAAGG... TAAGTACCTTAGCACCACAAAAACT... GTAGCCGAGAAA... GGCTTGTATACC... TACCCT... TAGACA...	1084
BEN	R R K A R A E V P K A A C G A G V K K E A S G E R S V P T P K T V A R K G L L S Y L \$ T #	343
BEN	E R R G P R Y O # # R R Y C E R E # # K Y L H O K # # S P E # # A C Y # # A R K # # G L L S Y L \$ T #	318
BEN	\$ K G A G R G T K # # G V W S G S E R G L # # V K # # S T Y T K N # # S Q K # # L V I # # P # # D #	331
GHI	525
D194	528
UC2	1084
ROD	527
NIH2	528
ISY	528
ST	529
CAM2	1093
MDS	528
KR	1052
UC1	1064
D205	1059
EHO	1061
MM251	1028
MM32H	1041
MM1A11AA	1039
MM142	538
MM239	1040
MNE	520
SMMPB14_441	812
SMMPB14_15	813
SMMPB6_6	1005
SMNH4	1033
SMNH9	519
STM	693
BEN	GGTAGAAGATTG... TGGAGAGTGGGCGGAGAAACTCCGTTTGAAGGAGAAAGAAAAGCAGATTTAGAAAAGTTAGTTCGCCCCGGGAGAAAGAAAAGTACAGGTAAACATATTTGTGGGCACCGAATGATTTGGATTAA	1231
BEN	- R R L W E M G A R N S V L R G K K A D E L E K L V R L R P G G K K Y R L K H I L C G A O R M N W I D K	392
BEN	V E D # # G R W A R E T P S \$ E G K K O T N \$ K K L G Y G P A E R K S T Y R L K H I L C G A O R M N W I D K	363
BEN	# \$ K I # # G D G R E K L R L E R E K S R I R K K S \$ V T A R R R K E K V O V K T Y C V G S E \$ I G \$	374
GHI	672
D194	675
UC2	1231
ROD	674
NIH2	675
ISY	675
ST	676
CAM2	1240
MDS	675
KR	1199
UC1	1212
D205	1207
EHO	1208
MM251	1159
MM32H	1182
MM1A11AA	1180
MM142	679
MM239	1181
MNE	661
SMMPB14_441	956
SMMPB14_15	957
SMMPB6_6	1149
SMNH4	1177
SMNH9	663
STM	837
Gag and Gag-Pol p16 Matrix start	_ M G A R N S V L R R G K K A D E L E K L V R L R P G G K K K Y R L L K H I V W A A N E L D K	Gag, Gag-Pol

BEN TTGGATTGGCAGAGAGCCCTGTTGGAGTCAAAAGAAAGTTGCCAAAGATTCAGAGATTTAGATTCACCAAGAGGGTGGAGAAAATTTAAAGAGCCCTTTTAAATACCGTTCGGTCAATTTGGTTCGACGAGAGAGAAA 1381
 BEN FGLAESESLLESEKKEGCAKOKRILILRVLDP LVP TQS E N L K S L F N T V C V I W C L H A E E K 442
 BEN SDW O R A C W S O K K A V A C K K E V A C K R I S E F \$ I H \$ Y Q T G O K I \$ K A F L I P S A S F G A C T O K R K 410
 BEN I R I G R E P V G V K R R L P K D S O S F R S I S T N R V R K F K K P F \$ Y R L R H L V L A R R R E 423
 GH1 -----C-----A-----C-----A----- 822
 D194 -----A-----T-A-----A----- 825
 UC2 -----A-----A-----C-----A-----T-----A----- 824
 ROD -----A-----T-----G-----T-----A-----T-----A----- 825
 NIH2 -----A-----T-----C-----T-----G-----T-----C-----A----- 825
 ISY -----AA-----A-----A-----TTTC-----A-----TTAC----- 826
 ST -----G-----A-----T-----C-----G-----T-----A-----TA----- 826
 CAM2 -----A-----A-----GA-----T-----A-----T-----G-----T-----A-----G----- 825
 MDS -----A-----G-----G-----T-----G-----A-----T-----G-----A----- 825
 KR -----A-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----T-----AC----- 1349
 UC1 -----T-----A-----A-----T-----C-----A-----T-----C-----C-----T----- 1362
 D205 -----T-----A-----A-----T-----A-----C-----C-----T-----T-----C----- 1357
 EHO -----T-----A-----G-----A-----GG-----A-----GA-----T-----T-----A-----C-----TT-----C----- 1358
 MM251 -----T-----A-----A-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----T----- 1319
 MM32H -----T-----A-----A-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----T----- 1332
 MM1A11AA -----T-----A-----A-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----T----- 1330
 MM142 -----T-----A-----A-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----T----- 829
 MM239 -----T-----A-----A-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----T----- 1331
 MNE -----T-----A-----A-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----T----- 811
 SMPB014.441 -----T-----A-----A-----AAC-----A-----T-----A-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----T----- 1106
 SMPB014.15 -----T-----A-----A-----AAC-----A-----T-----A-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----T----- 1107
 SMPB06.6 -----T-----A-----A-----AAC-----A-----T-----A-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----T----- 1297
 SMPH4 -----T-----A-----A-----TTAC-----T-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----T----- 1327
 SMPH9 -----T-----A-----A-----AAC-----A-----T-----A-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----T----- 813
 STM -----T-----A-----A-----AAC-----A-----T-----A-----A-----TTTC-----C-----C-----G-----T-----A-----T----- 987
 p16 Matrix FGLAESLLESEKKEGCAKOKRILILRVLDP LVP TQS E N L K S L F N T V C V I W C L H A E E K Gag, Gag-Pol
 GTGAAAGTACTGAGGAGAAAGAACTGACAGCAGACATTTGGAGCAAACTGGAAGTGCAGAAATGCGAATACAGTAGACACACACCTTAGTGGGAAAAGA...GGAACCTAC...CCCGTGCACAACCGGGT 1525
 BEN VKDTEEAKKLAQRHLVAETGTLAEKMPN T S R P T A P S G K R G N Y P V O O A R V 490
 BEN \$KILIRKORNSHRLIWOQLLELQRLQKICQIVDQOHHLVGVGKH#E T # P C N K R G 453
 BEN SERYSKKE T S T E T S S G R N W N C R E N A K Y K \$ T N S T T \$ W E K # # K L I # # H R A A T S G C 466
 GH1 -----A-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 969
 -----A-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 970
 D194 -----A-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 970
 UC2 -----A-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1525
 ROD -----A-----G-----TG-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 968
 NIH2 -----A-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 963
 ISY -----A-----A-----A-----T-----GG-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 969
 ST -----A-----A-----AAC-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 970
 CAM2 -----A-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1534
 MDS -----A-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 969
 KR -----A-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1493
 UC1 -----A-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1491
 D205 -----A-----A-----GA-----C-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1486
 EHO -----A-----GA-----C-----CA-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1487
 MM251 -----A-----AC-----GA-----TG-----C-----CA-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1463
 MM32H -----A-----AC-----GA-----TG-----C-----CA-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1476
 MM1A11AA -----A-----AC-----GA-----T-----C-----CA-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1474
 MM142 -----A-----AC-----GA-----T-----C-----CA-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 973
 MM239 -----A-----C-----GA-----TG-----C-----CA-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1475
 MNE -----A-----AC-----GA-----TG-----C-----CA-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 955
 SMPB014.441 -----A-----AC-----A-----TG-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1250
 SMPB014.15 -----A-----C-----A-----TG-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1251
 SMPB06.6 -----A-----AC-----A-----TG-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1443
 SMPH4 -----A-----AC-----A-----TG-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1471
 SMPH9 -----A-----AC-----A-----TG-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 957
 STM -----A-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----CT-----C-----CT-----GAGCA-----GAC-----GC----- 1131
 p16 Matrix V K D T E E A K K L A Q R H L V A E T G T A E K W P N T S R P T A P P S G K R G N Y P V O O A R V Gag and Gag-Pol p16 Matrix end \ p24 Capsid start 1141

