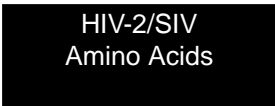


	-> Pol reading frame (-1 from Gag) p15	p15 peptide \ / Protease	
CONSENSUS_A	VLELWKGGTLGETVVPSTQKTgLLEmWQ?RThHGKlPrkTG?FFRD?pmGKeapQlPrgPssaGadTNSTpsrsssptgeiyAArekae?AE.retiQrgDrgLtApRagrtdtmQrg?dRGlaaPQFSLWkRP		127
A_ROD-R---TG-L-----G---S-----T-R-...-GS-----G--I-GATN-----		94
A_NIHZ-W---W-L---G-----P---N---IG-----K-KG-...-V-GS-----F-----GD-----		93
A_ISY-W---AWT-----K-F---N---NG-----VH---T-R-...TK---S---A-S-R---T---D-----		93
A_ST-R---G---M---G---VG-----F-C---NP-----D-P-R---R-VH-----R---A---S---P-A-ET---D-----		113
A_BEN-V---A-----G---R---VG-T---S---D---PS-----SG---TV-----G---G---G---A---E---S---		113
A_CAM2-G---W-L---F---T---N---IG---S-----G---T-----TR-GP-GD.N-----		93
A_D194-V---V-----G---R---G-T---A-----S---N-----V-----R---G---G---G---AP-----T-----		131
A_GH1-D---R---M---R---GS-----S-----SI-K---G-R---G---G---GR-----KS-S---		113
A_UC2-A---GQ---G---GLT-----S-----G---VR---F---G---G---G---GR-----S---		113
A_MDS-D---Y---V---Q---G---W-L-----G---N-----G-----A---K---GD.N---F---N---		113
A_KR-I---C-----W-----S---D---P-----P---R-AR-VL---E---R---N---G---TR---T---F---		113
A_ALI-I---C-----AW-----S---N---IN-----A---A-AV---G---KR---A---G---TR---T---F---		90
A_FA2		0
A_5132P1		0
A_S52907		0
CONSENSUS_BKtGMLEMWk?RTHHVkMPRKtGgFFRVrtLGKEASQlPhdPsasGsdTICtPDePSrgHDTSGgDtICaPCRSSsGDAekLHadgEtaErEpRETLQGG.DRGFAAPQFSLWRRP		113
B_D205-N-----T-----		114
B_UC1-T-----W-----G-----E-----		114
B_EHOA-A---TA-----P-----F-R-.GTP-DSA-A---IR---C-S-T---R---KE---TR-E---G-Q---		113
B_JA2		0
B_ONFT2		0
C_22POLB7		0
D_F0784		0
AE_PAR		0
AB_7312A		0
CONSENSUS_SD	VLELWe??TLCKaMQsPKKTGmLEmWkngPCYQMPrgTggFFR?WpmGKEAPQFPHGp?ASGADaNCSPrg?SCGSakeLHa?GQ?????.....aErkQrEaLQGG.drGFAAPQFSLWRRP		107
SD_MM1A11-RG-----P-S---SS-----P-----V---AAERK.....T-----D-----		118
SD_MM251-GG-----P-S---SS-----P-----V---A.....		114
SD_MM32H-RR-----P-S---SS-----P-----A---AAERK.....		118
SD_MM239-RG-----P-S---SS-----P-----V---AAERK.....		118
SD_MM142-GR-----SS-----RT-----L---A.....		114
SD_MNE-RG-----N---L---T-----R---L-----N-----P-----K---V---T-----K-----		114
SD_SMMH4-D-----A-----K-----A-----D-----T-----S-----TE---ED-K.....-GE---T-----		77
SD_SMMH9-K-----A-----D-----T-----X---S-----TE---EG-K.....-GE---T-----NG-----		80
SD_SMMPBj14.441-KGR---T-----L---V---SR-----K-S---A-----D-----T-----S-----TE---ED-K.....-GE---T-----NG-----		112
SD_SMMPBj14.15-KGR---T-----L---V---SR-----K-S---A-----D-----T-----S-----TE---ED-K.....-GE---T-----NG-----		112
