

CONSENSUS_VER	MGlgNSKpGhKkQslsWhALHkTrvTrYGLLADPLIG?SSt?QEecDK?LrkSLIRKrNgMTpeg.RrLQeGD?WdEWSd..?EdE...VGFPVrPRVPLRQmTYKLAVDFSHFLKEKGGldGIYYSdrR	120
VER_TYO	--SQ---A--YSK--Q---H---T--V---A---Q---E-E---T-E---D-E---	125
VER_3	-----A-----Q---L---A-KE-----K-----K-----E-----	125
VER_155	---S-----TI-R--A-H-----Q---L---G-----D-Q-----E-----I-----	125
VER_963	-----HV-----Q--K-----T-AV--Y-G-----D---E-----D---K-----E---	125
VER_2LX-	2
VER_691X-----E--	10
VER_TYOABX-----	10
CONSENSUS_GRI	MGSSNSKRQQGLLKLWRGLRGKPGADWLLSDPLIGQSSTVQEecGKALKKSW...GKGKMTDPG.RRLQEGDTFDEWDD..DEEE...VGFPVQPRVPLRQmTYKLAVDFSHFLKSKGGldGIYYSnrR	122
GRI_677	-----E---	122
GRI_3L	3
GRI_2L	3
GRI_TYOAAX-	2
CONSENSUS_TAN	MGGSNSKREQQGLLRLWRALRKAPVVRYGMLADPLIGQSSNIQEecDKNWNNGGS...TRRGKSTPE.GRKLAAADD..TWDDWEPEEEEE...VGFPVPRVPLRQmTYKLAVDFSHFLKEKGGl?GIYWSPKR	122
TAN_U04016X-----	9
TAN_TAN1	-----E-----	123
CONSENSUS_SAB	MGgKSSKQqQrSLWLWskLRqaPeIrYDMLADPLIGQSShIQEecAKSL?DGLI?QGDSSRTEeGik?k??GrQP.SWYD..?dEEe...VGFPVPRVPLR?MT?KLaiDF?????????egiy?sexR	107
SAB_1C	-----RH-----V-Q-----R--R-----V-M-HQ-----E-----CL--A-Y-----GHFLKEKGGl---Y--R-	126
SAB_U20811	-----E-----A--V--Q-----K--K-----V-L-HQ-----D--T-----Q--M--T--F--GV--SHFLKEKGGl---F--R-	126
SAB_U20813	---A---R-----E-Q-----E-K--K-----D--TMRHP-----D-----I--Q--F-----GHFLKEKGGl---F--R-	126
SAB_U21093X---F--R-	10
SAB_U26297	-----N--V-----I-----S--R-----W-GP-S---.EE-----S--K--A--Y-----1.....	107
SAB_U26298	-----I-----S--R-----W-GP-N---.DE-----E--Y-----1.....	107
SAB_U26299	-----H-----Q-----N-----R--S-K-----Y-GQ-----E-----T--F--V--1.....	107
SAB_1L15	2
SAB_1L14	2
SAB_2L16	2
SAB_2L17	2
SAB_3L18	2
SAB_3L19	2
SAB_4L10	2
SAB_4L4	2
SYK_SYK	MGSTSSKQQLRSEgKYaIGWRLFgKQYtPLPDELsrPLQPCRGGFDKAWRSTLTePIDPHGPDR..DWGHSGGQKFSPGDIVQDEGDTGLVGFVPCQTPLRtLTyKLaiDLSHFikNKGGLQGMNYCEKR	130
LHOEST_LHOEST	MGNafGRPAADGWwKTLRRFRAGSGRNaEGTEDSY.RALIEKTSNwAKRRDG.....DSDSEEE...VGFPVKPQRPLCSPTYKTLIDLSHFikEKGGLGGLYWSQR	99
SUN_SUN	MGNafGRPSEVgWVRTLFRLRAGSGTRAEPAGREYHRLRRQVEPELVSAENG.....GPNGIEQEE...VEFPVPRQPLCKPTYQLIDLSHFikEKGGLGGLWYSRTR	102