HIV2/SIV Complete Genomes

BEN	GGCACTATATGTCATGTCGCACTGAGCCGCCGAACTGTAATGATGCGGTTAAATTAAGTGGAGGAAAGAGATTTCGGGCGAAGAGTAGTCCAGGATTTTCAAGCCACTCTCAGAAAGCTTGCACCGCCCTATGATATCAATTCGTTAAT	1675
BEN	-N Y V H V P L S P R E T L N A W V K L I W E K K F G A E V V P D F O A L S E G C T P Y D I N O M L N	540
BEN	A T M S M H \$ A P H \$ A P R L \$ M H G \$ N \$ W R K R K S G O K \$ C O D F R H S O K A L R P M I L I K C L I	498
BEN	W O L I C P C A T E P P N S K C M G K I S G G K E V R G R S S A R I S G T L R R L H A L I \$ Y \$ S N A \$	513
BEN	A - C - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - -	1119
D194	A - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - -	1120
UC2	CAC - A - A - G - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - -	1675
ROD	AC - A - A - - - - - T - - - - - G - - - - - T - - - - - A - - - - -	1118
NIH2	AC - A - A - - - - - T - - - - - G - - - - - T - - - - - A - - - - -	1113
ISY	C - G - - - - - T - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1119
ST	AC - - - - - A - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - -	1120
CAM2	ACT - - - - - G - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - -	1684
MDS	AC - - - - - GT - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - -	1119
KR	TC - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - -	1643
UC1	C - CA - G - A - - - - - T - - - - - CT - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - -	1641
D205	C - CC - G - A - - - - - T - - - - - CT - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - -	1636
EHO	-T - TC - CC - G - A - - - - - T - - - - - CT - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - -	1637
MM251	-T - - - - - CC - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1613
MM32H	-T - - - - - CC - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1626
MM1A1JA	-T - - - - - CC - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1624
MM142	-T - AC - CC - A - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1123
MM139	-T - AC - CC - A - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1625
MNE	-T - AC - CC - A - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1105
SMMPB14_441	-T - AC - CC - A - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1400
SMMPB14_15	-T - AC - CC - A - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1401
SMMPB06_6	-T - AC - CC - A - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1593
SMNH4	-T - AC - CC - A - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1621
SMNH9	-T - AC - CC - A - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1107
STM	-T - AC - CC - A - - - - - T - - - - - GA - - - - - NT - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - -	1281
Capsid	-N Y V H V P L S P R T L N A W V K L I V E K K F G A E V V P G F O A L I S E G C T P Y D I N O M L N	Gag, Gag-Pol
BEN	TGTGTGGGATCAACGAGCTATGTCGCACTGAGCCGCCGAACTGTAATGATGCGGTTAAATTAAGTGGAGGAAAGAGATTTCGGGCGAAGAGTAGTCCAGGATTTTCAAGCCACTCTCAGAAAGCTTGCACCGCCCTATGATATCAATTCGTTAAT	1822
BEN	C V G D H O O A A M O I I R E I I N E E A A D W D S O H P I P G P L P A . G O L I R D P R G S D I A G T	589
BEN	L C G R S P S S Y A N N O R D Y S S R S S R L G F A A P N T R P L T S # T A O R P K R V \$ H S R N	544
BEN	V W A I T K O L C K S E R L I M K K O Q T G I R S T O Y O A P Y O # H D S S E T O E G L T \$ O E O	558
BEN	C - - - - - T - - - - - G - - - - - T - - - - - G - - - - -	1266
D194	A - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - -	1267
UC2	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1822
ROD	C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1822
NIH2	C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1265
ISY	C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1266
ST	C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1267
CAM2	C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1831
MDS	C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1266
KR	C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1790
UC1	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1788
D205	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1783
EHO	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1784
MM251	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1757
MM32H	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1770
MM1A1JA	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1768
MM142	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1267
MM339	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1769
MNE	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1249
SMMPB14_441	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1547
SMMPB14_15	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1548
SMMPB06_6	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1740
SMNH4	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1768
SMNH9	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1254
STM	A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - -	1431
Capsid	C V G D H O O A A M O I I R E I I N E E A A D W D S O H P I P G P L P A . G O L I R D P R G S D I A G T	Gag, Gag-Pol

HIV2/SIV Complete Genomes

Genomic alignment data for HIV2/SIV Complete Genomes. The table lists various proteins (e.g., BEN, ROD, NIHZ, ISY, ST, CAM2, MDS, UC1, D205, EHO, MM251, MM32H, MM1A11AA, MM239, MNE, SAMPB14.441, SAMPB14.15, SAMPB16.6, SMWH4, SMWH9, STM, Protease) and their corresponding nucleotide sequences. The sequences are aligned in columns, with gaps indicated by dashes. The alignment shows high conservation across different strains, particularly in the gag, pol, and protease regions.

