

III

HIV-2/SIVsmm Complete Genomes

Introduction	319
HIV-2 phylogenetic tree	320
Table of sequences in HIV-2/SIVsmm complete genome alignments	321
Nucleotide alignment of HIV-2/SIVsmm complete genomes	322

Alignment of HIV-2 and SIVsmm Complete Genomes

This is a new section in the HIV Sequence Compendium. In previous years the HIV-2, SIVsmm and SIVmac sequences have been included in the section of all primate lentiviruses. There are now 25 HIV-2 and 21 SIVsmm, SIVmac and SIVstm complete genome sequences in the database. In the following alignment 43 sequences are included to display the known genetic variability from this lineage.

As with HIV-1/SIVcpz, this alignment was generated by an iterative process between automated alignment using HMMER and manual editing using MASE, BioEdit and Se-Al. As in previous years, the alignment presented is not suggested to be an "optimal alignment" with the absolute minimum number of gaps and mismatches. It is a compromise between optimal alignment, readability, and an attempt to keep insertions and deletions from altering the protein reading frame presentation. Most gaps have been introduced in multiples of 3 bases to maintain open reading frames when translated directly from the alignment.

The MAC239 sequence was chosen as master sequence in this set.

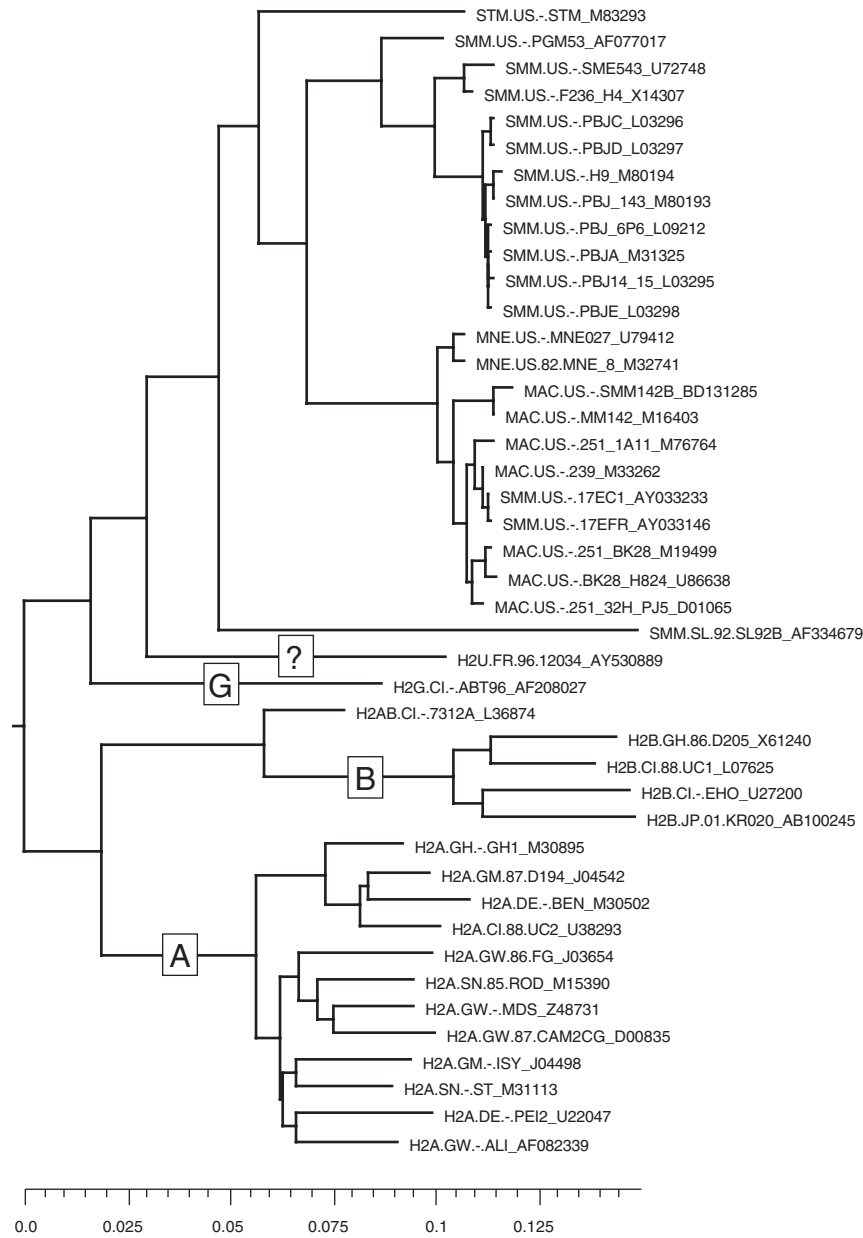


Figure 1. Phylogenetic tree of HIV-2, SIVsmm and SIVmac. The tree shows the relationships of the sequences in the following alignment. Based on partial env sequences at least groups A, B, and C of HIV-2 are divided by SIVsmm sequences. These divisions are not visible here because the corresponding isolates have not been sequenced in their entire genome. The groups represented in the section III alignment are indicated on the tree. The scale bar at the bottom shows genetic distance according to a F84 model with relative rates. The tree was constructed from a gapstripped version of the DNA alignment in this section of the compendium, leaving 4141 unambiguously aligned positions. A neighbor joining tree, calculated using DNADIST (F84 model) and NEIGHBOR in the PHYLIP package, was used as a guide to calculate relative site rates. The relative site rates were estimated using a generalized version of DNArates (Korber et al, Science 2000) with eight categories (0.227; 0.685; 1.437; 3.015; 6.328; 13.281; 27.874; and 52.241). Finally, these rates were given to fastDNAmI (version 1.2.2) and a maximum likelihood tree was inferred from the gapstripped alignment (transition/transversion ratio = 2). The tree space was searched by both Jumble and Global Rearrangements (G 3 3). The tree was midpoint rooted and visualized using TreeEdit (version 1.0) and Adobe Illustrator.

Table 1: Table of HIV-1/HIV-2/SIV Sequences Included in the Complete Genome Alignments

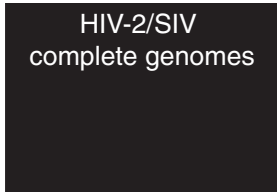
Name	Accession	Country	Author	Reference
H2AB.CI.-.7312A	L36874	Cote d'Ivoire	Gao, F	Unpublished
H2A.CI.88.UC2	U38293	Cote d'Ivoire	Barnett, SW	<i>Virology</i> 222 (1):257–61 (1996)
H2A.DE.-.BEN	M30502	Germany	Kirchhoff, F	<i>Virology</i> 177 (1):305–11 (1990)
H2A.DE.-.PEI2	U22047	Germany	Talbott, R	<i>PNAS</i> 90 (9):4226–30 (1993)
H2A.GH.-.GH1	M30895	Ghana	Hasegawa, A	<i>ARHR</i> 5 (6):593–604 (1989)
H2A.GM.87.D194	J04542	Gambia	Kuehnel, H	<i>PNAS</i> 86 (7):2383–7 (1989)
H2A.GM.-.ISY	J04498	Gambia	Franchini, G	<i>PNAS</i> 86 (7):2433–7 (1989)
H2A.GW.86.FG	J03654	Guinea-Bissau	Zagury, JF	<i>PNAS</i> 85 (16):5941–5 (1988)
H2A.GW.87.CAM2CG	D00835	Guinea-Bissau	Tristem, M	<i>J Gen Virol</i> 72 (Pt 3):721–4(1991)
H2A.GW.-.ALI	AF082339	Guinea-Bissau	Azevedo-Pereira, JM	Unpublished
H2A.GW.-.MDS	Z48731	Guinea-Bissau	Becker, M	Unpublished
H2A.SN.85.ROD	M15390	Senegal	Clavel, F	<i>Nature</i> 324 (6098):691–5 (1986)
H2A.SN.-.ST	M31113	Senegal	Kumar, P	<i>J Virol</i> 64 (2):890–901 (1990)
H2B.CI.88.UC1	L07625	Cote d'Ivoire	Barnett, SW	<i>J Virol</i> 67 (2):1006–14 (1993)
H2B.CI.-.EHO	U27200	Cote d'Ivoire	Rey-Cuille, MA	<i>Virology</i> 202 (1):471–6 (1994)
H2B.GH.86.D205	X61240	Ghana	Kreutz, R	<i>ARHR</i> 8 (9):1619–29 (1992)
H2B.JP.01.KR020	AB100245	Japan	Kusagawa, S	Unpublished
H2G.CI.-.ABT96	AF208027	Cote d'Ivoire	Brennan, CA	<i>ARHR</i> 13 (5):401–4 (1997)
H2U.FR.96.12034	AY530889	France	Damond, F	<i>ARHR</i> 20 (6):666–672 (2004)
MAC.US.-.239	M33262	USA	Kestler, H	<i>Science</i> 248 (4959):1109–12 (1990)
MAC.US.-.251_1A11	M76764	USA	Panelles, V	<i>ARHR</i> 7 (11):889–98 (1991)
MAC.US.-.251_32H_PJ5	D01065	USA	Rud, EW	<i>J Gen Virol</i> 75 (Pt 3):529–43 (1994)
MAC.US.-.251_BK28	M19499	USA	Franchini, G	<i>Nature</i> 328 (6130):539–43 (1987)
MAC.US.-.BK28_H824	U86638	USA	Edmonson, P	<i>J Virol</i> 72 (1):405–14 (1998)
MAC.US.-.MM142	M16403	USA	Chakrabarti, L	<i>Nature</i> 328 (6130):543–7 (1987)
MAC.US.-.SMM142B	BD131285	USA	Alizon, M	Patent: JP2002030099-A2 (Pasteur Ins)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	USA	Kimata, JT	<i>J Virol</i> 72 (1):245–56 (1998)
MNE.US.-.MNE027	U79412	USA	Kimata, JT	<i>J Virol</i> 72 (1):245–56 (1998)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z	<i>J Virol</i> 70 (6):3617–27 (1996)
SMM.US.-.17EC1	AY033233	USA	Anderson, MG	<i>Virology</i> 195 (2):616–26 (1993)
SMM.US.-.17EFR	AY033146	USA	Flaherty, MT	<i>J Virol</i> 71 (8):5790–8 (1997)
SMM.US.-.F236_H4	X14307	USA	Hirsch, VM	<i>Nature</i> 339 (6223):389–92 (1989)
SMM.US.-.H9	M80194	USA	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 66 (1):414–9 (1992)
SMM.US.-.PBJ14_15	L03295	USA	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276):636–40 (1990)
SMM.US.-.PBJ_143	M80193	USA	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 66 (1):414–9 (1992)
SMM.US.-.PBJ_6P6	L09212	USA	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> 67 (5):2466–74 (1993)
SMM.US.-.PBJA	M31325	USA	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276):636–40 (1990)
SMM.US.-.PBJC	L03296	USA	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276):636–40 (1990)
SMM.US.-.PBJD	L03297	USA	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276):636–40 (1990)
SMM.US.-.PBJE	L03298	USA	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276):636–40 (1990)
SMM.US.-.PGM53	AF077017	USA	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> 72 (11):8841–51 (1998)
SMM.US.-.SME543	U72748	USA	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 71 (2):1608–20 (1997)
STM.US.-.STM	M83293	USA	Novembre, FJ	<i>Virology</i> 186 (2):783–7 (1992)

HIV-2/SIV
complete genomes

	/5' LTR U3 region start	
MAC.US.-.239	TGGAAGGGATTTATTACAGTGAAGAAG.ACATAGAATCTTAGACATATACTTAGAAAAGGAAGGCATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCAGGACCAGGAATTAGATACCCAAGACATTTG	129
H2A.CI.88.UC2	-----G-T-----AGGGAT--.-----C-----T-G---C-----G---GG-A-----A---T--TCAT--G-----G-G--G-----T-TGC--C-	129
H2A.DE.-.BEN	--C-----G-T-----AGG--G--.-----C-----C-----A-G---G---A-----A---T--TCAT--G-----G-A--G-----T-TAC--C-	129
H2A.DE.-.PEI2	-----T-----G-----AG-----G-----A-G-----A-G---A---T-----A-C--T--TCAT--G-----G-A--G-----TTC-----	130
H2A.GH.-.GH1	0
H2A.GM.-.ISY	0
H2A.GM.87.D194	0
H2A.GW.-.ALI	-----G-T-----AG-----G---A---T-----A-C--T--TCAT--G-----A--G-----G-T-TTC-----	129
H2A.GW.-.MDS	0
H2A.GW.86.FG	0
H2A.GW.87.CAM2CG	-----C-G-T-----A-----C-G--T-----A-----G---A---TG-----A-C--T--TAGT--G-----G-A-----T-TTC-----	129
H2A.SN.-.ST	0
H2A.SN.85.ROD	0
H2AB.CI.-.7312A	-----T--T--A-----G---A---T-C--T--T-G--T--GAG--T--AG-TGGT-GA-----A-C--A-AT--G-----G-A-----ACAC-----	129
H2B.CI.-.EHO	-----TC--T--AG-----G---A---AC-----C-----TC--G--T--G-----TG--GT--T-GA-----A-C--ACAT--G-----G-A-----T--C--TTC-----	129
H2B.CI.88.UC1	-----C--T--AG-----AC-----C-----TC--G--T--G-----TG--T--T-GA-----AA-C--T--A-AT--G-----G--A--G--T--G--C-----	129
H2B.GH.86.D205	-----G--T--AG-----C---A-----C--T--T-G--T-----TG--GT--T-GC-----AA-C--T--TCAT--G-----G--A--GC--T--C--ATAC-----	129
H2B.JP.01.KR020	0
H2G.CI.-.ABT96	0
H2U.FR.96.12034	0
MAC.US.-.251_1A11	-----T-----	129
MAC.US.-.BK28_H824	0
MAC.US.-.MM142	0
MAC.US.-.251_BK28	-----G-----	129
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----G-----G-----	129
MAC.US.-.SMM142B	0
MNE.US.-.MNE027	0
MNE.US.82.MNE_8	0
SMM.US.-.PBJC	0
SMM.US.-.PBJD	0
SMM.US.-.PBJE	0
SMM.US.-.PBJ_143	0
SMM.SL.92.SL92B	0
SMM.US.-.H9	0
SMM.US.-.SME543	-----A--AG-A-----A---T--G--A-G-----A--A-----AA-----A-T--G-----C-----T--T-TAC-----	129
SMM.US.-.17EC1	129
SMM.US.-.17EFR	129
SMM.US.-.F236_H4	-----A--AG-----A---T--G--G-----A--A-----AA-----A--G-----T--T-CAC-A-----	129
SMM.US.-.PBJ14_15	0
SMM.US.-.PBJA	0
SMM.US.-.PGM53	-----AA-----A--G-----C-----T--T-TTC-----	55
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----AA-----A--G-----C-----T--T-TTC-----	55
STM.US.-.STM	-----AG-----	28



MAC.US..239	GCTGGCTATGGAAATTAGTCCCTGTAATGTATCAGATGAGGCACAG...GAGGATGAGGAGCATTATTTAATG.....CATCCAGCTCAAACCTTCCCAGTGGGAT.GACCCTTGGGGAGAGGTTTC	246
H2A.CI.88.UC2	-G-----G-----C-----A--A-----CA-G--C-A-----..GAG--T-----ACCA-C-GC-----..C-----A-----AAG-AGA-AT-----ATACAT--G--ACA-	246
H2A.DE..BEN	-G-----G-----GC-----AT-A--G-AC-C--C-A-----..GAG--A-----CCA-C-GC--G-A-----C-----A-----AAG-AGACAT-----TGAGCAT--G--ACAT	246
H2A.DE..PEI2	-G-----GC-----A--A--G-C--CC--C-A-GT.....-A-----C--C-GC--C-A-----C-----A-----AAG-GG--CT-----CAT--G--AACAT	238
H2A.GH..GH1	0
H2A.GM..ISY	0
H2A.GM.87.D194	0
H2A.GW..ALI	-G-----G-----GC-----A--A--G-----CC--C-A--A-GG..GAG--CAC---ACT--C-GCC-GC-A.....-C---TA---AAG-AG-CAT-----A-GCAT--G--ACAT	246
H2A.GW..MDS	0
H2A.GW.86.FG	0
H2A.GW.87.CAM2CG	-G-----GC-----A--A--G--ACC---C-A---G-G--GACACT--GACT--CAC-G-GACTCACTGCTTATTA--C---A---AAG-AG-CAT-----ATGCAT--G--ACA-	258
H2A.SN..ST	0
H2A.SN.85.ROD	0
H2AB.CI..7312A	-----G-----C-----G--A--GG-A--GG--CA-TAA-C-G-GAG--A--G--ACC---G-C-G-----C-----A--G--CG--GCA-----GAT--A-----C--	248
H2B.CI..EHO	-----GC-----G--AA--A-GAT--CA--AC--G-----C--G--AACC---G-C-GG-----C-----A--G--C--GCA-----CCAC-A--ACC-	246
H2B.CI.88.UC1	-G-----G-----GC-----G--A--G--A--C--G--A-AG--..GA-CG--AACCAG--G-C-GG-----C-----A--G--TC--TTCA-----ATCCAC--G--ACC-	246
H2B.GH.86.D205	-T-----G-----GC-G--A--A--G-G--GC--CA-C-A-C-GAGAG---G--AACC---GCC-----C--G--A--G--TC--TCA-----ATCCAT--G--AC-	249
H2B.JP.01.KR020	0
H2G.CI..ABT96	0
H2U.FR.96.12034	0
MAC.US..251_1A11	-----	246
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----	0
MAC.US..251_BK28	-----AG-----G-----A-----	246
MAC.US..251_32H_PJ5	-----C-----AG-----G-----A-----	246
MAC.US..SMM142B	-----	0
MNE.US..MNE027	-----	0
MNE.US.82.MNE_8	-----	0
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	-----	0
SMM.SL.92.SL92B	-----	0
SMM.US..H9	-----	0
SMM.US..SME543	-G-----C-----A--G--C-----A--C-----ACA---GCC-GG-----A--G--CAT-----C-----A-----	246
SMM.US..17EC1	-----	246
SMM.US..17EFR	-----	246
SMM.US..F236_H4	-G-----C-----A--G--C-----A--T-----A--C-----ACA---GCC-GG-----G--A--G--AT-----C-----A-----	246
SMM.US..PBJ14_15	-----	1
SMM.US..PBJA	-----	1
SMM.US..PGM53	-----G-----A--G--C-----A--T--A..-A--C-----ACA---C--G-----G--TA-----T--C-----	172
SMM.US..PBJ_6P6	-A-----C-----G--G--C-----A--T-----A--C-----ACA---C--G-----A--G--T-----T-----C-----A-----	172
STM.US..STM	-----	28



HIV-2/SIV
complete genomes

MAC.US..239	TAGCATGGAAGTTTGATCCAACCTCTGGCCTACACTTATGAGGCATATGTTAGATACCCAGAAGAGTTTGAAGCAAGTCAGGCCTGTCAGAGGAAGAGGTTAGAAGAAGGCTAACC	376
H2A.CI.88.UC2	---TG---CG---A-CT-C-TG-----TGAG--CA---C-TCAC-CT-----A-----GCA-----AT-C---A---TGG-AGGC--AA-G-AA-----GA-A-C	376
H2A.DE..BEN	---TG--C-----CT-C-TG-----T-AC--CA---C-TCAC-CTG-----GCA-----AT-C---A---ATGG-AGGC--AA-G-AA-----GA-A-C	376
H2A.DE..PEI2	--ATG---G-----C-T-GG-----TGAG--AC---T-T-AA-C-----A-----GTAT-----C---A---TGG-AGGC--AA-G-AA-----GA-A-C	368
H2A.GH..GHI	0
H2A.GM..ISY	0
H2A.GM.87.D194	0
H2A.GW..ALI	---TT---GA---C-T-AG---TC-TGA--CA-A--C-T-A--CT-C-----G-A---GTA-----C---A-T---TGG-AGGC--A-G-AA-----GA-A-C	376
H2A.GW..MDS	0
H2A.GW.86.FG	0
H2A.GW.87.CAM2CG	-G-TC-----CT-C-TG-----CTT-AG-----C-T-AC-C-----A---GCA-----AC---A-T---TGG-AGGCG-AA-G-AA-----GA-A-C	388
H2A.SN..ST	0
H2A.SN.85.ROD	0
H2AB.CI..7312A	-T-TC--C-----T-CCTC--A--TT-AG-----C-TCAC--G-T-----GTATC-----AT-AC--A-G--ATGG-AGGCT--A--AA-----A-A-C	378
H2B.CI..EHO	-T-TC--C-----CT-CCTC--A--TGAC--T--C-TCAGC--G-T-----G-----GTATC-----AA-C--A---TGG-AGGCT-AA-G-GA-----AA-A-C	376
H2B.CI.88.UC1	-T-C--CG--C--CCTC--AC-TGAC--TA--C-TCAC--G-----GTATC-----AT-AC--A-G--TGA-AGGCT--A--AA-----GA-A-C	376
H2B.GH.86.D205	-TATC--C-----T-CCTC--A--TGA--T--T-TCAA--G-TT-----C--GTA-C-----G--AC--G---TGG-AGGCT--A--AA-----GA-A-C	379
H2B.JP.01.KR020	0
H2G.CI..ABT96	0
H2U.FR.96.12034	0
MAC.US..251_1A11	C-----C-----	376
MAC.US..BK28_H824	0
MAC.US..MM142	0
MAC.US..251_BK28	-G-----A-----C-----	375
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A-----C-----	376
MAC.US..SMM142B	0
MNE.US..MNE027	0
MNE.US.82.MNE_8	0
SMM.US..PBJC	0
SMM.US..PBJD	0
SMM.US..PBJE	0
SMM.US..PBJ_143	0
SMM.SL.92.SL92B	0
SMM.US..H9	0
SMM.US..SME543	-G-----GAAT--T--T-GC--A---T-A--AG-----T--T-----T-----A-AG-----A-TA	376
SMM.US..17EC1	376
SMM.US..17EFR	376
SMM.US..F236_H4	-G-----GAAT-A--T--T-GC--A---T-A--AG-----T--T-----T-----A-AG-----T	376
SMM.US..PBJ14_15	-G-----AGT-A--T--T-AC--A---T--GAGCG-----T--TC-----T--A-----GCAG-----T	131
SMM.US..PBJA	-G-----AGT-A--T--T-AC--A---T--GAGC-----T--TC-----T--A-----GCAG-----T	131
SMM.US..PGM53	-G-----T--CAAT-A-----GA-----T-T-A---C-----T--T-----T--G-----A-AG-----T	302
SMM.US..PBJ_6P6	-G-----AGT-A--T--T-AC--A---T--GAGC-----T--TC-----T--A-----GCAG-----T	302
STM.US..STM	49



See Pohlmann, *J Virol* 72(7):5589-5598(1998) and similar publications for information on this enhancer region

