

## HIV2/SIV ENV

Protein Alignment Summary Table (Env)

Name	Accession No.	Region	First Author	Reference
ROD	M15390	complete genome	Guyader,M.	Nature 326 (6114), 662-669 (1987)
NIHZ	J03654	complete genome	Zagury,J.F.	PNAS 85, 5941-5945 (1988)
885	M80207	env gp120 region	Nerrienet,E.	Unpublished (1992)
ALI	L25445	env	Costa Taveira,N.	ARHR 10, 223-224 (1994)
ISY	J04498	complete genome	Franchini,G.	PNAS 86, 2433-2437 (1989)
ST	M31113	complete genome	Kumar,P.	J. Virol. 64, 890-901 (1990)
BEN	M30502	complete genome	Kirchhoff,F.	Virology 177, 305-311 (1990)
D194	J04542	complete genome	Kuehnel,H.	PNAS 86, 2383-2387 (1989)
CAM2	D00835	complete genome	Tistem,M.F.	J. Gen. Virol. 72, 721 (1991)
CAM2BR	U07105	partial env	Grez,M.	J. Virol. 68, 2161-2168 (1994)
D1024	U07104	partial env	Grez,M.	J. Virol. 68, 2161-2168 (1994)
D766	U07106	partial env	Grez,M.	J. Virol. 68, 2161-2168 (1994)
D808	U07107	partial gp105 env	Grez,M.	J. Virol. 68, 2161-2168 (1994)
D868	U07108	partial gp105 env	Grez,M.	J. Virol. 68, 2161-2168 (1994)
GHI	M30895	complete genome	Hasegawa,A.	ARHR 5, 593-604 (1989)
CBL21E	U05350	env gp160 region	Breuer,J.	Unpublished
CBL22E	U05351	env gp160 region	Breuer,J.	Unpublished
CBL23E	U05352	env gp160 region	Breuer,J.	Unpublished
CBL24E	U05353	env gp160 region	Breuer,J.	Unpublished
MDS	Z48731	gag, pol, vif, tat, rev, nef, env	Becker,M.	Unpublished
CAM1E	U05359	env gp160 region	Breuer,J.	Unpublished
CAM3E	U05355	env gp160 region	Breuer,J.	Unpublished
CAM4E	U05356	env gp160 region	Breuer,J.	Unpublished
CAM5E	U05357	env gp160 region	Breuer,J.	Unpublished
CAM6E	U05358	env gp160 region	Breuer,J.	Unpublished
KR	U22047	complete genome	Kraus,G.K.	PNAS 90 (9), 4226-4230 (1993)
D1071	U07105	partial gp105 env	Grez,M.	J. Virol. 68, 2161-2168 (1994)
UC2	U38293	complete genome	Barnett,S.W.	Unpublished (1997)
UC3	U38294	C2-V4 of HIV2 env	Barnett,S.W.	Unpublished
UC5	U38295	C2-V4 of HIV2 env	Barnett,S.	Unpublished
UC6	U38296	C2-V4 of HIV2 env	Barnett,S.W.	Unpublished

**II-B-32**

**DEC 97**

## HIV2/SIV ENV

UC7	U38297	C2-V4 of HIV2 env	Barnett,S.	Unpublished
UC8	U38298	C2-V4 of HIV2 env	Barnett,S.W.	Unpublished
UC9	U38299	C2-V4 of HIV2 env	Barnett,S.	Unpublished
UC10	U38300	C2-V4 of HIV2 env	Barnett,S.W.	Unpublished
UC11	U38301	C2-V4 of HIV2 env	Barnett,S.	Unpublished
UC12	U38302	C2-V4 of HIV2 env	Barnett,S.W.	Unpublished
UC14	U38303	C2-V4 of HIV2 env	Barnett,S.	Unpublished
5132E2	L16964	env partial	Gao,F.	ARHR 9, 703-704 (1993)
FA3	L33095	partial env gp41 v3	Gao,F.	J. Virol. 68, 7433-7477 (1994)
GB1222	L10637	env gp41	Oten,R.A.	AIDS 8 (3), 297-306 (1994)
CI171	X78505	partial gp36 env	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10, 1289-1294 (1994)
HIV2CI9	X78506	env	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10 (9), 1157-1163 (1994)
HIV2ISO53	X78507	env	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10 (9), 1157-1163 (1994)
HIV2VI390	X78510	env	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10 (9), 1157-1163 (1994)
HIV2VI905	X78511	env	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10 (9), 1157-1163 (1994)
VII056	U67349	env	Nyambi,P.N.	ARHR (1996) In press
VII1415	U67350	env	Nyambi,P.N.	ARHR (1996) In press
VI495	U67351	env	Nyambi,P.N.	ARHR (1996) In press
VI884	U67352	env	Nyambi,P.N.	ARHR (1996) In press
SL93F	U75440	env	Chen,Z.	J. Virol. 71 (5), 3953-3960 (1997)
UC1	L07625	complete genome	Barnett,S.W.	J. Virol. 67, 1006-1014, (1993)
2D205 ALT	X61240	complete genome	Dietrich Et Al,U.	ARHR 8, 1619 (1992)
EHOA	U27200	complete genome	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202 (1), 471-476 (1994)
GH2P22	D10458	env	Kawamura,M.	Virology 188, 850-853 (1992)
JA3	L33096	partial env gp41 v3	Gao,F.	J. Virol. 68, 7433-7477 (1994)
ONFT3	L33097	partial env gp41 v3	Gao,F.	J. Virol. 68, 7433-7477 (1994)
VII1011	U67348	env	Nyambi,P.N.	ARHR (1996) In press
22381	L33077	p16/p28 partial gag	Gao,F.	J. Virol. 68, 7433-7477 (1994)
FO784	L33083	gag, p16/p28 partial	Gao,F.	J. Virol. 68, 7433-7477 (1994)
MM251	M19499	complete genome	Franchini,G.	Nature 328, 539-543 (1987)
MM32H	D01065	complete genome	Rud,E.W.	J. Gen. Virol. 75, 529 (1994)
MM1A11	M76764	complete genome	Luciw,P.A.	ARHR 8: 395-402 (1992)
MM316ZQ	L22814	env,nef	Kodama,T.	J. Virol. 67, 6522-6534 (1993)