2797 904 841 872 2241 2242 2243 2235 2238 2242 2806 2241 2765 2778 2773 2768 2690 2715 2713 2200 2714 2182 2480 2481 2673 2701 2187 2361

HIV2/SIV Complete Genomes

BEN	17AGGCCATAAAGTAACATTGAAAGCCAGGGAAGATGGACCAAGCTGAAGAACAAATGAGGAGAGAAATGAGAGACCTAAAGAGAGATCTGTGAAAATAATGGAAGAGGGCCAGCTAGAGGCACTCCACTAAATC	3097
BEN	\$S O \$ K \$ N \$ H \$ S \$ O \$ G \$ K \$ M \$ D \$ O \$ G \$ \$ N \$ N \$ G \$ P \$ \$ O \$ K \$ R \$ K \$ S \$ H \$ \$ K \$ R \$ S \$ V \$ K \$ K \$ R \$ A \$ S \$ \$ K \$ R \$ H \$ L \$ O \$ L \$ I \$	985
BEN	R A N K S N I E A R E R W T K T K O G S E T M A E T M N G P S O K R E N R S T K R D L S K N G K R K N G A R R A S K R H L O L I S	938
BEN	I E P I K V T L K P G K D G P R L K O W P L T K E K I E A L K E I C E K W E K E G O L I E E A P P T N	972
BEN	-A-	2541
BEN	-C-	2542
D194	-A-	2543
UC2	-A-	2544
ROD	-A-	2545
NIH2	-A-	2535
ISY	-A-	2538
ST	-A-	2542
CAM2	-A-	3106
MDS	-A-	2541
KR	-A-	3065
UC1	-A-	3078
D205	-A-	3073
EHO	-A-	3068
MM251	-A-	2990
MM32H	-A-	3015
MM1A1JA	-A-	3013
MM142	-A-	2500
MM239	-A-	3014
MNE	-A-	2482
SMMPB14.441	-A-	2780
SMMPB14.15	-A-	2781
SMMPB06.6	-A-	2973
SMMH4	-A-	3001
SMMH9	-A-	2487
STM	-A-	2487
Pol RT	-A-	2661
BEN	I E P I K V T L K P G K D G P R L K O W P L T K E K I E A L K E I C E K M E K E G O L I E E A P P T N	3247
BEN	CTTAAATACCCCACATTTGCAATTAAGAAAAGGACAAAGAAAGTGGAGATGCTGATGATTTTGAAGAACTAAATTAAGTAGTCAAGAAATTCAGTGAAGATTCACCCGGCAGGACTAGCCAAAAGAAAA	1029
BEN	L I Y P H I L O L I R K R T R T N G E D A D R F S R I L E S O K F S S E F H T R P G R D S P K R K	984
BEN	P Y N T P T F A I K K K K D K N K W R M L I D F R E L N K K V T Q D F T E I O L G I P H P A G L A K K K	1022
BEN	-A-	2691
D194	-A-	2692
UC2	-A-	3247
ROD	-A-	2693
NIH2	-A-	2685
ISY	-A-	2688
ST	-A-	2692
CAM2	-A-	3256
MDS	-A-	2691
KR	-A-	3215
UC1	-A-	3228
D205	-A-	3220
EHO	-A-	3218
MM251	-A-	3140
MM32H	-A-	3165
MM1A1JA	-A-	3163
MM142	-A-	2650
MM239	-A-	3164
MNE	-A-	2632
SMMPB14.441	-A-	2930
SMMPB14.15	-A-	2931
SMMPB06.6	-A-	3123
SMMH4	-A-	3151
SMMH9	-A-	2637
STM	-A-	2811
Pol RT	-A-	1811