SD_SMMPBj6.6-KGR---T-----L---V---SR-----K-S---A-----D-----T-----S-----TE---ED-K.....-GE---T-----NG-----		80
SD_SMMM7		0
SD_SMMLIB1		0
STM_STMRPEKTRLLEMT?GpsDGQMPRKtGGFFRLWPMGKEAPQLPHGPNTSGADANCPsRRPSCGSaEKLAAGQE.....AEREQEDTLQGG.DRGFAAPQFSLWRRP		99
DRILL_SIVDRL		3



HIV-2/SIV
Amino Acids

	Protease \/ Reverse Transcriptase	
CONSENSUS_A	VVTAYiEgQPVEVLLDTgAdDSIVAGieLGSNYsPKiVGGIGGFINTKEyknvEIkVlnKrVrATIMTGDTPINIFGRNiLtaLGMslNlPvAkIePikimLkPGKdGPKlrQWPLtKEKIEALKEICEKMEK	260
A_ROD	-----N-----E-K-----V-----	227
A_NIHZ	-H-----R-N-----E-G-K-----V-----R-K-----	226
A_ISY	-D-----D-----R-K-----V-VT-----Q-----R-----R-----R	226
A_ST	-HV-----V-----R-----	246
A_BEN	-D-----D-T-----VT-----R-K-----	246
A_CAM2	-H-----E-G-----R-----	226
A_D194	-F-D-----D-T-----AT-----LD-VT-----R-K-----R	264
A_GH1	-V-----Q-D-V-----I-I-----I-VT-----R-----R	246
A_UC2	-D-----D-T-V-----D-----R-----T-----R-K-----V-----	246
A_MDS	-H-----E-G-----R-----	246
A_KR	-V-----K-K-----VD-VI-----V-----R	246
A_ALI	-----T-----ED-----K-----EVR-----T-R	223
A_FA2	0
A_5132P1	0
A_S52907MA--V-----	44
CONSENSUS_B	VVkAcIEGQsVEVLLDTGAdDSIVAGIElGSNYTPKiVGGIGGFINTkEYkdVEIEVVGKRVRATiMTGDTPINIFGRNlLntLGMtLNfPvAkIePvKv?LkPgKdGPKlRQWPLsKEKIEALKEICEKMEK	245
B_D205	-----V-----E-----R-----	247
B_UC1	--R--P-----K-----	247
B_EHOA	-T-----N-N-----V-----S-----R-----Q--E-----	246
B_JA2	0
B_ONFT2	0
C_22POLB7	0
D_F0784XRNLlTELGMslNfPvAkIePvKvLkPgmDgPKlRQWPLsKEKIEALKEICEKMER	57
AE_PARXK	2
AB_7312AXK	2
CONSENSUS_SD	vVTAhIEgQPvEVLLDTGAdDSIVaGIElGpHYTPKiVGGIGGFINTkEYkNvKIEVLGKrIkGTIMTGDTPINIFGRNLLtAlGMSlNlPIAKVePvKvtLkPGKdGPKlRQWPLsKEKIEvALREICEKMEK	240
SD_MM1A11	-----T-----E-----R-----A--V--K-----	251
SD_MM251	-----T-----V-----K-----	247
SD_MM32H	-----T--L-----E-----A-----K-----	251
SD_MM239	-----T-----E-----F-----A-----K-----	251
SD_MM142	-----T-----E-----SP-----K-----	247
SD_MNE	-----A-----E--F-----	247
SD_SMMH4	---Y-E-----N-----D-K-V-----M-----I-----E-----I-----	210
SD_SMMH9	---Y-E-I-----N-----D-K-V-----M-----A-I-----E-----I-----	213
SD_SMMPBj14.441	I--Y-E-----N-----D-K-V-----M-----I-----I-----I-----	245
SD_SMMPBj14.15	I--Y-E-----N-----D-K-V-----M-----I-----I-----I-----	245
SD_SMMPBj6.6	I--Y-E-----N-----D-K-V-----M-----I-----I-----I-----	213
SD_SMMM7	0
SD_SMMLIB1	0
STM_STM	VVTAHIEGQPVEVLLDTGAdDSIVAGIElGLQYTPKvVGGIGGFINTKEfKNvNIeVLGKKIKGTIMTGDTPINIFGRNLLtAlGMSlNfPvAKVePvKvTLKPGKdGPKIKQWPLsKEKIEALKEICEKMEK	232
DRILL_SIVDRLDTGADDTVIQGIeLTGKWkPQVIgGIGGCIHVkQYFNCRiQIAGkVTHASVLVGTPVNIIGRNVLCKLGATLNfPvSKVePvKvTLKPGmDgPKIKQWPLsKEKIEALTEIMEEEGQ	118