II-B-33

DEC 97

## HIV2/SIV ENVY

MM132ZL	L22809	env,nef	Kodama,T.	J. Virol. 67, 6522-6534 (1993)
MM239	M33262	complete genome	Regier,D.A.	ARHR 6, 1221-1231 (1990)
CTL7202	M61062	env	Burns,D.P. W.	J. Virol. 65, 1843-1854 (1991)
MM142	M16403	complete genome	Chakrabarti,L.	Nature 328, 543-547 (1987)
MM18101	U19595	env, partial	Lane,T.E.	Virology 212 (2), 458-465 (1995)
SEGA	L26938	env	Kodama,T.	Unpublished (1994)
SEGE	L26942	env	Kodama,T.	Unpublished (1994)
SEGI	L26947	env	Kodama,T.	Unpublished (1994)
7FBE2	U18019	env gp120 partial	Zhu,G.W.	J. Virol. (1995) In press
7FLG1	U18023	env gp120 partial	Zhu,G.W.	J. Virol. (1995) In press
7FLN1	U18028	env gp120 partial	Zhu,G.W.	J. Virol. (1995) In press
7FSE1	U18034	env gp120 partial	Zhu,G.W.	J. Virol. (1995) In press
MNE	M32741	complete genome	Benveniste,R.E.	Unpublished (1990)
MNELN11	U06277	env partial	Chackerian,B.	J. Virol. 68 (6), 4080-4085 (1994)
MNESPL17	U06352	env partial	Chackerian,B.	J. Virol. 68 (6), 4080-4085 (1994)
MNELIV25	U06377	env partial	Chackerian,B.	J. Virol. 68 (6), 4080-4085 (1994)
PHTBE1	U18039	env gp120 complete	Zhu,G.W.	J. Virol. (1995) In press
PHTLG1	U18046	env gp120 complete	Zhu,G.W.	J. Virol. (1995) In press
SMP209	L20008	env	Hynes,N.A.	ARHR 9, 803-806 (1993)
P209C15	L20009	env	Hynes,N.A.	ARHR 9, 803-806 (1993)
SMMPPBJ14.15 SMMPPBJB	L03295	complete genome	Dewhurst,S.	Nature 345, 636-640 (1990)
SMMPPBJ14.441 SMMPPBJA	M31325	complete genome	Dewhurst,S.	Nature 345, 636-640 (1990)
SMMPPBJ6.6	L09212	env polyprotein gag nef	Hirsch,V.M.J.	J. Virol. 67, 2466-2474 (1993)
SIVSMMH9	M80194	complete genome	Courgnaud,V.	J. Virol. 66, 414-419 (1992)
SMMH4	X14307	complete genome	Hirsch,V.M.	Nature 339, 389-391 (1989)
SM62A	U04982	env, nef, tat, rev	Hirsch,V.M.	J. Virol. 68, 2649-2661 (1994)
HUMB670	S67406	env	Khabbaz,R.F.	N. Engl. J. Med. 330, 172-177 (1994)
SIVB670	M90048	env, nef, LTR	Mullins,J.I.	Unpublished (1992)
STM	M83293	complete genome	Novembre,F.J.	Virology 186, 783-787 (1992)
STMAK3	X60668	env	Khan,A.S.	J. Med. Primatol. 20, 167-171 (1991)
HIV7312AG	L33079	p16/p28, partial gag, env	Gao,F.	J. Virol. 68, 7433-7477 (1994)
SMCI2	X78508	env	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10, 1289-1294 (1994)
SMCI8	X78509	env	Cuoto-Fernandez,J.C.	ARHR 10 (9), 1157-1163 (1994)

