

```

                                <- env cds
                                LTR ->
CONSENSUS_A  MGASGSKKrSrpsqgLrERLLrargg?cggqg?asgGeysqsqgegSgreQkspSCEGq?YqQGdfmNtPWrtPAaegekelykQQNMDDvDsdlddlvgv?pvtp.rvplRaMTyKlAvDmShfikekgGLEGmfY 131
A-ROD        -----H--PR--Q-----A-A--Y-NE-----RF--D-----RO-----KD--R--N--R-----Q-R-.S---K---P--HR--I---L--TR----- 134
A_NIHZ       -----K-L--Q-----Q--ET--RCNE--G-L--H-----N-----R-----V-----R-----L--Q--F-----P--F-----L-- 134
A_ISY        -----R--Q-----A--L-DE-E-G--FH-----L-----R-----T-K--S-R-----SD-S-----RM-----DL--D-----Y-- 134
A_ST         -----E--R-----QTP-EAS--H-DKL--L-----G-----RR-----A--GS-----E--R--R--L-----L--LY-- 133
A_BEN        -----L-KH-R-----DGY-K-RD-----F-E--N-----Q--EY--S--N--T-RQ-D-R-----I--.---R-E-----I-----Q-- 134
A_CAM2       -----L--Q-----A-T--ECYN-LE--SLR--D--N-L--R-----A--K-NA-R-----I-----T-----A-- 134
A_DI94       -----EH-----GYVK-RN-----S-----Q--E-----I-Q-NS-----M-----E-----I-----I-- 134
A_GH1        -----H-KH--R-----H--GYV Q-CN-----KG-----Q-R-----I-Q-K-----I-S-----X-X-D----- 134
A_MDS        -----R--R--Q-----A-A--H-DEL-----R-----DKG-R-----Q-----T--DS-R-----Y.S---.T----- 134
A_KR         -----C--SL-----ET--DG-A--L-F--G-NL--R-----GR-GT-----A-N-N-I-----I--LN-----D--Y-- 134
A_ALI        -----G-L-----QTP-ET--CSG--G--G--G-L--R-----T-R-----L--SLVGVS-----Q--T-----L--R----- 135
A_UC2        -----L-KQ-----GYVR-CS--S--G--G--L--R-----Q-R--Y-----M-Q--S-----N-Q--S--S-----P----- 134

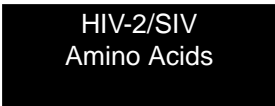
CONSENSUS_B  MGASGSKKqSkqQ?GLRErLLR??e?PyG?lSgerreqSrsrPGgSDKdLNSPSCeGqna?gAE.....GGGqQD?DesD.EDnE.VGv?yVRP??vPLRpMTyKlAvDMSHFikekGgLEGiyY 108
B_UC1        -----R-----TQ-E--K--EGQ-K-----R-PR-----M-I----- 116
B_EHOA       -----P-----ARRG-R-ES--Q-R-LQY-----G-----D--KTL-----K--S--D-----R--G-----F-----L--E--F-- 116