HIV2/SIV Complete Genomes

BEN	GGATCTCTATATTAAGTGTAGGGAGTCCCTATTTTTCACCACTACATGAGAATTTTAAAGCAGTATATCTGCATTTTACCCCTACAGCAGTAAACAATATGGAACCAAGAAAGAAAGATATATATTAAGTCTTTCCACCAAGGATGGAAGG	3397
BEN	-S L Y \$ M \$ G M P I F P Y H Y M K I L G S I L H I P Y O \$ T I W N O E K K I Y I K S C H K D G R	1076
BEN	D L Y I R C L F C L F F H T T T T F \$ L A V I C I L Y P T S S K O Y G T R K K I Y I K S L A T R M E G	1031
BEN	R I S I L L D V G D A Y F S I P L H E D F R O Y T A F T L P A V N N M E P G K R Y I Y K V L I P O G W K	1072
BEN	-----C-----G-----A-----GCA-G-A-A-----G-----A-----A-----	2841
D194	-TA-G-C-C-----C-----C-----A-----GCA-G-A-A-----G-----A-----A-----	2842
UC2	-TA-G-C-C-----C-----C-----T-----G-A-----C-----C-----G-----A-----	2843
ROD	-A-TA-G-C-C-----T-C-----C-----G-C-----A-GA-----C-----C-----G-----A-----	2843
NIH2	-A-TA-G-C-C-----T-C-----C-----G-C-----A-GA-----C-----C-----C-----A-----G-----	2835
ISY	-A-TA-G-G-C-----A-----C-----T-----G-----A-----GCA-----C-----C-----G-----A-----	2838
ST	-A-TA-G-CC-----T-C-----C-----G-----A-----GCT-----C-----C-----CA-----G-----	2842
CAN2	-A-TA-G-C-C-----T-C-----T-----C-----C-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----	3406
MDS	-A-TA-G-C-C-----A-----T-----C-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----G-----G-----	2841
KR	-A-TA-G-C-C-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----GCA-----A-----G-----G-----	3365
UC1	-A-AA-AG-C-C-----G-A-----C-----CAGT-----C-----G-CC-A-C-C-A-----A-----C-----T-----G-----TC-A-----	3378
D205	-A-AA-AG-C-C-----G-A-----C-----CAGT-----C-----G-CC-A-C-C-A-----A-----C-----T-----G-----TC-A-----	3370
EHO	-A-AA-AG-C-C-----G-A-----C-----CAGT-----C-----G-CC-A-C-C-A-----A-----A-----C-----T-----C-----TC-A-----	3368
MM251	-TA-AG-C-G-A-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----GCA-----G-----C-----C-----T-----G-----TC-----	3290
MM32H	-TA-AG-C-G-A-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----GCA-----G-----C-----C-----T-----G-----TC-----	3315
MM1A1JA	-TA-AG-C-G-A-----T-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----GCA-----G-----C-----C-----T-----G-----TC-----	3313
MM1A1JA	-TA-AG-C-G-A-----T-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----GCA-----G-----C-----C-----T-----G-----TC-----	2800
MM239	-A-TA-AG-C-G-A-----T-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----GCA-----G-----C-----C-----T-----G-----TC-----	3314
MM239	-A-TA-AG-C-G-A-----T-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----GCA-----G-----C-----C-----T-----G-----TC-----	3314
MNE	-A-AG-C-G-G-----T-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----GCA-----G-----C-----C-----T-----G-----TC-----	2782
SMMPB14_441	-A-AG-G-G-G-----T-----A-----A-----C-----C-----TT-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----A-----A-----T-----	3080
SMMPB14_15	-A-AG-G-G-G-----T-----A-----A-----C-----C-----TT-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----A-----A-----T-----	3081
SMMPB6_6	-A-AG-G-G-G-----T-----A-----A-----C-----C-----TT-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----T-----	3273
SMH4	-A-AG-G-G-G-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----T-----	3301
SMH9	-A-AG-G-G-G-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----T-----	2787
STM	-A-A-AG-G-G-----G-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----C-----C-----C-----G-----A-----TC-----	2961
Pol RT	R I S I L L D V G D A Y F S I P L H E D F R O Y T A F T L P A V N N M E P G K R Y I Y K V L I P O G W K	Pol
BEN	GATCACGACGAAATTTTCAATACACATGAGGCAAGTCTTAGAACCTTTGACAAAAGCAAAACCGATGTCATCTTCACAGTACAGTACAGTACGATGATCTTAATGACAGTACAGGAGTAAAGCAGTAAAGTGTCTTCCAGC	3547
BEN	D H O O F F N T O \$ G K S L S N L S E K O P R O M S F S S S T W M I S S L V T G O V \$ S M T K W S C S A	1121
BEN	I T S N F S I H N T E A T F O S E A T F O K S K O P R O C H S H P V H G \$ Y L N S \$ S T Q D R F R A \$ O S K W S C S A	1077
BEN	-S P A I F O Y T M R O V L I E P F R K A N P D V I L I O Y M D D I L I A S D R T G I E H D K K V V L I O	1122
BEN	-----C-----T-----TG-----A-----GA-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----	2992
D194	-----C-----T-----TG-----A-----GA-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----GG-----A-----	2992
UC2	-----C-----C-----T-----TG-----A-----GA-----A-----AAG-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----GG-----A-----	3547
ROD	-G-----G-----C-----GA-----A-----A-----AAG-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----GG-----A-----	2993
NIH2	-G-----G-----C-----GA-----A-----A-----AAG-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----GG-----A-----	2988
ISY	-G-----G-----C-----GA-----A-----A-----AAG-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----GG-----A-----	2988
ST	-G-----G-----C-----GA-----A-----A-----AAG-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----GG-----A-----	2992
CAN2	-G-----G-----C-----GA-----A-----A-----AAG-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----GG-----A-----	3556
MDS	-G-----G-----C-----GA-----A-----A-----AAG-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----GG-----A-----	2991
KR	-G-----C-----C-----T-----TG-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----GG-----A-----	3515
UC1	-G-----C-----C-----T-----TG-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----GG-----A-----	3528
D205	-G-----C-AGT-----G-----T-----C-----AA-G-A-----T-----T-----G-----C-----AGG-----C-----C-----T-----A-----A-----GT-A-C-G-----C-----GG-----A-----GTCC-----A-----	3520
EHO	-G-----C-AGT-----G-----T-----C-----GGAA-G-AC-----C-----T-----G-----C-----A-----T-----C-----A-----T-----C-----A-----A-----GC-A-C-G-----GG-----A-----GTCT-----A-----	3518
MM251	-G-----C-----C-----C-----T-----A-----T-----GC-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	3440
MM32H	-G-----C-----C-----C-----T-----A-----T-----GC-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	3440
MM1A1JA	-G-----C-----C-----C-----T-----A-----T-----GC-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	3465
MM1A1JA	-G-----C-----C-----C-----T-----A-----T-----GC-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	3465
MM142	-G-----C-----C-----C-----T-----A-----T-----GC-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	3463
MM239	-G-----C-----C-----C-----T-----A-----T-----GC-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	2950
MNE	-G-----C-----C-----C-----T-----A-----T-----GC-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	3464
SMMPB14_441	-T-----C-----C-----C-----T-----AA-T-----T-----GC-----C-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	2932
SMMPB14_15	-T-----C-----C-----C-----T-----AA-T-----T-----GC-----C-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	3230
SMMPB14_6	-T-----C-----C-----C-----T-----AA-T-----T-----GC-----C-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	3231
SMH4	-T-----C-----C-----C-----T-----AA-T-----T-----GC-----C-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	3423
SMH9	-T-----C-----C-----C-----T-----AA-T-----T-----GC-----C-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----C-----CCT-AG-----T-----ACC-G-A-----GG-----A-----TT-----A-----	3451
STM	-T-----RC-T-----TR-----AA-TA-A-----G-----A-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----TT-----A-----AT-----	2937
Pol RT	-S P A I F O Y T M R O V L I E P F R K A N P D V I L I O Y M D D I L I A S D R T G I E H D K K V V L I O	Pol