**This page intentionally left blank.**





HIV2/SIV ENVY

CONSENSUS-A  
 ROD .....TSTTTTPTD.....QOE-S-D..T-ARA--G-TIN--K-TN--S--TQ  
 NIH2 .....DT..QNI.T-I-D..H-ARA--T--K-ID-S--R-T-A-K-D...N...SS-SK--I-  
 885 .....TTEKNT.....LEM---S-HT--T--G--IN-E--R--K--S...-T...GGGKR-  
 ALI .....SPSPGSLKPK.....L-S-D-KA-PR-GD--N-R-Q--P--K--PF...T--TR--  
 ISY .....D...M-D..D-QIN--R-D-E-ED--L--S--K--SD...S...DRKR--  
 ST .....SPPPTTTT..ANTT..G-N..S-RT--T--G--D--L--K--S...D...KKEKT--  
 BEN .....SSSTTSRPTT...SAASI--N--ENNT-A--GY--MQ-E-K-Q--RR-KD--LE--D...-T...AGT--R--R--I-K  
 D194 .....SPTTA...PSP..PNIT..I-D-N..T-GDN--T--GK--V-E-E-Q--RK--DA--R--DKT..-G...GT--R--R--K--  
 CAM2 .....SPTTM...IR..TTTPTST..AKEA.P-SDN..RTN--E-KI-K-H--S--D...D...DQTT-ETT--  
 CAM2BR .....SDJTM...IR..TTTPTST..AKEA.P-SDKPP--RAN--IG-KI-R-H--S--D...D...DQTT-ETT--  
 D1024 .....GN.....ATTSTP.M...INETSII--RTN--R--S--S--T--P-R--S--TER..N...S-SR--  
 D766 .....GSTT...PA.....AISM--RT--R--S--S--T--P-R--S--TER..N...S-SR--  
 D808 .....AG.NT.....TPT...ABSM--N..S-RAN--E-I-N--A-P--P-W--R--NN..-P...-NR--DI-  
 D868 .....G.NTP.....TST...ASV--S-HT--T--R-I-S--S--A--P-R--S--ATGF..D...L-SR--  
 GH1 .....NN.....TTTGSTTGM..S..E--SY.S--T--GK-I-N-Y--K--S...-N...KDGKR--IK-  
 CBL21 .....TARP.....TTGI...SNTSILK-N..S-ST-T-A--EQ--T-D--T--K--SSTSIVTSK...TNWTKR--S-  
 CBL22 .....IAQSI.....TT...AKAV.V-D-D..KTN--T--G-DI-N-E-D--V--QS-R--A--SGTS..-N...SR--KG--  
 CBL23 .....DARNT.....TPPTASPRT...IKPVTE-S-N..S-RAN--G--V-N--Q--L--K--DSTPg..S...-SR--  
 CBL24 .....AT-PEGDAQSTTAAK...ATGAME.....VSTN--T--GD--IS-E--Q--L--K--DSTPg..S...-SR--  
 MDS .....NA-AATTTIRATTIADR.....NTT...S-N..S-RA--E--K--QI--S--GEM..-N...T-SR--S--K--  
 CAM1 .....STGNT...TSTRAR..IT.SEE-K-N..S-SA--P--K--M--Q--L--K--DSTPg..S...-SR--S--K--  
 CAM3 .....QSSNTA.....TESPAK...SMEINE--MRT--K--S--RR-T-S-T--AD..-N...SSKSNTSKR--I-  
 CAM4 .....ATTAS.....TTI..INDTTL-S..T-GAN--T--E--LME--Q--V-R--K--DT...-N...NTNKTID--ST--  
 CAM5 .....-LSNK.....TTTS..STANLA-DDN..T--KN-T-P--ED-D-T-H--AL--P-R--D...-S...SDQK--R-  
 CAM6 .....GNV.....TTI.PSTTAATT...TPGMTV...MRA--E--S-A-A-P--Q--KA..-G...SDQK--R-  
 KR .....IGSTT...SEGSTVP.....EIL...TS--TNS--D-GS--V-D-R--QL--PO--S--K--DTT..-G...SRK--  
 D1071 .....NA-AKPTARPTNPS.....YLIIT..S..T-VGA--T--GD-G-N-K--Q--I-G-TD--D--DST...K...GT-TT--R--K--  
 CONSENSUS-B  
 UC1 .....TTt---t?2S---ll---KN-s-?-iGJ--?2d-?-?-r-E?-KD--?-Ie-?-?-iRT--iQ--SL-  
 UC2 .....TKPITTPITTKPS...ENML-D--KN-T-P-IGL-NT-D-Y--R-E--KD--EK-LE-N...G-S...STI--RT--Q--SL-  
 D205 .....STTTTKPITTSR.GIKT--D--KN-S-T--G--IMQ-N-S--R-EL--KD--E-LE...N...RKYSR--IRT--TI--Q--SL-  
 EHOA .....ASKETTSASARSST.QLL--D..K-QN-S-A-IGL--ID--K--K--ES--KD--KQ-L--KGTRS-ES...K--IKT--I-Q--SL-