CONSENSUS_A	EGQLEEAPPTNPYNTPTFAIKKKDKNKWRMLIDFRELNkVTQdFTEiQLGIPHPAGLAKKRITvLDvGDvDAYFSiPLdEdFRqYTAFTLPSvNNAEPgKRYiYKVLpQGwKGSPaIFQyTMRQvLEPFfRKANp	393
A_ROD	-----P-----H-----K-----	360
A_NIHZ	-----I-----E-----	359
A_ISY	-----V-----Y-----	359
A_ST	-----K-----I-----S-----	379
A_BEN	-----K--SI-----A--M-----	379
A_CAM2	-----R-----	359
A_D194	-----R-----K-----E--V-----FM--I-----	397
A_GH1	-----R-----K-----	379
A_UC2	-----R-----K-----Y--P-----V-----I-----	379
A_MDS	-----R-----	379
A_KR	-----E-----I-----T-----H-----	379
A_ALI	-----S-----H--I-----Q-----	356
A_FA2	0
A_5132P1	0
A_S52907	-----P-----H-----K-----	177
CONSENSUS_B	EGQLEEAPPTNPYNTPTFAIKKKDKNKWRMLIDFRELNkVTQdFTEvQLGIPHPAGLa?K?RITVLDvGDvDAYFSiPLdPnFRQYTAFTLPSvNNAEPgKRYiYKVLpQGwKGSPaIfQYsMrKVLDPFfRKANs	376
B_D205	-----X-----GRK-X--I-----QS-C-----	380
B_UC1	-----R-----E-R-----I-----	380
B_EHOA	-----S-----E-----S-K-----V--D-----A-----L-----T-A-----N-----	379
B_JA2	0
B_ONFT2	0
C_22POLB7	0
AE_PAR	EGQLERAPPTNPYNTPTFAIRKKDKSKWRMLIDFRELNkATQDFTEVQLGIPHPAGLKEMEQITVLDIGDAYFSVPLDPDFRQYTAFTLPSVNNQEPgKRYiYKVLpQGwKGSPAVFQETMRQvLEPFfRKANS	135
AB_7312A	EGQLEEASPTNPYNTPTFAIKKKDKNKWRMLIDFRELNkVTQEFTEVQLGIPHPAGWPEKRRITVLDvGDvDAYFSVPLDPDFRQYTAFTLPSINNAEPgKRYiYKVLpQGwKGSPaIFQYsMRKVLDPFfRRANN	135
D_F0784	EGQLEEAPPTNPYNTPTFAIKKKDKSKWRMLIDFRELNkVTQDFTEVQLGVPHPAGLAKRRRITVLDvGDvDAYFSiPLdKEFRQYTTFTLPSVNNREPGKRYiYKVLpQGwKGSPaIFQYTMRNILEPFfRKANS	190
CONSENSUS_SD	DGQLEEAPPTNPYNTPTFAIKkDkNKWRmLIDFRELNkVTQDFTEVQLGIPHPaGLAKRRRITVLDvGDvDAYFSiPLDEEFRQYTAFTLPSVNNAEpGKRYiYKVLpQGwKGSPaIFqyTmRnVLEPFfRKANP	373
SD_MM1A11	-----R-----I-----H-----	384
SD_MM251	-----R-----I-----H-----	380
SD_MM32H	-----R-----I-----H-----	384
SD_MM239	-----R-----I-----H-----	384
SD_MM142	-----R-----I-----H-----	380
SD_MNE	-----I-----H-----	380
SD_SMMH4	-----R-----	343
SD_SMMH9	-----XX-G-----X-----R-----PH-X-----	345
SD_SMMPBJ14.441	-----R-----H-----	378
SD_SMMPBJ14.15	-----R-----H-----	378
SD_SMMPBJ6.6	-----R-----H-----	346
SD_SMMM7	0
SD_SMMLIB1	0
STM_STM	DGQLEEAPPTNPYNTPTFAIKKKDKNKWRMLIDFRELNkVTQDFTEIQLGIPHPAGLAKRRRITVLDvGDvDAYFSiPLDEFRQYTAFTLPSVNNAEpGKRYiYKVLpQGwKGSPaIFQYTMRNILEPFfRRANP	365
DRILL_SIVDRL	ISRIGPENPYNTPVFCIKKKDGTkWRKLVDfRQLNKATQDFFEVQLGIPHPGGLQSCEQITVLDvGDvDAYFSCLDPDFRKYTAFTLPSVNNQGPgIRYQYNVLpQGwKGSPaIFQATADKILKPFfREKPNPDVI	254

HIV-2/SIV
Amino Acids

CONSENSUS_A	DvIliQYMDdILIASDRtGLHdKvVlQLkELLNgLGFStPdeKfQkDPPyqWmGyeLWPTkWKlQkiQLPQKevWTVNdiQklVgVlNwAAQiYpGIKtKhLcRLiRgKMTLTeeVQWTElAEAELEENriI	526
A_ROD	-----I-----R-----H-----I-----L-----	493
A_NIHZ	-----I-----R-----	492
