

HIV-2/SIV
Amino Acids

	<- VPR cds	REV cds ->	exon \ / exon	
CONSENSUS_A	MetplKaPesSLesyNEPsscTSeqdva?QelakqGeeiLsQLyrPL	EaC?NsCyCK?CcyhCQlCFlkKGLGIwYeRkgrRRRtPkkkK?hssasD?KSIStrTgnSqpekkQkkTlettvetdcglGr?????...		126
A_ALI	-----E-G---MP-----V-----T-N-T---E-----N-----D-----S---I-A-----K-----R-----E-----LG---P---SHIYIS.....			136
A_ROD	-----K-C---F-R-----T---R-----T-N-----R-----M---N-----C-----D-----T-----V-A-----T-P-----			130
A_NIHZ	-----C---R-----T---R-----T---K---D---Q---D-----S---A-P-----R-----A---L-----			130
A_ISY	-----G---R-----T---N-----T-N-K-F-G-F-----N-----C-D-----S---A---P-----T-----G---L-A-P-----			130
A_ST	-----G---G-----A-A-G-VSP-D---Y---Q---D-K---K---M---N-----A-----AL---IG-P---			130
A_BEN	-----KP-----R---TA-----L-A-H---P-T-K---R-SF-----S-----R-----TP-P-P-P-----D---T-E---S-A-V-T---Q-----			130
A_CAM2	-----E---G-C---R---G---ATT---L-----Q---E-D---R-----C-D-----A-A-----R-----A-----P-----			130
A_D194	-----E-----R---TA---R-----L-A-H---T---Q-S-----A-Q-----R---T-PPP-----D---T---P---VSA---H-----			130
A_GH1	-----H-----G-TA---L-H---T---Q-SF-----A-S-----R---T-----D---T-E---T---MV-T-S-----			130
A_MDS	-----I---N-----H---T---R-----N-N---R---I---N-----A-T-P-----T-----A---L-P-----			130
A_KR	-----S-----M-C-----K-S-----RL---Q---N-P---K-----C-----A-A-----T---T---P---AL---AR---Q-----			130
A_UC2	-----K-----P---WE-A-----L-A-H---T-P---K-SF-----V---G-----R---T-PP-TP-----IQ---D-R-T---E-P---P-A-TS-----			130
CONSENSUS_B	MEIPLqEQESSLkSSsepSSSTSEpVvNTQGLDNqGEEILSQLYRPLkACdNtCYCKKcCYHCQfCFllKGLGIcYedrS..RkRSsKRAKtTasSAPd??SLSArTGDSQPTKKQKkeVETtg?TDlGPGR??????????			126
B_UC1	-----S-----E---K-----W-H-----V---S---E---N-----TK---K-L-----			128
B_D205	-----N-----R---A-----P---K-----T---P-----			128
B_EHOA	-----K-----N---GH-----G-A-----R-----S-----S-----E---.---T---NNR-----RA-----SNTSTRFAN			139
CONSENSUS_SD	METPLrEQEnSLeSsne?SScisEada?tpEsAnL?eEILsQLyRplEaCYNtCYCKkCCYHCQfCFllKGLGIcYeqsr?RRRTPKKaKANTssASn?k?isnRtRhcQPkk?kKEtVEkaVAtapGLGR.....			124
SD_MM251	-----R---L---T---G-----K-----L-P-----E-A-----			130
SD_MMP11	-----R---L---T---G-----K-----L-P-----E-A-----			130
SD_MM32H	-----R---L---T---G-----K-----NRP-----E-A-----			131
SD_MM1A11	-----SGH---T---A-S---L---G-----K-----NRP-----E-A-----			131
SD_MM239	-----R---S---G-----K-----P-----E-A-----			130
SD_MM142	-----R---Y---A-AI---G-----S---K-HR-----EP-P-I-L---A---A-----			130
SD_MNE	-----K---GR---T---A-P-L---E-----E---R-----P-D---EQ---A-----			130
SD_SMMPBj14.441	-----K---S---R-H-S---V-D---S-E-----K---R---H---Q---T---D---SL-R-A-N---E---AE---DL-----			128
SD_SMMPBj14.15	-----K---S---R-H-S---V-D---S-E-----K---R---H---Q---T---D---SL-R-A-N---E---AE---DL-----			128
SD_SMMH9	-----K---S---R-H-S---V-D---S-EA-----RV---KL---H---E---Q---T---F---D---SL-Q-A-N---E---XE---DL---X-----			127
SD_SMMH4	-----K---CR-H-S---V-VP-----E---L-A-F---K---R---H---H---.---T---PFP---SL-T-A-NR---E---TE---ADL-----			128
SD_SM62A	-----K---CR-H-S---V-VP-----E---Y---F---K---R---H---H---.---T---PLP---SL-T-A-NR---E---K---TE---ADL-----			128
STM_STM	METPLKEQESSLRSSSEPSSCTSEAVAATPGLANQEEIILWQLYRPLEECCNKCFCKCCYHCQlCFVTKGLGITYERS..RRRVKKKAKTYPISASNNRSLSTRARNSQPKKEQKKEVETEVESTPGLGK.....			129