HIV2/SIV Complete Genomes

BEN	TAAGAAGCTTGAATAGCCCTTAGGGTTTTCCTAOTCCAGATGAGAGATTCCAAAAAGACCCTTCATTTCAATGAGTGGCTGTGAACCTATAGGCCCAACTAATGAGAACTGACACTGCCGAGAAAGACATATGACAGTCA	3697
BEN	\$-K N F \$ M A \$ G F L L O M R S S K K T L H F N M D G L \$ V N Y G O L N E S C R N Y N C P P E R K T Y G O S	1168
BEN	K R T S K M P R V F Y S R \$ E V P S I E S M D G L \$ V N Y G O L N E S C R N Y N C P P E R K T Y G O S	1124
BEN	L K E L L N G L G F S T P D E K F O K D P P F O W M G C E L W P T K W K L O K L O L I P O K D I W T V	1172
BEN	-----G-----C-----C-----G-----GC-----A-----T-----A-----T-----A-----	3141
D194	-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----	3142
UC2	-----C-----C-----C-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----C-----	3697
ROD	-----C-----G-----A-----AC-----C-----T-----A-----A-----GT-----A-----A-----AG-----	3143
NIH2	-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----GT-----A-----A-----G-----AG-----	3135
ISY	-----G-----A-----C-----C-----C-----A-----AC-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----AG-----	3138
ST	-----G-----A-----C-----C-----C-----A-----AC-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----AG-----	3142
CAN2	-----AA-----A-----C-----C-----C-----A-----AC-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----AG-----	3706
MDS	-----G-----C-----C-----C-----C-----A-----AC-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----AG-----	3141
KR	-----T-----C-----C-----C-----C-----A-----AC-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----AG-----	3665
UC1	-----G-----AT-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3678
D205	-----GT-----AT-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3670
EHO	-----G-----AT-----AA-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3668
MM251	-----G-----CT-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3590
MM32H	-----G-----CT-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3590
MM1A11AA	-----G-----CT-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3613
MM1A11AA	-----CT-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3100
MM142	-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3614
MM239	-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3082
MNE	-----G-----CT-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3082
SMMPB14.441	-----G-----G-----CA-----TA-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3380
SMMPB14.15	-----G-----G-----G-----CA-----TA-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3381
SMMPB06.6	-----G-----G-----G-----CA-----TA-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3573
SMNH4	-----G-----G-----G-----CA-----TA-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3601
SMNH9	-----G-----G-----G-----CA-----TA-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3087
STM	-----G-----G-----G-----CA-----TA-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----	3261
Pol RT	L K E L L N G L G F S T P D E K F O K D P P F O W M G C E L W P T K W K L O K L O L I P O K D I W T V	Pol
BEN	ATGACATCCAAAAGCTAGTGGAGTCTTAAATTTGGGGCGCACAAATCTATTCAGAAATPAAAACCAACTTATGACTAATTTAGAGGAAATGCAACTCAGAGAAAGTGGAGACAGTGAAGCACTGAGCAGGACTGAGAG	3847
BEN	M T S K S S W E S S I G R H K S I O E S K K P N T Y V D S N L E E K S H S O K K C S G O N S T O K O S S R R	1211
BEN	\$ H P K A S G S L K L G R T N L F R N K N O T L M \$ T N \$ R K N D T H R S A V D R T S R S R A R R	1171
BEN	N D I O K L V G V L N W A A O I Y S G I K T K H L C R L I R G K M T L T E E V O W T E L A E A E L E	1222
BEN	-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1222
BEN	-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3291
D194	-----A-----T-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3292
UC2	-----A-----T-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3847
ROD	-----G-----T-----C-----C-----CC-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3293
NIH2	-----G-----T-----C-----C-----CC-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3285
ISY	-----G-----T-----C-----C-----CC-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3288
ST	-----G-----T-----C-----C-----CC-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3292
CAN2	-----A-----T-----C-----C-----CC-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3856
MDS	-----A-----T-----C-----C-----CC-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3291
KR	-----A-----T-----C-----C-----CC-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	3815
UC1	-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3828
D205	-----CA-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3820
EHO	-----T-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3818
MM251	-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3740
MM32H	-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3765
MM1A11AA	-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3763
MM142	-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3250
MM239	-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3764
MNE	-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3232
SMMPB14.441	-----T-----A-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3530
SMMPB14.15	-----T-----A-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3531
SMMPB06.6	-----T-----A-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3723
SMNH4	-----T-----A-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3751
SMNH9	-----T-----A-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3237
STM	-----T-----A-----AT-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----G-----G-----	3411
Pol RT	N D I O K L V G V L N W A A O I Y S G I K T K H L C R L I R G K M T L T E E V O W T E L A E A E L E	Pol