A_ISY	-----IV-----K-----P-----K-----	492
A_ST	-----I-----R-----R-----RN-----	512
A_BEN	-----G-----R-----F-----C-----L-----DI-----S-----K-----K-----	512
A_CAM2	-----I-----N-----R-----	492
A_D194	-----G-----F-----I-----K-----K-----	530
A_GH1	-----G-----L-----L-----I-----K-----K-----	512
A_UC2	-----G-----E-----F-----T-----I-----	512
A_MDS	-----I-----R-----S-----R-----I-----V-----	512
A_KR	-----V-----RT-----K-----G-----H-----G-----K-----	512
A_ALI	-----K-----G-----H-----G-----	489
A_FA2	0
A_5132P1	0
A_S52907	-----I-----R-I-----H-----I-----L-----	310
CONSENSUS_B	DvIiIQYMDdILIASDRsDLEHdRvVvSvQLkELLNgMGFStPEEKfQkDPPkWMGyELWPKkWKlQkiQLPEKEvWTVNdiQklVgVlNwAAQLFPgIKtRHICKLIRgKMTLTeeVQWTElAEAEIQENKii	509
B_D205	-----R-----A-----	513
B_UC1	-----R-----	513
B_EHOA	-----T-----V-----N-----F-----	512
B_JA2	0
B_ONFT2	0
C_22POLB7	0
D_FO784	DvTLiQYMDdILIASDRtGLHdKvVlQLkELLNdlGfLTPeEKfQkDPPYhWmGyELWPTkWKlQkiELPQrEdWTVNdiQklVgVlNwAAQiYpGIKtKhLcRLiRgKkTLTeeVQWTEMAEAEYEENKii	323
AE_PAR	DvLLiQYMDdLLIGSNRSMTEHdRmVvVlKdMLNnlGfStPEEKfQrEPPlkWMGyELLYPKkWKlQkiELPEKERWTVNdiQklVgILNwAAQVYpGIKtKNLCKLIRgKMTLTeeVQWTElSEAEAEENKii	268
AB_7312A	DvTliQYMDdILVAsDRsDLEHdKvVvSvQLkELLNdlMGFStPEEKfQkDPPfQWmGyELWPKkWKlQkiQIPeREVWTVNdiQklVgVlNwAAQLFPgIKtRHICRLiRgKMTLTeeVQWTElAEAEQENKii	268
CONSENSUS_SD	DvTLvQYMDdILIASDRtGLHdRvVlQLkELLNgIGFStPEEKfQkDPPfQWmGyELWPTkWKlQkiELPQrETWTVNdiQklVgVlNwAAQiYpGIKtKhLcRLiRgKMTLTeeVQWTEMAEAEYEENKii	506
SD_MM1A11	-----N-----	517
SD_MM251	-----	513
SD_MM32H	-----	517
SD_MM239	-----S-----	517
SD_MM142	-----S-----	513
SD_MNE	-----V-----K-----	513
SD_SMMH4	-----I-----G-----	476
SD_SMMH9	-----I-----N-----	478
SD_SMMPBJ14.441	-----I-----	511
SD_SMMPBJ14.15	-----I-----S-----	511
SD_SMMPBJ6.6	-----I-----	479
SD_SMMM7	0
SD_SMMLIB1	0
STM_STM	DvTLiQYMDdILIASDRtGLHdRvVlQLkELLNnlGfStPEEKfQkDPPfQWmGyELWPTkWKlQkiELPQrDvWTVNdiQklVgVlNwAAQiYpGIKtKhLcRLiRgKkMALTeeVQWTEMAEAEYAENKii	498
DRILL_SIVDRL	IYQYMDdL	262

		Reverse Transcriptase \ /	Rnase H
CONSENSUS_A	LsQeQEgHYQEeKeLEATvqkQdnQwtYkIHQgekiLkVgK?yAKiKnTHTNgvrLLaQVVQKIGKEALVIWGRiPkFHLpVERetWEQWWDnYWQVTwiPdWDFvSTPPLVRLaFNLVgdPipGaETFYT		658
A_ROD	-----E-----E-----V-----I-----I-----		625
A_NIHZ	--K-----K-----V-----G-#-----#-----D-----E-V-----		623
A_ISY	-----V-----		624
A_ST	-----C-----G-----V-----D-----I-----V-K-L-----		644
A_BEN	-----Y-----I-S-GH-----E-----E-----T-----		644
A_CAM2	-----E-----H-----K-----V-----V-----E-----T-----		623
A_D194	-----S-----E-----I-S-A-----RV-----V-----D-----V-E-----T-----T-----		662
A_GH1	-----Y-----I-N-----E-----		644