	TCF-1 alpha	NF-kappa-B-II	NF-kappa-B-I (in pathogenic SIV PBJ)	
MAC.US.-.239	TAACATGGCTGACAAGAAGGAA.....	ACTCGCTGAAACAGCAGGGACTTCCACAA.....		428
H2A.CI.88.UC2	AT-T-GT-AAT-AC.....AGGAACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTAAGAA--A----G-T-----G--			463
H2A.DE.-.BEN	AT-T-GT-AAT-AC.....AGGAACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTAAGAA--CA----GG-T-----G--			463
H2A.DE.-.PEI2	ATTT-GTTAAAGAC.....AGGAACAGCTATATTTGGTCAGAACAGGAAGT.....AG.AT-A----T-----G--			444
H2A.GH.-.GH1			0
H2A.GM.-.ISY			0
H2A.GM.87.D194			0
H2A.GW.-.ALI	ATTT-GT-AA--AC.....AGGAACAGCT.GATTTGGTCAGGGCAGGAAGTAACTACT.GAAA-.CA----G-T-----G--			460
H2A.GW.-.MDS			0
H2A.GW.86.FG			0
H2A.GW.87.CAM2CG	ATTT-GTTAA-GGC.....AGGAACAACCATACATGGCCAGGGCAGGAAGTAGCTACT.GAAA-.CA----G-T-----G--			474
H2A.SN.-.ST			0
H2A.SN.85.ROD			0
H2AB.CI.-.7312A	--CAGA-TAGACAGGA--C-GCAGCATAAAGAGGAACTAG...CTGACGCTGCATAAGAAAGGAA--G----C-T-----G--			471
H2B.CI.-.EHO	--CAGA-TAGACAG--AT--CAGCACAAAGAGGAACTAG...CTAACACTGCATAGAG.AAGGA-CTAGCTG-TACTGCA-----G--			467
H2B.CI.88.UC1	--CAGACTAG-CA--GAC-GCAGCATAAAGAGGAACTAG...CTGACACTGCACAAGA.GGGAA--A----C-C-----A--			467
H2B.GH.86.D205	--CAGATTAG-CA--GAC-GCAGCATAAAGAGGAACTAG...CTGACACTGCACAAGA.AGGAA--A--A--C--T-----A--			470
H2B.JP.01.KR020			0
H2G.CI.-.ABT96			0
H2U.FR.96.12034			0
MAC.US.-.251_1A11	--A-A--G-		428
MAC.US.-.BK28_H824			0
MAC.US.-.MM142			0
MAC.US.-.251_BK28G-----			427
MAC.US.-.251_32H_PJ5G-----			428
MAC.US.-.SMM142B			0
MNE.US.-.MNE027			0
MNE.US.82.MNE_8			0
SMM.US.-.PBJC			0
SMM.US.-.PBJD			0
SMM.US.-.PBJE			0
SMM.US.-.PBJ_143			0
SMM.SL.92.SL92B			0
SMM.US.-.H9			0
SMM.US.-.SME543	---A-----G-----	--AA--G-		428
SMM.US.-.17EC1			428
SMM.US.-.17EFR			428
SMM.US.-.F236_H4	A--A-----A-----	--AA--G-		427
SMM.US.-.PBJ14_15	A--A-----A-----	--AA--A-G-	AGACAGCAGGGACTTCCACAAA	206
SMM.US.-.PBJA	A--A-----A-----	--AA--A-G-	AGACAGCAGGGACTTCCACAAA	206
SMM.US.-.PGM53	A--A-----A-----	-GA--G-	A	355
SMM.US.-.PBJ_6P6	A--A-----A-----	--AA--A-G-	AGACAGCAGGGACTTCCACAAAGACAGCAGGGA	388
STM.US.-.STM	A--G-----	--AA--G-		101

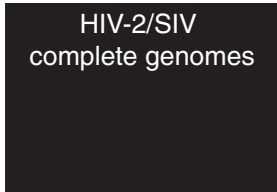
HIV-2/SIV
complete genomes

		TATA BOX	5' LTR U3 region end	putative mRNA start	5' LTR R repeat start	TAR secondary structure	start
MAC.US..MM239GGGGATGTTACG.GGGAGGTACTGGGAGGAGCCGGTCGGG...AACGCCACTTCTTGATGTATAAATACACTGCATTTCGCTCTGTA.TTCAGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCA						542
H2A.CI.88.UC2C--A--C.A.AG--AGGGACATG---GA-C-G-T-GGG-----T-A-A--AC-----G-AC-C--T-CC--A-----T--C-----						579
H2A.DE..BENC--A--C.A.AG--AGGGACATG---GA-C-G-T-GGG-----T-A-A--AC-----G-AC-C--T-C-T--AT-----						579
H2A.DE..PEI2C--A--C.A.-G--AGGGAC-TG---GAACCG-T-GGG-----T-A-A--C-----G-AC-C--TGC-T--AT-----						559
H2A.GH..GH1C-----G-----C-----						24
H2A.GM..ISYC-----G-----C-----						24
H2A.GM.87.D194C-----G-----C-----						24
H2A.GW..ALIC--A--C.A.-G--A-GGACATG---GA-C-G-T-GGG-----T-A-A--C.C-----G-AC-C--TGC-T--AT-----						575
H2A.GW..MDSC-----G-----C-----						24
H2A.GW.86.FGC-----G-----C-----						23
H2A.GW.87.CAM2CGC--AC-A.-G--AGGGATAT-G-AG-AGCTGGT--GGA-CGC--TCA-AC--C-----TCAC-C--TGC-T--AT--C-----G.C-----						590
H2A.SN..STC-----G-----C-----						24
H2A.SN.85.RODC-----G-----C-----						24
H2AB.CI..7312AC--A--A.-T-G-AGGGACAT-G-AG-AGTTGGT--GGA-CGC--ATTAAG-C.C-----G-AC-C--T-C-T--AT-----						587
H2B.CI..EHOC--A--A.-T-G-AGGGACAT-G-AG-AGCA.G--AGGA-CGC--AT-AAGAC.C-----G-AC-C--T-GT--AT-----						582
H2B.CI.88.UC1-A-C--A--A.-T-G-AGGGACAT-G-AG-AGTTGGT--GGA-CGC--ATTAATC.C-----G-AC-C--T-C-T--AT-----						582
H2B.GH.86.D205-A-C--A--A.-T-G-AGGGACAT-G-AG-AGTTGGT--GGA-CGC--ATTAATC.C-----G-AC-C--T-C--AT-----						585
H2B.JP.01.KR020-A-C--A--A.-T-G-AGGGACAT-G-AG-AGTTGGT--GGA-CGC--ATTAATC.C-----G-AC-C--T-C--AT-----						0
H2G.CI..ABT96-A-C--A--A.-T-G-AGGGACAT-G-AG-AGTTGGT--GGA-CGC--ATTAATC.C-----G-AC-C--T-C--AT-----						0
H2U.FR.96.12034-T-AAATGATC-----G-AC-C--TC-T--AT-----						75
MAC.US..251_1A11A-----T--A--G-----						541
MAC.US..BK28_H824A-----T--A--G-----						0
MAC.US..MM142A-----T--A--G-----						24
MAC.US..251_BK28-T-----AG-----A-----						530
MAC.US..251_32H_PJ5A-----T--A--G-----						542
MAC.US..SMM142BA-----T--A--G-----						24
MNE.US..MNE027A-----T--A--G-----						24
MNE.US.82.MNE_8A-----T--A--G-----						24
SMM.US..PBJCA-----T--A--G-----						0
SMM.US..PBJDA-----T--A--G-----						0
SMM.US..PBJEA-----T--A--G-----						0
SMM.US..PBJ_143A-----T--A--G-----						25
SMM.SL.92.SL92BA-----T--A--G-----						23
SMM.US..H9A-----T--A--G-----						25
SMM.US..SME543C--C-T-----T--CT-----AT-CTC-----CA-----G-----A-----A-----C-----						540
SMM.US..17EC1C--C-T-----T--CT-----AT-CTC-----CA-----G-----A-----A-----C-----						542
SMM.US..17EFRC--C-T-----T--CT-----AT-CTC-----CA-----G-----A-----A-----C-----						542
SMM.US..F236_H4C--C-T-----T--CT-----AT-CTC-----CA-----G-----A-----A-----C-----						539
SMM.US..PBJ14_15C--C-T-----T--CT-----AT-CTC-----CA-----G-----A-----A-----C-----						319
SMM.US..PBJAC--C-T-----T--CT-----AT-CTC-----CA-----G-----A-----A-----C-----						319
SMM.US..PGM53-T-----A-T--T--C-----G-AT-CTC-----CA-----A-----G-C-----						468
SMM.US..PBJ_6P6	CTTTCCACAAA-----T--CT-----G-AT-CTC-----CA-----A-----A-----						512
STM.US..STMC--A--AG-----T--G-----TT--A--TC-----CA--C--T-A-A-----A-----						215



See *Progress in Nucleic Acids Research* 54:1-34 (1996) for a review of RNA structures in HIV-1 and HIV-2 leader RNA.

	//bulge //loop tip 1	////////loop tip 2	//////// loop tip 3	\ TAR element end	
MAC.US.-.MM239	GATTGAGCCCTGGGAGTTCTCTCCAGCACTA.GCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCTCA.CCAGCACTTGGCCGGTCTGGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTTAA...GCCCTCT				668
H2A.CI.88.UC2	---C-----A-----C-----C-----	-----TG--C-----CA-----	-----C-G-----	-----A-----	704
H2A.DE.-.BEN	---C-----A-----	-----G-----	-----T-----A-----	-----C-G-----	704
H2A.DE.-.PEI2	---C-----	-----	-----T-----A-----	-----C-G-----	684
H2A.GH.-.GH1	-----	-----	-----TG-----CA-----	-----C-G-----	149
H2A.GM.-.ISY	-----	-----G-----	-----TG-----C-----	-----C-G-----	150
H2A.GM.87.D194	-----	-----	-----TG-----CA-----	-----C-G-----	149
H2A.GW.-.ALI	-----	-----	-----TG-----CA-----	-----C-G-----	700
H2A.GW.-.MDS	-----	-----	-----TG-----CA-----	-----C-G-----	149
H2A.GW.86.FG	-----	-----	-----TG-----C-----	-----C-G-----	148
H2A.GW.87.CAM2CG	-----	-----	-----TG-----CA-----	-----C-G-----	715
H2A.SN.-.ST	-----	-----	-----TG-----CA-----	-----C-G-----	150
H2A.SN.85.ROD	-----	-----	-----C-G-C-----	-----AA-----	149
H2AB.CI.-.7312A	-----	-----	-----C-G-----	-----A-----	712
H2B.CI.-.EHO	---C-----	-----	-----C-G-----	-----A-----	707
H2B.CI.88.UC1	---C-----	-----	-----C-G-----	-----A-----	707
H2B.GH.86.D205	-----	-----	-----A-----A-----T-----	-----C-G-----	710
H2B.JP.01.KR020	-----	-----	-----	-----	0
H2G.CI.-.ABT96	-----	-----	-----G-----	-----Y-G-----	74
H2U.FR.96.12034	-----G-----	-----	-----T-----A-----	-----C-AA-A-----	201
MAC.US.-.251_1A11	-----	-----T-----	-----	-----	667
MAC.US.-.BK28_H824	-----	-----	-----	-----	0
MAC.US.-.MM142	-----	-----	-----G-----	-----A-----	150
MAC.US.-.251_BK28	-----	-----	-----A-----	-----G-----	656
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----	-----	-----	-----G-----	668
MAC.US.-.SMM142B	-----	-----	-----	-----C-G-----	150
MNE.US.-.MNE027	-----	-----	-----T-----	-----G-----	150
MNE.US.82.MNE_8	-----	-----	-----	-----G-----	150
SMM.US.-.PBJC	-----	-----	-----	-----	0
SMM.US.-.PBJD	-----	-----	-----	-----	0
SMM.US.-.PBJE	-----	-----	-----	-----	0
SMM.US.-.PBJ_143	-----	-----	-----	-----RG-----	152
SMM.SL.92.SL92B	---A-----C-A-----G-----TA-T-----T-A-A-----A-----ACA-----AT-----T-----	-----	-----C-G-----	-----A-----A-----	145
SMM.US.-.H9	-----	-----	-----G-----	-----RG-----	152
SMM.US.-.SME543	-----	-----	-----	-----G-----	666
SMM.US.-.17EC1	-----	-----	-----	-----	668
SMM.US.-.17EFR	-----	-----	-----	-----	668
SMM.US.-.F236_H4	-----	-----	-----	-----G-----	665
SMM.US.-.PBJ14_15	-----	-----	-----	-----G-----	445
SMM.US.-.PBJA	-----	-----	-----	-----G-----	445
SMM.US.-.PGM53	-----	-----C-----	-----	-----C-G-----	594
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----	-----	-----	-----G-----	638
STM.US.-.STM	-----	-----A-----	-----A-----T-----	-----G-----T-----TAT-----	341



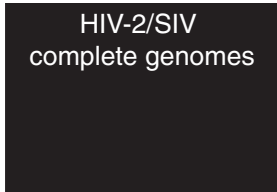
HIV-2/SIV
complete genomes

	AATAAA Poly-A Signal		
	5' LTR R repeat end \ 5' LTR U5 region start		
MAC.US.-.MM239	TCAATAAAG.CTGC.CATTTTAGAAGTAAGCTA..GTGTGTGTTCCCATCTCTCCTAGCCGCCCGCTGGTCAACTCGGTACTCAA..TAA.TAAGAAGACCCTGGT.CTGTAGGA.....		776
H2A.CI.88.UC2	-A-----C--T--A-----T-----T-----GT--TCTG-G--C-----		812
H2A.DE.-.BEN	--.AT-AG-----G-----C--T--A-----T-----T-----GT--TCTG-G--C-----		813
H2A.DE.-.PEI2	-A-----G-----C--T--A-----T-----T-----GT--TCTG-G--G-C-----		792
H2A.GH.-.GH1	-A-----A-----C--T--A-----T-----T-----GT--TCTG-G--C-----		257
H2A.GM.-.ISY	-A-----G-----C--T--A-----T-----T-----GT--TCCTG-G--C-----		258
H2A.GM.87.D194	-A-----G-----C--T--A-----T-----T-----GT--TCTG-G--C-----		257
H2A.GW.-.ALI	-A-----A-----C-G-T--AAG-----T-----T-----GT--CCTG-G--C-----		808
H2A.GW.-.MDS	-A-----G-----C--T--A-----T-----T-----GT--CCTG-G--C-----		257
H2A.GW.86.FG	CA-----A-----C--T--A-----C-----T-----T-----GT--CCTGT--C-----		256
H2A.GW.87.CAM2CG	-A-----G-----C--T--A-----T-----T-----GT--CCTG-G--C-----		823
H2A.SN.-.ST	-A-----G-----C--T--A-----C-----T-----T-----GT--TCTA-G--C-----		259
H2A.SN.85.ROD	-A-----G-----C--T--A-----C-----T-----T-----GT--CCTG-G--C-----		257
H2AB.CI.-.7312A	-A-----A-----C--TC-A-----T-----C-----GT--GCTG-----G-----		819
H2B.CI.-.EHO	-A-----A-----TA-----C--AC-A-----T-----T-----G--C-CTAG-----A-----		809
H2B.CI.88.UC1	-A-----A-----C--T-G-A-----T-----T-----AA-G--T-CTA-A--A-----		813
H2B.GH.86.D205	-A-----A-----C--T--A-----T-----C-----G--C-CTG-T-----		810
H2B.JP.01.KR020		0
H2G.CI.-.ABT96	-A-----A-A-----A-GT-----T-----C-----GT--GCGTAGC-----		181
H2U.FR.96.12034	CA-----AG-----C--A-----T-----TTCG-AG-T--CCT--A-----A-----		306
MAC.US.-.251_1A11T-----GG-----		775
MAC.US.-.BK28_H824T-----GG-----		0
MAC.US.-.MM142T-----GG-----A-----CCCTGGTCTGTAG		271
MAC.US.-.251_BK28C-----T-----GG-----		764
MAC.US.-.251_32H_PJ5T-----GG-----G-----		776
MAC.US.-.SMM142BT-----GG-----A-----CCCTGGTCTGTAG		271
MNE.US.-.MNE027C...C-----T-----		257
MNE.US.82.MNE_8T-----C...C-----T-----G-----		257
SMM.US.-.PBJC		0
SMM.US.-.PBJD		0
SMM.US.-.PBJE		0
SMM.US.-.PBJ_143C-----C-----M--Y-----T-----G--AC-----S-----		259
SMM.SL.92.SL92BG--A--C-----C--TC--A-A-----T-----M-----T-----GGTC-CG--G--CG--S-----A--C--A-----		251
SMM.US.-.H9G-----C-----M-----T-----G--AC-----CG--S-----		259
SMM.US.-.SME543G-----A-----T-----T-----G-CAC-T.A-----S-----		775
SMM.US.-.17EC1		776
SMM.US.-.17EFR		776
SMM.US.-.F236_H4A-----A-----T-----T-----G--CAC-----		773
SMM.US.-.PBJ14_15C-----T-----T-----GG--AC-----C-----		552
SMM.US.-.PBJAC-----T-----G--AC-----C-----		552
SMM.US.-.PGM53GC-----A-----T-----T-----G--AC-T.A-----		702
SMM.US.-.PBJ_6P6C-----T-----T-----G--AC-----C-----		744
STM.US.-.STMA-----A-----T-----		440



Strain	Sequence	Position
MAC.US.-.MM239	..CCCTTTCTGCTTTGGGAAACCGAAGCAGG...AAAATCCCTAGCAGATTGGCGCCTGAACAGGGACTTGA.AGGAGAGTGAGAGACTCCTGA.GTACGGCTGAGTGAAGGCAGTAAGGGCGCAGGAA	899
H2A.CI.88.UC2	..---C-C-----T-A---G---...-----G-----C-----AG-C---AG-C-TG--.AC-----	935
H2A.DE.-.BEN	..---CTC-----T-A-G-----G-----C-----AG-C---AG-C-TG--.ACT-----	936
H2A.DE.-.PEI2	..---CT-----G-----G-----A-----C-----AC-----	904
H2A.GH.-.GH1	..---C.C-----T-A-G-----G-----C-----A-G-C---AG-C-TG--.AC-----T-----	376
H2A.GM.-.ISY	..---CT-----G-----G-----G-----C-----G-A-C---AG-CTTG--.AC-----	381
H2A.GM.87.D194	..---C-C-----A---T-A-G-----G-----C-----A-AG-C---AG-C-TG--.AC-----	381
H2A.GW.-.ALI	..---CT-----G-----G-----G-----C-----A-C---AGTCTAG--.AC-----	931
H2A.GW.-.MDS	..---CT-----G-----G-----G-----C-----A-C---AGTCTTGA-.AC-----	380
H2A.GW.86.FG	..---CT-----G-----CGG-----G-----C-----A-C---AG-CTTG--ACA-G---G-----	382
H2A.GW.87.CAM2CG	..---CT-----A-G-----G-----C-----A-C---A-AG-CTTG--.AC-----G-----	946
H2A.SN.-.ST	..---CT-----A-G-----G-----C-----A-C---AG-CTTG--.AC-----	382
H2A.SN.85.ROD	..---CT-----G-----G-----G-----C-----A-C---AGTCTTG--.AC-----	380
H2AB.CI.-.7312A	..---CT-----T-----G-----C-----CC---.A---T-T-G--.AC-A-----	941
H2B.CI.-.EHO	..---C-----A-G-----C-----C---G-A---T-T-G-G-.AC-----	932
H2B.CI.88.UC1	..---CT-----A-G-----C-----A---A---T-T-G--.C-----	936
H2B.GH.86.D205	..---CT-----G-----C-----C---G---A---T-T-AAGA-C-A-----	933
H2B.JP.01.KR020	..---G-A---T-T-G--.C-----G-----	78
H2G.CI.-.ABT96	..---RG---AG---G---C-----GAAG---T-CTT--.AC---A-----T-----	304
H2U.FR.96.12034	..---CT-----AG-----G-----C-----T-T---AACT-----G-----	427
MAC.US.-.251_1A11	..-----C-----	898
MAC.US.-.BK28_H824	GA-----C-----	0
MAC.US.-.MM142	GA-----C-----	396
MAC.US.-.251_BK28	GA-----A-----C-----	886
MAC.US.-.251_32H_PJ5	GA-----A-----C-----	899
MAC.US.-.SMM142B	GA-----C-----	396
MNE.US.-.MNE027	..-----C-----	380
MNE.US.82.MNE_8	..-----C-----	380
SMM.US.-.PBJC	..-----C-----	0
SMM.US.-.PBJD	..-----C-----	0
SMM.US.-.PBJE	..-----C-----	0
SMM.US.-.PBJ_143	..-Y-----G-----G-----C-----C-----	381
SMM.SL.92.SL92B	..-Y---C---ACTC---GGCAACTCCTGA-TGA---T-G---T---C---AGAC-G.ACT---	362
SMM.US.-.H9	..-Y-----G-----G-----C-----C-----	381
SMM.US.-.SME543	..-----G-----G-----C-----	896
SMM.US.-.17EC1	..-----G-----G-----C-----	899
SMM.US.-.17EFR	..-----G-----G-----C-----	899
SMM.US.-.F236_H4	..-----A-----G-----G-----C-----	895
SMM.US.-.PBJ14_15	..-----G-----G-----C-----C-----	674
SMM.US.-.PBJA	..-----G-----G-----C-----C-----	674
SMM.US.-.PGM53	..-----C-----G-----G-----C-----	824
SMM.US.-.PBJ_6P6	..-----G-----G-----G-----C-----C-----C-----	866
STM.US.-.STM	..-----CT--T-G---A...-----C-----	563

HIV-2/SIVsmm Complete Genomes

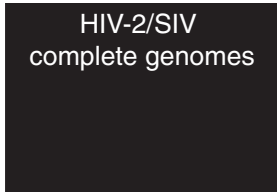


HIV-2/SIV
complete genomes

MAC.US..239	CCAACCACGACGGAGTGCTCCTATAAAGCGCGGGTCGG..TACCA...GACGGCGTGAGGAGC.GGGAGAGGAAGAGGCTCC.GGTTGCA...GGTAAGTGCAACACAAAAAAG.....AAA	1008
H2A.CI.88.UC2	-A-----G-----A-----C-AAGG-----AAA-G-----T-----T-A-----G-A-----CTACACC---ACTGTAGCC.AG---	1059
H2A.DE..BEN	-A-----G-----C-AGG-----A-A-G-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACACC---ACTGTAGCC.AG---	1059
H2A.DE..PEI2	-A-----G-----C-AGG-----A-A-G-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACACC---ACTGTAGCCAGA---	1027
H2A.GH..GH1	-A-----G-----A-----C-AGG-----A-A-G-----T-----T-A-----G-A-----CTACACCG---ACCGTAGCC.AG---	499
H2A.GM..ISY	-A-----G-----A-----C-AAGG-----A-A-G-----T-----TC-----G-A-----A-CTACACC---ACTGTAGCC.GG---	503
H2A.GM.87.D194	-A-----G-----A-----C-AGG-----GA..AG-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACACCG---ACTGTAGCC.AG---	503
H2A.GW..ALI	-A-----G-----A-----C-AAGG-----AAG-C-----T-----T-----G-A-----A-CTACACC---ATGTAGCC..G---	1052
H2A.GW..MDS	-A-----G-----G-----A-----C-AAGG-----A-A-G-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACACCG---ACTGTAGCC.AA---	503
H2A.GW.86.FG	-A-----GC-----G-----C-AGG-----A..AG-----T-----TC.G-----G-A..G-----A-CTACACC---ACTGTAGCC.AA-G-	503
H2A.GW.87.CAM2CG	-A-----AG-----G-----A-----C-AGG-----A-A-G-----T-----TC-----G-A-----A-CTACACC---ACTGTAGCC.TG---	1068
H2A.SN..ST	-A-----G-----G-----A-----C-AGG-----A.G-G-----T-----T-A-----G-A-----CTACACC---TACAGTAGCC..AG---	504
H2A.SN.85.ROD	-A-----G-----G-----C-AGG-----A.A-G-A-----T-----GA-----G-A-----A-CTACACC---ACTGTAGCC..G---	502
H2AB.CI..7312A	T-----A-----G-----A-C..GG-----G-A-----GA-----GA-T..A-----A-TC-A..TTTT-----	1045
H2B.CI..EHO	T-----G-----AA-A-C..GG-----G-A-----GA-----GA-T-AAA-----A-TC-A..TTTGC-----	1039
H2B.CI.88.UC1	T-----A-----G-----A-C..GG-----G-A-----GAA-----GA-G..AA--G--A-TC-A..TTCT-----	1043
H2B.GH.86.D205	T-----A-----G-----A-A-C..GG-----G-A-----GA-----GA-T..A-----A-TC-A..TTTT-----	1038
H2B.JP.01.KR020	T-----A-----G-----A-A-C..GG-----G-A-----GA-----GA-T..A--G--A-TC-A..TTTTA-----	184
H2G.CI..ABT96	-----T-----G-----GG-----A-----A-----T-----G--G.CA-----C-A--TTT...TAGCCAAA--G	422
H2U.FR.96.12034	-A-----G-----A-CT..GG-----AG-A-----T-----T-----A--T-----AACCA--G	539
MAC.US..251_1A11	-----	1007
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----G-----	506
MAC.US..251_BK28	-----G-----	996
MAC.US..251_32H_PJ5	-----G-----	1009
MAC.US..SMM142B	-----G-----	506
MNE.US..MNE027	-----G-----G-----	488
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----G-----	488
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	-A-----C-----G-----TC-G-----A--G-GT-----C-T-----	490
SMM.SL.92.SL92B	T----G-----TTGA-CCGGTGCCA-T---CT-AGCGGGAGT..ACA--TAA--AG--CT-T-G-AC--TAAGG---AAAA-GT...TG--TAT-CTAC-T-CGGGA-----	471
SMM.US..H9	-A-----G-----C-----G-----A-----TC-G-----A--G-GTC-----T-----	490
SMM.US..SME543	-A-----A-----G-----C-----G-----A-----TC-G-----A--GTCA-----T-----	1005
SMM.US..17EC1	-----	1008
SMM.US..17EFR	-----	1008
SMM.US..F236_H4	-A-----A-----G-----C-----G-----TC-G-----G-----GTC-----T-----	1004
SMM.US..PBJ14_15	-A-----C-----G-----A-----TC-G-----A--G-GT-----C-T-----	784
SMM.US..PBJA	-A-----C-----G-----TC-G-----A--G-GTC-----T-----	783
SMM.US..PGM53	-A-----C-----G-----TC-G-----G-----AG--G-GT-----C-T-----	934
SMM.US..PBJ_6P6	-A-----C-----G-----TC-G-----A--G-GT-----C-T-----	976
STM.US..STM	-A-----G-----CG.....AG-----GC-----A-----AGTGAGTGC-ACA-GT-GC.....C-G-	664



Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TAGCTGTCTTTTATCCAGGAAGGGTAATAAGATAGAGTGGGAG	1137
Gag p17	ATGGGCGTGAGAACTCCGTCTTGTACAGGGAAGAAAGCAGATGAATTAGAAAAATTAGGCTACGACCCACGGAAGAAAAAGT	Gag
	M G V R N S V L S G K K A D E L E K I R L R P N G K K K	
H2A.CI.88.UC2	AG--TGT-A-CC-A-TTTT--ACAGG--GA-G-TT-----	1187
H2A.DE..BEN	AG--TGT-A-CC-A-CTTT--ACAGG--GA-G-TT-----	1187
H2A.DE..PEI2	AG--TGT-A-CC-A-CTTT--ACAGG--GA-G-TT-----	1155
H2A.GH..GH1	AG--AGT-A-CC-ATCTTTTA-ACAGG--GA-G-TT-----	628
H2A.GM..ISY	AG--TGT-A-CC-A-CTTT--ACAGG--GA-G-TT-----	631
H2A.GM.87.D194	AG--TGT-A-CC-A-CTTT--ACAGG--GA-G-TT-----	631
H2A.GW..ALI	GG--TGT-A-CC-A-CTTT--ACAGG--GA-G-TT-----	1180
H2A.GW..MDS	GG--TGT-A-CC-A-CTTT--ACAGG--GA-G-TT-----	631
H2A.GW.86.FG	GG--TGT-A-CC-A-CTTT--ACAGG--GA-G-TT-----	631
H2A.GW.87.CAM2CG	GG--TGT-A-CC-A-CTTT--ACAGG--GA-G-TT-----	1196
H2A.SN..ST	GG--TGT-A-CC-A-CTTT--ACGGG--GA-G-TT-----	632
H2A.SN.85.ROD	GG--TG--A-CC-A-CTTT--ACAGG--GA-G-TT-----	630
H2AB.CI..7312A	..AACT.G-C-AC--T.A--G.-A-AGTAGG-CATA-----	1169
H2B.CI..EHO	..AA-TCG-C-AC--T---C.A--GTACG-ATA-----	1164
H2B.CI.88.UC1	..AA-T.G-C-GC--T.A---A--AGTAGG-CATA-----	1168
H2B.GH.86.D205	..CA-T.G-C-AC--T-AAG--AGTAGG-CATA-----	1163
H2B.JP.01.KR020	..AA-T.G-C-AC--T.A---A--AGTAGG-CATA-----	309
H2G.CI..ABT96	GGCTGT.GAA-CC-A-CTTG-ATA--C-GGTAGA--T-----	550
H2U.FR.96.12034	GG.T----GCCTCTG--A----A-AGG--GT--TT-----	666
MAC.US..251_1A11	-----A-----	1136
MAC.US..BK28_H824	-----A-----	0
MAC.US..MM142	-----A-----	635
MAC.US..251_BK28	AGCTGTCT-G-----	1125
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A-----	1138
MAC.US..SMM142B	-----A-----	635
MNE.US..MNE027	-----A-----	617
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----	617
SMM.US..PBJC	-----A-----	0
SMM.US..PBJD	-----A-----	0
SMM.US..PBJE	-----A-----	0
SMM.US..PBJ_143	GGA---AG--CCC-A-TTTTGA-AAA-GAGTAGG-----	619
SMM.SL.92.SL92BTAGGTAG-AG--A--C-----	577
SMM.US..H9	GGA---AG--CCC-A-TTTTGA-AAA-GAGTAGG-----	619
SMM.US..SME543	GGA---AG--CCC-A-TTTTGA--AA-GAGTAGG-----	1134
SMM.US..17EC1	-----A-----	1137
SMM.US..17EFR	-----A-----	1137
SMM.US..F236_H4	GGA---AG--CCC-A-TTTTGA--AA-GAGTAGG-----	1133
SMM.US..PBJ14_15	GGA---AG--CCC-A-TTTTGA-AAA-GAGTAGG-----	913
SMM.US..PBJA	GGA---AG--CCC-A-TTTTGA-AAA-GAGTAGG-----	912
SMM.US..PGM53	GGA---AG--CCC-A-TTTTGA--AA-GAGTAGG-----	1063
SMM.US..PBJ_6P6	GGA---AG--CCC-A-TTTTGA-AAA-GAGTAGG-----	1105
STM.US..STM	GG----AT-G--C-A-TCTTGA--A-GAGGT-G-AG-----	793

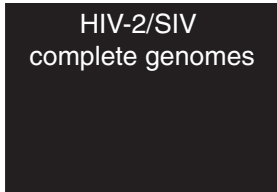


HIV-2/SIV
complete genomes

Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	ACATGTTGAAGCATGTAGTATGGGCAGCAAAATGAATTAGATAGATTTGGATTAGCAGAAAGCCCTGTTGGAGAAACAAAGAAGGATGTCAAAAAATACTTTTCGGTCTTAGCTCCATTAGTGCCAACAGGCTC	1267
Gag p17	Y M L K H V V W A A N E L D R F G L A E S L L E N K E G C Q K I L S V L A P L V P T G S	Gag
H2A.CI.88.UC2	---G--A--A--A--T--G-----G--C---G--C---CA-----A-----TCA-----T--C---G--T--CA-A--T---A-----A-----G--	1317
H2A.DE..BEN	---G--A--A--A--T--G-----G--A--C-----G-----G-----TCA-----T--C---G--T--CAGA--T---A-----A-----G--	1317
H2A.DE..PEI2	-T-GAC-A--A--A--T--G-----G-----G--GC-A--C--G-----TCA-----T--C---G--TA--A-A--T---A-----A-----A--	1285
H2A.GH..GH1	---G-C-A--A--A--T--G-----G--C---G--C---G-----G-----TCA-----T--C---G--T--CA-A--T---A-----A-----G--	758
H2A.GM..ISY	---GA--A--A--A--T--G-----G-----G--C---C--A---G-----TCA-----T--C---G--TA--A--T---AA-----A-----G--	761
H2A.GM.87.D194	---G--A--A--A--T--G-----G-----C---G---G-----G-----ATCA-----T--C---G--T---AAA--T---AA-----A-----G--	761
H2A.GW..ALI	-TCA-C-A--A--A--T--G-----G-----G--C---C--G-----G-----TCA-----T--C---G--T---AAA--T---AA-----A-----A--	1310
H2A.GW..MDS	---G--A--A--A--T--G-----G--C---C---G-----G-----ATCA---G--T--C---T---A-A---A-----A--G---T--	761
H2A.GW.86.FG	---A--A--A--A--T--G-----G-----G--C---C---G-----G-----TCA-----T--C---G--T---A-A--T---A-----A--G---T--	761
H2A.GW.87.CAM2CG	---A--A--A--A--T--G-----G-----G--C---C---G-----G-----ATCA-----T--C---G--T---AAA--T---A-----A--G---T--	1326
H2A.SN..ST	-T-G-C-A--A--A--T--G-----G-----G--C---C---G-----G-----TCA---G--T--C---T---A-A--T---A-----A--G---G--	762
H2A.SN.85.ROD	---G-C-A--A--A--T--G-----G--A--G--C---C---G-----G-----TCA---G--T---T---A-A--T---A---A-G---A-G---T--	760
H2AB.CI..7312A	-----A--A--A-----A-----C-----C-----G-----A-----ATCA-----G-----T---A-----A-----A-----G--	1299
H2B.CI..EHO	---C-A--A--A-----TG-----G-----G-----G-----GATCA-----C--GG---T--GGAAA-----GA-----A-----T--	1294
H2B.CI.88.UC1	-TTGTC-A--A--A--A-----TG--C---G--C-----G-----ATCA-----C-----T---A-----A-----A-----A--	1298
H2B.GH.86.D205	-T--C-A--A-----TG--C---C-----G-----ATCA-----G-----T---AAA-----A-----A-----G--	1293
H2B.JP.01.KR020	-TTGTC-A-----A-----TG--C---G--C---A-----G-----ATCA-----C-----T---A-----AA-----A-----A--	439
H2G.CI..ABT96	-----A--A--T--G-----G--C---G--C---C-----G-----ATCA-----T--C---T---A--A-----A-----T--	680
H2U.FR.96.12034	-----A--A--T--G-----G--C---G--C---C-----G-----GC-----TT-A---G-----T-----T--	796
MAC.US..251_1A11	-----	1266
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----	765
MAC.US..251_BK28	-----	1255
MAC.US..251_32H_PJ5	-----	1268
MAC.US..SMM142B	-----	765
MNE.US..MNE027	-----C-----C-----	747
MNE.US.82.MNE_8	-----	747
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	---C---A-----A-----G--C-----G-----T-----T---A--T-----T--G---T--	749
SMM.SL.92.SL92B	---C--T---A--TA-----C--GA-----C-----CG-----A--G-----G-----T--AG--A--AC-----A-----T--G---T--	707
SMM.US..H9	---C---A-----A-----G--C-----G-----T-----T---A--T-----T--G---T--	749
SMM.US..SME543	-T-----A-----G--C-----G-----T-----T---A--T-----T--G---T--	1264
SMM.US..17EC1	-----	1267
SMM.US..17EFR	-----	1267
SMM.US..F236_H4	-T-----A-----G--C-----G-----T-----T---A--T-----T--G---T--	1263
SMM.US..PBJ14_15	---A-C-----A-----G--C-----G-----T-----T---A--T-----T--G---T--	1043
SMM.US..PBJA	---CA-C-----A-----G--C-----G-----T-----T---A--T-----T--G---T--	1042
SMM.US..PGM53	---A-C-----A-----G--C-----G-----T-----TA--A--T-----T--GG---T--	1193
SMM.US..PBJ_6P6	---A-C-----A-----G--C-----G-----T-----T---A--T-----T--G---T--	1235
STM.US..STM	-----A-----G-----C-----G--C-----G-----TCA-----G--C---TA-AA-----AA-----T--	923



Strain	AGAAAATTTAAAAAGCCTTTATAAATACTGTCTGCGTCATCTGGTGCATTTCACGCAGAAGAGAAAAGTAAAACACACTGAGGAAGCAAAAACAGATAGTGCAGAGACACCTAGTGGTGGAAAACAGGAACAACA	1397
Gag p17	E N L K S L Y N T V C V I W C I H A E E K V K H T E E A K Q I V Q R H L V V E T G T T	Gag
MAC.US..MM239	-----T-----C-----T-----T-G-----G-T-----A-G-----A-AC-----A-----T-----CA-----TG--	1447
H2A.CI.88.UC2	-----T-----C-----T-----T-G-----G-T-----GA-AC-----CA-----T-----CA-----TG--	1447
H2A.DE..BEN	-----T-----C-----T-----T-G-----G-T-----A-G-----A-----A-----T-----CA-----TG--	1415
H2A.DE..PEI2	-----T-----C-----A-----T-----T-G-----G-T-----A-----A-AC-----A-----T-----G-----CA-----TG--	888
H2A.GH..GH1	-----T-----C-----AC-----T-----T-G-----G-T-----A-----AGA-----AGG-----T-----CA-----A-----TG--	891
H2A.GM..ISY	-----T-----C-----T-----T-G-----G-T-----A-----GA-AC-----CA-----T-----CA-----TG--	891
H2A.GM.87.D194	-----T-----C-----AG-T-----G-G-----G-T-----A-G-----A-----A-A-----T-----C-----CA-----T-A-----G--	1440
H2A.GW..ALI	-----T-----T-----T-TT-----A-----G-----G-T-----A-----A-----T-C-CA-G-----T-----CA-----TG--	891
H2A.GW..MDS	-----T-----T-----A-----A-----G-T-----A-G-----A-----A-----T-----CA-----TG--	891
H2A.GW.86.FG	-----T-----T-----A-----A-----G-T-----A-----AGA-----CA-T-----T-----C-----CA-----TG--	1456
H2A.GW.87.CAM2CG	-----T-----T-----T-----T-A-----C-----G-T-----A-----A-AG-----A-----T-----CA-----AA-----T--	892
H2A.SN..ST	-----T-----T-----T-----A-----A-----G-T-----A-G-----A-----G-----T-----CA-----TG--	890
H2A.SN.85.ROD	-----T-----T-----T-----T-A-----A-----G-T-----C-----A-----CA-----C-----T-----A-----C-----T-----	1420
H2AB.CI..7312A	-----T-----C-----TT-----C-G-----G-T-----A-----CA-----C-----T-----CA-----C-----C-----	1415
H2B.CI..EHO	-----T-----T-----T-AC-----T-G-----G-T-----A-----CA-----T-----C-----C-----C-----	1419
H2B.CI.88.UC1	-----T-----TC-----T-TT-----C-G-----G-T-----A-----A-----CA-----T-----C-----C-----C-----	1414
H2B.GH.86.D205	-----T-----T-----T-AC-----TC-G-----T-----G-T-----A-----T-----T-----A-----CA-----C-----T-----C-----A-----C-----G-----	560
H2B.JP.01.KR020	-----G-----T-----T-----TT-G-----C-----C-----A-----T-----A-----AG-----A-----T-----A-----T-----T-----	810
H2G.CI..ABT96	-----G-----T-----T-----TT-G-----C-----C-----A-----T-----A-----AG-----A-----T-----A-----T-----T-----	810
H2U.FR.96.12034	-----G-----T-----T-----TT-G-----C-----C-----A-----T-----A-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----TG--	926
MAC.US..251_1A11	-----A-----G-----	1396
MAC.US..BK28_H824	-----A-----G-----	0
MAC.US..MM142	-----A-----G-----	895
MAC.US..251_BK28	-----A-----G-----	1385
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A-----G-----	1398
MAC.US..SMM142B	-----A-----G-----	895
MNE.US..MNE027	-----G-----G-----	877
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----G-----	877
SMM.US..PBJC	-----G-----G-----	0
SMM.US..PBJD	-----G-----G-----	0
SMM.US..PBJE	-----G-----G-----	0
SMM.US..PBJ_143	-----G-----C-----C-----C-T-----T-----A-----A-----A-----T-----G-----	879
SMM.SL.92.SL92B	G-----T-G-T-G-----AG-T-----TC-G-----AT-----G-----A-----T-----GA-A-C-----A-----C-----T-----A-----GT-----TG--	837
SMM.US..H9	-----G-----C-----C-----C-T-----T-----A-----A-----A-----T-----G-----	879
SMM.US..SME543	-----G-----T-----A-----A-----T-----G-----	1394
SMM.US..17EC1	-----T-----A-----A-----T-----G-----	1397
SMM.US..17EFR	-----T-----A-----A-----T-----G-----	1397
SMM.US..F236_H4	-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----T-----G-----	1393
SMM.US..PBJ14_15	-----G-----C-----C-----C-T-----T-----A-----A-----T-----G-----	1173
SMM.US..PBJA	-----G-----C-----C-----C-T-----T-----A-----A-----T-----G-----	1172
SMM.US..PGM53	-----G-----T-----A-----A-----T-----G-----	1323
SMM.US..PBJ_6P6	-----G-----C-----C-----C-T-----T-----A-----A-----T-----G-----	1365
STM.US..STM	-----G-----T-----T-----T-----T-----C-----T-----G-----AG-G-AA-----T-----T-----A-----G-----T-----TG--	1053



HIV-2/SIV
complete genomes

	Gag p17 end \ / Gag p24 start	
MAC.US.-.MM239	GAAACTATGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGCACCATCTAGCGGC...AGAGGAGGAAATACCCAGTACAACAA...ATAGGTGGTAACTATGTCCACCTGCCATTAAGCCCAGAACATTAAATGCCT	1521
Gag p17	<u>E T M P K T S R P T A P S S G . R G G N Y P V Q Q . I G G N Y V H L P L S P R T L N A</u>	Gag
H2A.CI.88.UC2	--G-AA-----T-----C-----T-G...A-----C-T--C-----G...GC-----C-----TG-----C-G-----CC---TC-----T	1571
H2A.DE.-.BEN	--G-AA-----T-----C-----T-G...A-A-----C-----C-G-----GCG-----C-----TG-----C-G-----CC---TC-----A	1571
H2A.DE.-.PEI2	--C-AA-----GC-----G-----C-----G...G-----C-----C-G-----C-----TC-----G-----CC---CC-----T	1539
H2A.GH.-.GH1	---AA-----GT-----C-----G...A-----C-T--T-----GACAGGC-----C-----A-----G-----C-G-----CC---TC-----T	1015
H2A.GM.-.ISY	--G-AA-----T-T-----C-----G...A-G-----C-T--C-G-----C-----C-----T-----GC-G--T-----CC---CC-----T	1015
H2A.GM.87.D194	--G-AA-----T-T-----C-----T-G...A-----C-T--C-G-----G...GC---C-C-----A-----TG-----GC-G-----CC---TC-----T	1015
H2A.GW.-.ALI	--G-AA-----GC-----C-----T-AA...CAG-G-----C-T--C-----G...G---CC-C-----CAC---TG-----GC-G-----CC---C---G---T	1564
H2A.GW.-.MDS	--G-AA-----T-----C-----G...A-----C-----C-G-GA-T...G---C-C-----AC---TG-----G-G--T-----CC---TC-----T	1015
H2A.GW.86.FG	--G-AA-----T-----C-----G...A-----C-T--C-G-G...G---C-C-----AC---TA-A---C-G--T-----CG---TC-----T	1009
H2A.GW.87.CAM2CG	--G-AA-----G-T-----C-----T-G...AG-----C-G--AGC...G---C-C-----ACT---TG-----GC---T-----CC---TC-----T	1580
H2A.SN.-.ST	---AA-----GT-----C-----AC-----C-T--C-----G-G-CC-C-----AC---TG-----C---T-----CC---CC-----T	1016
H2A.SN.85.ROD	--G-AA-----GC-----AG...AG-----G-----T...G---CC-C-----CAC---TA-A---GC-G--T-----CC---CC-----T	1014
H2AB.CI.-.7312A	---AA-CA--T-CTG--GAC-A--G--GA-----C-----G...G---C-C-T-----G-----CC---CC-----T	1538
H2B.CI.-.EHO	---AA-----GCT-TG--A--GTAA--A--T...CT...GC--T-----G-G-----C-C-T-----TC-----GC-----CC---C-----	1533
H2B.CI.88.UC1	--G-AA-----GCT-----C-----G...G-----G-G-G...C-----C-----A-----GC-----TC-----C-----	1537
H2B.GH.86.D205	---AA-----GCT--A-A-----C-----G...G-----T-----G-G-----C-G-C-C-----C-----GC-----CC---C-----T	1532
H2B.JP.01.KR020	---AAGC--GCT--A-----C-----T...G-----T-----G-G-G...G-G-CC--T-CAC-----GC-----CC---C-----	678
H2G.CI.-.ABT96	---AAG--TGCC--C-----T-----C-----T...G-----C-----T-T-----T-----TC-----A	934
H2U.FR.96.12034	---AA-----GCC-----YT--C--T--GGC...G-G-G-G...C-T--C-----A-TC-----T-T-----C-C-----	1050
MAC.US.-.251_1A11	---T-----C-----T-----	1520
MAC.US.-.BK28_H824	0
MAC.US.-.MM142T-----AC-----A-----	1019
MAC.US.-.251_BK28	1509
MAC.US.-.251_32H_PJ5	1522
MAC.US.-.SMM142BT-----AC-----A-----	1019
MNE.US.-.MNE027T-----A-A-----AC-----A-----	1001
MNE.US.82.MNE_8T-----G-----AC-----A-----	1001
SMM.US.-.PBJC	0
SMM.US.-.PBJD	0
SMM.US.-.PBJE	0
SMM.US.-.PBJ_143	--C-AA-----GC-----C-----T...G-G...G---C-T-AC-----A-T-----T-A-----T	1003
SMM.SL.92.SL92B	---AAT--GCTCA--C-----T-C-T...G-G...G---AAA--T--G--ACT--C-GTC--AC-G--C-C-----G	955
SMM.US.-.H9	--C-AA-----GC-----C-----T...G-G...G---C-T-AC-----A-T-----T-A-----T	1003
SMM.US.-.SME543	--C-AA-----GC-----C-----T...G-G...G---C-T-AC-----A-C-----T-A-----T	1518
SMM.US.-.17EC1	1521
SMM.US.-.17EFR	1521
SMM.US.-.F236_H4	--C-GA-----GC-----C-----T...G-G...G---C-T-----A-C-----T-A-----T	1517
SMM.US.-.PBJ14_15	--C-AA-----GC-----G-----C-----T...A-----G-G...C-T-AC-----A-T-----T-A-----T	1297
SMM.US.-.PBJA	--C-AA-----GC-----C-----T...A-----G-G...C-T-AC-----A-T-----T-A-----T	1296
SMM.US.-.PGM53	--C-AA-----T-----C-----T...G-G...C-T-CAC-----A-T-----T-A-----T	1447
SMM.US.-.PBJ_6P6	--C-AA-----GC-----C-----T...A-----G-G...C-T-AC-----A-T-----T-A-----T	1489
STM.US.-.STM	A-C-AA-----TGCC-----C-----T...G-----G-----G---C-C-T-----A-----A-----C-G-----A	1177



