

	<- Gag p17 matrix	Gag p17 matrix \/ p24 capsid	
CONSENSUS_A	MGArnSVLRGkKaDELEKiRLRPgGKKkYrLKHivWaaNeLdrFgLaEsLLESKEGCQkIltVLdPLVPTGSENLSLfnTvcVwC?HAEKvKDTeeAk.kivgRHLvAEtgTaeKMPntSRPtAppSgkgnfPV		136
A_ROD	-----R-----K-----K-----M-----I-----G-.Q-R-----S-----S-E---Y--		137
A_NIHZ	-----K-----K-----G-----I-----G-.O-----G-----		135
A_ISY	-K-----T-----IS-E-----Y-T-L-----R-G-----E-----I-----		137
A_ST	-----I-----A-----I-----A-----I-----K-T---S-----N-----		137
A_UC2	-----R--N-----L-----L-----L-----		137
A_BEN	-----V-----K-----K-----R-----R-----L-----L-----R-Y--		137
A_CAM2	-----V-----K-----R-K-----I-----I-----R-AL--A-----D-----Y--		137
A_D194	-----V--N--R--V-----K-----K-E-----L-----L-----LA-----I-----		137
A_GH1	-----S-----S-----K-----L-----L-----G-----S-----R-R--		137
A_MDS	-S-----V-----V-----S-----GK-----I-----F-I-----FAR-----R--Y--		137
A_KR	-S-----V-----R-----R-----Q-----GK-----S-----I-----L-----G-.Q-----D-S--A--R--Y--		137
A_ALI	-----R-----R-----Q-----X-----R-K--E-----V-V-----G-.Q-I--A-IE--S-----EQ--Y--		137
A_7924A1X-----R-IS-----V-I-----V-I-----G-.Q-----S-----E--Y--		101
A_60415K1X-----R-----R-----A-I-----G-.Q-----S-----E--Y--		101
A_FA1X-----L-----I--N-----Q-----L-----R-.L-----S-----		101
CONSENSUS_B	MGArgSVLSGKKTDELEKvRLRPgGKKkYmLKHivWxvNELdrFGLAeSlLeSKEGChKiltvLaPLVPTGSENLSLfnTvcViyCLHAeeKvKDTeeAK.kiaQ?HLadt...EKmPats?ptaPpSg.rnYPV		130
B_D205	-----K-----V-A-----Q-----K-----I-----F-----R-----NK-----G-----		132
B_UC1	-----S-----C-----I-A-----A-----E-----R-G-----R-RK--G-----Y-----F-----R-----M-K-SK-T-R..LA--		132
B_EHOAA-----E-----N-G-----A-E-----V-----G-----R-VGN-...-T-----R-S--G-----		96
B_60667K1E-----N-G-----A-E-----V-----G-----R-VGN-...-T-----R-S--G-----		96
B_JA1T-----F-----Q-----S-VV-A...-V--KS-----		96
B_ONFT4-A-----T-G-----A-----V-----S--N...-K-----		96
B_7810A1-R-----M-S-VV-A...-T--R-----		96
B_ONFT1-R-----M-S-VV-A...-T--R-----		96
C_22381XANELDRFALAESLLETKEGCQKILTvLEPLVPTGSENLSLYNTTCVIWCLHAEQVKHTEERN.EVVERHLAAETKNAEKMPATSRPTAPPSSGGRGNYPV		101
D_F0784XANELDRFGLAESLLENKEGCQKILSVLAPLVPTGSENLSLYNTTCVIWCLHAEKvKDTeeGAK.QIVQRHLVVETGTADKMPSTSRPTAPPSDRGRNYPV		101
AE_PA1XARELDRFGLAESLLENKEGCHRILTvLEPLMPTGSENLSLfnVAVVCLHAAVVKDTeeAKKHVQHHLVAGGKTTEKLPPQSRPTAPPSSGGGNYPV		102
AB_7312A1XANELDRFGLAENLLESKEGCQKILTvLAPLMPTGSENLSLfnTVCVIWCLHAEKvKDTeeAK.KLAQSHLVVDT...EKTPTADKPAATSSG..RNYPV		96
CONSENSUS_SD	MGArNSVLSGKkADELEKiRLRPgGKKkYmLKHivWaaNeLdrFGLAESLLENKEGCQkILSVLAPLVPTGSENLSLYNTVCvIWCiHAEeKvKhTEeAK.QIVQRHLvvEtgTadtmPaTSRPTAPPSSGrggNYPV		137
SD_MM251	-----E--K-----S-----		137
SD_MM32H	-----E--K-----S-----		137
SD_MM1A11	-----N-----E-I--K-----S-----		137
SD_MM239	--V-----N-----TE--K-----S-----		137
SD_MM142	-----M-----E--K-----F-----		137
SD_MNE	-----E-----V--N-----D-----R-----R-----K-----S-----		137
SD_SMMH4	--V-----E-----V--N-----I-----D-----R-L-----K-----		137
SD_SMMH9	-----R-Q--I-----L-----K-----K-----K-----		137
SD_SMPBJ14.441	-----R-K--I-----L-----K-----K-----K-----		137
SD_SMPBJ14.15	-----R-K--I-----L-----K-----K-----K-----		137
SD_SMPBJ6.6	-----R-K--I-----L-----K-----K-----K-----		137
SD_SMSL92AX-----K-----S--R-R--V-----F-----L-----M--N-----A--NE--QL-----KR-----		101
SD_SMSL92FX-----R-----S--R-R--V-----F-----L-----M-----A--NE--QL-----KRE-----		98
CONSENSUS_STM	MGARSSVLSGKKADELEKvRLRPgGKKkYmLKHivWaaNeLdrFGLAESLLENKEGCQKI?TVLEPLVPTGSENLSLfnTVCvIWCiHAEeKvKhTEeAK.QVVKRHLVVETGTA?KMPATSRPTAPPSSGRGGNYPV		135
STM_STM	-----I-----N-----		137
STM_STM22579	-----L-----D-----		137