A_UC2	-D-----I-S-----E-----I-----T-----E-----T-----T-----		644
A_MDS	-----C-----V-----T-----V-----I-----D-----E-----V-K-----		644
A_KR	-----E-----M-----H-----R-----D-----K-----E-----		644
A_ALI	-----E-----M-----H-----R-----D-----K-----L-----		621
A_FA2		0
A_5132P1		0
A_S52907	-----ED-----Y.-V-----I-----I-----		442
CONSENSUS_B	LEQEQEGSYyKEgVPLEATVQKNLANQWtYkIHQGNkiLkVgK. YAKVKNtHTNGVrLLAHVvQKIGKEALVIWGEiPvFHLpVERETWDQWWTdYWQVTWIPEWDFVSTPPLiRLAYNLVKDPLEgveTYTYT		641
B_D205	-----R-----V-----R-----V-----K-----		645
B_UC1	-----D-----M-----		645
B_EHOA		644
B_JA2		0
B_ONFT2		0
C_22POLB7		0
D_F0784	LSQEQEGCYyQESKPLEATVVKDQDNQWSYkIHQEDkILkVgKY. AKiKnTHTNGVrLLAHVvQKIGKEAiVWGRVpKSHLPIERdVWEQWWSdYWQVTWIPEWDFVSTPPLVRLVFNLVKEPLEKTETfYV		455
AE_PAR	LSQGEGRYYREENLEATVlKNQDNQWSYkIHQGDRIlKvGKF. PqIKnTHTNGVrLLASVvQK		332
AB_7312A	LGQEQEGSYyKEgVPLEATVQKNLANQWtYkIHQGNkVlKvGKY. AKVKNtHTNGVrLLAHVvQK.....		332
CONSENSUS_SD	LSQEQEGCYyQEGKPLeAtVIKsQDNQWSYkIHQEDkiLkVgK. FAKiKnTHTNGVrLLAHViQKIGKEAiVWgQVpKfHLpVE?dVWEQWWTdYWQVTWIPEwDFiSTPPLVRLVFNLVKdPIqGeETyYv		637
SD_MM1A11	-----N-----K-----N-----E-----T-----		649
SD_MM251	-----R-----E-----T-----		645
SD_MM32H	-----K-----K-----T-----		649
SD_MM239	-----K-----E-----T-----		649
SD_MM142	-----S-----K-----E-----		645
SD_MNE	-----N-----K-----K-----		645
SD_SMMH4	-----I-----N-----V-----V-----V-----L-----E-----REI-----D-----V-----E-----A-----F-----		608
SD_SMMH9	P--P-----P-----S-----V-----I-----R-----QEI-----D-----V-----E-----A-----F-----		610
SD_SMMPBj14.441	-----V-----R-----REI-----V-----E-----A-----F-----		643
SD_SMMPBj14.15	-----V-----R-----REI-----V-----E-----A-----F-----		643
SD_SMMPBj6.6	-----V-----R-----REI-----V-----E-----A-----F-----		611
SD_SMMM7-P-IRP-XCSR-----D-IEEIG-----		38
SD_SMMLIB1X-TWI-RMDF-----E-LXGVE-----		36
STM_STM	LSQEQEGQYYREDKPLEATVVKDQDNQWSYkIHQEDkILkVgK. FAKiKnTHTNGVrLLAHViQKIGKEAiVWgQIPKfHLpVEREVWEQWWDYwQVTWIPEWDFVSTPPLVRLVFNLVKEPLEGTETfYV		630

Rnase H \ / Integrase

HIV-2/SIV
Amino Acids

CONSENSUS_A	DGScNRqSkEGKAGYvTDrGrDkVkvLEqTtNQQAELaFamaltDSGPKvNIiVDSQYvMGIvagQPtESESriVNqIIeEMIKKEaiYVAWvPAHKIGGNQEvDHLVSQGIRQVLFLEKIEPAQEEHeKY	791
A_ROD	-----K--K-----S-S-----K-----	758
A_NIHZ	-----I--R-----A-----N-----	756
A_ISY	-----I--K--RI-----V--V-----T--A-----K-----I-----R-----G--	757
A_ST	-----K--R-----I-----RL-----V--A-----A-----T-----K-----K-----	777
A_BEN	-----K-----K-----V-R--A-----N-----N-----V-----	777
A_CAM2	-----I-----A-----A-----N-----	756
A_D194	-----R-R-----S-----A-----N-----D--V-----	795