HIV2/SIV ENV

```

CONSENSUS-A  *          *          *          *          *          *          *          *          *          *          *          *          *          *          *
rYcAPPgfAlIrcndbnySGfEPncCkVVAalcctRMmEfcQtSTWfGfngtRaENrTYIywhgrdnrctIiSlNKyyntIhCKRpGhKtVvpItLmsG1VFHs??pP1pNKrPDrQAwCwFkG?w?eAmGEV
ROD          -A-----S-----K-----NF--M-----L--F--PK--..-VI-K-----E-Q-K-----
NIHZ          A-----S-----S-----SM--L-----Q--L-----E-R-----
885          -A-----M-----O--M-----K--Q--L-----E-R-----
ALI          -A-----M-----O--M-----K--Q--L-----E-R-----
ISY          -V-----S-----L-----L-R-----RR--..-K-I-K-----R--E-R-----
ST          -K-T-----S-----F--V-----R-----R-----E-K-K-----
BEN          -K-T-----S-----MR-----L-----T-----R-G-R-R-----
D1.94        -K-----S-----M-----RR--..R-VY--K-G-----Q-N-I--R-----
CAM2          I-----K-----H--SMY-R-----OR--..R-I-----N-T-----
CAM2BR       -I-----K-----SMY-R-----OR--..R-I-----N-T-----
D1.024       -K-----S-----H--S-----N-----K-K-----
D7.66        -YT-----C-A--K--F--SK-G-A--C-T-D--S-Y-E-----N-----T-T-R-----
D808         -Y-K-----R-----TH--S-Y-----N-----R-K-----
D868         -Y-----S-----V--SK-----S-----R-----T-K-K--R-----
GH1          -K-----S-----S-----T-----R-----K-R-----
CBL2.1       -Y-----T-----S-----M-----H-----R-----R-VI-RK-M-----E-K-R-----
CBL2.2       -K-----T-----S-----H-----YK-----R-VL-TK-----Q-R-K-----
CBL2.3       -A-----T-----S-----F-----R-----VI-----E-KG-----
CBL2.4       -Q-----T-----S-----AS--SL-----R-----N-RR-----
MDS          -I-T-----S-----K-----S-S-----V-R-----R-----N-T-----
CAM1         -Y-----T-----S-----SL-----T-----T-----K-K-----
CAM3         -I-----D-----K-----S-----K-----TH--SV-----M-----E-KG--K-----
CAM4         -T-A-----S-----NITK--V--S-F--M-----L-----R-K-----R-K-----E-----
CAM5         -LC-----K-P-----T-----S-----TH--M-----S-L--R-R-----R-I-E-K-----G-D-KK-----
CAM6         -Y-----P-----H--S-Y-----H-----HR-----AVI--K-----N-KG-----
D1.071       -T-Y-----A--P-----S-----T-----T-----VRt--A--A.FKS--..K-----N-TQ-IK-----
UC3          -M-----VSS-----?-----m-----rtv--l-----N-t-l?-----
UC4          -Y-----M-K-----VSS-----T-----M--SK-----I--I--N-----L--T-----N-t-IR-----
UC5          -F-----M-----SS-----S-----EK-----T--S-----RTV--L-----N-T-IR-----
D2.05       -K-----M-----VSIY-----K-----S-----M-----RTV--IL-----K-----N-T-I-----
EHQA
CONSENSUS-B  -M-----VSS-----?-----m-----rtv--l-----N-t-l?-----
UC1          -Y-----M-K-----VSS-----T-----M--SK-----I--I--N-----L--T-----N-t-IR-----
D2.05       -F-----M-----SS-----S-----EK-----T--S-----RTV--L-----N-T-IR-----
EHQA        -K-----M-----VSIY-----K-----S-----M-----RTV--IL-----K-----N-T-I-----