B_D205       -----R-ER-Q---K---VP-R--R-----E-----R-----A---.D--.AX---XI-----Q---M-- 118

D_FO784      .....XEKGGLGEGIYY 11

CONSENSUS_SD MGgaisk?rsk?ggdLrqrLLrARGetYgrL?evEdgysQSlgglDKglsslScEgQkYnqqqyMNTPWNPAAeereKLaYRkQNmDDvDeeddlLvGv.pVrp.rVPlRtmsYKlAiDMSHFikekGgLEGiyY 130
SD_MM251     ---MR---PA---K-----LG---S---G---R-----K-----I-----S---K---A-T----- 134
SD_MMP11     ---MR---PT---K-----LG---S---G---R-----K-----I-----S---K---A-T----- 134
SD_MM32H     ---RR---SA-----LG-----M-----V----- 134
SD_MM1A11    ---T--MR--RST-----E--LG--S--E-----E-----I-----S---K----- 134
SD_MM239     ---MR--RPS-----LG--P-----I-----S---K----- 133
SD_MM142     ---K---PPR-----N--FKG--S-----E-----K--P--I--I-----I--EA----- 134
SD_MM155     ---MR--RPS-----LG-----P-----K-----I--N-----S-W----- 134
SD_MMW25     ....XRR---SA-----LG-----M----- 129
SD_NEFW61    .....X-----X-LG-----E--M-----V----- 122
SD_MNE       ---T--R--SP-----WE-L-----S--S-L-----F--K--G--D--I--I--N-----E--M-----II--V----- 134
SD_SMPBJ14.441 ---VT--KQRRR--N-YE--Q-----WEGL-GE--QDASG--P-CE-F-----T--A--D--Q-----SA--C--S---V-I-T----- 132
SD_SMPBJ14.15 ---VT--KQRRR--N-YE--Q--D-----WEGL-GE--QDASG--P-CE-F-----T--A--D--Q-----SA--C--S---V-I-T----- 132
SD_PBJ6P6    ---VT--KQRRR--N-YE--Q-----WEGL-GE--QDASG--P-CE-F-----T--A--D--Q-----SA--C--S---V-I-T----- 132
SD_SMMH9     ---VT--KQRP--N-XE--Q-----WEGL-GE--ADASG--P-CE-F-----T-GA--G--Q-----NE--C--S---V-I-T-----V-- 132
SD_SMMH4     ---KQY-R--N-E--Q-----WEGL-E-----ASG--P-SE-----T--A--G--Q-----D--I--S-H-----A-T----- 134
SD_SM62A     ---KQYRR--N-E-----WEGL-E-----ASG--P-SE-----A--A--G--Q-----D-----S-H--K--A-A----- 134
SD_SMB670    --A-G--K---QD-G--E--Q-----WEGL---L--R---DWNLH-S--G-SE-F-----T---K--Q-----DN--E--A--H-----A----- 134

STM_STM      MGASGSKKQRKHGELRERLLRARGETYKGLLEGLGEGSGPSQASDKGLNSHSCPEQRYNegQMNTPWKNPAEASAKLEYRQNMDDVDEEDDLVGV.AVHP.rVPLREMTYKLAIDLSHFIKSKGGLGEGIYY 134