A_GH1	-----R-----R--R-----T-----V-----D--V-----R-----	777
A_UC2	-----R-----R-----A-----S-----D--V--I-----	777
A_MDS	-----K-----A-----A-----V-----N-----	777
A_KR	-----I-----RI-----A-----KL-----TL-----	777
A_ALI	--P-----I-----L-V--A-----N-----	754
A_FA2X--V--N-----D-----R-----	74
A_5132P1X-----K-----D-----V-----I-----N-----	74
A_S52907	-----K--K-----S-----K-----	560
CONSENSUS_B	DGSCNraSKEGKAGYVTRGKDKVKvLEqTTNQQAELaFALALqDSgPQVNIiVDSQYvMGIiAgQPtETESPIVnkIIeEMIKKEaiYVGWVPAHKGLGNQEvDHLVSQGIRQVLFLEKIEPAQEEHeKY	774
B_D205	-----T-----T--E-----A-----A-----V-----	778
B_UC1	-----V-----L--Q-----R-----	778
B_EHOA	-----K-----P-----V-A-----RE-----K-----I-----	777
B_JA2X-----	74
B_ONFT2X-----	74
C_22POLB7XLGIiAGQPtETESPLVNRiIEELIRKEAVYiSWVPAHKGLGNQEvDHLVSQGIRQVLFLEKIEPAQEEHERF	74
D_FO784	DGSCHRQSkEGKAGYVTRDRKTKALQTTNQQAELaFLLALQDSGPKANIiVDSQY??GIVAGQPtESESklvNqIIEEMIKKEaiYIAWVPAHK?IGGNQEvDHLVSQGIRQVLFLEKIEPAQEDHEKY	585
AB_7312AXMGIVAGQPtETESPIVnkIIeEMIKKEaiYVGWVPAHKGLGNQEvDHLVSQGIRQVLFLEKIEPAQEEHeKY	406
CONSENSUS_SD	DgScnkQSkEGKAGYiTDRGkdKvKvLEqTTNQQAELaFmLaDSGPKANIiVDSQYvMGIitGcPTESESRLVNqIIEeMIKKEaiYVAWVPAHKgIGgNQEvDHLVSQgIRQVLFLeKIEPAQEEH?KY	769
SD_MM1A11	-----T-----T-----K--S-----D-----	782
SD_MM251	-----T-----T-----S-----I-----D-----	778
SD_MM32H	-----T-----S-----I-----D-----	782
SD_MM239	-----T-----S-----I-----D-----	782
SD_MM142	-----S-----T-----I-----S-----	778
SD_MNE	-----T-----I-----D-----	778
SD_SMMH4	-----R--R-----V--R--A-L-----YL-----A-Q-----A-----K-----E-----	741
SD_SMMH9	-R--R--R-----V--RG-T-L-----YL-----VA-Q-----K--A-----X--E-----E-----E-----	743
SD_SMPBJ14.441	-----R--R-----V--R--A-L-----YL-----VA-Q-----A-----E-----E-----	776
SD_SMPBJ14.15	-----R--R-----V--R--A-L-----SL-----VA-Q-----A-----E-----E-----	776
SD_SMPBJ6.6	-----R--R-----V--R--A-L-----YL-----VA-Q-----A-----E-----E-----	744
SD_SMM7	----KQ--E-----R-S-I-F-----R-----VT--A-----TR-----SKI-----V--T-----L-R--I-----R-----	170
SD_SMMLIB1	----RE--V-----G-D-V-A-----K-----MQ--P-----AG-----NNL-----I--A-----I-G--V-----G-----	169
STM_STM	DGSCNRqSkEGKAGYiTDRGKNKvKALEqTTNQQAELaFAMALADSGPKANIiVDSQYvMGIITGQPtESESklvNqIIEEMIKKEaiYVAWVPAHKIGGNQEvDHLVSQGIRQVLFLEKIEPAQEEHeKY	763

CONSENSUS_A	HsnvKELsHKFGipqLVARQIVNtCaqcQQKGEaIHGQVnAeLgtWQMDcTHLeGKIiIVAVHVASGFIEAeVIPQesgRQTALFLLKLASRWPITHLHTDnGaNFTSQEVKMAVWwGIEQsFGVYPNPQSQ	924
A_ROD	-----N-----S-----	891
A_NIHZ	---I---K-----HV-----V-----	889
A_ISY	-----A---L-N-----V-----	890
A_ST	-----L-K-----T-----	910
A_BEN	--I-I--T---L-----S-----I-V---Y-----P-----V-----	910