HIV-2/SIV GAG

HIV-2/SIV
Amino Acids

CONSENSUS_A	Qq??gGNYtHvPLSPRTLnAWVKLvEeKKFGAEVVPGFQALSEGCTPYDINQmLNCVGDhQAAMQIIREIINeeAADwD?qHPiP.GPLPAGQLRePRGSDIAGTTSTVeEQIqWmFRpqNPvPVGnIYRRwiQIGLQ	270
A_ROD	--H.V-----I-----E-V-----	273
A_NIHZ	--.VA---I---G-----VA-----	271
A_ISY	--.I---V-L-----V-----D-----E-Y-QE-----	273
A_ST	--.VA---V-L-----A-----S-----	273
A_UC2	--.A---V-----Q-----A-----D-----D-----Y-Q-----	273
A_BEN	--.A---V-----S-----D-----D-----Y-----	273
A_CAM2	--S.I-----A-----AN-----D-----A-----	273
A_D194	--.A---I-----A-----D-----D-----Y-QP-----	273
A_GH1	--TG---I-----D-----D-----D-----Y-----	274
A_MDS	--N.I-----A-----A-----D-----A-----I-----	273
A_KR	--.IA---S-----V-----V-----A-----I-----	273
A_ALI	--.VA---D-----VA-----R-----	273
A_7924A1	--S.I-----V-----VA-----A-----	237
A_60415K1	--H.V---I-----E-V-----D-----D-----	237
A_FAI	--TG---V-----I-D-----L-----A-----D-----D-----Y-A---I-----V-----	238
CONSENSUS_B	QQ.vAGNYvHlPLSPRTLnAWVKLvEeKKFGaeVVPGFQALSEGCTPYDINQMLNCVGeHQAAmQIIREIINEEAAADWQHQHPsP.GP1PAGQLRdPRGSDIAGTTSTVeeqIQWMyRaqNPvPVGNIYRRwiQ?GLQ	265
B_D205	--.L-----M-----D-----I-----L-----	268
B_UC1	--.I---M-----D-----I-----I-----	268
B_EHOA	--.I---S-----M-----E-----P-----L-----	268
B_60667K1	--.I---S-----EN-----D-----IE-----E-----M-----E-----C-----I-----	232
B_JA1	--.-----V-----I-----V-----E-----L-----	232
B_ONFT4	--.-----V-----I-----I-----QP-----I-----	232
B_7810A1	--.-----D-----L-----I-----L-----	232
B_ONFT1	--.-----V-----I-----I-----QP-----I-----	232
C_22381	QQ.vAGNYVHHPLSPRTLnAWVKLvEEKKFGAEVVPGFQALTEGCTPYDINQLLNCVGDhQAAMQIIREIINEEAAADWDEHHPV.PGLPAGQLRdPRGSDIAGTTSTVeeqIQWMyRaqNPvPVGNIYRRwiQ?GLQ	237