```

CONSENSUS-SD	Y	-m-k-	vss	-l-v-i	-mk-r-	-l-v-i	-d-k-	-g-k-kd-ik-	345
MM251	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-D-K-	-G-K-KD-IK-	359
MM32H	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-D-K-	-G-N-KD-IK-M	356
MM1A11	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-K-R-	-L-V-I-Q	-D-K-	-R-K-KD-IK-	356
MM316ZQ	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-K-R-	-L-V-I	-D-K-	-G-K-KD-IK-	357
MM132ZL	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-S-V-I	-D-K-	-R-G-K-KD-IK-	357
MM239	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-D-K-	-G-K-KD-IK-	357
CTL7202	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-D-K-	-R-K-KD-IK-	357
MM142	Y	-M-	VSS	-R-	-MK-R-	-L-V-I-A	-V-	-E-K-R-G-N-K-IK-	360
MM18101	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-N-K-	-G-N-KD-IK-	260
SEGA	Y	-M-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-D-K-	-E-K-KD-IK-	357
SEGE	Y	-M-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-D-K-	-E-K-KD-IK-	357
SEGT	Y	-I-	VSS	-L-V-I	-MR-R-	-L-TI-R	-I-N-K-	-R-G-K-RD-IK-	358
7PBE2	Y	-D-M-K-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-D-K-	-R-GK\$KD-IKK-	355
7FLG1	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-D-K-	-G-K-KD-IK-	354
7FLN1	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-K-R-	-L-V-I	-D-K-	-G-K-KD-IK-	357
7FSP1	Y	-M-R-	VSS	-D-	-MK-R-	-L-V-I	-D-K-	-G-K-KD-IK-	357
MNE	Y	-M-	VSS	-SK-	-MK-R-	-L-V-I	-D-K-	-R-E-N-K-IK-	357
MNEI11	Y	-M-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-D-K-	-R-E-N-K-IK-	259
MNESPL1	Y	-M-	AVSS	-SK-	-MK-R-	-L-V-I	-E-K-	-R-E-N-K-IK-	254
MNELIV2	Y	-M-	VSS	-SK-	-MK-R-	-L-V-I	-E-K-	-R-E-N-K-IK-	259
PHTBE1	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-VK-R-	-L-V-I-M	-D-K-	-G-K-KD-IK-	355
PHTIG1	Y	-M-K-	VSS	-L-V-I	-K-	-L-V-I	-N-K-	-G-K-KD-IK-	355
P209C19	Y	-S-	VSS	-KS	-MK-R-	-L-V-I	-E-K-	-R-G-N-S-I	359
P209C15	Y	-S-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-E-LK-	-R-G-N-S-I	358
SIVSMMBUB	Y	-S-	VSS	-L-V-I	-MK-R-	-L-V-I	-E-K-	-G-K-KD-IK-	363
SIVSMMBUBA	Y	-S-	VSS	-L-V-I	-MR-R-	-L-V-I	-E-K-	-G-K-KD-IK-	363
SIV6P6	Y	-S-	VSS	-L-V-I	-MR-R-	-L-V-I	-E-K-	-G-E-KK-I	363
SMMH9	Y	-S-	VSS	-L-V-I	-MR-R-	-L-V-I	-E-K-	-G-E-KK-I	360
SMMH4	Y	-S-L-A	VSS	-L-V-I	-MR-R-	-L-V-I	-E-K-	-E-S-KK-I	358
SM62A	Y	-S-	VSS	-L-V-I	-MR-R-	-L-V-I	-H-	-E-K-G-S-K-I	359
HDMB670	Y	-A	VSS	-A	-R-R-	-L-V-I	-E-N-	-E-S-KK-I	76
SMM670	Y	-A	VSS	-A	-R-R-	-L-V-I	-E-N-	-E-S-KK-I	356

CONSENSUS-STM	Y	-T-A	vss	-L-V-I	-MS-R-	-L-V-I	-E-K-	-G-E-RG-IK-	356
STM	Y	-T-A	vss	-L-V-I	-MS-R-	-L-V-I	-E-K-	-G-E-RG-IK-	356