MAC.US.-.MM239	GGGTAAAATTGATAGAGGAAAAGAAATTGGAGCAGAAGTAGTGCCAGGATTTGAGCACTGTGTCAGAAGGTTGCACCCCTATGACATTAATCAGATGTTAAATTGTGTGGGAGACCATCAAGCGGCTAT	1651
Gag p24	W_V_K_L_I_E_E_K_K_F_G_A_E_V_V_P_G_F_Q_A_L_S_E_G_C_T_P_Y_D_I_N_Q_M_L_N_C_V_G_D_H_Q_A_A_M	Gag
H2A.CI.88.UC2	-----AG-----G-C-G-----C-----C-----G-----T--C---A--C-T-----C-T-A---A--C--	1701
H2A.DE.-.BEN	-----AG-G-----G-C-G-----C-----C-----G-----T-----A--C-T-----C-T-C---A---	1701
H2A.DE.-.PET2	-----G-AG-G-A-----G-C-G-----G-----C-----C-----G-----T-----A--C-T-----C-T-C---A---	1669
H2A.GH.-.GH1	-----AG-----C-----G-C-G-----A-----C-----C-----G-----T--C-C-A--C-T-----C-T-C---A---	1145
H2A.GM.-.ISY	-----G-AG-----G-A-G-C-G-----G-----C-----C-----G-----T-----A--C-T-----C-T-C---A-G--	1145
H2A.GM.87.D194	-----AG-----G-C-G-----C-----C-----G-----T--C---A--C-T-----C-T-C---A---	1145
H2A.GW.-.ALI	-----AG-A-----G-C-G-----C-----C-----G-----T-----A--C-T-----C-T-C---A--C--	1694
H2A.GW.-.MDS	-----AG-A-----G-C-G-----C-----C-----G-----T-----A--C-T-C-----C-T---A---	1145
H2A.GW.86.FG	-----AG-G-----C-----C-----C-----G-----T-----C-T-----C---A---	1139
H2A.GW.87.CAM2CG	-----AG-----G-C-G-----C-----C-----G-----T-----A--C-T-----C---A---	1710
H2A.SN.-.ST	-----C-AG-----G-C-G-----C-----C-----G-----T-----A--C-T-----C---A---	1146
H2A.SN.85.ROD	-----AG-----A-G-C-G-----C-----C-----G-----T--C-C-A--C-T-----C---A--C--	1144
H2AB.CI.-.7312A	-----AG-G-----A-G-----A-----G-A-T-----T-----T-----C-----A--A---G-A-C--	1668
H2B.CI.-.EHO	-----AG-A-G-----G-C-G-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----A-----G-A-C--	1663
H2B.CI.88.UC1	-----G-AG-A-----G-C-G-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----C-----A-----G-A-C--	1667
H2B.GH.86.D205	-----G-AG-A-----G-C-G-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----C-----A-----G-A-C--	1662
H2B.JP.01.KR020	-----AG-----C-----G-C-G-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----C-----A-----A-----A-C--	808
H2G.CI.-.ABT96	-----G-A-----G-C-G-----G-----G-----C-----CTA-A-----T--C---A--C-----A-----A-----A-C--	1064
H2U.FR.96.12034	-----C-G-----G-A-----C-----G-C-----G-----T-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----T--	1180
MAC.US.-.251_1A11	-----	1650
MAC.US.-.BK28_H824	-----	0
MAC.US.-.MM142	-----A-----G-----T-----C-----CT-----	1149
MAC.US.-.251_BK28	-----	1639
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----A-----C-----C-----	1652
MAC.US.-.SMM142B	-----A-----G-----T-----C-----CT-----	1149
MNE.US.-.MNE027	-----G-----C-----T-----A-----A-----	1131
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----C-----A-----A-----	1131
SMM.US.-.PBJC	-----	0
SMM.US.-.PBJD	-----	0
SMM.US.-.PBJE	-----	0
SMM.US.-.PBJ_143	-----G-----A-G-A-----G-----G-----A-G-A-----C-----T-----Y-----C-----A-----C-----A-----G-----G-A-C--	1133
SMM.SL.92.SL92B	-----C-C-G-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----Y-----T-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----A-C--	1085
SMM.US.-.H9	-----G-A-G-A-----G-----G-----A-G-A-----C-----T-----Y-----T-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----A-C--	1133
SMM.US.-.SME543	-----G-A-G-A-----G-----G-----A-G-A-----C-----T-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----A-C--	1648
SMM.US.-.17EC1	-----	1651
SMM.US.-.17EFR	-----	1651
SMM.US.-.F236_H4	-----AG-----A-G-A-----G-----G-----A-G-A-----C-----T-----T-----A-----C-----A-----A-----G-----A-C--	1647
SMM.US.-.PBJ14_15	-----A-G-A-----G-----G-----A-G-A-----C-----T-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----A-C--	1427
SMM.US.-.PBJA	-----A-G-A-----G-----G-----A-G-A-----C-----T-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----A-C--	1426
SMM.US.-.PGM53	-----G-A-G-A-----G-----G-----A-G-A-----C-----T-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----A-C--	1577
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----A-G-A-----G-----G-----A-G-A-----C-----T-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----A-C--	1619
STM.US.-.STM	-----G-AG-G-----T-----G-----A-----C-----T-----C-----AC-----G-G-----A-C--	1307

HIV-2/SIVsmm Complete Genomes

335

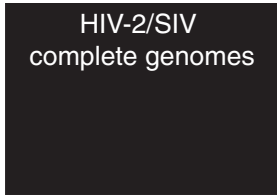
HIV-2/SIV
complete genomes

HIV-2/SIV
complete genomes

Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	GCAGATTATCAGAGATATTATAAACGAGGAGGCTGCAGATTGGGACTTGCAGCAC.....CCACAA.....CCAGCTCCACAAACAAGGACAACCTTAGGGAGCCGTGAGGATCAGATATTGCAGGAACA	1769
Gag p24	<u>Q I I R D I I N E E A A D W D L Q H . . P Q . . P A P Q Q G Q L R E P S G S D I A G T</u>	Gag
H2A.CI.88.UC2	-----A-----A-----C--T--A--A--A--G-----TGC-----AT...CCAGGCC-CTT-C-GC--G--G--A--C--AAGG--G--T--C--A-----	1822
H2A.DE..BEN	--A--A-----G-----T--T--A--A--A-----C-----T-C-----AT...CCAGGCC-CTT-C-GC--G--G--C--A--C--AAG--G--T--C--A-----	1822
H2A.DE..PEI2	--A--A-----G-----T--T--A--A--A-----TG--A-----AT...CCAGGCC-CTTG-C-GCG--G--G--A--A--AAG--G--T--C--A-----G---	1790
H2A.GH..GH1	--A--A-----G-----C--T--C--A--A-----TGCA-----AT...CCAGGCC-CTT-C-GC--G--G--A--C--AAGG--G--T--C--A-----G---	1266
H2A.GM..ISY	--A--A-----A-----T--T--A--A--A-----C-----TG--A--A--T-----AT...CCAGGCC-CTT-C-GCG--G--G--C--A--T--ACG--T--C--A-----G---	1266
H2A.GM.87.D194	--A--A-----A-----T--T--A--A--A-----TGC-----AT...CCAGGCC-CTT-C-GC--G--G--A--C--AAGG--G--T--C--A-----G---	1266
H2A.GW..ALI	--A--A-----G--G-----C--T--A--A--A-----C-----TG-TGCA--T-----CAT...CCAGGCC-CTT-C-GC--G--G--A--A--AAG--G--T--C--A-----	1815
H2A.GW..MDS	--A--A-----G--A--C--T--T--A--A--A-----TGC-----T-----AT...CCAGGCC-CTT-C-GCG--G--G--A--A--AAG--G--T--C--A-----G---	1266
H2A.GW.86.FG	--A--A-----G--A-----T--T--A--A--A-----C-----TG-TGCA--T-----CAT...CCAGGCC-CTT-C-GCG--G--G--A--A--AAG--G--T--C--A-----G---	1260
H2A.GW.87.CAM2CG	--A--A-----G--G-----T--T--A--A--A-----C-----TGCCA--T-----AT...CCAGGCC-CTT-C-GCG--G--G--C--A--C--AAG--G--T--C--A-----	1831
H2A.SN..ST	--A--A-----G--A-----T--T--A--A--A-----GCA--A-----AT...CCAGGCC-CTT-C-GCG--G--G--C-----AAGG--T--C--A-----G---	1267
H2A.SN.85.ROD	-----A-----G--G-----C--T--A--A--A-----A-----TG--A--T-----AT...CCAGGCC-CTT-C-GCG--G--G--A-----AAGG--T--C--A-----G---	1265
H2AB.CI..7312A	--AG--C--T--G--A--A--C--T-----G-----C-----CA-----GGTG...CCAGGTC-A-TG-C-GC--G--G--C--A--AAG--G--T--C--A-----G--C	1789
H2B.CI..EHO	--A-----T--G--G--A--T--T-----A--A--C-----CAA-----T-----TCG...CCAGGCC-AATG-C-GC--G--G--C--A--AAG--G--T--C--A-----G--C	1784
H2B.CI.88.UC1	--A-----T--G--A--A--C--T-----G-----C-----CA-----GAT...CCAGGTC-A-TG-C-GC--G--G--C--A--AAG--G--T--C--A-----G--C	1788
H2B.GH.86.D205	--A-----T-----A--A--C--T-----A--A--C-----CA--A-----GTC...CCAGGCC-AATG-CGGC-----C--AAG--G--T--C--A-----G--C	1783
H2B.JP.01.KR020	--A-----T--G--A--A--T--T--A--A--C-----CA-----GTC...CCGGGCC-AATG-C-GC-----G-----C--AAG--G--T--C--A-----C	929
H2G.CI..ABT96	--A-----T-----A--A--T--T-----A-----K-----TC--T--A--T-----CAAGGGC-G--G-C-GC-----M--C-----A--A-----A-----G--C	1185
H2U.FR.96.12034	--A-----G--A--A--T--T--A--A-----ACA-----A--C-----CAAGGCC-A--C-GC--G--G--A-----AAG--T--T-----A-----G--C	1301
MAC.US..251_1A11	-----C--C-----G-----	1768
MAC.US..BK28_H824	-----C-----T-----A-----G-----	0
MAC.US..MM142	-----C-----T-----A-----G-----	1267
MAC.US..251_BK28	-----C-----T-----A-----G-----	1757
MAC.US..251_32H_PJ5	-----C-----T-----A-----G-----	1770
MAC.US..SMM142B	-----C-----T-----A-----G-----	1267
MNE.US..MNE027	-----A-----C-----A-----G-----C-----	1249
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----A-----A-----G-----C-----	1249
SMM.US..PBJC	-----A-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----R--G...CCAGGTC-AAT-C-GC--G--G--A-----AAGR--C--C-----T	0
SMM.US..PBJD	-----A-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----R--G...CCAGGTC-AAT-C-GC--G--G--A-----AAGR--C--C-----T	0
SMM.US..PBJE	-----A-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----R--G...CCAGGTC-AAT-C-GC--G--G--A-----AAGR--C--C-----T	0
SMM.US..PBK_143	--A-----T-----A-----A--T--T-----A--A-----C-----T--A--A-----CCAAGAGG--CAG--G--G--A--CGGCT--GGG--A--A--A--AAG--G--T--C--A-----G--T	1254
SMM.SL.92.SL92B	--A-----T-----A-----A--T--T-----A--A-----C-----T--A--A-----CCAAGAGG--CAG--G--G--A--CGGCT--GGG--A--A--A--AAG--G--T--C--A-----G--T	1212
SMM.US..H9	--A-----T-----A-----A--T--T-----A--A-----T-----T--A--A-----R--G...CCAGGTC-AAT-C-GC--G--G--A-----AAGR--C--C-----T	1254
SMM.US..SME543	--A-----T-----G-----T--A--A-----C-----T--A--A-----G--G...CCAGGTC-A-T-C-GC--G-----A--AAG--G--T--C--A-----T	1769
SMM.US..17EC1	-----A-----T-----G-----T--A--A-----C-----T--A--A-----G--G...CCAGGTC-A-T-C-GC--G-----A--AAG--G--T--C--A-----T	1769
SMM.US..17EFR	-----A-----T-----G-----T--A--A-----C-----T--A--A-----G--G...CCAGGTC-A-T-C-GC--G-----A--AAG--G--T--C--A-----T	1769
SMM.US..F236_H4	--A-----T-----G-----T--A--A-----C-----T--A--A-----G--G...CCAGGTC-A-T-C-GC--G-----A--AAG--G--T--C--A-----T	1768
SMM.US..PBK14_15	--A-----T-----A-----T--A--A-----T-----T--A--A-----G--G...CCAGGTC-GAT-C-C-----A-----AAG--G--T--C--A-----T	1548
SMM.US..PBJA	--A-----T-----A-----T--A--A-----T-----T--A--A-----G--G...CCAGGTC-GAT-C-C-----A-----AAG--G--T--C--A-----T	1547
SMM.US..PGM53	--A-----T-----A-----T--A--A-----T-----T--A--A-----G--G...CCAGGTC-AAT-C-GC-----C--A--T--AAG--G--T--C--A-----T	1698
SMM.US..PBK_6P6	--A-----T-----A-----T--A--A-----T-----T--A--A-----G--G...CCAGGTC-GAT-C-C-----A-----AAG--G--T--C--A-----T	1740
STM.US..STM	--A-----A--A--G--C--C-----T-----A-----T-----A-----T-----CCACCGGGTC-G-TG-C-GC--G-----A--A--AAGC--G-----A-----G--T	1431



Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	ACTAGTTCAGTAGATGAACAAATCCAGTGGATGTACAGACAACAGAACCCCATACCCAGTAGGCAACATTTACAGGAGATGGATCCAACTGGGGTTGCCAAAAATGTGTGAGAATGTATAACCCCAACAAACA	1899
Gag p24	T S S V D E Q I Q W M Y R Q Q N P I P V G N I Y R R W I Q L G L Q K C V R M Y N P T N	Gag
H2A.CI.88.UC2	--A--CA-----G--G-----T--G--G--A--T--G--G--G--G--G--C--A-----GA--A--C--G--G-----C-----C--G	1952
H2A.DE..BEN	--A--CA-----G-----T--G--C--A--T--G-----G-----G-----C--A-----A--A--C-----G-----A--C-----T-----	1952
H2A.DE..PEI2	--A--CA-----A--G-----TT--GC--A--T--T-----G-----C--T--A-----GA--A--AC--G--G--C-----G-----C--T-----C-----	1920
H2A.GH..GH1	--A--CA-----A--G-----T--G--C--A--T--G--G--G--G--G--G--C--A-----GA--A--C--A--G--G-----G-----C-----T-----	1396
H2A.GM..ISY	--A--CA-----G-----G--A-----T--G--G--A--T--TG-----A--C--T-----GA--A--AC--G--G-----C-----C--T-----C-----	1396
H2A.GM.87.D194	--A--CA-----G-----G-----T--G--CA--T--G--G--G--G--G--G--C--A-----GA--A--C--A--G-----G-----C-----T-----	1396
H2A.GW..ALI	--A--CA-----A--G-----T--G--C--G--T--TG--G-----G-----C--T--A-----GA--A--C--A--G--G-----G-----C-----C-----	1945
H2A.GW..MDS	--A--CA-----A--G-----T--GGC-----T--TG-----G--A-----C--T--A-----GA--A--C--G--G-----G-----C--T-----C-----	1396
H2A.GW.86.FG	--A--CA-----A--G--G-----TT--C--A--T--TG-----G-----C--T--A-----T--GA--A--AC--G--G--C-----G-----C--T-----C-----	1390
H2A.GW.87.CAM2CG	--A--CA-----A--G-----A-----TT--GGC--A--T--G-----G-----C--T--A-----TT--GA--A--C--G--G-----G-----C--T-----G--C-----	1961
H2A.SN..ST	--A--CA-----A--G--G-----TT--G--C--A--T--TG-----A--G--C--T--A-----GA--A--C--A--G--G--C-----G-----C-----C-----	1397
H2A.SN.85.ROD	--A--CA-----A--G-----TT--G--C--A--T--TG-----A--G--C--T--A-----GA--A--A--G--G-----G-----C--T-----G--C-----	1395
H2AB.CI..7312A	--C--CA-----G--G--A-----GGGT--A--GT--T--C-----G-----T--A-----T--G--A--A--G--G-----C--G-----C--T--T--T--T--T--	1919
H2B.CI..EHO	--C--CA-----A--G--A-----CC--A--T--TG--C-----G--A-----C--T--A--G-----T--GT--A--C--A--G-----C--G-----C--T--T--T--T--T--	1914
H2B.CI.88.UC1	--C--CA-----G-----A-----GGC--A--T--TG--T--G-----G-----G-----C--T--A--A--C--G-----C--G-----C--T--T--C-----	1918
H2B.GH.86.D205	--C--CA-----G-----G--A-----GGCC--A--T--TG--C-----G--A-----T--A-----T--T--A--A--G-----C-----C--T--T--C-----	1913
H2B.JP.01.KR020	--CA--G--G--G--G--A-----G--CC--A-----T--C-----A-----T--A-----T--GT--A--C--G-----C--G-----C--T--C--T--	1059
H2G.CI..ABT96	--A--A-----A-----T-----CAC--G--G--A-----T-----A-----A--T--Y--T--A-----RT--A--AC--T-----G-----Y--T-----T--C--T--	1315
H2U.FR.96.12034	--CA--G--A--G--G--A-----G--CG--A--T--A-----G--G--T-----C--TC-----T-----CC--A-----T-----C--T-----T--T--	1431
MAC.US..251_1A11	-----	1898
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----	1397
MAC.US..251_BK28	-----	1887
MAC.US..251_32H_PJ5	-----	1900
MAC.US..SMM142B	-----	1397
MNE.US..MNE027	-----T-----	1379
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----G-----	1379
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	--CA--S--C-----T--A-----Y--G--G--A-----T-----T-----C-----R--G-----T--A--C--G-----A-----T-----	1384
SMM.SL.92.SL92B	--CA--CCC--AG-----G--AG--A-----T--GGC--A--T--AG--C-----G--AG-----C--T--A--G-----G-----AC--C-----C--A-----G-----	1342
SMM.US..H9	--CA--S--C-----T--A-----Y--G--G--A-----T-----T-----C-----R--G-----T--A--C--G-----C--A-----T-----	1384
SMM.US..SME543	--A-----G-----A-----G-----A-----T-----G-----T-----A-----C-----G-----A-----	1899
SMM.US..17EC1	-----	1899
SMM.US..17EFR	-----	1899
SMM.US..F236_H4	--A-----A-----G-----A-----T-----A--G-----T--A--C--G-----A-----	1898
SMM.US..PBJ14_15	--CA-----C-----T--A-----T--G--G--A-----T-----T-----C-----G-----T--A--C--G-----A-----T-----	1678
SMM.US..PBJA	--CA-----C-----T--A-----T--G--G--A-----T-----T-----C-----A--G-----A-----C--G-----A-----T-----	1677
SMM.US..PGM53	--A--G--A--G-----T-----T--G--G-----G--A-----T-----G--A-----T-----A-----G-----C-----T-----	1828
SMM.US..PBJ_6P6	--CA-----C-----T--A-----T--G--G--A-----T-----T-----C-----A--G-----T--A--C--G-----A-----T-----	1870
STM.US..STM	--C--CC--G-----T--A-----C--G--G--A--T--T-----G-----A-----C-----T-----A--C--A-----C--T-----GTT-----	1561



HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TTCTAGATGTAAAACAAGGGCCAAAAGAGCCATTTTCAGAGCTATGTAGACAGGTTCTACAAAAGTTTAAAGAGCAGAACAGACAGATGCAGCAGTAAAGAATTGGATGACTCAAACACTGCTGATTCAAAA	2029
Gag p24	I L D V K Q G P K E P F Q S Y V D R F Y K S L R A E Q T D A A V K N W M T Q T L L I Q N	Gag
H2A.CI.88.UC2	-CT---C---G-G-A-----AT---C-----T---C---G---G---AG---CC-G-----A-----C-----G-A-G--	2082
H2A.DE..BEN	-CT---CA---G-A-----A-G-C-A-----C-G-G-----A---CC-----A-----C---G---A-A-G--	2082
H2A.DE..PE12	-C---C---G-A---G---G---C-A-----T-A-----CC-G-G-----A---CC-----A-----C---G---A-A-G--	2050
H2A.GH..GH1	-CT---C---G-G-A---G---A-G-C-----G-T-A-----T---C---G---G---A---C-G-----C-----C---G---A-A-G--	1526
H2A.GM..ISY	-----CA---G-A---T-G-C-A-----G-T-A-----C---G---G---A---C-G-----G-----C---G---AG-G--	1524
H2A.GM.87.D194	-CT---G-G-G-A---AT-G-C-----A-----CC-G-----A---CC-G-T---A-----C---G---A-A-G--	1526
H2A.GW..ALI	-C---CA---A---G---C-A-----T-A-----C---G---G---A---C-----A-----C---G---A-A-G--	2075
H2A.GW..MDS	-C---C---G-A---G---G---C-A-----T-A-----C-G-G---A---G-A-----G---A-A-G--	1526
H2A.GW.86.FG	-C---CA---T---A---G-A---C-A-----T-A-----C-G-G---A---C-----A-----C---G---A-A-G--	1520
H2A.GW.87.CAM2CG	-C---CA---G-A---G---T---C-A-----T-A-----C-G-G---A---C-----A-----C---G---AG-G--	2091
H2A.SN..ST	-C---CA---G-A---G---C---T---T-A-----G-C-G-G---A---C-----A-----C---G---AG-G--	1527
H2A.SN.85.ROD	-C---CA---G-A---G---G-C-A---T-A-----T-A-----C-G-G---A---C-----G-----C---G---AG-A--	1525
H2AB.CI..7312A	-A-----G-A---G---A-C-C-A---G-T-A---G-C-C-G---AG-G-CA-G-C-G-GAGCG---AG-G---A---G-C-G--	2049
H2B.CI..EHO	-A-G-CA-G---A-C-C-A---T-A---C-C-G-G---G-A---CC---A---A---A---G--	2044
H2B.CI.88.UC1	-AT---CA-G-G-A---A-T-C-A---C---C-G-G---G-A---CC---G-A---A---A---G--	2048
H2B.GH.86.D205	-AT---CA-G-G-A---G---C-C-A---T-A---C-C-G---A---CC---G-A---A---A---G--	2043
H2B.JP.01.KR020	-A-G-CA-G-G-A---G-A-C-C-A---A---C-G---A---CC-G---G---G---G---G--	1189
H2G.CI..ABT96	-C-----A-C---TCT---T-A---G-C-R---A-T-C---A---A-G---A---G--	1445
H2U.FR.96.12034	-CT---A---G---G---A-T---T-A---G---G---A---C---G-A---C---G-A---G-G---G--	1561
MAC.US..251_1A11	-----	2028
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----A---C-----	1527
MAC.US..251_BK28	-----C---A-----	2017
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A---C-----	2030
MAC.US..SMM142B	-----A---C-----	1527
MNE.US..MNE027	-----A---G---C---A---C-----	1509
MNE.US.82.MNE_8	-----C---A---C-----	1509
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	-----	1514
SMM.SL.92.SL92B	-T-G---G---A---A---A---T---T-A---G---C---G---A---CC-G---S-G-A---A---G--	1472
SMM.US..H9	-C-G---T---T---G---C---A---T---T-A---G---C---G---A---CC-G---S-G-A---A---G--	1514
SMM.US..SME543	-T-G---G---A---A---C---T-A---G---C---G---A---CC-G---S-G-A---C---G--	2029
SMM.US..17EC1	-----G---A---A---C---T-A---G---C---G---A---CC-G---S-G-A---C---G--	2029
SMM.US..17EFR	-----	2029
SMM.US..F236_H4	-T---G---A---A---C---T-A---G---C---G---A---C-C---C---C---G--	2028
SMM.US..PBJ14_15	-T-G---G---A---A---A---T---T-A---G-C-C---T---A---CC-G---G-A---A---G--	1808
SMM.US..PBJA	-T-G---G---A---A---A---T---T-A---G-C---A---CC-G---G-A---A---G--	1807
SMM.US..PGM53	-----G-C---G---G---C---C---T---A---C---C---G---G---G---G--	1958
SMM.US..PBJ_6P6	-T-G---G---A---A---A---T---T-A---G-C-C---T---A---CC-G---G-A-G---A---G--	2000
STM.US..STM	-T---C---G-----AA-G-C-A-T-----G---G---AG---C-T---G-A---GG---A-----	1691