D_F0784	QQ.vGGNYVHLPLSPRTLnAWVKLvEDKKFGAEVVPGFQALSEGCTPYDINQMLNCVGEHQAAmQIIREIINDEEADWQHPQP.GPLPAGQLRdPRGSDIAGTTSTVeeqIQWMyRqQNPiPVGNIYRRwiQ?GLQ	237
AE_PA1	QQ.iGNNYVHSPLSPRTLnAWVKLvEEKKFGAEVVPGFQALSEGCTPYDINQMLNCVGEHQAAmQIIREIINEEAAADWVQHPR.GQPPAQGLRdPSGSDIAGTTSTPAEQIEWMYRNPNiPVGDIYRRwiQ?GLQ	237
AB_7312A1	QQ.vAGNYVHVPLSPRTLnAWVKLvEEKKFGAEVVPGFQALSEGCTPYDINQMLNCVGEHQAAmQVIREIINEEAAADWQHQHPV.PGLPAGQLRdPRGSDIAGTTSTVeeqIQWMyRqQSPiPVGNIYRRwiQ?GLQ	232
CONSENSUS_SD	QQ.iGGNYvHLPLSPRTLnAWvKLiEEKKFGAEVVPGFQALSEGCTPyDINQMLNCVGeHQAAmQIIREIINEEAAADWDLQHPqP.gPqp?GQLREP?gSDIAGTTSTvdeqIQWMyRqQNPiPVGnIYrRWiQlgLQ	271
SD_MM251	--.-----D-----D-----A-Q-----S-----S-----	272
SD_MM32H	--.-----D-----D-----A-Q-----S-----S-----	272
SD_MM1A11	--.-----D-----D-----A-Q-----S-----S-----	272
SD_MM239	--.-----D-----D-----A-Q-----S-----S-----	272
SD_MM142	--.-----T-----S-----L-----D-----D-----Q-A-Q-----S-----E-----	272
SD_MNE	--.V---T-----Q-A-Q-----S-----E-----	272
SD_SMMH4	--.V---T-----V-----L-A-----R-----	273
SD_SMMH9	--.V---T-----V-----S-----R-----I-A-----I-----X-----S-----I-----	273
SD_SMPBJ14.441	--.-----T-----I-P-----R-----	273
SD_SMPBJ14.15	--.-----T-----I-P-----R-----	273
SD_SMPBJ6.6	--.-----T-----I-P-----R-----	273
SD_SMSL92A	--.V---V-----L-A-----R-----EGR-----AA-----	237
SD_SMSL92F	--.V---A-V-----L-A-----RE-----AA---V---I-----IS---	234
CONSENSUS_STM	QQ.vGGNYVHLPLSPRTLnAWVKLvEEKKFGAEVVPGFQALSEGCTPYDINQ?LNCVGEHQAAmQIIREIINEEAAADW?QHPQP?GPLPAGQLREPSGSDIAGTTST?EEQIQWM?RQQNPiPVGNIYRRwiQ?GLQ	264
STM_STM	--.-----P-----L-----K-----M-----P-----SP-----Y-----	274
STM_STM22579	--.-----S-----M-----R-----V-----TV-----H-----	273