```



HIV-2/SIV
Amino Acids

	- max HIV-1 nef similarity -	
CONSENSUS_A	SerRhrIldiyleKeegiipdwqnythgpgvrypmffgwlwklvpvdpqgedte????thclvhpaqtsr?ddphgetlvwrfdpmlayeykaFilyPEEFghkSglpEkeWkAkLKARGIPfs????...	252
A-ROD	---K-N-----A-----K-F-----E---L---S-E---R-----E---R-----	256
A_NIHZ	-Q-----L-D-.....-T-----N-----R-----	180
A_ISY	-----L-----T-----L-M-S-V-F-----K---H---TT-----ME-DD-----	256
A_ST	-D-R-V-----G-----K-----D-S-----F-----T-FS-E-R-----Y---D---R-----	255
A_BEN	-R-----Y-----S-ELS-A-ED...AN-----H-E-----Q-S---N---T-----Y-E	257
A_CAM2	-----A-----S-----TS-----TDTE---L-----H-M-----K-S---LK-E-TR-----D-----	260
A_D194	-RE---LF-----T---Y-----IS-A-EV-----N-----Y-E-----S---H-----D-----Y-E	257
A_GH1	-RD---L-----C-----S-A-D-----NY-T-----H-E-----L---T---D---H-----Y-	256
A_MDS	-----T---K-----L-D-N-----I-KF-Q-----SL---T---K-----Q---E---R-----N	255
A_KR	-----M-----K-----GE-----L-----GS-----M---R---T---NR---Y---E-----	253
A_ALI	-----L-V---H---T-----K---HD-----H---Y---D---R-----KNRN	261
A_UC2	-RD---L---V-----C-----NMS-A-D-----N-M-----Y-I-----NS---T-----Y-E	257
CONSENSUS_B	SERRHrILDTYLENEEGIVSGWQNYThGPGiRYPk?FGWLWKLVPv??pae?r?eE...?ThCLVHPAQiSsWDDiHgETL?WqFDsLLAyDYVAFnRfPEEFgyQSGlPEkEWKA?L?ARGIPT?	221
B_UC1	-----Y-----RT-----DI-E-E-GA...S-----A-R-P---H---Y-----	225
B_EHOA	---K-----V---F-----INMI-PED-----T-A---P-E---V-----S-----M-----K-R-----E-	238
B_D205	---F-----Y-----EV-AT-E---E---M-----I-----E---R-K-----D-	241
D_FO784	NHRRHRILDIYLQNEEGIIIPDWQNYTSGPGERLPMYGLWKLVPVDPDEAQGDE...RHCLVHPAQTYQ.DDP.EEVLV.KFDPRLAYNYEAFIKYPEEFGSKSGLPEDEVRRRLTARGLYKTADKKETG	137
CONSENSUS_SD	saRrHrIld?ylekeeGIIPDWq?YtsGPgiRYpktfGWLWKLvPvNsDeAQEdE...thyLmhPAQTsqWdPWGEVlaWKFDPtLAYtyeAyvryPEEFgSkSGLseeEVrRrLtARGLlKMDkKeTs	257
SD_MM251	---M---D-----R---Q---K-----A---X-----X1-----N---R---R-	248
SD_MMP11	---M---D---R-----R---Q---K-----P-----N---R---R-	260
SD_MM32H	---M---D-----R---Q---K-----P-----N---R---R-	263
SD_MM1A11	---I---D-----E---Q---K-----P-----N---R---R-	263
SD_MM239	---I---D-----E---Q---K-----P-----N---R---R-	262
SD_MM142	---I---D-----X-X---L-M---I-----E---V-----I-----K---K---A---E---R---R-	263
SD_MM155	-E---I---D-----E-C-I-----H-----N---R---R-	263
SD_MM25	---EI---D-----K---K-----P-----A---N---R---R-	258
SD_NEFW61	---I-RI---D-----K---Q---K-----P-----A---N---R---R-	251
SD_MNE	-E---K---M---M---N---P-----G---EN---L---V-----I-----R---R-	263
SD_SMPBJ14.441	-D---K---L---N---A---MF-----K---N-K-F-EH---Q---K---Q-----K---R---	261
SD_SMPBJ14.15	-D---K---L---N---A---MF-----K---N-K-F-EH---Q---K---Q-----K---R---	261
SD_PBJ6P6	-D---K---L---N---A---MF-----K---N-K-F-EH---Q---K---Q-----F---K---	261
SD_SMMH9	-I---K---E---T---N---A---MF-----Y-----C-----X-X-K-F-EH---Q---K---Q-----K---	261
SD_SMMH4	NE---M---N---N---MHY---D-----C-V---Y-----E---S-K-FIK---Q---K---X---	263
SD_SM62A	NE---M-M---N---T---MY---D-----C-V---H-----E---S-K-FIK---K---Y---R---	263
SD_SMB670	DN-E---I---PN---P---E---MF-----D-N-----C-VQ---E---A-V---Q---R---FIK---K---S---	263
STM_STM	SERRHRILDMYLEKEEGIVPDWQNYTAGPGIRYPKQFGWLWKLVPVDMsNEAQEDD...GTHYLHPAQTHQWDDPWGEVLVWKFDPtLLAHTYEAFVRHPPEEFGSKSGLPKKEEVERRLTARGLLKMDKkETS	264

424

HIV-2/SIV NEF