HIV2/SIV ENVY

```
CONSENSUS-A kqTl?kHPRYkG. tndt??? inf?apqkgsDPDeVaywMtnc .rGE. fLYcNMtWflnwWE. .nrt?n?l. .?hNYpChIkQl InEWkKvgnvYlPPReGeltChStVtSliANIid
ROD -E-A-----R-----R-----N-S-A-----R-----R-----S-----R-----L-----S-----S-----S-----L-----L-----
NIHZ -E-A-----R-----RSRTEN-K-K-R-----T-----S-----S-----GQK-----QR-A-R-R-----R-----L-----L-----S-----V-----
885 -I-----K-----K-Y-TK-----I-----I-----K-----GOE-----O-----A-----E-----S-----E-----
ALI -E-V-----N-----O-----TK-R-A-EV-----V-----K-----GOE-----O-----A-----E-----S-----E-----
ISY -V-----N-----K-----T-----D-----D-----K-----GO-----O-----A-----E-----S-----E-----
ST -L-A-----E-----K-R-I-ER-----F-----F-----O-----O-----RR-----A-E-----
BEN -VO-----I-----G-----K-----TK-A-----F-----DK-----O-----RR-----A-E-----
D194 -A-----G-----K-----TK-I-----T-----S-----F-----O-----O-----HG-A-----R-----T-----
CAM2 -AE-----KNIT.D-T-K-BR-----T-----S-----F-----F-----KR-A-----R-----
CAM2BR -V-----E-----K-E.D-H-A-----A-----V-----I-----M-K-----W-----H-----
D1024 -V-----R-----E-R-----K-----T-----A-----I-----V-----R-----W-----W-----H-----
D766 -E-T-----R-----G-----K-----A-----A-----K-----A-----O-----W-----W-----H-----
D808 -IAB-----R-----N-----G-----N-----K-----V-----A-----I-----I-----K-----E-A-----W-----W-----H-----
D868 -I-----I-----K-----N-----TK-----R-----P-----O-----O-----A-----R-----R-----O-----Q-----
GH1 -V-----R-----K-----E-----N-----T-----AG-----E-----T-----O-----O-----QR-----R-----L-----S-----
CBL21 -A-----N-----E-----S-----T-----T-----R-----T-----I-----K-----GO-----HR-----R-----S-----L-----
CBL22 -E-----A-----E-----K-----N-----T-----IG-----F-----W-----W-----HR-----R-----S-----L-----
CBL23 -A-----S-----K-----IG-----F-----W-----W-----HR-----R-----S-----L-----
CBL24 -E-----I-----SNIT.N-T-T-----DKP-----W-----V-----
MDS -V-----R-----G-----N-----T-----T-----F-----K-----GE-----K-----R-----R-----R-----V-----
CAM1 -E-----A-----K-----K-----A-----R-----P-----K-----GE-----K-----R-----R-----R-----V-----
CAM3 -LE-----ANNIN.N-RLAE-----GGP-----O-----A-----R-----R-----V-----
CAM4 -VV-----R-----EPNKT.V-I-----F-----K-----GOE-----O-----A-----R-----A-----E-----R-----I-----
CAM5 -KE-----K-----F-----V-----N-----N-----T-----E-----R-----O-----O-----QR-----A-----R-----Q-----I-----V-----
CAM6 -V-----R-----Q-----K-----TK-----Q-----A-----V-----R-----I-----A-----HP-----QR-----A-----R-----Q-----I-----V-----
KR -A-----N-----G-----K-----T-----S-----A-----I-----R-----I-----D-----A-----R-----W-----OY-----
D1071 -AG-----S-----K-----VK-----V-----T-----SOK-----QR-----A-----R-----OY-----
UC2 -E-----IAD-----T-----KNIS.Q-LTEHSS-----RF-----F-----G-----I-----KR-----A-----R-----OY-----
UC3 -A-----R-----R-----H-----IK-----R-----OE-----K-----A-----V-----V-----N-----T-----N-----L-----
UC5 -E-----IA-----T-----E-----IT-----K-----KLAHSHV-----R-----M-----L-----DP-----KR-----A-----V-----N-----T-----N-----L-----
UC6 -A-----G-----K-----TK-----M-----F-----I-----KP-----O-----O-----QR-----A-----R-----H-----A-----I-----N-----L-----
UC7 -E-----ITB-----KNIT.K-RLAHSV-----R-----F-----D-----A-----T-----QK-----V-----V-----H-----A-----I-----N-----L-----
UC8 -E-----IM-----T-----S-----LTEHSP-----R-----O-----P-----TI-----KK-----A-----V-----V-----S-----T-----N-----L-----
UC9 -V-----N-----K-----K-----X-----AE-----E-----D-----O-----K-----PR-----A-----R-----R-----S-----T-----N-----L-----
UC10 -II-----H-----IG-----R-----T-----I-----I-----E-----D-----O-----K-----PR-----A-----R-----R-----S-----T-----N-----L-----
UC11 -AE-----K-----A-----T-----G-----I-----I-----G-----O-----X-----I-----R-----X-----O-----S-----
UC12 -VG-----E-----K-----AK-----G-----RP-----QR-----
UC14
```

```
CONSENSUS-B -e-Ii-----?-----?nI-----r1_eh??-----r-----r-----?-----?-----?-----r-----?-----?-----?-----?-----?-----l-----l-----?
UC1 -E-II-----N-----E-----R-----RVG-----SA-----RH-----F-----F-----GR-----O-----K-----T-----V-----V-----T-----S-----S-----L-----
D205 -R-II-----G.AKNTISVKL.VSEH-----TT-----K-----T-----RR-----A-----R-----R-----V-----I-----R-----S-----S-----L-----
EH0A -E-IKN-----S-----TNIS.Q-RLAHSARS-----R-----F-----G-----L-----R-----AS-----R-----V-----I-----R-----I-----L-----S-----L-----
GH2
```