HIV2/SIV Complete Genomes

BEN	ACTGGCAAGTGCATGATCCAGAGGAGTGGGACTTTGGTACTTCCACCCACCACTGGTCAGCTTAACATTTTAACTAGTAGGAGATCCCTAATCCAGGGCAGAGACCTCTTCAACAGATGATCATGCAATAGACAGTCAAAAGGGAAGAAG	4294
BEN	TTGKSHGSOSSGGTLLYLPHHWSSGHLLTSSERISLYOAOQRPSTQMDHAIIDSOQKREK	1347
BEN	LASDMPVGRVGLCLCIYLPPTTGTGOLVNIISPPSRSTLRRRLDILHRWIIMOSSTVVKRKS	1316
BEN	WQVTVWIPERWDFVSTTPPLVRLTLTFNLVGDPIIPGAETFFYTDGSCNRQSKERGK	1370
BEN	-----A-----C-----A-----T-----G-----A-----T-----A-----G-----A-----	3738
BEN	-----G-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3739
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4294
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3740
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3732
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3735
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3732
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3735
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3739
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3739
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4303
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3738
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4262
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4275
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4267
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4265
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4265
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4187
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4212
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4210
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3697
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4211
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4211
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3679
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3977
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3978
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4170
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4198
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3684
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3858
BEN	Y_W_O_V_T_W_I_P_E_W_D_F_V_S_T_P_L_V_R_L_T_F_N_L_V_G_D_P_I_P_G_A_E_T_F_Y_T_D_G_S_C_N_R_O_S_K_E_G_K	Pol
BEN	-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4444
BEN	CGGATATGTACAGATAGAGGAAAGCAAAAGTAAAGTATTGAAACAACACTACCAATTCAGCAGGGCAGATTTGAAAGTCTTGGATGGCAGCTGACAGACTCAGGCCCCAAAGGTTAATATCAATAGTATTCAGATTTGATGGGA	1390
BEN	Q_D_M_S_O_I_E_F_E_K_T_K_S_K_Y_S_N_K_L_P_I_S_R_O_N_S_K_S_F_G_W_H_M_T_O_A_O_R_L_I_S_S_I_H_S_M_S_W_G	1364
BEN	R_I_C_N_R_S_R_K_R_O_S_K_I_R_T_N_Y_O_S_L_P_I_S_R_O_N_S_K_S_F_G_W_H_M_T_O_A_O_R_L_I_S_S_I_H_S_M_S_W_G	1420
BEN	A_G_Y_V_T_D_R_R_G_K_D_K_V_K_V_L_E_O_T_N_Y_O_S_A_G_R_I_R_S_L_S_D_G_T_G_R_L_R_P_K_K_G_V_N_I_I_V_D_S_O_Y_V_M_G	3888
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3889
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4444
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3890
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3882
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3885
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3889
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3889
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4453
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3888
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4412
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4425
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4417
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4415
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4337
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4362
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4360
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3847
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4361
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3829
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4127
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4120
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4320
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4348
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	3834
BEN	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	4008
BEN	A_G_Y_V_T_D_R_R_G_K_D_K_V_K_V_L_E_O_T_N_Y_O_S_A_G_R_I_R_S_L_S_D_G_T_G_R_L_R_P_K_K_G_V_N_I_I_V_D_S_O_Y_V_M_G	Pol

HIV2/SIV Complete Genomes

Table of HIV2/SIV Complete Genomes. Columns include strain names (e.g., BEN, UC2, ROD, NIH2, ISY, ST, CAM2, MDS, UCI, D205, EHO, MM251, MM32H, MM1A11AA, MM1A2, MM239, MNE, SIMPB14.441, SIMPB14.15, SIMPB14.15, SIMPB6.6, SIMMH4, SIMMH9, STM, Integrase), nucleotide sequences (G, A, C, T), and positions (e.g., 5191, 1600, 1603, 1668, 4635, 4636, 5200, 4635, 5191, 4637, 4629, 4632, 4636, 5200, 4635, 5159, 5172, 5164, 5162, 5084, 5109, 5107, 5107, 4594, 5108, 4576, 4874, 4875, 5067, 5096, 4581, 4755). The table shows sequence alignment and specific mutations across various HIV2/SIV strains.

HIV-2/SIV Complete Genomes

<-- Pol CDS end (frame 3)

BEN	GGAGCCTTAACCCAGAAAAAGGATGCGCTCCCTCCTCATCAGTACAGTATTAACTGATACAGAAAAGTTTCCTGAGCAGATGTTAACCAGACGTCCAGACATCCCTTAATACATAGACACTATATTTCCTGCTTGCTTTAGCGCAGAGTGAAGTA	5788
BEN	W_N_L_T_T_P_E_K_G_W_L_S_S_H_A_V_R_L_T_W_Y_T_E_K_F_W_T_D_V_T_P_D_C_A_D_I_L_I_H_S_T_Y_F_S_C_F_T_A_G_E_V	1792
BEN	_G_T_T_S_H_O_K_K_D_G_S_P_L_M_O_S_D_P_G_I_O_K_S_S_G_Q_M_L_P_Q_T_V_O_T_S_S_Y_I_A_L_I_S_L_A_L_R_O_V_K_S	1788
BEN	L_E_P_N_T_R_K_R_M_A_L_L_S_C_S_K_I_N_L_V_Y_R_K_V_L_D_R_C_Y_P_R_L_C_R_H_P_N_T_S_H_L_F_L_L_Y_G_R_S_S	1864
GHI	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5232
D194	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5233
UC2	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5234
ROD	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5226
NIH2	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5225
ISY	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5229
ST	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5233
CAM2	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5232
MDS	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5232
KR	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5232
UC1	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5232
D205	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5232
EHO	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5759
MM251	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5681
MM32H	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5706
MM1A11AA	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5704
MM142	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5191
MM239	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5705
MNE	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5173
SMMPB14_441	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5471
SMMPB14_15	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5472
SMMPB16_6	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5664
SMMH4	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5693
SMMH9	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5178
STM	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5352
Integrase	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5352
Vif	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5352
BEN	AGAAGCCATGACGAGGGAAAGTTATTTGGCTGCTGCAGCTATGCCTGACATGCATTCCTTAATGACTAGAGCCCTAAGTAGTAGTACAAACA...>> Vpx CDS start	5932
BEN	R_A_I_R_G_E_K_L_L_S_C_C_N_Y_P_Q_A_H_K_A_O_V_P_S_L_O_Y_L_A_L_V_V_V_O_O...>> N_D_R_P_O_R_K_G_T_A_R_K	1840
BEN	E_P_S_E_G_K_S_Y_C_P_A_A_T_I_P_K_L_I_K_H_R_Y_H_H_F_N_T_S_P_S_S_Y_N_#...>> M_T_D_P_R_E_R_V_P_P_G_N	1831
BEN	K_S_H_O_R_G_K_V_I_V_L_L_O_L_S_P_S_S_S_T_G_T_I_T_S_I_P_S_P_S_S_S_T_T_#...>> S_Q_T_P_E_K_G_Y_R_O_E	1909
GHI	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5376
D194	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5377
UC2	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5378
ROD	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5378
NIH2	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5378
ISY	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5373
ST	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5377
CAM2	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5941
MDS	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5376
KR	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5376
UC1	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5900
D205	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5916
EHO	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5906
EHO	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5906
MM251	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5822
MM32H	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5847
MM1A11AA	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5845
MM142	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5332
MM239	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5342
MNE	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5846
SMMPB14_441	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5314
SMMPB14_15	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5612
SMMPB16_6	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5613
SMMH4	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5805
SMMH9	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5834
STM	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5319
Vif	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5493
Vpx	-G-T-G-A-R-M-A-L-L-S-C-S-K-I-N-L-V-Y-R-K-V-L-D-R-C-Y-P-R-L-C-R-H-P-N-T-S-H-L-F-L-L-Y-G-R-S-S	5493