see Kaye, *J Virol* 72(7):5877-5885(1998) Gag p2 role in RNA encapsidation

	TGCTAACCCAGATTGCAAGCTAGTGTCTGAAGGGGCTGGGTGTGAATCCCACCCCTAGAAGAAATGCTGACGGCTTGTCAAGGAGTAGGGGGCCGGGACAGAAAGGCTAGATTAATGGCAGAGCCCTGAAA	2159
Gag p24	A N P D C K L V L K G L G V N P T L E E M L T A C Q G V G G P G Q K A R L M A E A L K	Gag
MAC.US.-.MM239	---C-----C--T---T---A--A--A-----AA-----G-----C--C--C--G--G-----C--A--A--C--A--A--C---C-----T-----A---	2212
H2A.CI.88.UC2	---C-----C-----T---A--A--A--A-----GA-----G-----A--C--C--C--G--G-----C--A--A--C--A--A--C---C-----T-----A---	2212
H2A.DE.-.BEN	---C-----C-----T---A--A--A--A-----GA-----G-----A--C--C--C--G--G-----C--A--A--C--A--A--C---C-----T-----A---	2212
H2A.DE.-.PEI2	---C-----C--T--AT---A--A--A--A-----GA-----T--T--G--G-----C--C-----G--A--A--A--C--A--A--C---C-----T--A--G	2180
H2A.GH.-.GH1	---C-----C-----T---A--A--A--A-----GA-----G-----G-----G--G-----T--A--A--C--A--A--C---C-----C-----G	1656
H2A.GM.-.ISY	.T-G-----C--T---T---A--A--A--A--GA-----T--T-----G-----A--C--C-----GA-----T--A--A--C-----C-----C-----T--A--	1653
H2A.GM.87.D194	---C-----C-----T---AT--A--A--A--A--GA-----G-----G-----T--C--C--G-----C--A--AA--C-----A--C-----C-----T-----A--G	1656
H2A.GW.-.ALI	---C-----C-----AT-----A--AT--A--GA-----T--T-----G-----A--C--C-----G-----A--A--C-----A--C-----C-----T--A--G	2205
H2A.GW.-.MDS	---C-----C--T--AT---A--A--A--A-----GA-----T--T-----G-----A--C--C-----G-----A--A--A--C-----A--C-----G-----T--A--G	1656
H2A.GW.86.FG	---C-----T--AT---A--A--A--AT--A--AA-----T--T-----G-----CA--C-----G--G-----A--A--C-----A-----C-----A--G	1650
H2A.GW.87.CAM2CG	---C-----C--T--AT---A--A--A--AT--A--GA-----T--T-----G-----A--T--C-----T--A--A--C-----A--A--C-----C-----T--A--G	2221
H2A.SN.-.ST	---C-----C--T---T---A--A--A--A--A--GA--A-----T--T-----G-----A--C--C-----G--G-----T--A--A--C-----A--C-----C-----T--A--G	1657
H2A.SN.85.ROD	---C-----C--T--AT---A--A--A--A--A--GA-----C--T--T-----G-----C--C-----G--G-----T--A--A--C-----A--C-----C-----G-----	1655
H2AB.CI.-.7312A	-----A--C-----TT-----GCCAC--C-----G-----C--C-----G--A--A--C--A--A--A--G--C-----C--G--TT--A---	2179
H2B.CI.-.EHO	-----AT-----T-----CT--AA--C-----AT-----A--A--C--C--G--GA--A--C--A--G-----A--GC-----T--G--TT--A---	2174
H2B.CI.88.UC1	-----T---A--T-----CT--AA-----T--G-----A--A--C--C--G--GA--A--C--A--G-----A--GC-----T--G--TT--A---	2178
H2B.GH.86.D205	-----T-----T-----CT--AA-----T--G-----A--A--C--C--G--GA--A--C--A--G-----A--GC-----C-----T--A---	2173
H2B.JP.01.KR020	-----C---AT---A--T-----AA--C-----A--G-----A--A--C--C--G--GA--A--C--A--G--A-----A--GC-----C--G--TT--A--G	1319
H2G.CI.-.ABT96	---C-----T--AT---A--A-----T--AA-----T--TT--G-----T--A--C-----GR--A--A--A--G--A--A--C--GC--T-----T-----AT--A---	1575
H2U.FR.96.12034	-----C---A--C---T--A--A--TT---A-----T--T-----G-----A--A--C-----A--A--A--A-----GC--G-----T--A---	1691
MAC.US.-.251_1A11	-----A-----	2158
MAC.US.-.BK28_H824	-----A-----	0
MAC.US.-.MM142	-----AC-----C-----A-----	1657
MAC.US.-.251_BK28	-----A-----	2147
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----T---A-----A-----A-----	2160
MAC.US.-.SMM142B	-----AC-----C-----A-----	1657
MNE.US.-.MNE027	-----G-----A-----C-----A--A--A-----A--A--A-----	1639
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----A-----A-----A--A--A-----A--A--A-----	1639
SMM.US.-.PBJC	-----	0
SMM.US.-.PBJD	-----	0
SMM.US.-.PBJE	-----	0
SMM.US.-.PBJ_143	---C---G--C--T--AT--G---C---T---YA--A-----TT-----T---A--C---G---R---A---A--AS---C---G--AT---	1644
SMM.SL.92.SL92B	C--C---T-----A-----AT--A--A--T---CA-----G-----G---A--A--C---G---A--C--A-----CC--CC--C---G--A---	1602
SMM.US.-.H9	---C---G--C--T--AT--G---C---T---YA--A-----TT-----T---A--C---G---R---A---A--AS---C---G--AT---	1644
SMM.US.-.SME543	-----T--AT--G---C---T---CA-----TT-----T---A--C---G---A---A---A--A-----A--A-----AT---	2159
SMM.US.-.17EC1	-----	2159
SMM.US.-.17EFR	-----	2159
SMM.US.-.F236_H4	-----T--A-----C---T---CA-----TT-----T---A--C---G---A---A---A--A-----G-----AT---	2158
SMM.US.-.PBJ14_15	---C---G--C--T--AT--G---C---T---A--A-----TT-----T---A--C---G---A---A---A--A-----C---G--AT--A---	1938
SMM.US.-.PBJA	---C---G--C--T--AT--G---C---T---A--A-----TT-----T---A--C---G---A---A---A--A-----C---G--AT--A---	1937
SMM.US.-.PGM53	-----T--AT--G---C---T---CA-----TT-----T---A--C---G---A---A---A--A-----G-----G--AT---	2088
SMM.US.-.PBJ_6P6	---C---G--C--T--AT--G---C---T---A--A-----TT-----T---A--C---G---A---A---A--A-----C---G--AT--A---	2130
STM.US.-.STM	-----T-----C---AT--G--AT---A--T---CA-----G---T--A--A--A-----G--T---A--A-----A-----C--G-----T-----	1821

HIV-2/SIV
complete genomes

	Gag p2 end \\/ Gag NC (p9) start	
MAC.US.-.MM239	GAGGCCCTCGCACCAGTGCCAATC...CCTTTTGCAGCAGCCCAACAGAGG...GGACCAAGAAAG...CCAATTAAGTGTGGAAATTTGGGAAAGAGGGGACACTCTGCAAGGCAATGCAGAGCCCA	2280
Gag p2	E A L A P V P I . P F A A A Q Q R . G P R K . P I K C W N C G K E G H S A R Q C R A P	Gag
H2A.CI.88.UC2	-----TT-AA-----CCC-T-----A-----A-----G-G-----A-----G-----C-----G-----G-AA-G-----C-----A-T	2324
H2A.DE.-.BEN	-----TA-G-G-----AGC-T-----A-----A-----G-----G-----G-A-----C-----A-G-----G-----A-G-----C-----A-T	2324
H2A.DE.-.PEI2	-----A-----CC-T-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----A-G-T-G-----G-----A-G-----C-----A-T	2292
H2A.GH.-.GH1	-----TT-GA-----CCC-T-----A-----A-----G-----G-----GT-----G-----C-C-A-G-----G-----G-A-G-----C-----G-T	1768
H2A.GM.-.ISY	-----A-GCG-----CC-T-----A-----A-----G-----G-----A-G-----A-G-A-G-----G-----A-G-----C-----G-T	1765
H2A.GM.87.D194	-----TT-GA-G-----CC-T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----A-G-----G-AA-G-----C-----A-C	1768
H2A.GW.-.ALI	-----A-GA-----CT-T-----A-----G-----A-----G-----C-----A-G-A-G-----G-----A-G-----C-----A-C	2317
H2A.GW.-.MDS	-----A-GA-----CC-T-----A-C-----G-----G-----A-----C-----A-G-----G-----G-----A-C-----A-T	1768
H2A.GW.86.FG	-----T-A-G-----CC-C-----A-----G-----G-----A-T-C-----C-----A-G-A-----G-----A-G-C-G-T	1762
H2A.GW.87.CAM2CG	-----A-G-G-----CCC-T-----A-C-----G-----G-----A-G-----A-C-----G-----G-----A-C-----A-T	2333
H2A.SN.-.ST	-----A-G-----CC-C-----A-----G-----G-----G-----A-----C-----C-A-G-A-G-----G-----A-G-----C-----A-T	1769
H2A.SN.85.ROD	-----T-A-A-G-----T-CC-T-----A-C-----G-----G-----G-T-----A-C-----C-----A-G-A-G-----G-----A-G-----C-----A-T	1767
H2AB.CI.-.7312A	-----A---T-AA-G---C-CA-C-A---A-C-T-T-T---A---C-GG---GAGGGA-G-G-CA-C---C---C---G---TA-A-C-A---G---T-T	2303
H2B.CI.-.EHO	-----A---T-GA---TTCCA-C-AT---G---C-C-T---CA-AA---C-GGG-AG-G---A-G-G-CA-C---C-C-C-G-C---TA-A-C---G---AG---T	2295
H2B.CI.88.UC1	-----T-AA---T-CA-C-A---G---T-C-T---A-AA---C-GG-AG-GAGGGA-GG-G-CA-C---C-C-G-TA---A-A-C-A---G---T	2302
H2B.GH.86.D205	-----AA---T-CA-C-A---G---T-C-TT---A-AA---C-GGG-AG-GAGGGA-G-G-CA-C---C---C---A-A-C---G---T	2297
H2B.JP.01.KR020	-----A---T-GA---TCCA-TT-A---A---T---TT---A-A---C-GGG-AG-GAGGAG-G-G-CA-C---C---C---ATA---A-A-C---T-A	1443
H2G.CI.-.ABT96	-----A---T-AAAC---TACAG-CC-A---A---T---T---A-AAACA---GG-A-G-AGCA---A-A---C-G---TA-A-TT---A-G---C---T	1702
H2U.FR.96.12034	-----T-ACA---TA---T-A---C---T---AGGC-C---G-G---G-C-GA---C---C-G-A---A---G---T-A---T	1815
MAC.US.-.251_1A11	-----	2279
MAC.US.-.BK28_H824	-----	0
MAC.US.-.MM142	-----C-----A-----G-A-----	1778
MAC.US.-.251_BK28	-----GA-----G-----	2268
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----A-----A-----	2281
MAC.US.-.SMM142B	-----C-----A-----G-A-----	1778
MNE.US.-.MNE027	-----T-----G-----C-----A-----	1760
MNE.US.82.MNE_8	-----T-----G-----C-----A-----	1760
SMM.US.-.PBJC	-----	0
SMM.US.-.PBJD	-----	0
SMM.US.-.PBJE	-----	0
SMM.US.-.PBJ_143	-----T-A-GA-G-A-G---C---A---R---T---AA---A-R---AT---W---R---C---R-A-G-A---A---G---T	1765
SMM.SL.92.SL92B	-----C---A-GGGTCTTT-G-GGCAG-ACAGTTTAGG-GAGC-GC---AAGGCCA-GGG-AT---CCTATC-C-G---TT-C---A-GACA---G-A-G---T-C	1732
SMM.US.-.H9	-----T-A-GA-G-A-G---C---A---R---T---AA---A-R---AT---W---R---C---R-A-G-A---A---G---T	1765
SMM.US.-.SME543	-----A-GAG---AC-A-C---A---T---AA---A-G-G---A---C---R---A-G---A---G---T	2280
SMM.US.-.17EC1	-----	2280
SMM.US.-.17EFR	-----	2280
SMM.US.-.F236_H4	-----A-GAGG---AT-A-C---A---T---AA---A-G---A---C---A-G---AA---G---T	2279
SMM.US.-.PBJ14_15	-----T-A-GA-G-A-G---C---A---T---AA---A---AT---C---A-G-A---A---T	2059
SMM.US.-.PBJA	-----T-A-GA-G-A-G---C---A---T---AA---A---AT---C---A-G-A---A---T	2058
SMM.US.-.PGM53	-----A-GA-G---G-A-C---A---T---AA---A---C---A-G---C---AA---T	2209
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----T-A-GA-G-A-G---C---A---T---AA---A---AT---C---A-G-A---A---T	2251
STM.US.-.STM	-----T-T---CA---AC---C-G---C-C---CA---C---G---A-G-A-A-C---CA-G---A---AA-G---T-A-G---G	1939



	ribosome -1 slip site Gag to Gag-Pol	
	/ Pol start	Gag p9 end \ Gag p6 start
MAC.US.-.MM239	GAAGACAGGGATGCTGGAAATGTGGAAAAATGGACCATGTTATGGCCAAATGCCAGACAGACAGGCGGGTTTTTTAGGCCCTGGTCCATGGGGAAAGAAGCCCCGCAATTTCCCATGGCTCAAGTGC	2409
Gag p9	R R Q G C W K C G K M D H V M A K C P D R Q A G F L G L G P W G K K P R N F P M A Q V	Gag
Pol TF	F F R P W S M G K E A P Q F P H G S S A	772
H2A.CI.88.UC2	-----C-----C-GCCA-GA-CA-C-----A-T-----G-----GA-G-CT-C-----C-----G---C---CT-	2453
H2A.DE.-.BEN	-----C-----G-----C-GCCA-GA-CA-C-----A-C-----G-A-----A-----GT-G-C---C-----T-----C-----G-A-C---CC-	2453
H2A.DE.-.PEI2	-----C-----C-----TCA-GA-----C-----A-C-----A-----T-----GA-----C-----T-----C-----G-A-C-G---C-	2421
H2A.GH.-.GH1	-----C-----C-----G-CA-GA-C-C-----A-----A-----A-----GA-G-----C-----G---C---CT-	1897
H2A.GM.-.ISY	-----C-----C-----GTCA-GA-CA-C-----A-C-----T-----T-----G-----A-----C-----C-----G---TC-C-AGTT	1894
H2A.GM.87.D194	-----C-----G-----C-GTCA-GA-CA-C-----A-C-----G-A-----A-----GA-G-C---C-----C-----C-----G---C---CT-	1897
H2A.GW.-.ALI	---A-----C-----C-----GCCA-GA---C-----A-C-----A-----T-----G-----C-----T-----C-----G-AA-C-G---T-	2446
H2A.GW.-.MDS	-----C-----C-----G-CA-GA---A-C-----A-G-----A-----T-----GA-----C-C---C-----T-----C-----G---C-G---T-	1897
H2A.GW.86.FG	-----C-----G-----T-GTCA-GA-----C-----A-T-----T-----T-----GA-----C-AC-----G-----C-----GC---C---C-	1891
H2A.GW.87.CAM2CG	---G---C-----G-----C-----GCCA-GA-CA-C---A-A-T-----T-----T-----GA-----C-C---C-----G-----C---T-	2462
H2A.SN.-.ST	---A---C-----C-----GGCA-GA-CA-C---A-----A-----A-----GT-G-C---C-----TG-----C---A-C-	1898
H2A.SN.85.ROD	---G---C-----G-----T-GCCA-GA-CA-C---A-A-C-----T-----A-----A-----A-G-C-T-----C-----G---C---T-	1896
H2AB.CI.-.7312A	-----C-----C-----CCA-GA---CAAC---A-T-T-----A-----T-----G-----A-C-----T-----C-----G---C---T-	2432
H2B.CI.-.EHO	---G-----C-----C-GCAA-GA-CA-C---T-A-----A-----A-----GT-C-C---C-----T-----G---C-G-CA-	2421
H2B.CI.88.UC1	-----C-----C-----CAA-GA-CA-C---T-A-----A-----T-----GT-A-A-C---C-----T-----C-----A-C-	2431
H2B.GH.86.D205	-----C-----C-----CA-GA-CA-C---T-A-----A-----A-----GT-A-A-C---C-----T-----C-----A-C-	2426
H2B.JP.01.KR020	---G-----C-----CAA-GA-CA-C---T-A-----A-----A-----AT---C-C---C-----T-----TG-A-C---CA-	1572
H2G.CI.-.ABT96	---G-----G-----G-GCCA-G---CA-----T-----G-----A-----GT---A-T-----T-----C-----A-C---C-	1831
H2U.FR.96.12034	-----A---GCCA-GA---CAAC---T-GC-----A-CCA---T-----G---C-T---A-A---T---C-----C---C-	1944
MAC.US.-.251_1A11	-----C-----C-----G-----A-----T-----C-----C-----A-----	2408
MAC.US.-.BK28_H824	-----A-----C-----T-----	0
MAC.US.-.MM142	-----A-----C-----T-----	1907
MAC.US.-.251_BK28	-----C-----C-----T-----	2397
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----A-----C-----T-----	2410
MAC.US.-.SMM142B	-----A-----C-----T-----	1907
MNE.US.-.MNE027	-----C-----C-----G-----A-----T-----C-----C-----A-----	1889
MNE.US.82.MNE_8	-----C-----C-----G-----A-----T-----C-----C-----A-----	1889
SMM.US.-.PBJC	-----C-----C-----G-----A-----T-----C-----C-----A-----	0
SMM.US.-.PBJD	-----C-----C-----G-----A-----T-----C-----C-----A-----	0
SMM.US.-.PBJE	-----C-----C-----G-----A-----T-----C-----C-----A-----	0
SMM.US.-.PBJ_143	---R---C-----G-----GCA-G-----T-----C---A-----G---C-----C---GA-	1894
SMM.SL.92.SL92B	---GA---C-----G-----GG-GAA-GA-G-A-CA---C-----A-CAGA-----C-----T-----C-----G-GAC..	1856
SMM.US.-.H9	---R---C-----G-----GCA-G-----T-----C---A-----G---C-----C---GA-	1894
SMM.US.-.SME543	---C-----G-----GGG---C-----C---GT-----T---A-----GT---C-----C---GA-	2409
SMM.US.-.17EC1	---C-----G-----GGG---C-----C---GT-----T---A-----GT---C-----C---GA-	2409
SMM.US.-.17EFR	---C-----G-----GGG---C-----C---GT-----T---A-----GT---C-----C---GA-	2409
SMM.US.-.F236_H4	---C-----G-----C---GT-----T---A-----G---C-----C---GA-	2408
SMM.US.-.PBJ14_15	---C-----G-----GCA-G-----T-----C---A---A-----G---C-----C---GA-	2188
SMM.US.-.PBJA	---C-----G-----GCA-G-----T-----C---A---A-----G---C-----C---GA-	2187
SMM.US.-.PGM53	---C-----C-----CA-G---C-----C---A---A-----G---C-----C---GA-	2338
SMM.US.-.PBJ_6P6	---C-----G-----GCA-G-----T-----C---A---A-----G---C-----C---GA-	2380
STM.US.-.STM	-----A-T-T-----C-CA-G---CAG-----A-----T-----T---C-----A-C-----C---A-A-	2068

HIV-2/SIV
complete genomes

MAC.US.-.MM239	ATCAGGGGCTGATGCCAACTGCTCC...CCCAGAGGCCCCAGCTGTGGATCTGTAAAGAACTACATGCAGTTGGGCAAGCAGCAGAG.....AGA	2497
Pol TF	S G A D A N C S . . . P R G P S C G S A K E L H A V G Q A A E R	Pol
Gag p6	H Q G L M P T A P . . . P E D P A V D L L K N Y M Q L G K Q Q R E	Gag
H2A.CI.88.UC2	C-----A-----A-A-CCC...-CA--T--G--A-C--C--T--G--A--TT-----CA--G-GAA-----GGAGCAGAGGGAGAGACCATACAAGGAGGTGACCGGAAGACTTT	2580
H2A.DE.-.BEN	C-----A-----A-A-TCC...G-CA--T-----A-C--A--T--GG--GA--T-----CAA--G-GAA-----GGAGCAGAGGGAGAGACCATACAAGGAGGTGACCGGAGGACTTT	2580
H2A.DE.-.PEI2	CG-----CA-----A-A-CCC...-CA--T-----A-CA--C-----G--G--T-----CAA--G-G-A-----AAGAGCAGAAAATGAGACCATACAAGGAGGTGACAGAGGACTTT	2548
H2A.GH.-.GH1	C--C-----A-----A-A-CCC...-CA--T-----A-----AT--GG-A-GA--T-----CA--G-GAG-----GGAGCAGAGGGAGAGACCATACAAGGAGGTGACCGGAAGACTTT	2024
H2A.GM.-.ISY	CG-----A-CA-----A-A-CCC...-AT--T-----A-----C--A--GG--G-----CAA--G-GAA--A-----AGAGCAGAGACAAAGACCATACAAGGAGGTGACAGAGGACTTT	2021
H2A.GM.87.D194	C-----A-----A-A-CCC...-ATA--T-----A-----C--T--GG--A--T-----CAA--G-GAA-----AGAGCAGAGGGAGAGACCATACAAGGAGGTGACCGGAGGACTTT	2024
H2A.GW.-.ALI	CG-----AT-A-CA-----A-A-CCC...-CA--G-----A-C--C-----GG--C-G--T-----CA--G-GAA-----A--AGAGCAGAGAGAGAGGCCATACAAGGAGGTGACCGGAGGACTTT	2573
H2A.GW.-.MDS	CG-----A-CA-----A-A-CCC...-CA--T-----A-----C--A--GG--A--T-----CAA--G-GAA-----GGAGCAGAGAGAGACCATACAAGGAGGTGACAGAGGACTTT	2024
H2A.GW.86.FG	CG-----A-CA-----A-A-CCC...-TT--T-----A-----C--A--GG--A--T-----CAA--A--AAG--A-----GGAGCAGAGAGAGAGACCCTACAAGGAGGTGACAGAGGACTTT	2018
H2A.GW.87.CAM2CG	CA-----A-CA-----A-A-CCC...-TT--T-----A-----A--GG--A--T-----CAA--G--AAG-----GGAGCAGAGACAGAGACCATACAAGGAGGTGACAGAGGACTTT	2589
H2A.SN.-.ST	CG-----CA-----A-A-CCC...GATA--T-----TA-A--C--A--G--G-----CAA--G--AAG-----AGAGCAGAGAGAGAGGCCATACAAGGAGGTGACAGAGGACTTT	2025
H2A.SN.85.ROD	CG-----CA-----A-A-CCC...T--T-----A-----A--GG--A--T-----CAA--G--AAGA-----AGAGCAGAGAGAGAGACCATACAAGGAGGTGACAGAGGACTTT	2023
H2AB.CI.-.7312A	CC-----A-A-AG-----T--G--CCCAGATGA-CACAG--AG-GCA-GACA-ATC--GGAGCG--A-CA-CT-CGCCC-CTGCAGATCCGGCAGTGGAGATGCTGAAAAAGCTACATGCAACTAGGGA-	2562
H2B.CI.-.EHO	CC-----A-AG-----T--G--CCCAGATGA-CCCAG--TTC-GCATGACA-CTC--GGTGCG--T-CA-CT-CACCC-CTGCAGATCCAGCAGAGGAGATGCTAAAGAACTACATGCAACTAGGGA-	2551
H2B.CI.88.UC1	C-----AG--CA--T-----A--CCCAGATG--CCCAG--AG-GCATGACA-CTCG-GGGGCG-CA-CA-CT-CGCCC-CTGCAGATCCAGCAGTGGAGATGCTGAAAAAGCTACATGAAGATGGGGAG	2561
H2B.GH.86.D205	C-----AG--CA--T-----A--CCCAGATGA-CCCAG--AG-GCATGACA-CTCG-GGGGCG-CA-CA-CT-CGCCC-CTGCAGATCCAGCAGTGGAGATGCTGAAAAAGTTACATGCAGATGGGGAG	2556
H2B.JP.01.KR020	CC-----A-AC-----T-----A--ACCAATGA-CCCAG--AGAACATGACA-CTC--GGTGCA-----CA-CT-CGCCC-CTGCAGATCCAGCAGTGGAGATGTTGAAGGACTACATGCAGTAGGGAG	1702
H2G.CI.-.ABT96	C-----T-----CT--T-A-A-. . . A--GAT-----A--A--C--A--G-----T-----RC-----G-G-A--A-A.....	1916
H2U.FR.96.12034	CG-----A-----CC-----A--C--TCCAG--ACCAG--TG-ATCTG--ACCCC--CAGC-CCT-CAGC--A-CCAGCAGT-GA.....TCTGTCTAAAGAGCTACATGCAACAGGGCA-	2062
MAC.US.-.251_1A11	-----C-----	2496
MAC.US.-.BK28_H824	-----C-----	0
MAC.US.-.MM142	-----C-----A-A-----C-----	1992
MAC.US.-.251_BK28	-----C-----	2482
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----C-----	2498
MAC.US.-.SMM142B	-----C-----A-A-----C-----	1992
MNE.US.-.MNE027	-----CA-----A-----A-----	1974
MNE.US.82.MNE_8	-----C-----A-----A-----	1974
SMM.US.-.PBJC	-----C-----	0
SMM.US.-.PBJD	-----C-----	0
SMM.US.-.PBJE	-----C-----	0
SMM.US.-.PBJ_143	C.AACATCAT--CA--GT-A-A-. . . Y-----T-----A--G-----T-----A--G-----GAAG-----	1979
SMM.SL.92.SL92B	.AACATCAT--CA--GT-A-A-. . . Y-----T-----A--CCCAGGA-AG-C--G-G--TC-AG--AAA-CAC--AG-G-A-A.....	1937
SMM.US.-.H9	C-----CA-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----G-----GAAG-----	1979
SMM.US.-.SME543	C-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----GAA-----	2494
SMM.US.-.17EC1	-----C-----	2497
SMM.US.-.17EFR	-----C-----	2497
SMM.US.-.F236_H4	C-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----GAA-----	2493
SMM.US.-.PBJ14_15	C-----CA-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----GAAG-----	2273
SMM.US.-.PBJA	C-----CA-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----GAAG-----	2272
SMM.US.-.PGM53	C-----C-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----GAA-----	2423
SMM.US.-.PBJ_6P6	C-----CA-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----GAAG-----	2465
STM.US.-.STM	C-----C-----C-. . . T-----A-----C-----G-GA-GT-----C-----A-----	2153



Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	AAAGCAGAGAGAAAGCAGAGAGAAGCCCTTACAAGGA...GGTGACAGAGGATTTGCTGCACCTCAATTCTCTTTGGAGGAGACCAGTAGTACTGCTCATATTGAAGGACAGCCTGTAGAAGTATTAC	2624
Gag p6	K Q R E S R E K P Y K E . V T E D L L H L N S L F G G D Q \$	Gag
Pol TF	K A E R K Q R E A L Q G . G D R G F A A P Q F S L W R R P V V T A H I E G Q P V E V L	Pol
H2A.CI.88.UC2	-CT--CCTC--GCAGG-----CA--CG--GA-----C-----C-----AA-----A-AT-C-C-G-AT-----G-----C---	2707
H2A.DE..BEN	GCT--CCTC--GCAG-----CA--C--GA-----A-----C-----A-GT-C-C-G-AT-----G-----C---	2707
H2A.DE..PEI2	-CT--CCTC--CAAG-----CA--AC-----A-----C-----AA-----A-AT-G--G-T-----A-----C---	2675
H2A.GH..GH1	-CT--CCTC--GCAGG--A-AGCA--C--GA-----C-----C-----AA-----A-AT-C-C-G-T-----G-----C---T	2151
H2A.GM..ISY	GCT--TCTC--GCAAG-----CA--AC--GA-----AC-----C-----AAC-----A-AT-C-----G-AT-----A-----T---	2148
H2A.GM.87.D194	-CT--CCTC--GCAGG-----C--CC--GA-G-----C-----C-----A-----A-ATTC-C-G-AT-----G-----C---	2151
H2A.GW..ALI	-CT--CCTC--GCAGG-----CA--AC--A-----C-----C-----AA-----A-CT-C-----G-C-----A-G-----T---	2700
H2A.GW..MDS	GCT--CCTC--GCAGG--A--CA-A-G-----ACA-----C-----AC-----T-A-A-C-----G-----A-----T---	2151
H2A.GW.86.FG	-CT--GTTC--GCAGGC-----CA-A-G-G-----AC-----C-----AA-----A-A-C-----G-T-----A-----T-GT	2145
H2A.GW.87.CAM2CG	-CT--CCTC--CAAG-----GCC-A-G-G-----ACA-----C-----AA-----A-A-C-----G-T-----A-----T-GT	2716
H2A.SN..ST	CCT--CTC--G-AACA-----CA-A-G-GA-----AC-----C-----AA-----A-A-G-----G-C-----A-----T-G	2152
H2A.SN.85.ROD	-CT--CCTC--GCAGG-G--CA-A-G--GCCACCA-----C-----C-----AA-----A-AT-C-----G-T-----A-----C-GT	2153
H2AB.CI..7312A	GC-----G-AGCAG-G-G--C-----C-----A-----CAA-AT-C--G--T-----A-----G-----	2689
H2B.CI..EHO	G-----AG-G-A-----GA-C-----A-----A-----AA-AA-C-----G-T--AT-A-----G-----	2678
H2B.CI.88.UC1	-C-----G--C-----GA-C-----A-----A-----GA-ATG--C-G-T-----A-G-----	2688
H2B.GH.86.D205	-C-A-----G--C-----GA-C-----A-----A-----AA-ATG--C-G-T-----T-A-----	2683
H2B.JP.01.KR020A-GGG--G--A-C-----A-----A-----T-AA-AT-----G-T--AT-A-----	1829
H2G.CI..ABT96G-GCAG--A-C-A-C-----R-H-----GC-----AC-----AT-C-A--A-T-----A-----C-T	2034
H2U.FR.96.12034	G--A-A-AG-G-A-----GA-A-----G-----AAC-----A-----AT-C-A-G-G-A-A-----C---	2189
MAC.US..251_1A11	---A-----A-----A-----	2623
MAC.US..BK28_H824G-----	0
MAC.US..MM142G-----	2110
MAC.US..251_BK28G-----	2600
MAC.US..251_32H_PJ5G-----	2625
MAC.US..SMM142BG-----	2110
MNE.US..MNE027A-AG-----G-----A-----G-----C-----C-T	2092
MNE.US.82.MNE_8A-AG-----A-----A-----G-----C-----C-T	2092
SMM.US..PBJC	0
SMM.US..PBJD	0
SMM.US..PBJE	0
SMM.US..PBJ_143G-G-A-----GA-----A G-----A-----A-----CT-C-----A-----C-----T	2097
SMM.SL.92.SL92BGAC--G--GAGC-G-----C-----A-----GA-A-TA-A-G-T-----CC--G--TC---	2055
SMM.US..H9G-G-A-----GA-----A G-----A-----A-----CT-C-----A-----CA-----T	2097
SMM.US..SME543G-G-A-----GA-----A-----A-----CT-C-----A-----C-----T	2612
SMM.US..17EC1G-G-A-----GA-----A-----A-----CT-C-----A-----C-----T	2624
SMM.US..17EFRG-G-A-----GA-----A-----A-----CT-C-----A-----C-----T	2624
SMM.US..F236_H4G-G-A-----GA-----A-----A-----CT-C-----A-----C-----T	2611
SMM.US..PBJ14_15G-G-A-----GA-----A G-----A-----A-----G-CT-C-----A-----C-----T	2391
SMM.US..PBJAG-G-A-----GA-----A G-----A-----A-----G-CT-C-----A-----C-----T	2390
SMM.US..PGM53G-G-A-----GA-----A-----G-----CT-C-----A-----C-----T	2541
SMM.US..PBJ_6P6G-G-A-----GA-----A G-----A-----A-----G-CT-C-----A-----C-----T	2583
STM.US..STMG--GA--CA--C-----A-----A-C-----G-T-----C-T	2271

HIV-2/SIV
complete genomes

Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TGGATACAGGGCTGATGATTCTATTGTAACAGGAATAGAGTTAGGTCACATTATACCCCAAAAATAGTAGGAGGAATAGGAGGTTTTATTAATACTAAAGAATACAAAAATGTAGAAATAGAAGTTTT	2754
Pol protease	L D T G A D D S I V T G I E L G P H Y T P K I V G G I G G F I N T K E Y K N V E I E V L	Pol
H2A.CI.88.UC2	-A-----C-A-A-G-----GGACA--C-T---G---G---G---G-A-C-A-C-C-----T-G-----A---AC-	2837
H2A.DE..BEN	-A-C-----C-A-A-G-----A---GGACA--C-T---G---G---G-A-C-A-C-C-----A---AC-	2837
H2A.DE..PE12	-A-C-----C-C-A-A-G-----G---GAGCA--GT---G---G---G-A-C-A-C-C-G---T-----A---AC-	2805
H2A.GH..GH1	-A-C-----C-A-A-GG-----C---GGACA--CGTT---G---G---G-A-C-A-C-C---GATT---A---A---AC-	2281
H2A.GM..ISY	-A-C-----C-C-A-A-G-----GAGCA--GT---G---G---G-A-C-A-C-C---T---G---AG---GC-	2278
H2A.GM.87.D194	-A-C---A---C-A-A-G-----GGACA--C-T---G---G---G-A-C-A-C-C---T-----A-G-AC-	2281
H2A.GW..ALI	-A-C-----C-C-A-A-G-----GAGCA-C---G---G---G-A-C-A-C-C---TG-G---A---AC-	2830
H2A.GW..MDS	---C-G-----A-A-G-----A---AAGCA--GT---G---G---G-A-C-A-C-C-G---T-----CC-	2281
H2A.GW.86.FG	-A-C---A---A-C-C-A-A-G-----GAGCA--GT---G---G---G-A-C-A-C-C-G---T-----CC-	2275
H2A.GW.87.CAM2CG	-A-C-----C-A-A-G-----A---GAGCA--G---G---G-A-C-A-C-C---T---G---C---C-	2846
H2A.SN..ST	-A-C-----C-C-A-A-G---CG---GAGCA--GT---G---G---G-A-C-A-C-C---T-----AG---A-	2282
H2A.SN.85.ROD	-A-C-----C-C-A-A-G-----GAACA--G---G---G-A-C-A-C-C-G---T-----C-	2283
H2AB.CI..7312A	-A-C-----C-A-A-G-----A---AAGCA--C---G---G-A-C-A-C-C-G---T-----CA---AG-	2819
H2B.CI..EHO	-A-C---A---C-A-A-G---G---A---CAGCA--C---T---G---G---A---A---C-T-----AG-	2808
H2B.CI.88.UC1	-A-C---A---C-C-A-A-G-----A---AGCA--C---G---G---G-A-C-A-C-C---G---G---AG-	2818
H2B.GH.86.D205	-A-C---A-T---C-C-A-A-G---G---A---AGCA--C---G---G---G-A-C-A-C-C---G---G---AG-	2813
H2B.JP.01.KR020	-A-C---A---C-A-A-G-----A---AGTG--C---G---G-A-C-A-C-C---G---G---AG-	1959
H2G.CI..ABT96	-A-C---A---C-A-A-G-----A---AAGTA--GT---G---G---G-A-C-A-C-C---T---TA---GG-	2164
H2U.FR.96.12034	--A---C-----A-A-G---G---TA-A---AA--T---T---CT---G-A---A---A-C---A---A---TTC-C---A-C---A---A-	2319
MAC.US..251_1A11	-----	2753
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----	2240
MAC.US..251_BK28	-----	2730
MAC.US..251_32H_PJ5	-----T-----	2755
MAC.US..SMM142B	-----	2240
MNE.US..MNE027	-----G-----	2222
MNE.US.82.MNE_8	-A-----G-----	2222
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	-A-----A-A-G---G---T-A-G---A---T---T---C-C---C-C---T---G---A---A---A-	2227
SMM.SL.92.SL92B	-A---C---A-C-C-C-A-G---G---GGG-C-A-G---T---G-G-T---A-C-A---A---T-G-CA-A---A-	2185
SMM.US..H9	-A-----A-A-G---G---A-G---A---T---C-C---C-C---T---G---A---A---A-	2227
SMM.US..SME543	-A-----A-A-G---G---A-G---A---T---C-C---C-C---T---G---GA---A---C-	2742
SMM.US..17EC1	-----	2754
SMM.US..17EFR	-----	2754
SMM.US..F236_H4	-A-----C---A---G---G---A-G---A---T---C-C---C-C---T---G---A---A---C-	2741
SMM.US..PBJ14_15	-A-----A-A-G---G---T-A-G---A---T---C-C---C-C---T---G---A---A---A-	2521
SMM.US..PBJA	-A-----A-A-G---G---T-A-G---A---T---C-C---C-C---T---G---A---A---A-	2520
SMM.US..PGM53	-A-----A---GG---AC---A---T---A---G---G---G---C-C---C-C---G-T---G---A---C-	2671
SMM.US..PBJ_6P6	-A-----A---G---G---T-A-G---A---T---C-C---C-C---T---G---A---A---A-	2713
STM.US..STM	---C-----C-C-A-A-GG-G-G---C---G-T---A-C---GG-----T---A---A---G---TT-G---A-C---G-A-	2401



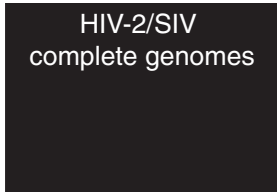
	AGGCCAAAAGGATTAAGGGACAATCATGACAGGGGACACCCCGATTAACATTTTGGTAGAAAATTTGCTAACAGCTCTGGGGATGTCTCTAAATTTCCCATAGCTAAAGTAGAGCCTGTAAAAAGTCGCC	2884
MAC.US..MM239	Pol protease	Pol
	G K R I K G T I M T G D T P I N I F G R N L L T A L G M S L N F P I A K V E P V K V A	
H2A.CI.88.UC2	-AAT----AG-A-G--CC--C-A-----A-T-----A-C-----C-----A-TT-G-----CT-A-C-----AT-----A-AG-C-----GGA-----AA-----A-AA-A	2967
H2A.DE..BEN	-AAT----AG-A-G--CC--C-A-----A-T-----A-C-----C-----A-T-G-----CT-A-C-----AT-----A-AG-T-C-GA-----AA-----AA-A	2967
H2A.DE..PEI2	-AAT--A-G-A--CC--C-A-----T-T-----A-C-----C-----CA-T-G-----CT-A-C-----AT-----C-A-AG-C-C-G-----C-GA-----AATA	2935
H2A.GH..GH1	-AAT----AG-A-G--CC--C-A-----A-T-----A-C-----C-----A-C-G-----CT-A-C-----AT-----A-A-C-C-GA-----A-AA-----AA-G	2411
H2A.GM..ISY	-AAT--A-G-A-G--CC--C-A-----T-T-----A-C-----C-----A-C-G-----CT--C-----AT-----A-AG-C-C-A-----A-A-----AA-A	2408
H2A.GM.87.D194	-AAT----AG-A-G--CC--C-A-----A-T-----A-C-----C-----A-T-GG-A-CT-A-C-----AT-----CC-A-AG-C-C-GT-----C-AA-----AA-A	2411
H2A.GW..ALI	-AAT----AG-A--CC--C-A-----T-----A-C-T-----C-----CA-TT-G-----CT-A-C-----AT-----CC-A-AG-T-C-GA-----AA-G-G--AAGA	2960
H2A.GW..MDS	---T----G-A-GG-CC--C-A-----T-T-----A-C-----C-----A-TT-G-----CT-A-C-----AT-----C-A-AG-C-C-GA-----A-AA-----A-AATG	2411
H2A.GW.86.FG	---T----G-A--CC--C-A-----T-T-----C-----C-----G-T-G-----T-A-C-----AT-----CC-G-AG-T-C-GA-----A-AA-----A-AATG	2405
H2A.GW.87.CAM2CG	---T----G-A-GG-CC--T-A-----C-----A-C-----C-----A-T-G-----CT-A-C-----AT-----C-A-AG-C-C-GA-----A-AA-----A-AATG	2976
H2A.SN..ST	-AAT----AG-A-G--CC--C-A-----C-T-----A-C-----C-----CA-T-G-----CT-A-C-----AT-----C-A-AG-C-C-GA-----A-AA-----A-AATG	2412
H2A.SN.85.ROD	-AAT--A-G-ACGG-CC--C-A-----C-----A-C-----C-----A-T-G-----CT-A-C-----AT-----C-A-AG-C-C-----AA-----A-AATG	2413
H2AB.CI..7312A	---A---A-G-A-GGTCA--T-A-----A-----A-A-T-----C-----A-CT--ACA-CT-A-C-----A-----C-AG-G-A-----A-A-G-G--CAG	2949
H2B.CI..EHO	---A---AG-A-G--CA--G-A-----A-----A-A-----C-----A-TT--ATAGCT-A-C-----A-----C-AG--A-GGA-----A-A-----CAG	2938
H2B.CI.88.UC1	G--A---AG-A-GG-CA--T-A-----A-----A-A-----C-----A-TT--ATA-AT-A-C-----A-----C-AG--A-GA-----A-A-----AAA	2948
H2B.GH.86.D205	G--A---AG-A-GG-CA--T-A-----A-----A-A-----C-----A-TT--ATA-CT--C--A--T-----C-AG-G-A-G-----A-A-----T-AG	2943
H2B.JP.01.KR020	---A---A--A-G--CA--T-A-----A-----A-A-----C-----A-T--ATA-CT--C--A--T-----C-AG--A-A-----A-A-----G--AAA	2089
H2G.CI..ABT96	---A---A-AC-G-CT--TG-T-----T-----T-A-T-C-----A-G--CA-TT--GTTAAG--A-C-----A-----A-T-A-G-----A-----AAGG	2294
H2U.FR.96.12034	G-----CA--G--T--C-A-----A-----A-C-T-----G--C-TT-G-----AA-----C-----C-----A--GA--A--CA-TA--C-TT-GG-GA	2449
MAC.US..251_1A11	-----A--G-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----GTCGC--	2883
MAC.US..BK28_H824	0
MAC.US..MM142	-----A-----A-----C-----G-----G-----GTCGC--	2370
MAC.US..251_BK28	-----T-----G-----C-----G-----G-----A--	2860
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A-----A-----T--CC-----C-----G-----G-----GTCGC--	2885
MAC.US..SMM142B	-----A-----A-----C-----G-----G-----GTCGC--	2370
MNE.US..MNE027	-----A-----A-----C-----G-----G-----A--	2352
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----A-----C-----G-----G-----A--	2352
SMM.US..PBJC	0
SMM.US..PBJD	0
SMM.US..PBJE	0
SMM.US..PBJ_143	-----GTA-----G--A-----T-----A-T-----A-T-----C-----C-----A--C-----C-C-AG-G-A-G--G-R--A-----AA-A	2357
SMM.SL.92.SL92B	---A--GGTA--A-G-AA--C-A-----A-T-----A-T-----C-----A-T--G--AT-A--G-C--T-----AC-AG-G-A-G--ATA-AC-----AAAG	2315
SMM.US..H9	-----GTA-----G--A-----T-----A-T-----A-T-----C-----C-----A--C-----C-C-AG-G-A-G--G-R--A-----AA-A	2357
SMM.US..SME543	-----GGTA-----G--A-----T-----G-A-T-----A-T-----C-----C-----A--C-----T-----C-----G-G--A-----AA-A	2872
SMM.US..17EC1	-----GTA-----G--A-----T-----A-T-----A-T-----C-----C-----A--C-----T-----C-C-----G-G--A-----AA-A	2884
SMM.US..17EFR	-----GTA-----G--A-----T-----A-T-----A-T-----C-----C-----A--C-----T-----C-C-----G-G--A-----AA-A	2884
SMM.US..F236_H4	-----GGTA-----G--A-----T-----G-A-T-----A-T-----C-----C-----A--C-----T-----C-C-----G-G--A-----AA-A	2871
SMM.US..PBJ14_15	-----GTA-----G--A-----T-----A-T-----A-T-----C-----C-----A--T-----C-C-----G-----A-----AA-A	2651
SMM.US..PBJA	-----GTA-----G--A-----T-----A-T-----A-T-----C-----C-----A--T-----C-C-----G-----A-----AA-A	2650
SMM.US..PGM53	-----GGTA-----G--A-----T-----A-T-----A-T-----C-----C-T-----A--C-----CT-----C-C--G--G--A-----AA-A	2801
SMM.US..PBJ_6P6	-----GTA-----G--A-----T-----A-T-----A-T-----C-----C-----A--T-----C-C-----G-----A-----AA-A	2843
STM.US..STM	-----G-AA--A-----A-T--T-----T-A-----C-----C--G--CC-AT-G-----T-----AT-----AG-----A--A-----G--GA-A	2531

HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TTAAAGCCAGGAAAGGATGGACCAAAATGAAGCAGTGGCCATTATCAAAAGAAAAGATAGTTGCATTAAGAGAAATCTGTGAAAAG...ATGGAAAAGGATGGTCAGTTGGAGGAAGCTCCCCGACCA	3011
Pol RT	L K P G K D G P K L K Q W P L S K E K I V A L R E I C E K . M E K D G Q L E E A P P T	Pol
H2A.CI.88.UC2	--G-----A-C-----GGC---A-A---CC-A-----AG---AA---AG-G-----A...-----A-G-C--AC-A--A--G--A--T--A--T	3094
H2A.DE..BEN	--G-----G-A-----GGC---A-A---CC-A-----G-A---AA---C-A-G-----A...-----A-G-C--C-A--A--G--A--T--A--T	3094
H2A.DE..PEI2	C-G--A-----A-----G-A-GA-A---TC-A-----AG---C-A-G-----A...-----GA-A-C--C-A--A--G--A--T--A--T	3062
H2A.GH..GH1	--G-----G-A-----G-C--GA-A---CC-A-----G-A---AA---C-----G---C-----A...-----G-C--AC-A--A--G--A--T--A--T	2538
H2A.GM..ISY	-----A-----G-----CAA-GA-A---CC-A--G-----A---AA---C-----A...-----GA-A---C-A--A--G--A--T--A--T	2535
H2A.GM.87.D194	--G-----G-A-----GGC---A-A---CC-A-----A---AA---C-A---T-----A...-----G--G-C--AC-A--A--G--A--T--A--T	2538
H2A.GW..ALI	-----A-C-G-----A-GA-A---C-A-----A---AG---C-A-----A...-C---GA-A-C--A--A--G--A--T--A--T	3087
H2A.GW..MDS	C-----G-----C---GA---T-A-----A---AA---C-A-G-----A...-----GA-A-C--C-A--A--G--A--T--A--T	2538
H2A.GW.86.FG	C-----G-A-----G-C-A--A-A---T-A-----A---AA---C-A-----A...-----A-A-C--C-A--A--G--A--T--A--T	2532
H2A.GW.87.CAM2CG	C-----A-----G---GA-A---C-GA-----A---AA---C-A-G-----A...-----A-A-C--C-A--A--G--A--T--A--T	3103
H2A.SN..ST	C-G-----C---GA-A---C-A-----A---AG---C-A-G-----G-A...-----GA-G-C--C-A--A--G--A--T--A--T	2539
H2A.SN.85.ROD	C-----G-A-----C---GA-A---C-A-----A---AA---C-A-G-----A...-----A-A-C--C-A--A--G--A--T--A--T	2540
H2AB.CI..7312A	-----T-A-----A-C-GA-A---TC---T-----C-G--CC-T---G-----A...-----G-G--C-A--A--AT-T--C--T	3076
H2B.CI..EHO	-----T-A-----G---A-C-GA-A---CC---C---G-A---C-A--CC-C-A-----A...-----A-G-A--A--A--G--G--T--T--T	3065
H2B.CI.88.UC1	C-----T-G-A-----A-C-GA-A---TC---C-----T-G--CC-C-AG-----A...-----G-A-A--C-A--A--G--G--T--T--T	3075
H2B.GH.86.D205	-----A-T-----A-----G---GA-C-GA-A---TC---C-GG-----C-A--CC-C-A-----A...-----G-A-A--A--A--A--T--T--T	3070
H2B.JP.01.KR020	C---A-T---A-----A-C-GA-A---TC---T-----C-G--CC-T-A-G-----A...-----A-G-A--AC-A--A--G--T--T--T	2217
H2G.CI..ABT96	C---A-T---C-T---G---A-C-G---A---CC---T-G---A---CAA---C-C-G---T---C-A...-----C-A-G-A--A--A--A--C--C--T	2421
H2U.FR.96.12034	C---A---C-----A-GA-----T---T-G---AT---AA-----A-G-A---G-A...-----G-A-A--A--A--A--C--C--T	2576
MAC.US..251_1A11	-----A-T-----	3010
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----A-----	2497
MAC.US..251_BK28	-----T-----	2987
MAC.US..251_32H_PJ5	-----	3012
MAC.US..SMM142B	-----A-----	2497
MNE.US..MNE027	-----A-----G-----	2479
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----G-----	2479
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	C---A---A-----A-----A-GA-----GC-----A-----A-----G-A---C---A--R--C--T--A--	2484
SMM.SL.92.SL92B	--G--GAG--T---G---G---A-A-A---C---T-G---CAA---C---G---C-G-A...-----G-A-G-A--A--ACG--C--T--T--A	2442
SMM.US..H9	C---A---A-----A-----A-GA-----GC---G---A-----A-----G-A---C---A--R--T--A--	2484
SMM.US..SME543	C---A---G-A-A-----A-----GA-----GC-----A-----A-----A---C---A--R--C--T--A--	2999
SMM.US..17EC1	-----	3011
SMM.US..17EFR	-----	3011
SMM.US..F236_H4	C---A---A-----A-----A-GA-----GC-----A-----A-----A---C---A--C--T--A--	2998
SMM.US..PBJ14_15	C---A---A-----A-----A-GA-----GC-----A-----G-----A-----G-A---C---A--C--T--A--	2778
SMM.US..PBJA	C---A---A-----A-----A-GA-----GC-----A-----A-----G-----A-----G-A---C---A--C--T--A--	2777
SMM.US..PGM53	C---A---A-C-----A-----GA-----GC-----A-----A-----A-----A---C---A--C--T--A--	2928
SMM.US..PBJ_6P6	C---A---A-----A-----A-GA-----GC-----G-----A-----G-----A...-----G-A---C---A--C--T--A--	2970
STM.US..STM	-----A-----A-----A-A-A-A-----AG---C---A---G-----A...-----G-----G---C-A-A--A-----T--A--A--	2658