HIV2/SIV ENV

```

CONSENSUS-A          ????nITTFsAevaelYrLeIGDYkLvEiTpIgfPAPrEkRySS?ap?R?KrvGFVLGfIGFLatagsAMGaaeLlTSAdgrLlLaGIvQ000Q0LLDvVkrQ0EmLRlTWGtKnlQaVTALEK
ROD                  .WQNN.....-HG-HT-.....-K-----SV-----HQ-HT-----V-----L-----
NIH2                 ..AGD-.....-A-----I-V--A--P-----X-----
885                 ..TDG-.....-T-R-N-----L-----T-A-----M-----
ALI                 .VGD-R-----V-----A-----G-H-----L-----FR-----
ISY                 ST
BEN                 .GGE-.....-I-V-----PV-----V-N-----T-A-----
D194                 .IDK-R-HT-----I-----DQR-----T-V-N-----R-----
CAM2                 .SDG-----I-V-P-K-----V-N-----G-----
CAM2BR               .ERD-----T-----D-----SQ--P-HG-P-A-----T-V--T-----L-----
D1024               ..GG-----SV-----HG-HT-----
D766                 .GG-----G--GI--N-----S-N-----HG-HT-----
D808                 .GG-----S--D-----HG-HRE-----
D868                 .GG-----F-----HR-HP-x-----
GHI                 .VNS.....-I-V-----R-----V-N-----
CBL21               .TYG-----D-----SV-----G-N--P-----T-A-----
CBL22               .VNG-----T-----T-M-N-----M-----
CBL23               .ANG--N-.D-----A-----T-M-N-----
CBL24               .VKN.....-D-----S-Q-L-S-K-N-----T-A-----
MDS                 .DKD-----D-----HG-H-----P-----T-A-----
CAM1                 .TDM-G-ET-----T-----HG-Q-----V--T-----L-----
CAM3                 .VEA.....-S-----HR-HT-----
CAM4                 .MR-DS.T-----I-V-----DQ--P--T-S-----A-T--T-----E-----
CAM5                 .TMMHKT-----S-----G-N-----R-----
CAM6                 .VD-----S-----G--K-----EQ--DHG-Q-----T-A-----
KR                 .MFD-----S-----Q-N-----V-----HPGLYW-----
UC2                 .TDG-----I-----A-N-----L-----L-----
5132E2               -----L-----V-----V-----I-----L-----
FA                   -----L-----V-----V-----T-----
GB1222               -----L-----V-----V-----T-----
C1171               -----L-----V-----V-----T-----
C19                 ..I-----I-----R-----
ISO53               ..-T-----A-----
VI390               ..-T-----G-----
VI905               ..-L-----V-----
VII1056             ..-L-----
VII415             ..-L-----
VI495               ..-L-----
VI884               ..-L-----
SL93FE               ..-L-----

```

```

CONSENSUS-B          --sd--?--?v--s-----e?--..vCP-N--?--?--m-----t-----L-----L-----
UC1                 VYDG-D-KT-M-----G-----EI-----TTP-N-----M-----L-M-----T-----
D205                 .SD--S-T--SV-----S-----DVR-----VKP-N-----M-----T-----
EHOA                 .WIDK-L-----V-----S--K-----SI-----VMP-N-----L-----L-----
GH2                 ..SAN-A--..-SV--S-----P-----EV-----VNP-N-----L-----M-----S-----L-C-----T-----
JA                 ON
VII1011             -----L-----L-----T-----

```

```

CONSENSUS-C          -----T-----
2238                 -----T-----

```



HIV2/SIV ENVY

Table with columns for sequence identifier (e.g., CONSENSUS-A, CONSENSUS-B), amino acid sequence, and position number (662-815). The table shows multiple sequence alignments for HIV2/SIV ENVY, including consensus and various variant sequences.