I-110

DEC 97

HIV2/SIV Complete Genomes

BEN 6082 <- vif cds end
CAGTGGAGACAGACCATTGGAGGAGGCGCTTCAGTGGCTAGAGAGCACCATTGAAGCCTTAAAGAGAGGAGGAGGAGGAGGAGCAGTGGAGCAGTTCGCGGCAAGAGTCCCGAGGAGTATTTGGCATAGATGACACAGGAT
O.W.R.R.D.H.W.R.G.L.R.V.A.R.R.E.D.H.R.S.L.K.O.G.G.S.E.P.S.A.P.R.A.H.F.P.G.V.A.K.V.L.E.I.L.A.\$ \$T.R.D
S.G.E.E.T.I.G.E.A.F.E.W.L.E.R.T.I.E.A.L.N.R.E.A.V.N.H.L.P.R.E.L.I.F.O.V.W.O.R.S.W.R.Y.W.H.D.E.O.G.M
T.V.E.K.R.P.L.E.R.P.S.S.G.\$R.G.P.\$K.P.\$T.G.R.O.\$T.I.C.P.E.S.S.P.S.R.C.G.K.G.P.G.D.I.G.M.M.N.K.G
...
vif cds end

HIV2/SIV Complete Genomes

Genomic alignment data for HIV2/SIV Complete Genomes. The table lists sequence identifiers (e.g., BEN, GHI, UC2, ROD, NIH2, ISTY, ST, CAM2, MDS, KR, UC1, D205, EHO, MM251, MM32H, MM1A11AA, MM142, MM239, SMMPB014.441, SMMPB014.15, SMMH4, SMMH9, STM, Rev) on the left. The right side shows alignment coordinates (39, 6970, 2177, 2156, 2229, 6411, 6412, 6509, 6404, 6405, 6408, 6412, 6417, 6517, 6932, 6951, 6937, 6935, 6938, 6933, 6631, 6632, 6824, 6817, 6818, 6512, 89) and a large block of nucleotide sequence alignment characters (A, C, G, T, -, etc.) in the center.

Table with 5 columns: Accession ID (e.g., BEN, BEN1, BEN2, D194, UC2, ROD, NIH2, ISY, CMM2, MDS, KR, UC1, D205, EHO, MM251, MM32H, MM1A1JA, MM142, MM239, MME, SMPB14_441, SMPB14_15, SMPB14, ISY, STM, ENV gp120), Gene Name (e.g., GTCGSCATCTATTGAGACATCAATAAACCATGCTGTAACGACTTACACTTTGCTGTCGTGGCAATGATTTGT, AGCAGGTTTCAGAGGAATACCAAGCACCOCGGAATCCCAAGACTTC), and Coordinates (e.g., 7093, 2218, 2193, 2268, 6501, 6499, 6507, 7029, 6527, 6495, 6498, 6511, 7081, 6555, 7028, 7062, 7054, 7046, 6990, 7015, 7004, 6500, 7008, 6476, 6781, 6782, 6964, 6974, 6511, 6482, 6656, 130, 7243, 2268, 2236, 2313, 6648, 6649, 7179, 6677, 6642, 6648, 6661, 7231, 6705, 7178, 7212, 7196, 7131, 7145, 6644, 7149, 6617, 6932, 7124, 7102, 6623, 6693, 180). Each row represents a sequence alignment for a specific gene and accession.

Table with 4 columns: Label (e.g., BEN, BEN, BEN, BEN), Sequence (e.g., ATAGATPAAATTCGACCTATACCAATTAACCTTATTAGTCACAGAGTTGGCACAGACTGTAACCCATTGAACTGGAGAGACTAACAATTAAGAAATTAACACCAATTGGCTTGGACCTACAGAGATACGAAGTACTCTCAACT), and Position (e.g., 8215, 2592, 2529, 2598). The table lists sequences for various HIV2/SIV strains, including BEN, M1, M2, and M3.

HIV2/SIV Complete Genomes

Table with columns for accession numbers (e.g., BEN, BEN, BEN, BEN, BEN, GHI, D194, UC2, ROD, NIH2, ISY, ST, CAM2, MDS, KR, UC1, D205, EHO, MM251, MM32H, MM1A1JA, MM142, MM239, MNE, SMMPB14.441, SMMPB14.15, SMMPB14, SMMH4, SMMH9, STM, NeF) and corresponding nucleotide sequences. The sequences are aligned and include accession numbers on the right side.