Other SIV
Amino Acids

CONSENSUS_VER	nkILNLYALNEWGIIDDWnAwwkGPGiRyPrCFGFCfkLVPVdlhEEAetCERHcLvHPA.Q??EDPDginHgEvLvWkFdPMLAvqydP.nreyftDmh?tv?k?k1	220
VER_TYO	-----F-K-----Q-----MG-----S-I-----I-----GL-.R-	229
VER_3	-Q-----E-----VR-----K-L---DLG.-R-	229
VER_155	-----A-----LH-----I-A-----S-----LYS--GTGN-	230
VER_963	-R-----T--V-----EM-----Y-A---IK-----S--T-----Q--E--AI-.R-	229
VER_2L	-----K-----KH-----VG-----T-----E--S--GTGN-	107
VER_691	E-----Q-YTP-----E--S--QG-----LQ-----W--T--R-N---CKAM.GV..N--A--.G.	111
VER_TYOAB	A-----Q-YTP-----K-----V-----MR---DPE-N---CKAS-.GV..N--.K-	110
CONSENSUS_GRI	EkiLNLYALNEWGIIDDWQ?YtpGPGIRYP?tFGFCFKLVPVdL?EEArNcERHClLHPA.QaG?dpD??HGevLVWkFDpKLaVe??P.wM..?kDMH??a.kr1	211
GRI_677	-----A-S-----RV-----H-----M-----M-E--GID-----YR-.D-.F---EH-	223
GRI_3L	--M-----K-----G-----L-----T-S--Q--D-----G-G-PSG--T-----FK-.H---GME.-K.	104
GRI_2L	-A-----G--R-----L-----X-S--A--Y-----GSE-PSG-----T--FK-.HR--EH-...	102
GRI_TYOAA	----I-----A-----R-----H-----I-----L-E--GID-----R---QYR-.E-.FT--GM-.-.	102
CONSENSUS_TAN	EQILNLYALNEWGIIDDWQAY?PGPGTRKPRCFGFCfELVPVDVsqEaQ.DERHCLLHPA.QIEWESDPW..KETLVWkFNPLlavQYNP.DS..FKDMHGLV.KRK.	220
TAN_U04016	-----X-----S-----	107
TAN_TAN1	-----S-----	222
CONSENSUS_SAB	KKILDLYALNEWGIVDGWQNYTDGPGtRyPK?FGwCfKLVPVdlseeA?nse?HCLLHPA.QiayEDDpW..KETLVWkFDp?LAVDYvA.WRL.hPEQVPsvs?.	202
SAB_1C	-----C-----K--N-----V--A-----L-----AQQ.	226
SAB_U20811	-----F--M--L-----M-D--HD-DT-----V-----M-----F---GL-G.	226
SAB_U20813	-----Q-----MTD--H-NDR-----S--Q-----R--M-----Y---GL-A.	226
SAB_U21093	-----M-----A--M--L-----M-D--HD-DT-----V-----M-----F---GL-G.	110
SAB_1L15	-----C-----K--N-----V--A-----L-----AQQ.	102
SAB_1L14	-----C-----K--N-----V--A-----L-----AQQ.	102
SAB_2L16	-M-----Q-----M--HDNDR-----W-----V-----V-----A.	102
SAB_2L17	-M-----Q-----M--HDNDR-----W-----V-----V-----A.	102
SAB_3L18	-----C-----M--K-R-D-----V-----SI--A-----T--D.	102
SAB_3L19	-----C-----M--K-R-D-----V-----SI--A-----T--D.	102
SAB_4L10	-----Q--F-----A--A-Q-D-H-----I-----A.	102
SAB_4L4	-----Q--F-----A--A-Q-D-H-----I-----A.	102
SYK_SYK	DEILHLYLQNEHGIIDRI.NYTSgPGTRYPLIFGWLWELVPNEIEGCLEyEEHTLLLHPA..SGQSSSM.GEPHVELQPPGYTPGWEMARLQLERQTGKQPQELQSALSKNIS.	240
LHOEST_LHOEST	QDILLYCENEWGLIGDFMNYTDGPGTRYPLTFGLWQLPEVACDEYKDPsDETQCLLHSSQLGVLEDPW..GERLIWHFNPLAVDFIALKKQPAKIQNTAFADFCKRK.	207
SUN_SUN	EEILDLYAENEWGITGWDYTKGPGVRYPKAFGLWLKLPVPTIDEDRDPNHPcQALLHSSQGVNEDPW..GERLIWTFDPTLayDFRAIQKHPEEFKHVTS..LQX	206

446

AGM NEF