		p24 capsid \ /	x peptide	/ p9 NC	
CONSENSUS_A	KCVRmYNPTNiLDiKQGPKepFQSYVDRFYKSLRAEQtdpAVKNWMTQTLLvQnaNPDCCKLVKGLGmNPTLEEMLTACQGVGGPGQKARLMAEALKEamtPaPIPFAAAQQ...			rrrtikeWNCgKeGHSArQcrAP	404
A_ROD	-----			-----KAF-----	407
A_NIHZ	-----N-----S-----I-----T-----			-----V-A-----K-F-----WS--	405
A_ISY	-----S-----A-----S-----I-----			-----R-----K-A-----	406
A_ST	-----I-----			-----A-----	407
A_UC2	-----V--V--S-----A-----			-----L-P-----R-----K----	407
A_BEN	---K-----S-----I-----			-----G-S-----KA-RY-----	407
A_CAM2	-----S-----			-----G-P-----	407
A_D194	-----V--S-----I-----S-----			-----L-P-----A-R-----K----	407
A_GH1	-----V-----I-----I-----			-----L-P-----KV-R-----	408
A_MDS	-----V-----A-----I-----			-----L-P-----	407
A_KR	-----V-----I-----			-----LA-----D-----	407
A_ALI	-----V-----S---			-----	407
A_7924A1	-----V-----S---			-----	261
A_60415K1	-----V-----S---			-----	261
A_FAI	-----V--V--S---			-----	262
CONSENSUS_B	KCVRMYNpTNiLDiKqGPKepFQsYVDRFYKSLRAEQtdpAVKNWMTQTLLIQNANPDCKLVKGLGmNPTLEEMLTACQVIGGGPGQKARLMAEALKEALTPapiPFaAaQqkAGKrgTVTCWNCgk?GHTArQCrAP			-----V-----Q-----	402
B_D205	-----			-----V-----K-----	406
B_UC1	-----			-----V-----K-----	406
B_EHOA	-----			-----STN-----PR-----A-----K--	405
B_60667K1	-----N-----			-----	256
B_JA1	-----E-----			-----	256
B_ONFT4	-----V-----			-----	256
B_7810A1	-----S-----V-----			-----	256
B_ONFT1	-----S-----V-----			-----	256
C_22381	KCVRMYNPTNiLDVqGPKepFQs				261
D_F0784	KCVRMYNPTNiLDiKQPKetFQs				261
AE_PA1	KCVRMYNPTNiLDVqGPKesFQs				261
AB_7312A1	KCVRMYNPTNiLDVqGPKepFQs				256
CONSENSUS_SD	KCVRMYNpTnILDvKQGPKepFQsYVDRFYKsLRAEQtdpAvKnWMTQTLLIQNANPDCKLVKGLG?NPTLEEMLTACQVGGPGQKaRLMAEALKEALapgp1PFaAaQqkGp.rKpIkCwNCgKEGHSArQcRaP			-----V-I-----KR--	407
SD_MM251	-----A-----V-----			-----V-I-----KR--	409
SD_MM32H	-----A-----V-----			-----V-I-----R--	409
SD_MM1A11	-----A-----V-----			-----V-I-----R--	409
SD_MM239	-----A-----V-----			-----V-I-----R--	409
SD_MM142	-----T-----			-----A-I-----	409
SD_MNE	-----S-----M-----			-----	409
SD_SMMH4	-----M-----			-----R-DQ-----V--Q--T-----K--T--	410
SD_SMMH9	-----S-----X-----VI-----V--X-----D--TQ-----G-V--Q.X-I-X-X--X-----F--			-----	410
SD_SMMpBJ14.441	-----I-----			-----D--TQ-----V--Q--I-----	410
SD_SMMpBJ14.15	-----S-----I-----			-----D--TQ-----V--Q--I-----	410
SD_SMMpBJ6.6	-----S-----S-----I-----			-----D--TQ-----V--Q--I-----	410
SD_SMSL92A	-----V--I-----X-----			-----D--TQ-----V--Q--I-----	276
SD_SMSL92F	---K---V---I-----G---X			-----	273
CONSENSUS_STM	KCVRMYNPVNiLD?KQGPKepFQsYVDRFYKSLRAEQADp?VKNWMT?T?LIQNANPDCKLVKGLGmNPTLEEMLTACQVGGPGQKARLMAEALKE?FQP?PLPFAAAQQQG..RRTVKWNCgk?GHTAKQCK?P			-----V--D-----A-----G--	391
STM_STM	-----V--T-----S-----R-L-----			-----V--D-----A-----G--	410
STM_STM22579	-----I-----P-----A-----Q-P-----A--G-----E-----A--			-----	409