Strain	ATCCATACAACACCCACATTTGCTATAAAGAAAAAGGATAAAGAAACAAATGGAGAATGCTGATAGATTTTAGGGAACTAAATAGGGTCACTCAGGACTTTACGGGAAGTCCAATTAGGAATACACACCC	3141
Pol RT	N P Y N T P T F A I K K K D K N K W R M L I D F R E L N R V T Q D F T E V Q L G I P H P	Pol
H2A.CI.88.UC2	---T-T-T-----A-T-----C-----G---A-----A-----C---G---A--T--C--A--A-T-GC-----T-----	3224
H2A.DE.-.BEN	---T-T-T-----A-T-----C-----G---A-----A-----C---G---A--T--C--A--A-T-GC-----T-----	3224
H2A.DE.-.PEI2	---T-T-T-----A-T-----C-A-----A-----A-----A---G---C--A--A-T-G-----T-----	3192
H2A.GH.-.GH1	---T-T-T-----A-T-----C-----G---A-----C-----C---A---A---T--C--A--A-T-GC-----T-----	2668
H2A.GM.-.ISY	---C-T-T-----T-----A-T-----C-A-----A-----A-----C-A---A---A--T--C--A--G-T-G-----T-----	2665
H2A.GM.87.D194	---T-T-T-----A-T-----C-----G---A-----A-----C---G---A--T--C--A--A-T-GC-----T-----	2668
H2A.GW.-.ALI	-C-T-T-T-----A-----G---C-A-----A-----A-----T--C-A---A---A--T--C--A--GA-T-G-----G-T-----T--	3217
H2A.GW.-.MDS	---T-T-T-----A-C-G-----C-A-T-----G---A-----A-----A---T--C-A---A---A--T--G-----T-----T--	2668
H2A.GW.86.FG	---T-T-T-----A-C-----C-A-----A-----C-----G---C-A---A---A---T--C--A---A--T-G-----T-----	2662
H2A.GW.87.CAM2CG	---T-T-T-----A-C-G-----C-----G---A-----A---A-G---C-AA--A--C--A--T--C--A---A---G-----T-----	3233
H2A.SN.-.ST	---T-T-T-----A-C-----C-A-----A-----A-----C-A---A---A---C-A---A---G-----T-----	2669
H2A.SN.85.ROD	---T-T-T-----A-C-----C-A-----A-----G---A-----C-A---A---A---A--T--C--A---A--T-G-----T-----	2670
H2AB.CI.-.7312A	-----A-----C-----A-----A-----C-C-----T-----A---A--C--A---A---A---G-----C---T--T--C-----	3206
H2B.CI.-.EHO	-----TT-G-----C-C-C-----A-G--A--C--A-----G---A-----A-----C-A---A---C--A---A---A---G-----GC-G--T--T--T-----	3195
H2B.CI.88.UC1	-----A-----C-----C-----A-G-GA-----A-----A-----A-----A---T--C-A---G--C--A---A---C-G--T--T--C-----	3205
H2B.GH.86.D205	-----A-----C-----C-----G--A-----A-----A-----C-----A---GT--C-A---A---C-----C-A---A--C-GG-T--T--C--C...A-----	3197
H2B.JP.01.KR020	---C-----A-----C-C-C-----A-G-GA--C--A-----T-----A-----A---T--C-A---A---C--A-----A---GC-G--C--T--C-----	2347
H2G.CI.-.ABT96	---G-T-----A-----C-A-----C-----G---C--A-----T-A-----C-C-A-----T--C-----A---C-----T-----G-G--C--T-----	2551
H2U.FR.96.12034	---T-----T-----C-----C-----G---C--A-----T-A-----C-----A---GT--C--A---A---A--T---GT-----G-----T-----C-----	2706
MAC.US.-.251_1A11	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	3140
MAC.US.-.BK28_H824	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	0
MAC.US.-.MM142	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	2627
MAC.US.-.251_BK28	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	3117
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	3142
MAC.US.-.SMM142B	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	2627
MNE.US.-.MNE027	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	2609
MNE.US.82.MNE_8	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	2609
SMM.US.-.PBJC	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	0
SMM.US.-.PBJD	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	0
SMM.US.-.PBJE	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	0
SMM.US.-.PBJ_143	-----T-----TT-----R-GR-A--C-GA--T-----G---A-----A-----A---T--C-A---A---A---A---A---A---G-----G-----T-----	2614
SMM.SL.92.SL92B	---T-T-T-A-G-C-----T-----R-GR-A--CGGA--T-----G---A-----C-----A---T--C-AAA-G--A--A--A--C--A---A---GC-G--T--C-----T-----	2572
SMM.US.-.H9	---T-T-T-A-G-C-----T-----R-GR-A--CGGA--T-----G---A-----A-----A---T--C-A---A---A---A---A---A---G-----G-----T-----	2614
SMM.US.-.SME543	---G-T-----T-----G--A--C--A--T-----A-----A-----A---T--A---A---A---A---A---A---G-----G-----T-----	3129
SMM.US.-.17EC1	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	3141
SMM.US.-.17EFR	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	3141
SMM.US.-.F236_H4	---G-T-----T-----G--A--C--A--T-----G---A-----A-----A---T-G--A-----A-----A---A---A---G-----G-----T-----	3128
SMM.US.-.PBJ14_15	---T-----T-----G--A--C--T-----G---A-----A-----A---T--C-A---A---A---A---A---A---G-----G-----T-----	2908
SMM.US.-.PBJA	---T-----T-----G--A--C--T-----G---A-----A-----A---T--C-A---A---A---A---A---A---G-----G-----T-----	2907
SMM.US.-.PGM53	---T-----A--G--A--C--A--T-----G---A-----A-----A---T-G--A---T---A---T---A---A---A---G-----G-----T-----	3058
SMM.US.-.PBJ_6P6	---T-----T-----G--A--C--T-----G---A-----A-----A---T--C-A---A---A---A---A---A---G-----G-----T-----	3100
STM.US.-.STM	---T-----T-----T-----C--A---G---G-----C--A-----AA--G--A--A--T-----A---A--T--GC-----T-----	2788

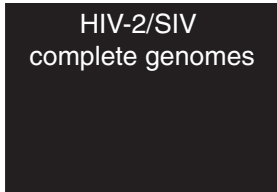


HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TGCAGGACTAGCAAAAAGAAAAGAATTACAGTACTGGATATAGGTGATGCATATTTCTCCATACCTCTAGATGAAGAATTTAGGCAGTACACTGCCTTTACTTTACCATCAGTAAATAATGCAGAGCCA	3271
Pol RT	A G L A K R K R I T V L D I G D A Y F S I P L D E E F R Q Y T A F T L P S V N N A E P	Pol
H2A.CI.88.UC2	A-----T---C---A-----G---T---A---G---G---C---C---T-----A---T-----C---T---A---CC-----C---T---A---	3354
H2A.DE..BEN	G-----C---A-----G---CT-TA---T---A---G---G---C---T-----A---C---T-----T-----A---T---A---CC-----G---ATG---A---	3354
H2A.DE..PEI2	A-----T---C---G-AA-G---G---T---A---G---G---C---C---T-----A---C---G---C---A---A---T---A---CC-----A---G---C---A---	3322
H2A.GH..GH1	G-----T---C---A-----G---C---T---A---G---G---C---C---T-----G---C---T-----T-----A---T---A---CC-----C---A---	2798
H2A.GM..ISY	A-----T---C---G-AA-G---G---T---GT-A---G---A---C---C---T-----C---T---G---T---A---T---A---CC-----C---G---C---A---	2795
H2A.GM.87.D194	G-----T---C---A-----G---T---A---G---G---C---C---T-----A---C---T-----T-----A---T---A---CC-----C---A---	2798
H2A.GW..ALI	A-----T---C---G-AA-G---C---T---G---G---G---T---C---T-----A---GC---GAGC---A---T---A---CC-----C---A---	3347
H2A.GW..MDS	A-G-----C---G-A-G---G---T---A---G---G---T---C---T-----A---GC---C---A---T---A---CC-----G---C---A---	2798
H2A.GW.86.FG	A-----T---G---C---A---GG---T---A---G---G---T---C---T-----A---C---G---C---A---T---A---C---C-----C---A---	2792
H2A.GW.87.CAM2CG	A-----T---C---A---G---T---A---G---G---T---T-----AT---C---C---A---T---A---CC-----G---C---A---	3363
H2A.SN..ST	A-----C---G-A---C---T---C---A---G---G---T---C---T-----A---C---G---T---A---T---A---CC-----A---C---T---A---	2799
H2A.SN.85.ROD	A-----GT-G---C---G-A-G---T---A---G---G---T---C---T-----A---C---G---C---A---CA---T---A---CC-----A---G---C---A---	2800
H2AB.CI..7312A	G---G---G---G---AA-GG---A---GA-A---G---A---C---C---AGTG-C---A---CCC---C---C---A---T---A---A---C---G---A---A---	3336
H2B.CI..EHO	A-----G---TC---A---A---A---G---A---C---C---AGTG-C---A---CC---C---C---A---A---T---A---A---C---G---G---A---	3325
H2B.CI.88.UC1	G---GT-G---G---AA-GG---A---A---A---G---G---A---C---C---AGT---C---A---CC---A---C---A---T---A---A---C---C---G---A---C---	3335
H2B.GH.86.D205	CCGGCAGG-G---G---AA-GG---A---A---A---G---G---A---C---C---AGT---C---A---CC---A---C---A---T---A---A---C---C---G---C---	3327
H2B.JP.01.KR020	G---G---G---A---A---A---A---A---A---C---C---AGT---C---A---CC---T---C---A---A---A---A---C---G---G---A---	2477
H2G.CI..ABT96	-----TT-G---G---AA-GG---A---A---A---G---G---C---C---AG---T---T---T---C---A---A---T---C---C-----C---A---	2681
H2U.FR.96.12034	A-----TG-G-AA--G-G-A---T---A---G---G---C---C---AG--C-G--GTG---C-C---A---T---T-----CA-T-----A---	2836
MAC.US..251_1A11	-----G-----C-----	3270
MAC.US..BK28_H824	-----T-----	0
MAC.US..MM142	-----G-----C-----T-----	2757
MAC.US..251_BK28	-----G-----	3247
MAC.US..251_32H_PJ5	-----G-----	3272
MAC.US..SMM142B	-----G-----C-----T-----	2757
MNE.US..MNE027	-----G---G---C-----G---C-----T-----A---	2739
MNE.US.82.MNE_8	-----G---G---C-----G---C-----T-----A---	2739
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	-----G---A---G---G---C---GT---G---G---C---T---AG---C---CCCC---C---A---A---A---A---C---A---G---C---A---	2744
SMM.SL.92.SL92B	G---C---AAGG---T---G---G---A---G---A---G---G---C---T---AG---C---CCCC---C---A---A---A---A---C---A---G---C---CCA---A---	2702
SMM.US..H9	-R---G---A---G---G---C---GT---G---G---C---T---AG---C---CCCC---C---A---A---A---A---C---A---G---C---CCA---A---	2744
SMM.US..SME543	-----G---A---GG---G---C---T---G---G---C---T---AG---C---CCCC---C---A---A---A---A---C---A---G---C---CCA---A---	3259
SMM.US..17EC1	-----	3271
SMM.US..17EFR	-----	3271
SMM.US..F236_H4	-----G---A---GG---G---C---T---G---G---C---T---AG---C---CCCC---C---A---A---A---A---C---A---G---C---CCA---A---	3258
SMM.US..PBJ14_15	-----G---A---G---G---C---GT---G---G---C---T---AG---C---CCCC---C---A---A---A---A---C---A---G---C---CCA---A---	3038
SMM.US..PBJA	-----G---A---G---G---C---GT---G---G---C---T---AG---C---CCCC---C---A---A---A---A---C---A---G---C---CCA---A---	3037
SMM.US..PGM53	-----G---G---C---T---G---G---C---T---AG---C---CCCC---C---A---A---A---A---C---A---G---C---CCA---A---	3188
SMM.US..PBJ_6P6	-----G---A---G---G---C---GT---G---G---C---T---AG---C---CCCC---C---A---A---A---A---C---A---G---C---CCA---A---	3230
STM.US..STM	-----G---G---C---T---G---G---C---T---AG---C---CCCC---C---A---A---A---A---C---A---G---C---CCA---A---	2918



Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	GGAAAAAGGATACATTTATAAGGTTCTGCCTCAGGGATGGAAGGGGTACCAGCCATCTTCCAATACACTATGAGACATGTGCTAGAACCCCTTCAGGAAGGCAAAATCCAGATGTGACCTTAGTCCAGTATA	3401
MAC.US..MM239	Pol RT	Pol
H2A.CI.88.UC2	-----A-----A-----CT-A-A-A-G-----A-----A-----T-----T-----A-----G-GA-CT-----T-----A-A-----C-----C-T-C-CA-----C	3484
H2A.DE..BEN	-----A-----T-----A-----A-CT-A-A-A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----G-A-CT-----T-----A-A-----C-----C-TTC-CA-----C	3484
H2A.DE..PEI2	-----GA-----T-----A-----A-C-A-A-A-----A-----A-----G-----A-----T-----T-----C-----A-----G-G-CT-----G-----A-----A-----C-----C-TTC-C-----A	3452
H2A.GH..GH1	-----A-----T-----A-----A-----CT-A-A-A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----G-A-CT-----T-----A-A-----C-----C-TTC-CA-----A-C	2928
H2A.GM..ISY	-----A-----T-----A-----C-----A-----CT-A-A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----G-A-CT-----A-----A-----C-----C-TTA-C-----T-----C	2925
H2A.GM.87.D194	-A-----A-----TG-A-----CT-A-A-A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----TG-----G-AA-CT-----T-----A-A-----C-----C-TTC-CA-----A-C	2928
H2A.GW..ALI	-----A-----T-----A-----A-----CT-A-G-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----G-A-CT-----G-----A-----A-----C-----C-AG-----C-TTC-CA-----T-----A-C	3477
H2A.GW..MDS	-----A-----T-----A-----A-----CT-A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----G-TT-----A-----A-----C-----C-AG-----C-TTA-CA-----T-----C	2928
H2A.GW.86.FG	-----A-----T-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----G-GA-CT-----A-----A-----A-----C-----C-AG-----C-TTA-CA-----T-----C	2922
H2A.GW.87.CAM2CG	-----A-----T-----A-----A-----CT-A-G-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----G-G-CT-----G-----A-----A-----C-----C-TTA-CA-----T-----C	3493
H2A.SN..ST	-----A-----A-----A-----CTCA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----G-G-CT-----A-----A-----A-----C-----C-G-----A-C-TTC-CA-----T-----C	2929
H2A.SN.85.ROD	-----A-----A-----A-----CT-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----G-AT-----A-----A-----A-----C-----C-CAAG-----C-TTA-CA-----T-----C	2930
H2AB.CI..7312A	-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----C-----T-----A-----G-----C-----CAAT-----C-----A-----A-----C	3466
H2B.CI..EHO	-----GA-----TC-----C-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----GC-A-G-----A-----C-----T-----A-----A-----C-----CAAT-----C-----TA-----A-----C	3455
H2B.CI.88.UC1	-----GA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----T-----C-----GA-G-AT-----T-----T-----A-----A-----C-----CAGC-----C-TTA-----A-----T-----C	3465
H2B.GH.86.D205	-----GA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----AGT-----A-----T-----GT-----T-----C-----A-----G-----AT-----T-----T-----T-----A-----C-----CAGC-----C-TTA-----A-----T-----C	3457
H2B.JP.01.KR020	-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----T-----T-----CG-AG-----GA-----A-----C-----A-----A-----C-----GAT-----C-----A-----C	2607
H2G.CI..ABT96	-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----C-----T-----A-----GA-----G-----A-----C-----A-----A-----C-----GAG-----R-----A-----TTA-----YA-----A-----A	2811
H2U.FR.96.12034	-----A-----A-----C-----C-----GT-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----T-----A-----GA-----CC-----A-----G-----G-----A-----T-----A-----GA-----CTGT-----A-----A-----T-----A	2966
MAC.US..251_1A11	-----A-----	3400
MAC.US..BK28_H824	0
MAC.US..MM142	2887
MAC.US..251_BK28	3377
MAC.US..251_32H_PJ5	-----G-----A-----	3402
MAC.US..SMM142B	2887
MNE.US..MNE027	-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----	2869
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----C-----A-----G-----	2869
SMM.US..PBJC	0
SMM.US..PBJD	0
SMM.US..PBJE	0
SMM.US..PBJ_143	-----A-----C-----AT-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----RC-----T-----R-----A-----CT-----T-----A-----A-----C-----C-GA-----A-----C	2874
SMM.SL.92.SL92B	-----GA-----G-----T-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----GGCA-----C-----G-----G-----AT-----T-----A-----A-----T-----C-----CTTC-----C	2832
SMM.US..H9	-----A-----C-----AT-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----RC-----T-----R-----A-----AT-----T-----T-----A-----A-----C-----C-GA-----A-----C	2874
SMM.US..SME543	-----A-----C-----AT-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----G-----T-----A-----AT-----T-----A-----A-----C-----C-GA-----C-----C	3389
SMM.US..17EC1	3401
SMM.US..17EFR	3401
SMM.US..F236_H4	-----A-----C-----AT-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----G-----T-----A-----AT-----T-----A-----A-----C-----C-GA-----A-----C	3388
SMM.US..PBJ14_15	-----A-----C-----AT-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----GC-----T-----A-----CT-----T-----A-----A-----C-----C-GA-----A-----C	3168
SMM.US..PBJA	-----A-----C-----AT-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----GC-----T-----A-----CT-----T-----A-----A-----C-----C-GA-----A-----C	3167
SMM.US..PGM53	-----A-----C-----AT-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----GC-----T-----A-----CT-----G-----T-----A-----A-----C-----C-GA-----A-----C	3318
SMM.US..PBJ_6P6	-----A-----C-----AT-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----GC-----T-----A-----CT-----T-----A-----A-----C-----C-GA-----A-----C	3360
STM.US..STM	-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----AT-----G-----A-----GA-----C-----C-----A-----TC-----GA-----A-----C	3048



HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TGGATGACATCTTAATAGCTAGTGACAGGACAGACCTGGAACATGACAGGGTAGTTTTACAGTCAAAGGAACTCTTGAATAGCATAGGGTTTTCTACCCGAGAGAGAAATCCAAAAAGATCCCCCATT	3531
Pol RT	M D D I L I A S D R T D L E H D R V V L Q S K E L L N S I G F S T P E E K F Q K D P P F	Pol
H2A.CI.88.UC2	-----T-----A--G-GTT-A--G-----AA--G--CC-G--CT--A-----C-A--G--C-----C-----G-----G-----C--T--G--	3614
H2A.DE..BEN	-----T-----GTT-A--G-----AA--G--CC-G--CT--A-----TC-A--G--C-----C-----T-----G-----C--T--	3614
H2A.DE..PE12	-----T-----C-----T-A--G-----AACG--CC-G--T--A-----T-A--G--C--A--C--C-----T-----G-----C--T--A	3582
H2A.GH..GH1	-----T--T-----GTT-A--G-----AA--CC-G--CT--A-----TC-A--G--C-----C-----T-----G-----C--T--GC-	3058
H2A.GM..ISY	-----T-----TT-----AA--CC-G--CT--A-----TC-A--G--C--G--A-----C-----C--A--G-----G--C--T--A	3055
H2A.GM.87.D194	-----T-----G-GTT-A--G-----AA--CC-G--ACT--A-----T--G--C-----C-----T-----G-----G--C--T--G--	3058
H2A.GW..ALI	-----T-----TT-A-----A--G--CC-G--T-----C-A--G--C--A-----C-----T-----G-----C--T--A	3607
H2A.GW..MDS	-----T-----C-----T-A-----A--CC-G--CT-----C-A--G--C--G-----C-----T--A--G-----C--T--A	3058
H2A.GW.86.FG	-----T-----C--C-----T-A-----AA--G--CC-G--CT--A-----TC-A--G--AC--A-----C-----T-----G-----C--T--A	3052
H2A.GW.87.CAM2CG	-----T-----T-A-----AA--G--C--G--CT-----TC-A--A--C--A-----C-----T-----G-----C--T--A	3623
H2A.SN..ST	-----T--G--C--C-----TT-A-----A--G--C--G--CT-----TC-A--G--C--G--A-----C-----T-----G-----C--T--A	3059
H2A.SN.85.ROD	-----T-----TT-A-----T-----CC-G--CTC-----TC-A--G--C--A-----C-----T-----G-----C--T--A	3060
H2AB.CI..7312A	-----C--TG-G--A--C--T--A--GT--T--A-----T--A-----G--CT--ACT--A--G--AC--A--GA--G--A-----C-----T-----A-----G--C--T--	3596
H2B.CI..EHO	-----TC--CG--G--A-----G--C--T-----G-----G--CT--ACT--A--G--A--A-----A--G--A--C-----T-----A--G-----C--T--	3585
H2B.CI.88.UC1	-----C--T--A-----A--GT--T-----G-----G--CC--ACT--A--G--A--A-----GA--G--A--C-----T-----A--G-----C--T--G--	3595
H2B.GH.86.D205	-----C--T--A-----A--GT--T-----G--C-----G--CC--ACT--A--GT--A--A-----GA--G--A--C-----T-----A--G-----C--T--G--	3587
H2B.JP.01.KR020	-----C--TG--G--A-----A--GC--T--A-----TCAA-----G--C--T--ACTG--A--G--A--A-----GA-----A--C-----T-----A--G-----G--C--	2737
H2G.CI..ABT96	-----TC--TG--G--C-----A--T--TT--A-----TCAA-----G--C--T-----A-----AA--CR-----C-----T--T--A--G-----C--T--A	2941
H2U.FR.96.12034	-----TC--T-----C-----T--A--AT--TT--A--G-----TCAA--T-----C-----CTC-----G--AC-----A--AG--C--A-----AGC-----C--A-----T--G-----C--A--CA	3096
MAC.US..251_1A11	-----A-----T-----A-----	3530
MAC.US..BK28_H824	-----T-----A-----A-----AT-----	0
MAC.US..MM142	-----CT-----A-----C-----	3017
MAC.US..251_BK28	-----T-----A-----A-----AT-----	3507
MAC.US..251_32H_PJ5	-----T-----A-----A-----AT-----	3532
MAC.US..SMM142B	-----G-----T-----A-----A-----G-----	3017
MNE.US..MNE027	-----G-----T-----A-----A-----G-----	2999
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----T-----A-----A-----G-----	2999
SMM.US..PBJC	-----T-----A-----A-----AT-----	0
SMM.US..PBJD	-----T-----A-----A-----AT-----	0
SMM.US..PBJE	-----T-----A-----A-----AT-----	0
SMM.US..PBJ_143	-----TT--AC-----T--GC--A-----AGGCCTAACA--G-----AAA--G--AAC-----T--GA--CA--GC--C--C--ATC--G-----CAG-----C--G--T-----GA--A	3004
SMM.SL.92.SL92B	-----TT--AC-----T--GC--A-----AGGCCTAACA--G-----AAA--G--AAC-----T--GA--CA--GC--C--C--ATC--G-----CAG-----C--G--T-----GA--A	2962
SMM.US..H9	-----T--A-----TT--A-----A--T-----TC--C--T-----A--C-----C-----G-----G-----G-----	3004
SMM.US..SME543	-----T--A-----TT--A-----G-----T-----TC--CG-----A--C--C-----C-----G-----G-----	3519
SMM.US..17EC1	-----T--A-----TT--A-----G-----T-----TC--CG-----A--C--C-----C-----G-----G-----	3531
SMM.US..17EFR	-----T--A-----TT--A-----G-----T-----TC--CG-----A--C--C-----C-----G-----G-----	3531
SMM.US..F236_H4	-----T--A-----TT--A-----G-----T-----TC--CG-----A--C--C-----C-----G-----G-----	3518
SMM.US..PBJ14_15	-----T--A-----TT--A-----A-----C--T-----A-----C--G-----C-----G-----G-----	3298
SMM.US..PBJA	-----T--A-----TT--A-----TG-----TC--C--T-----A-----C-----G-----G-----	3297
SMM.US..PGM53	-----C-----A-----TT--A--G-----T-----TC--C-----A-----C-----C-----G-----G-----	3448
SMM.US..PBJ_6P6	-----T--A-----TT--A-----T-----TC--C--T-----A-----C-----G-----G-----	3490
STM.US..STM	-----T--G--C-----A-----T--A--G-----TG-----C--A--ATT-----A-----C-----T-----T--G--G-----T-----	3178