A_CAM2	-T---C--D-----Y-----V-----	889
A_D194	--I--T-----I-V-----P-----V---T-----	928
A_GH1	--M--T-----I-V-----S-----	910
A_UC2	--I--I-----I-V-----P-----V-----	910
A_MDS	-----L-----D-----V-----T-----	910
A_KR	-----L-K-----D-----T-----	910
A_ALI	-----L-N-----V--I-----S-V-----V-----	887
A_FA2	--I--T-----I-V-----K--K-E-----S-----T-----	207
A_5132P1	--I--T--A-----TK-----V-----G-----S-----	207
CONSENSUS_B	HgNVKELVHKFGipqLVAKQIVNSCDKcQQKGEaVHGQVNAeLGTWQMDcTHLEGKVIiIVAVHVASGFIEAeVIPQETGRQTALFLLKLASRWPITHLhTDNGANFTSQdVKMvAWWwGIEqTFGVYPNPqSQ	907
B_D205	-----I---D-----I-----PS-----	911
B_UC1	-----L-----A--I-----	911
B_EHOA	-N-----R-----I---S-----A--I-----E--	910
B_JA2	-----HS-----T-----R-----	207
B_ONFT2	-----T-----R-----	207
C_22POLB7	HSNAKELTHKFGIPNLVAKQIVNTCHVCQQKGEaIHGQVNAELGTWQMDcTHLEGKVIiIVAVHVASGFIEAeVIPQETGRQTALFLLKLAARWPI THLHTDNGANFTSQEVKMAVWwVGEHTFGVYPNPQSQ	207
D_FO784	HSNIKELVFKFGLPKLVARQIIDTCDKCHRKGEaIHGQVNAELGTWQMDcTHLEGKV?IVAVHVASGFI?AEVIPQETGRQTALFLLKLASRWPITHLHTDNGANFTSQEVKMAVWwVGEIQTFGVYPNPQSQ	716
AB_7312A	HGNVKELVHKFGIPQLVAKQIVNSCDKcQQKGEaVHGQVNAELGTWQMDcTHLEGKVIiIVAVHVASGFIEAeVIPQETGRQTALFLLKLASRWPITHLHTDNGANFTSQdVKMvAWWwGIEqTFGVYPNPqSQ	539
CONSENSUS_SD	HSNvKeLVFKFgLPRLVAKQIVDTCDKChqKGEaIHGQVnsdLGTWQMDcTHLEGKIiIVAVHVASGFIEAeVIPqETGRQTALFLLKLAsRWPi THLHTDNGANFaSQEVKMAVWwAgIEhTFGVYPNPQSQ	902
SD_MM1A11	-----I--R-----G-----	915
SD_MM251	-----I--R-----V-----G-----	911
SD_MM32H	-----I--R-----G--V-----	915
SD_MM239	-----I--R-----A-----G-----	915
SD_MM142	---I-----V-----	911
SD_MNE	-----	911
SD_SMMH4	-----AE-----G-----T-----Q-----	874
SD_SMMH9	---K---X-----L--G---G-----G-----E---T-----V--Q--X-----	875
SD_SMMPBj14.441	-----AE-----T-----Q-----	909
SD_SMMPBj14.15	-----AE-----T-----Q-----	909
SD_SMMPBj6.6	-----AE-----T-----Q-----	877
SD_SMMM7	--V---FR-----Q---R--T--RI--I---VV-----A-----A-----D--H--K-----	302
SD_SMMLIB1	---I---YG-----H---G--A--GT--M---II-----V-----T-----N--Q--G-----	302
STM_STM	HSNVKELVFKFGIPRLVAKQIVDTCDKChqKGEaIHGQVNAELGTWQMDcTHLEGKIiIVAVHVASGFIEAeVIPQETGRQTALFLLKLASRWPVTHLHTDNGANFTSQEVKMAVWwVGEIQTFGVYPNPQSQ	896

HIV-2/SIV
Amino Acids

CONSENSUS_A	GVVEAMNHHLLKNQIsrIREQANT?ETIVLmAvHcMNFKRRGGIGDMTPaERlinMitteQEIQFLqaKNsklknFrVYfREGRDQLWkGPGELLWKGdGAViVKVGTdIKVvPRRKAKIIrDYGgRqelDSgs	1056
A_ROD	-----I-----I-----S-----D-----E--L-----II-----M-----	1024
A_NIHZ	-----D-----V-----I-----K-----M-----	1022
A_ISY	-----E-----M-----V-V-----N-Q-----I-----P-M-----	1023
A_ST	-----V-----V-A-----Q-----A-II-----K-----M-----	1043
A_BEN	-----I-----R--NF--Q--Y-----E-----II-----SP	1043
