

HIV-2/SIV
Amino Acids

```

<- pol cds
CONSENSUS_A MeegkrWivVptWRVpGR?MEkWhsLvKyLkYrTkDLE?VcYVPHHKVGAWWTCsRVIFPLkgnShLEIQAYWNLTPeKGWLSsYsVRiTWYtEkFWDVTPDcAdsLIHsTYFsCFtAGEvRRAIRGEKLLSCCn 135
A_ROD -D-----K-----K-----V-----P----- 136
A_NIHZ -R-----I-----R-----K-----E-----H-----T-----K----- 136
A_ISY -DQ---A---I---Q---R---M---S---G---T---S--- 136
A_ST -A-----R---I---G---K---E---L-----S--- 136
A_BEN ---DRN---A---A---E---R---O---K---HA---L---I--- 136
A_CAM2 -S---A---K---G---Q---R---D---R---A---M---T---K--- 136
A_D194 -N-----R---H---E---R---E---E---H---L----- 136
A_GH1 -N---R---R---R---E---R---E---E---H---R---Y---I--- 136
A_JAU1 -D-----R---R---Q-----EG-----A-----G----- 136
A_KR E-----H---G---Q---A---R----- 136
A_MDS -T-----K---E---R---A---L-----T---A----- 136
A_ALI -S-----K---K---Q---R---A---L-----G----- 136
A_UC2 -S-----R---R---G---R---E---H---L-----I---C---A----- 136

```

```

CONSENSUS_B MEeEKwIvVPTWRIPgr. LErWHSLiKYLKyRtkeLQQVSYVPHHKVGAWWTCsRVIFPLkegA?LEVQGYWNLTPeRGLSSYAVRLTWYeRsFYTDVTPDVADqLLHGSYFScFtANEVRRAIRGEKILSyCN 135
B_UC1 -G-----K---V---H---E---Y-----K----- 136
B_D205 -D-----G-----I---NK---W-----N-----S----- 136
B_EHOA -A---C---D-----D---H-----R-----S-----H--- 136

```

```

CONSENSUS_SD MEEeKrWiVPTWRIPeR. LErWHSLIKYLKyTKDLQk?CYVPHhKVGAWWTCsRVIFPLqegshLEVQGYWNLTPeKGWLSYAVRiTWYSrnFWTDvTPdyADiLLHsTYFPcFtaGEVRRaIRGEqLLSCCk 134
SD_MM251 -A-----V---F-----H---R----- 136
SD_MM1A11 -A-----V---F-----H---R-----V---K---N-----R----- 136
SD_MM32H -G---A---V---Y-----H---R-----V----- 136
SD_MM316S -A-----V---F-----R-----K---N-----R----- 136
SD_MM239 -A-----V---F-----H---R-----K---N-----R----- 136
SD_MM142 -V-----A---F-----R-----KD---E-----R---R----- 136
SD_MNE -A-----V-----K---Q---R---H---C-----R----- 136
SD_SMMH4 -N---V-----H---N---MA-----RDET-----A---T-----SE---K---K--- 136
SD_SMMH9 -N---V---G---K---H---N---A-----RDEA-----X---A---T---G---SE---K---K--- 136
SD_SMPBJ14.441 -N---V---G---K---H---N---A-----KDEA-----T---G---SE---K---K--- 136
SD_SMPBJ14.15 -N---V---G---K---H---N---A-----KDEA-----T---G---SE---K---K--- 136
SD_SMPBJ6.6 -N---V---G---K---H---N---A-----KDEA-----T---G---SE---K---K--- 136

```

```

STM_STM MEEeKRWIVPTWRIPGR. LERWHSLIKHLKYNTKELSKACYVPHHKVGAWWTCsRVIFPLQGEAHLEVQGYWNLTPeKGWLSYAVRITWYTRNFWSVDVTPDCADQLLHGTYFPcFtAGEVRRAIRGEKLLSCCR 136

```

```

vpx cds ->
CONSENSUS_A YPqAHksqVPSLQfLALVvVQNd. rpQr?sttRKqWRrdyrrGlRvArqDsrrshkQrgseppaprayFPgVakVLeILA 213
A_ROD -R--RA-----D-----R-----L-K-----S--T--T---E----- 215
A_NIHZ -R--R-----S-GN-A---R-G---M---GY---S-PT--H---L-E----- 215
A_ISY -K-----K---DN-----N---L---G-----QG----- 215
A_ST -Y-----G---DN-----N---G----- 215
A_BEN -A---Y-----KG-A---HW-----E-H---L---G---S---H----- 215
A_CAM2 -R--R-----DR-----L---Y---S---G----- 215
A_D194 -A---Y-----G---KGAA---HW-----Y---L---G---S---H---G--- 215
A_GH1 -V---Y-----KG-A---HW-----Y---L---S---H----- 215
A_JAU1 -K-----KY-----W---GG---K-----D--- 215
A_KR -R-K-L-----G---KN---R--SN-W--F-L--K-G-G-----SG----- 215
A_MDS -G---T-----D---R---A---L-----G-S----- 215
A_ALI -A-----Y-----G.K---N-----GL---G-S---G-H----- 215
A_UC2 -A-----Y-----KGPA---HW-----Y--LE--GK---H----- 215

```

```

CONSENSUS_B YPSAHeGQVPSLQFLALRvVQEGKdGSQGESaTRKQRRNsRRsIRlARkNnnraQQgSsQplAprTyFPGLAEVLGILA 215
B_UC1 I-----N-----H----- 216
B_D205 -T-----N-----G-F----- 216
B_EHOA -T-----T-----G-M--D--IRTS--S---QG----- 216

```

```

CONSENSUS_SD FPrAhK?QVPSLQYLALtVV. ShV. rSQgEnPTWKQWRRdnRrglRmAkQNsRgdKQrgskpptkGanFPGLAKvLGILA 211
SD_MM251 -RY-----K---D-----D----- 214
SD_MM1A11 -Y-----K---D-----G----- 214
SD_MM32H -RY-----R---Y-----S--S-----G----- 214
SD_MM316S -Y-----K---D-----G----- 214
SD_MM239 -Y-----K---D-----G----- 214
SD_MM142 -H-----R-----S--V-----G---E----- 214
SD_MNE -K---R---Y---R-----S-----VD----- 214
SD_SMMH4 -K---N-----D---N---K---RN---GS--S-AE----- 214
SD_SMMH9 -K---N-----X---X---NX--X-L--T--H-RN--GS-ESFAX-----Y----- 214
SD_SMPBJ14.441 -K---N-----N---L---R---RN---GS-ESFAE-T----- 214
SD_SMPBJ14.15 -K---N-----N---L---R---RN---GS-ESFAE-T-----V----- 214
SD_SMPBJ6.6 -K---N-----N---L---R---RN---GS-ESFAE-T----- 214

```

```

STM_STM FTKAHKNQVPSLQYLALKVV. EHV. RSQRENTARKQWRRGNRGSIRVATQNGRHKPRGSKPSTEGTDFPGLAKVLGILA 214

```