

```

                                <- env cds
                                LTR ->
CONSENSUS_A  MGASGSKKrSrpsqgLrERLLrargg?cggqg?asgGeysqsqgegSgreQkspSCEGg?YqQGdfmNtPWrtPAaegekelYkQQNMDDvDsdddlvgv?pvtp.rvplRaMTyKlAvDmShfikekgGLEGmfY 131
A-ROD        -----H--PR--Q-----A-A--Y-NE-----RF---D-----RQ-----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-----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-----L--- 134
A_ST        -----E--R-----QTP-EAS--H-DKL--L-----G---RR-----A---GS-----E--R--R--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---L-----Q--- 134
A_CAM2      -----L--Q-----A-T--ECYN-LE--SLR---D--N-L---R-----A---K-NA-R-----I-----T-----L--- 134
A_DI94      -----EH-----GYVK-RN---S-----Q---E-----I-Q-NS-----M-----E---I-----I--- 134
A_GH1       -----H-KH--R-----H--GYVQ-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-----L--- 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---Q-R--Y-----M-Q-S-----N-Q---S-S---P----- 134

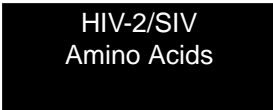
CONSENSUS_B  MGASGSKKqSkqQ?GLRErLLR??e?PyG?lSgerreqSrsrPGgSDKdLNSPSCeGqna?gAE.....GGGqQD?DesD.EDnE.VGv?yVRP??vPLRpMTyKlAvDMSHFikekGgLEGiyY 108
B_UC1       -----R-----TQ-E--K--EGQ-K-----R-PR-----T-D-----NR--S--M-I----- 116
B_EHOA      -----P-----ARRG-R-ES---Q-R-LQY---G---D--KTL-----K-S-D---R---G---F-----L--E---F-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

D_FO784     .....XEKGGLEGIYY 11

CONSENSUS_SD MGgaisk?rsk?ggdLrqrLLrARGetYgrL?evEdgysQSlggldKglsslScEgQkYnqqqyMNTPW rNPAeereKLaYRkQNmDDvDeeddlvGv.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_MM25     ....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-----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----- 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     MGASGSKKQRKHGELRERLLRARGETYGKLEGLGEGSGPSQASDKGLNSHSCPEQRYNegQMNTPWKNPAEASAKLEYRQQNMDDVDEEDDLVGV.AVHP.rVPLREMTYKlAIDLShFIKSKGGLEGIYY 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-----L-----H--M-----K--S--L--K--E--TR-----D-----	260
A_D194	-RE-----LF-----T--Y-----IS--A--EV-----N-----Y--E-----H-----Y--E	257
A_GH1	-RD-----L-----C-----S--A--D-----NY--T-----H--E-----L-----T--D-----H-----Y--	256
A_MDS	-----T--KC-----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-----I-----NMS--A--D-----N--M-----Y--I-----NS-----T-----K--NRN	261
A_UC2	-RD-----L-----V-----C-----NMS--A--D-----N--M-----Y--I-----NS-----T-----Y--E	257
CONSENSUS_B	SERRHrILDTYLENEEGIVSGWQNYThGPGiRYpk?FGWLWKLVPv?paer?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	NHRRHRILDYIQNEEGIIPDWQNYTSGPGERLPMMYGWLWKLVPVDPVDEAQQDE...RHCLVHPAQTYQ.DDP.EEVLV.KFDPRLAYNYEAFIKYPEEFGSKSGLPEDEVRRRLTARGLYKTADKKETG	137
CONSENSUS_SD	saRrHrIld?ylEkeeGIIPDWq?YtsGPgiRYpktfGWLWKLVPVnVsDEAQEdE...thylmhpaQTsqWDPWGEVlAWKFDPTLAYtyeAyvryPEEFGSkSGLseeEVrRRltARGLlkMADkkeTs	257
SD_MM251	-----M-----D-----R-----Q-----K-----A-----X-----	248
SD_MMP11	-----M-----D-----R-----R-----Q-----K-----N-----R-----R--R--	260
SD_MM32H	-----M-----D-----R-----R-----Q-----K-----P-----N-----R--R--	263
SD_MM1A11	-----I-----D-----E-----P-----N-----R--R--	263
SD_MM239	-----I-----D-----E-----N-----R--R--	262
SD_MM142	-----I-----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_MMW25	-----E--I-----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--	261
SD_SMPBJ14.15	-D--K--L-----N--A--MF-----K--N--K--F--EH-----Q--K--Q-----K--	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-----MHY-----D-----C--V--Y-----E--S--K--FIK-----K-----X-----	263
SD_SM62A	NE-----M--M-----N-----T--MY-----D-----C--V--H-----E--S--K--FIK-----K-----Y-----R--R--	263
SD_SMB670	DN--E--I-----PN--P--E--MF-----D--N-----C--V--Q-----E--A--V--Q--R--FIK-----K-----S-----	263
STM_STM	SERRHRILDMYLEKEEGIVPDWQNYTAGPGIRYPKQFGWLWKLVPVDMSENAQEDD...GTHYLvHPAQTHQWDDPWGEVlWKFDPDLAHTYEAfVRHPEEFGSKSGLPKEEVRRRLTARGLLKMDKKETS	264