BEN	GTTTGGGCACAGTCAGATGTCACGAGAAAGATGAGAGGACAAACTGAAAGCAAGAGGATCCCATATGATGTA...	Nef CDS end <--	TAAGAACAAGCTGAG	9947
BEN	V W A O V R I A R E R M E G K T E S K R D T I S \$ \$ I T G T T I L G O G R K \$ L #		\$ E T A E	3149
BEN	F G H K S G L P E K E W K A K L K A R G I P Y S # # S Q E O P Y L V K A G S S Y		# R K O L R	3069
BEN	S L G T S O D C O R K N G R O N \$ K O E G Y H I V # # N R N N H T W S R O E V A #		# R N S \$	3138
BEN	A A		CTGAG	9357
BEN	A A		CTAG	9363
BEN	A A		CTAG	9369
BEN	A A		CTAG	9375
BEN	A A		CTAG	9383
BEN	A A		CTAG	9141
BEN	A A		CTAG	9345
BEN	A A		CTAG	9386
BEN	A A		CTAG	9361
BEN	A A		CTAG	9412
BEN	A A		CTAG	9883
BEN	A A		CTAG	9863
BEN	A A		CTAG	9867
BEN	A A		CTAG	9839
BEN	A A		CTAG	9830
BEN	A A		CTAG	9850
BEN	A A		CTAG	9867
BEN	A A		CTAG	9865
BEN	A A		CTAG	9361
BEN	A A		CTAG	9869
BEN	A A		CTAG	9343
BEN	A A		CTAG	9654
BEN	A A		CTAG	9655
BEN	A A		CTAG	9847
BEN	A A		CTAG	9833
BEN	A A		CTAG	9832
BEN	A A		CTAG	9523
BEN	A A		CTAG	10055
BEN	A A		CTAG	3184
BEN	A A		CTAG	3098
BEN	A A		CTAG	3167
BEN	A A		CTAG	9477
BEN	A A		CTAG	9465
BEN	A A		CTAG	10009
BEN	A A		CTAG	9492
BEN	A A		CTAG	9250
BEN	A A		CTAG	9250
BEN	A A		CTAG	9453
BEN	A A		CTAG	9494
BEN	A A		CTAG	9973
BEN	A A		CTAG	9970
BEN	A A		CTAG	9467
BEN	A A		CTAG	9975
BEN	A A		CTAG	9445
BEN	A A		CTAG	9974
BEN	A A		CTAG	9945
BEN	A A		CTAG	9978
BEN	A A		CTAG	9973
BEN	A A		CTAG	9975
BEN	A A		CTAG	9937
BEN	A A		CTAG	9458
BEN	A A		CTAG	9629

HIV2/SIV Complete Genomes

```

... ATTCAATGCTGCTGCGGAGAGAGGAGGACTGCGAGATCCAGCCCTGAGAGAGGTTTCTCTCCAGCAGACTAGGAGGAGGTAGAGGCTGGGTTTCCCTGTGGACHTCTCACAGTACTTGGCCGGTACTGGACA...GACGCGTCCACGCTTGTCTTGA
BEN      I   O   S   L   C   G   E   A   G   R   S   S   P   E   R   F   S   P   A   L   A   G   R   A   W   V   F   P   A   G   L   S   P   V   L   G   R   Y   W   A   .   D   G   S   T   L   A   C   L
BEN      #   F   S   R   S   A   E   R   L   A   D   R   A   L   R   G   S   L   O   H   $   O   V   E   P   G   C   S   L   L   D   S   H   O   Y   L   A   G   T   G   #   #   T   A   P   R   L   L   A   C   L
BEN      _   _   S   V   A   L   R   R   G   W   O   I   E   P   $   E   V   L   S   S   T   S   R   $   S   L   G   V   P   C   W   T   L   T   S   T   W   P   V   L   G   #   #   R   L   H   A   C   L   L
GHI      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
D194     .   .   .   T   C   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
UC2      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
ROD      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
NIHZ     .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
ISY      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
ST       .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
CAM2     .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
MDS      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
UC1      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
D205     .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
EHO      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
MM251    .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
MM32H    .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
MM1A11AA .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
MM239    .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
MNE      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
SMPB14.441 . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
SMPB14.15 . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
SMPB16.6   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
SMH4       . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
SMH9       . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
STM        . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .

AAGACCTTTCATTAAG...CTGCCA...GTTAGAAGCAGTTAAGTGTGTTCATCTCTCCAGTCCGCCGCTGGT...CAT...TCGGTGTTCATC...TGAGTAACAAGACC...TGGTCTGTTAGACCCCTTCCGCTTGG
BEN      K   T   S   S   I   K   .   L   P   .   V   R   S   K   L   S   V   C   S   H   L   S   $   S   P   P   G   .   H   .   S   V   F   I   .   $   V   T   R   P   .   W   S   V   R   T   L   A   L
BEN      R   P   L   O   $   #   #   C   #   #   #   L   E   A   S   $   V   C   V   P   I   S   P   S   R   R   L   #   #   #   #   R   C   S   #   #   E   S   O   D   #   #   G   L   L   G   P   F   S   L   W
BEN      K   D   L   F   N   K   #   #   A   #   #   $   K   O   V   K   C   V   F   P   S   L   L   V   A   A   W   #   #   #   #   G   V   H   #   #   S   N   K   T   #   #   V   C   $   D   P   S   R   F
UC2      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
ROD      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
NIHZ     .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
STM      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
ISY      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
CAM2     .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
UC1      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
EHO      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
MM251    .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
MM32H    .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
MM1A11AA .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
MM239    .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
MNE      .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .   .
SMPB14.441 . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
SMPB14.15 . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
SMPB16.6   . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
SMH4       . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
SMH9       . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .
STM        . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . . .

T-T-T-----G-----A-T-T-T-----CA-----G-----C-----AC-----AC-----AC-----T-----TC-T--

```

HIV2/SIV Complete Genomes

BEN	GGAAATCCAGGCGGGAATAATCCCTAGCA	10359
BEN	-I-O-G-R-K-I-P-S-	3284
BEN	-E-S-K-A-G-K-S-L-A-	3187
BEN	-N-P-R-O-E-N-P-S-x	3256
UC2	-----A-G-----	10312
CAM2	-----A-----	10494
UC1	-----A-----	10271
EHO	-----A-----	10351
MM251	A--A-G-A-----	10277
MM32H	---A-G-A-----	10277
MM1A11AA	---A-G-A-----	10274
MM239	---A-G-A-----	10279
SMMH4	-A-A-G-----	10241