A_CAM2	-----V-----S-----I-----S	1022
A_D194	-----I-----R--NF-K-Q--Y-----A-----S	1061
A_GH1	-----I-----R--NF--Q--Y-----A-----I-----	1042
A_UC2	-----V-----R--NF-K-Q--Y-----E-----A-----SP	1043
A_MDS	-----D-----V-----S-----I-----DM--P	1043
A_KR	-----M-----H-----I-----R-V--S	1043
A_ALI	-----V-----S-----T--L-F--P--Y-----I-----P	1020
A_FA2	-----I-----X	237
A_5132P1	-----K-----I-----X	237
CONSENSUS_B	GVVEAMNHHLLKNQIDRiRDQAVSiETVVLmAthcMNFKRRGGIGDMTPaERlVnMitteQEIQFfQaKNLKFQNFqVYYREGRDQLWkGPGeLLWKGEGAViIKVGTiEKViPRRKAKIIRhYGGGKeLDCsa	1040
B_D205	-----L-----V-----G-----	1044
B_UC1	-----A-----I-----L-T-----R-----D-----L-----N-----GT	1044
B_EHOA	-----X	1043
B_JA2	-----L-----X	237
B_ONFT2	-----L-----X	237
C_22POLB7	GVVEAMNHHLLKNQIDRiREQANTMETIVLX	237
D_F0784	GVVEAMNHHLLKNQIDKIRDQANSVETIVLX	746
AB_7312A	GVVEAMNHHLLKNQIDRiRDQAVSiETVVLX	569
CONSENSUS_SD	gvVEAMNHHLLKnQIDRiREQANS?etIVLMAVhcmNFKRRGGiGDMTPaERL?NMITTEQEIQFQQSKNSKFKNFRVYYREGRDQLWkGPGeLLWKGEGAViLkVGTdIKVvPRRKAKIiKDYGGGKeLDSsS	1033
SD_MM1A11	-----V-----S-----T-----I-----M-----	1048
SD_MM251	-----V-----I-----V-----	1044
SD_MM32H	-----V-----I-----V-----	1048
SD_MM239	-----V-----I-----V-----	1048
SD_MM142	-----V-----I-----V-----M-----	1044
SD_MNE	-----M-----L-----V-----V-----	1044
SD_SMMH4	-----T-----I-----I-----I-----V-----E-----G	1007
SD_SMMH9	X-----T-----I-----I-----I-----V-----E-----G	1008
SD_SMPBJ14.441	-----T-----I-----V-----E-----G	1042
SD_SMPBJ14.15	-----T-----IVS-----V-----E-----G	1042
SD_SMPBJ6.6	-----T-----IVS-----V-----E-----G	1010
SD_SMM7	R-----N--ER--E--V-----V-----I-----F-----W-----	402
SD_SMLIB1	G-----T--DK--D--I-----T-----V-----Y-----X	397
STM_STM	GVVEAMNHHLLKTQIDRiRDQANTVETVVLMAVHcMNFKRRGGLGDMTPaERlVnMitteQEIQFQQSKNSKFKNFRVYYREGRDQLWkGPGeLLWKGEGAViIKVGTdIKVvPRRKAKIiKDYGGGKeVDSGS	1029

	Integrase \	
CONSENSUS_A	hLEGaRE?dgEvACPCQVPEIQNKRP	1155
A_ROD	-----M-	1036
A_NIHZ	-----M-	1034
A_ISY	-----M-	1035
A_ST	N-----	1055
A_BEN	-----M-----	1142
A_CAM2	-----N-----	1034
A_D194	-----	1073
A_GH1	-----E-----	1055
A_UC2	-----	1055
A_MDS	-----T-----	1055
A_KR	-----T-----	1055
A_ALI	-----X	1029
CONSENSUS_B	DmEDTrQ.AREmAQs?QVPEA	1059
B_D205	-----D	1059
B_UC1	-----G-----	1064
B_EHOA	-V--M-.-V--N	1058
CONSENSUS_SD	HmEDTGE.AREVA	1045
SD_MM1A11	-----	1060
SD_MM251	-----	1056
SD_MM32H	-----	1060
SD_MM239	-----	1060
SD_MM142	-----	1056
SD_MNE	-----	1056
SD_SMMH4	-L-----	1019
SD_SMMH9	-L-----	1020
SD_SMMPBj14.441	-L-----	1054
SD_SMMPBj14.15	-L-----	1054
SD_SMMPBj6.6	-L-----	1022
STM_STM	HLEDTRE.AGEVA	1041