HIV-2/SIV
Amino Acids

	p9 NC \ / p6	p6 \	
CONSENSUS_A	RrQGCKWCKGpGHiManCP?RQAGFLGLGpwGKkPRNFpvaqvpqGL.....tPTAPPadPavdLLEkYmQQGrkQrEQreRPHYKEVTED1Lh1EqgetPhre?ttEDLLHLNSLFGkDQ.\$		517
A_ROD	-----T--D-----V-----KR-----Y--PP-----		522
A_NIHZ	-----S--V--D-----I--H--A--A-----L-----KR-----RF--A--C-----		519
A_ISY	-----S--D-----VPSS-----M-----Q-----N-----		520
A_ST	-----A--K--E-----I-----I--VE-----KR-----F--Q--KQ--C-----		521
A_UC2	-----D-----M--SR-----A-----I-----A-----L-----R--A-----		521
A_BEN	-----E-----R-----T--A-----I-----AE--R-----R-----E-----		521
A_CAM2	-----T--D-----I-----L-----KR-----Q-----A--C-----		521
A_D194	-----S--D-----M--R--Q--A--A-----I-----I-----R-----E-----KA--A-----		521
A_GH1	-----T--V--K--E-----M-----A--P-----I-----R-----E-----K--CK-----T-----		522
A_MDS	-----T--K--D-----I-----A-----L-----K--KM-----K--A-----		521
A_KR	-----S--V--E-----I-----TR-----A-----L-----K--KM-----K--A-----		521
A_ALI	-----K-----L--E-----I-----TR-----E--A--Q-----K--V-----		521
CONSENSUS_B	RRQGCKWCKGkqGHIMSKCPERQAGFLGLGPWGKkPRNFpmtQvPQGvtPSAPPmPAeGMTPrGatPSAPPADPAvEMLKsYMqmGrqQrEsRERPHYKEV.....TEDLLHLNSLFGEDQ.\$		517
B_D205	-----T-----D-----K-----		521
B_UC1	-----Q-----F-----V--A--IV-----F--Q--I-----E--N--L--KK--K--N-----		521
B_EHOA	-----Q-----F-----V--A--IV-----F--Q--I-----E--N--L--KK--K--N-----		519
CONSENSUS_SD	RrQGCKWCKGkmgHVMAKCP?RQAGFLGLGPWGKkPRNFpMAQmhQGL.....tPTAPPedPAVDLLKNYM?lGkqQRE.????.....srekPHYKEV.TEDLLHLNSLFGEDQ.\$		502
SD_MM251	-----D-----D-----V-----Q-----KQRE.....G-----		506
SD_MM32H	-----D-----D-----V-----Q-----KQRE.....G-----		510
SD_MM1A11	-----D-----D-----V-----Q-----KQRE.....M-----G-----		510
SD_MM239	-----D-----D-----V-----M-----Q-----KQRE.....G-----		510
SD_MM142	-----D-----N-----V-----E-----H-----G-----		506
SD_MNE	-----Q-----D-----F-----Q-----K-----G-----		506
SD_SMMH4	-----T-----E-----P-----I-----KM--RK-----N--R-----		507
SD_SMMH9	-----P-----A-----E-----P-----R-----KV--RR-----N--R-----		507
SD_SMPBJ14.441	-----A-----E-----P-----P-----KM--RR-----N--R-----		507
SD_SMPBJ14.15	-----A-----E-----P-----P-----KM--RR-----N--R-----		507
SD_SMPBJ6.6	-----A-----E-----P-----P-----KM--RR-----N--R-----		507
CONSENSUS_STM	RRQGCKWCKG??GHQMAKCPERQVGLGFGPWGKkP?NFPMAQIPQGL?????.....??PTAPP?DPAADLLRSYMLGKkQRE.....SRKTPHYKEV.TEDL?HLNSLFG???. \$		479
STM_STM	-----QQ-----H-----T-----E-----L-----EDQ-----		507
STM_STM22579	-----KP-----R-----TPTAPP.....EM-----V-----V-----		510

400

HIV-2/SIV GAG