CONSENSUS-SD  
 MM251 P-?-?-?-?rk-df--T-1-E-----1-1-V-G-----A--Q----- 707  
 MM32H A-----P-A-----D-----RK-DF-E-TAL-E-----I-V-V-L-----I--AK-Q----- 730  
 MML111 P-A-----D-----RK-DF-E-TAL-E-----A-----V-L-----I--AK-Q----- 727  
 MML11 P-A-----K-E-----RK-DF-E-TAL-E-----A-----V-L-----I--AK-Q----- 727  
 MM316ZQ A-----P-A-----K-E-----S-RK-DF-E-TAL-E-----S-----A-----V-L-----I--AK-Q----- 727  
 MM132ZL A-----P-A-----K-E-----RK-DF-E-TAL-E-----A-----V-L-----I--AK-Q----- 728  
 MM239 A-----P-A-----K-E-----RK-DF-E-TAL-E-----A-----V-L-----I--AK-Q----- 728  
 MML142 A-----P-A-----K-E-----RK-DF-E-TAL-E-----A-----V-L-----I--AK-Q----- 731  
 MNE P-AN-N-E-----RK-DF-E-TAL-E-----A-----R-----I-V-L-----I--AK-Q----- 730  
 P209C19 P-V-I-D-----Q-R-DS-----TOL-E-----F-----I-----L-L-VVG-----A-Q----- 735  
 P209C15 P-----V-I-D-----Q-R-DS-----TOL-E-----R-----L-L-VVG-----A-Q----- 734  
 SIVSMMBUB P-T-N-----K-NF-----TQ-E-----T-----L-L-V-G-----A-Q----- 738  
 SIVSMMBUBA RB-T-N-----K-NF-----TQ-E-----T-----L-L-V-G-----A-Q----- 738  
 SIV6P6 P-T-N-----K-NF-----TQ-E-----T-----L-L-V-G-----A-Q----- 738  
 SMMH9 X--P-T-x-x-----K-NF-----Txx-E-----x-----xx-xx-x-x-----L-L-V-G-----A-Q----- 735  
 SMMH4 P-ET-V-N-----R-DF-----TOL-E-----R-----L-L-V-G-----A-Q----- 734  
 SM62A P-ET-V-N-S-----R-DF-----TOL-E-----R-----L-L-VVG-----A-Q----- 735  
 SMMB670 P-T-V-----RK-DS-----TOM-E-V-----R-----L-L-VVG-----A-Q----- 732

CONSENSUS-STM  
 STM P-V-----RK-DF-----TOL-E-V-----VR-----L-I-LVM-VA-??-?-A----- 714  
 STMAK3 P-V-----RK-DF-----TOL-E-V-----A-VR-----L-I-LVM-VA-----A----- 731  
 342

CONSENSUS-A  
 BA\_7312A D-----Q-K-I-D-----E-----A-V-----V-VI-----IG--R----- 150  
 150

CONSENSUS-U  
 SMC12 R-?-?-?-?-?-E-?T-Q-----IKI-D-----E?-?-?-?-F-V-----YI-F-V-----G--?V-LI-L-GK?- 143  
 SMC18 R-A-----E-NT-Q-----IKI-D-----E-----R-F-V-----YI-F-V-----G--IV-LI-L-GK-- 150  
 R-----R-----E-T-Q-----IKI-D-----EK-N-----F-V-----YI-F-V-----G--V-LI-L-GKH-- 150





CONSENSUS-A	iGRITLAVPRTIRQGAELALL\$	793
ROD	-----L-----	858
NIH2	V--R-----L--	856
ALI	-----L-----	862
ISY	-----L-----	846
ST	-----L-----	859
BEN	-----L-----	860
D1.94	-----L-----	851
CAM2	-----L-----	859
CAM2BR	-----V-----L--	843
GHI	V-----L-----	851
CBL21	-----I-----L--	865
CBL22	-----E-----L--	850
CBL23	-----L-----L--	858
CBL24	-----L-----L--	866
MDS	-----L-----L--	869
CAM1	-----L-----L--	858
CAM3	F-----SI-----L--	860
CAM4	L-----L-----L--	860
CAM5	-----L-----L--	849
CAM6	-----I-----L--	862
KR	-----L-----L--	857
UC2	-----L-----L--	865
GB1222	-----L-----L--	347
CONSENSUS-B	aAga-I-I-----I-L---	781
UC1	TARA-I-I-----L-L---	857
D205	AA-A-I-I-----L-LT---	859
EHOA	AAGE-I-I-----L-----	852
GH2	MAGA-V-I-----RL-L---	461
CONSENSUS-SD	V--w--I-----I-LT---	846
MM251	G--W--I-----L-LT---	880
MM32H	G--W--I-----L-LT---	878
MM1A11	G--W--I-----L-LT---	876
MM316ZQ	G--W--I-----L-LT---	877
MM132ZL	G--W--I-----L-x	876
MM239	G--W--I-----L-LT---	879
MM142	G--W--I-----L-LT---	881
MNE	V--W--I-----L-LT---	880
P209C19	V-----I--V--L-L---	886
P209C15	V-----I--V--L-LT---	885
SIVSMMBUB	V-----I-----L-LT---	889
SIVSMMBUBA	V-----I-----L-LT---	889
SIV6P6	V-----I-----L-LT---	889
SMMH9	V-----IXX-----L-LT---	886
SMMH4	V-----I-----L-LT---	885
SM62A	V-----I-----F-LT---	886
SMMB670	V--wv--I-----L-L---	883
CONSENSUS-STM	V--R-G-I-----L-LT---	861
STM	V--R-G-I-----L-LT---	882