350

HIV-2/SIV smm Complete Genomes



Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TCAATGGATGGGGTACGAATTGTGGCCACAAAAATGGAAGTTGCAAAAAGATAGAGTTGCCACAAAGAGACCTGGACAGTGAATGATATACAGAAGTTAGTAGGAGTATTAAATGGGCAGCTCAAATT	3661
Pol RT	Q W M G Y E L W P T K W K L Q K I E L P Q R E T W T V N D I Q K L V G V L N W A A Q I	Pol
H2A.CI.88.UC2	-----C-T--C-----T-G-----C---G-A--C-AC---C-G-A--A-A-----C---C-C-A-AC---G--A-C-----G-A-----C	3744
H2A.DE..BEN	-----C-GT--C-A-----T-----C---G-AC-C-AC---C-G-A--C-TA-----C---C-C-A-C---G---C-----G-A-----C	3744
H2A.DE..PEI2	CA-----C-T--C-A-----T-----C---A-C-A-C---C-A--AGTA-----C---C-C-A-C---G---T-CC-----A-----C	3712
H2A.GH..GH1	-----C-T--C-A-----T-----C---G-AT-C-AC---C-G-A--A-TA-----C---C-C-C---C-G-G---C-----G-A-----C	3188
H2A.GM..ISY	C-----C-T--C-----C-----A---A-C-A-C---C--AG-AGTA-----T---C-C---AC---G-T-CC---C---G-A-----C	3185
H2A.GM.87.D194	-----C-T--C-----T-----AC---G-A--C-A-A-T--G-A--A-TA-----C---C-C-A-AC---T-G-C---G-G-G-G-C	3188
H2A.GW..ALI	CA-----C-T-G-C-----T-----C---A-C-A-C---C-G-A--AGTA-----C---C-C-A-ACAT-G-T-CC-----A-----C	3737
H2A.GW..MDS	C-GC-----C-T--C-----T-----C---G-A-C---C---A--AGTA-----C---C-C-A-AC---G-T-CC-----A-----C	3188
H2A.GW.86.FG	--GC-----C-T--A-----T-----A-C-C---C--A--AGTA-----C---C-C-A-C---G-T-CC-----A-----C	3182
H2A.GW.87.CAM2CG	C-GC-----C-T--C-----T-----G-A-C-A-C---C--AG--GTG-----C---C-C-A-C---T-CC-----A-----C	3753
H2A.SN..ST	C-----C-T--C-----T-----C---GA-C-A-C---C--AG-AGTA-----C---C-C-A-AC-G-G-T-CC-----A-----C	3189
H2A.SN.85.ROD	C--C-----C-T--C-A-----T-----G-A-C---C--A--A-TA-----C---C-C-A-C---G-T-CC-----A-----C	3190
H2AB.CI..7312A	C-G-----T-T--GC-C-----AG-G-----C---A-C-AA-A-G---G--GTT-----A---C-T---AC---G-----C-----C	3726
H2B.CI..EHO	CA-----T-T--GC-C-----AG-----AC---A-C-C-A-G---A--GTT-----A---C-T---G-----C-----C	3715
H2B.CI.88.UC1	CA-----T-T--GC-C-----A-GG---AC---A-C-AC-G---AG-AGTT-----C-T-A-AC---G-----C-----C	3725
H2B.GH.86.D205	CA-----T-T--GC-C-----A-G---AC---A-C-AC-G---A--AGTT-----CA-T-A-AC-G-----C-----C	3717
H2B.JP.01.KR020	CA-----T-T--GC-C-----A-G---AC---A-C-C-G---A-GA-----A---T-A-AC---G-----C-----C	2867
H2G.CI..ABT96	-----A-T--R-----A-G---AC-A---TA-CC-MG-A---T-----A---T-A-AC-----G-C-G-Y-----GC-A	3071
H2U.FR.96.12034	CA-----C-T--C-A-----T-A-G---A---G-A-T--C-C-G---TGTT-----A---C-T---C-----C-----A--G-A	3226
MAC.US..251_1A11	-----	3660
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----G-----	3147
MAC.US..251_BK28	-----G-----	3637
MAC.US..251_32H_PJ5	-----	3662
MAC.US..SMM142B	-----G-----	3147
MNE.US..MNE027	-----T---A-----A-----	3129
MNE.US.82.MNE_8	-----T---A-----A-----	3129
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	C--G-----A-T-----C---AC---A---A-----A-----A-----GC-----A-----	3134
SMM.SL.92.SL92B	A--G-----A-TTTG-A-AC--C-AG-G---A-A-G-A---AC-C-TG--AG--CGA---A---C---A-AC---G---TC-----A-G--A	3092
SMM.US..H9	C--G-----A-T-----C---AC---A---A-----G---A---A---A---A---GC-----A-----	3134
SMM.US..SME543	C--G-----A-T-----C---AC---G-A---A---A---A---A---A---GC-----A-----	3649
SMM.US..17EC1	-----	3661
SMM.US..17EFR	-----	3661
SMM.US..F236_H4	C--G-----A-T-----C---AC---G-A---A---C---A-A---GC-----A-----	3648
SMM.US..PBJ14_15	C--G-----A-T-----C-C---AC---A---A---A---A---GC-----A-----	3428
SMM.US..PBJA	C--G-----A-T-----C-C---AC---A---A---A---A---GC-----A-----	3427
SMM.US..PGM53	C--G-----A-T-----C---AC---G-A---A---C---A-A---C-----A-----	3578
SMM.US..PBJ_6P6	C--G-----A-T-----C-C---AC---A---A---A---A---GC-----A-----	3620
STM.US..STM	-----A-T-G-A-----G---AC---A---A-A-T-G---CGTT-----C-A-AC-G---G-C---C-----A-----	3308

HIV-2/SIV
complete genomes

HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TATCCAGGTATAAAAACCAAACATCTCTGTAGGTTAATTAGAGGAAAAATGACTCTAACAGAGGAAGTTCACTGGACTGAGATGGCAGAAAGCAGAATATGAGGAAAAATAAATAATTCTCAGTCAGGAAC	3791
MAC.US..MM239	Y P G I K T K H L C R L I R G K M T L T E E V Q W T E M A E A E Y E E N K I I L S Q E	3791
H2A.CI.88.UC2	-----A-----CT-G--C-----A-C---A---G-----A--T-A-----GCTA--A--G--C-G--T--C--AGAC-----	3874
H2A.DE..BEN	--T--A-----CT-A-----AC-----A-C---A---G-----A AC-A-----GCTA--A--C---T--CT-G--C-----	3874
H2A.DE..PEI2	--C--G--G-----CT-A-----C-----A-C--G--A---A-----A AC-A-----GCTA--A--G--C---T--CT-G--C-----	3842
H2A.GH..GH1	-----A-C-----T-G-----C---C-A-----A-C---A---G-----A T-A-----GCTA--A--C---T--CT-A--C-----	3318
H2A.GM..ISY	--C--A--G-----CT-A--A-C-----G---A-CC-G-A---A-----A AT-A-----GCTG-----C---T--CT-A--C-----	3315
H2A.GM.87.D194	-----G-----G--T-A---AA-G-----A-C---A---A-----A T-A-----GCTA--A---C---T--CT-A-----	3318
H2A.GW..ALI	--C--A--G-----CT-A-----AC-----A-C---A--G--G-----A AC-A-----CTA-----G--C-G--T--CT-A-----	3867
H2A.GW..MDS	--C--A--G--A---T-A-----G-----A-C--G--A--A---A---T-----G--CTA--A---C-G-G-T--CT-G--C-----	3318
H2A.GW.86.FG	--C--G--G-----C-A-----C-----A-C---A--G--A---A AT-A-----GCTA-----C-G--T--CT-A--C---A---	3312
H2A.GW.87.CAM2CG	--C--G--G-----CT-G-----A-----A-C---A--G--A---A AT-A-----CTA--A---C-G--T--CT-A--C---A---	3883
H2A.SN..ST	--C--G--G-----G-A-CT-A-----C-----A-C---A--G--A---A AT-A-----GCTA--A---C---C--CT-A--C-----	3319
H2A.SN.85.ROD	--C--G--G-----CT-A-----C-----A-C---A---A-----A AT-A-----GCTA--A---C-G--T--C--A--C-----	3320
H2AB.CI..7312A	-TC-C-A-C---A-GG-CA-A-C-AC-G-C-AG---G---C-G---G-G---A-AC-A---G-GATGC-----C-C-AG-A-----	3856
H2B.CI..EHO	-TC-G-G--T-G---GG-A-A---AAC-A-G---G---C---A-G-A-A---A AT---G---TCC-----C-C-AGAA--A-G---	3845
H2B.CI.88.UC1	-T--T-A--T-G-A-GG-CA-A---AAC-----G---G---C---A-A---A AT-A---G---G-TAC--G--C---T-AGAA-----	3855
H2B.GH.86.D205	-T--T-A--T-G-A-GG-CA-A-C-AAC-----G---G---C---A-A---A AC-A---GCTAC--G---C--CT-AGAA-----	3847
H2B.JP.01.KR020	-T--T-G--T---A-GG--A-A-C-AC---C-G---CT-G---A---A AT-A---G---T-C-----C---T--CT-AGAA--A---	2997
H2G.CI..ABT96	-----A-C---A--A-C-G-Y-AA-----T-R---CT-G--G-A---A AT-----TGCA-----C-G--T--C--ARAA---R---	3201
H2U.FR.96.12034	-----A---G-A-----T---AA-----AG-G---A-C---A-G-A---A A-----T-CA--G---G--T---T-G-----	3356
MAC.US..251_1A11	-----C-----	3790
MAC.US..BK28_H824	0
MAC.US..MM142	3277
MAC.US..251_BK28G-----	3767
MAC.US..251_32H_PJ5	-----T-----	3792
MAC.US..SMM142B	3277
MNE.US..MNE027	-----G-----	3259
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----	3259
SMM.US..PBJC	0
SMM.US..PBJD	0
SMM.US..PBJE	0
SMM.US..PBJ_143	-----A--G--T-----T-C-A-----C-----T-----A-G---G-----A--C--G---C---A--A---	3264
SMM.SL.92.SL92B	-----G--T---A--A-C--G--C-AAA-G---G---G---A---A AT-A-----TG-CA--G---G--T---A-A--A-G---	3222
SMM.US..H9	-----A--G--T-----T-C-A-----C-----T-----A-G---G-----A--C--G---C---A--A---	3264
SMM.US..SME543	-----A--G--T-----T-C-AC---C-----T-----A-G---G-----A--C--G---C---A--A---	3779
SMM.US..17EC1	-----A-----	3791
SMM.US..17EFR	-----A-----	3791
SMM.US..F236_H4	-----A--G--T-----T-C-AC---C-----T-----A-G---G-----A--C--G---C---A--A---	3778
SMM.US..PBJ14_15	-----A--G--T-----T-C-A-----C-----T-----A-G---G-----A--C--G---C---A--A---	3558
SMM.US..PBJA	-----A--G--T-----T-C-A-----C-----T-----A-G---G-----A--C--G---C---A--A---	3557
SMM.US..PGM53	-----A--G--T-----T-C-AA---C-----T-----A-G---G-----A--C--G---C---A--A---	3708
SMM.US..PBJ_6P6	-----A--G--T-----T-C-A-----C-----T-----A-G---G-----A--C--G---C---A--A---	3750
STM.US..STM	-----A--T---T-----G--C-AA---C---T--G--G-A--G--T---G--A-----A-A-----G-----CA-----T-----G---	3438



Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	AAGAAGGATGTTATTACCAAGAAGGCCAAGCCATTAGAAGCCACGGTAATAAAGAGTCAGGACAATCAGTGGTCTTTATAAAATTCACCAAGAAGCAAAAATCTGAAAGTAGGAAAATTTGCAAAGATAAA	3921
Pol RT	Q E G C Y Y Q E G K P L E A T V I K S Q D N Q W S Y K I H Q E D K I L K V G K F A K I K	Pol
H2A.CI.88.UC2	-G-----CAC-----AG-AGA--G--G--A--A-CCA--A--A--A--A--A--A--A--G--G--G--C--A-----A-----A-----	4004
H2A.DE..BEN	-----A-----AA-AGA--G--A--AA-CCA--A--C--A-GAC--A--A--A--C-----A--G--G--G--C--A-----G--A-----	4004
H2A.DE..PEI2	-G--G--C-----AA--GA-----A--A--CCA--GA--A-----A--A--C-----A--G--G--C--A-----A-----	3972
H2A.GH..GH1	-----AC-----AA-AGA--G--A--AA-CCA--A--A--A-----A--A--C-----A--G--G--C--A-----G--A-----	3448
H2A.GM..ISY	-G--G--CAC-----G-AA-AGAG-----A--A--TCA--GA--A-----A--A--G--A--G--G--A--T--A-----A-----	3445
H2A.GM.87.D194	-----CC-C-T-G--AAAG-AGA-C-----A--A--C--C--A--C--A-----G--A--C-----A--G--G--G--T--A-----G--A--G-----	3448
H2A.GW..ALI	-G--GCAC-----AA--GAG-----A--A--CCA--AGA--A-----A--A--A-----A--G--G--A--T--A-----G--A--G--A--G--	3997
H2A.GW..MDS	-----CAC-----G-AA-AGA-----A--A--CCA--GA--A-----A--A--A-----G--A--G--G--A--CT--A-----A-----	3448
H2A.GW.86.FG	-----CAC-----G--AA-AAAG-----A--A--CCAG--AGA--A-----A--A--GG--A--G--G--G--T--C--GT--G--A--ATGC--AGAT--	3442
H2A.GW.87.CAM2CG	-----G--CAC--C--G--AA--GAG-----A--A--TCA--GA--A-----A--A--G--A--G--G--A--T--A-----A-----A-----	4013
H2A.SN..ST	-----C-----G-AA--GAGC-----A--A--CCA--AGA--A-----A--A--G--A--G--G--GA--T--A-----A-----G-----	3449
H2A.SN.85.ROD	-----G--CAC-----AA-AGAGC-----A--A--CCA--GA--A--G-----A--A--A-----A--G--G--A--T--A-----A-----G--G--	3450
H2AB.CI..7312A	-G-----C--C--A-----GGTA--TC-----A--A--GCAG--A-ACCTTA-CA--C-----A--A--C-----T--G--G--A--T--G--C--A-----A-----G--T--	3986
H2B.CI..EHO	-G-----CC--A--A-----GGTA--T-----A--A--GCAG--A--A--TA-CA-----A--A--C--G-----T--G--G--T--C--A-----A-----G--T--	3975
H2B.CI.88.UC1	-----CC-C-A-G--GGTA--C-----A--A--CAG--A-AC-TA-CA-----A--A--C-----T--G--G--A--T--G--TT--A-----A-----G--T--	3985
H2B.GH.86.D205	-----CC-C-A-G--GGTA--GC-----A--A--CAG--A-AC-TA-CA-----A--A--C-----T--G--G--A--T--G--C--A-----A-----G--T--	3977
H2B.JP.01.KR020	-G--G--CC-C-TA--G--A-TA--TC-----A--A--CAG--A-AC-TA-CA-----A--A--C--C--T--G--G--G--C--A--G-----A-----G--T--	3127
H2G.CI..ABT96	-G-----CGCC--A-----RAG--T--R-----T--CAG--A--A-TTA-----A--A--C--G--T--G--A--G--C--A-----T--A-----	3331
H2U.FR.96.12034	-----G--GGC-----AGG--AAG-AAATC-----A--A--GC-T--A--A--A--T-----A--A--C--C--G--C--T--G--GT--GG-C-T-A-----C--G--	3486
MAC.US..251_1A11	-----A-----	3920
MAC.US..BK28_H824	-----A-----	0
MAC.US..MM142	-----G-----	3407
MAC.US..251_BK28	-----A-----	3897
MAC.US..251_32H_PJ5	-----G-----	3922
MAC.US..SMM142B	-----A-----G-----	3407
MNE.US..MNE027	-----G-----A-----G-----	3389
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----A-----G-----A-----	3389
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	C--G--A--A--C--T--G--G--A--C--G--A--A--T--A--A-----A-----	3394
SMM.SL.92.SL92B	-G--G--A--A--AG--ATG--A--GC-----A--A--TC-----A--A--AG--G--T--GT--GG--T--C--G--G--G--A-----A-----	3352
SMM.US..H9	C--G--C--T--G--G--A--C--G--A--A--T--A--A-----A-----G-----G-----A-----C-----T-----	3394
SMM.US..SME543	-----C--T--G--G--A--A--A--G--A--A-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----T-----	3909
SMM.US..17EC1	-----C-----G--A--A-----G--A--A-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----C-----T-----	3921
SMM.US..17EFR	-----C-----G--A--A-----G--A--A-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----	3921
SMM.US..F236_H4	-----C-----A--A--A-----G--A--A-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----	3908
SMM.US..PBJ14_15	-----C--T--G--G--A--C--G--A--T-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----A-----T-----	3688
SMM.US..PBJA	-----C--T--G--G--A--C--G--A--A-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----A-----T-----	3687
SMM.US..PGM53	-G--G-----C--T--G--G--A--C--G--A--A-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----A-----T-----	3838
SMM.US..PBJ_6P6	-----C--T--G--G--A--C--G--A--A-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----A-----T-----	3880
STM.US..STM	-G-----GCAA--C--G--A-----TC--G--A--A--G--G--AGA-----A-----C-----G--A-----T-----C--G-----A-----	3568

HIV-2/SIV
complete genomes

HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	GAATACACATACCAATGGAGTGAGACTATTAGCACATGTAATACAGAAAAATAGGAAAGGAAGCAATAGTGATCTGGGGACAGGTCCCAAAATCCACTTACCAGTTGAGAAGGATGTATGGGAACAGTGG	4051
Pol RT	N T H T N G V R L L A H V I Q K I G K E A I V I W G Q V P K F H L P V E K D V W E Q W	Pol
H2A.CI.88.UC2	A--C--C-----G--C--T--C-----G--G--T-----C--C--T-----G--A--A-----T--C--G--G--GA--GACC--G-----	4134
H2A.DE..BEN	A-----C-----G--C--T--C-----G--G--T-----A--G--C--C--T-----G--A--A-----T--C--G--G--GA--GACC--G-----	4134
H2A.DE..PE12	A-----C-----G--C--T--G-----G--T--A-----A--C--C--T-----GAA--A-----T--C--G--A--A--GA--AACC--G-----	4102
H2A.GH..GH1	A-----C-----G--C--T--C-----G--G--T-----A--C--C-----G--A--A-----G--G--G--GA--GACC--G-----	3578
H2A.GM..ISY	A-----C-----C--G--C--GT--G--G-----G--G--T-----A--C--C--T-----GAA--A-----T--C--G--A--A--GA--GACC--G-----	3575
H2A.GM.87.D194	A-----T-----G--C--C-----C-----A--G--C--A-----C--G--C--T-----GA--G-----T--C--G--A--G--CA--CC--G--A--	3578
H2A.GW..ALI	A-----C-----C--G--C--T--G-----G--G--T-----A--C--C--T-----GAA--A--G--T--C--G--A--A--GA--AACC--G-----	4127
H2A.GW..MDS	A--C--C-----C-----C--T--G-----G--G--T-----A--C--C--T-----GAA--A-----T--C--G--A--G--AA--C-----G-----	3578
H2A.GW.86.FG	A--ATAC--CATA--C--AC--G--C--T--G-----G--G--T-----A--C--C--T-----G--A--A-----T--C--G--A--G--ACC--G-----	3572
H2A.GW.87.CAM2CG	AC-----C-----C--A--T-----G--G--T-----A--C--C--T--A-----GAA--A--T-----T--C--G--A--G--G--C-----G-----	4143
H2A.SN..ST	A-----C--C-----C-----C-----CC-----A--G--T-----A--C--C--T-----GAA--A-----T--C--G--A--A--GA--ACC-----	3579
H2A.SN.85.ROD	A--C--C-----A--C--T--G-----G--G--T-----A--C--C--T-----GAA--A-----T--C--G--A--G--AA--C-----G-----	3580
H2AB.CI..7312A	A--C--C--C-----A--A--C-----G--C--A-----A--T--G--T--T-----AA--A--TG-----C--G--A--G--GAC-----C--A--	4116
H2B.CI..EHO	A--C--T--C-----A-----G--T-----G--C--A-----A--T--G--C-----G--A--A--TG-----TC-----A--A--GA--GAC-----T-----	4105
H2B.CI.88.UC1	A--C--C--C-----C--G--A-----C--G-----G--T-----A-----CC--C-----G--A--A--GT-----TC--G--A--A--GA--GAC-----C-----	4115
H2B.GH.86.D205	A--C--G--C-----C--G--A-----C--G-----G--T-----C--A-----CC--C-----G--A--A--GT-----TC--G--A--A--GA--GAC-----C-----	4107
H2B.JP.01.KR020	A--C--C--C-----C-----A-----C--G-----C-----T--G--C--C-----G--AA--A--TG-----C--G--A--A--GA--GAC-----T--A--	3257
H2G.CI..ABT96	A-----C-----A-----A--T-----G--T-----GG--C--A--R-----C--A--A-----A--AT--A--CTTC--T--TC--G--A--A--G--CACC-----A--	3461
H2U.FR.96.12034	-----T-----A-----TC--C--GC-----GG-----G-----A-----C-----A--A-----A--AA--T-----TG-----TC--G--A--A--GA--G--C-----A--	3616
MAC.US..251_1A11	-----T-----	4050
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----T-----	3537
MAC.US..251_BK28	-----T-----	4027
MAC.US..251_32H_PJ5	-----T-----	4052
MAC.US..SMM142B	-----T-----	3537
MNE.US..MNE027	A-----T-----	3519
MNE.US.82.MNE_8	A-----T-----	3519
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	A-----A-----C--T-----G--G-----A-----A--T-----G--G--G--T--T--G--A--RA--AA--T-----A-----	3524
SMM.SL.92.SL92B	A-----A-----A--A--GT--C--G--TA-----G--T--A--G-----A--AGTC--A-----A--ACA--TTT--T--C--T--A--A--G--G--T-----T--A--	3482
SMM.US..H9	A-----A-----C--CT-----G--G-----A-----A--A--T-----G--G--G--T--T--G--A--RA--AA--T-----A-----	3524
SMM.US..SME543	A-----A-----C--T--C-----C--G-----G--C-----A--T-----G--G-----T--G--A--A--GA--AA--T-----A-----	4039
SMM.US..17EC1	-----	4051
SMM.US..17EFR	-----	4051
SMM.US..F236_H4	A-----A-----C--T--C-----C--G--G-----A-----C--A--T-----G--G-----T--G--A--A--GA--AA--T-----A-----	4038
SMM.US..PBJ14_15	A-----A-----C--T-----G--G-----A-----A--T-----G--G--G--T--T--G--A--GA--AA--T-----A-----	3818
SMM.US..PBJA	A-----A-----C--T-----G--G-----A-----A--T-----G--G--G--T--T--G--A--GA--AA--T-----A-----	3817
SMM.US..PGM53	A-----A-----C--T-----G--CG-----G--A-----A--T-----G--G-----T--T--G--A--G--AA--T-----A-----	3968
SMM.US..PBJ_6P6	A-----A-----C--T-----G--G-----A-----A--T-----G--G--G--T--T--G--A--GA--AA--T-----A-----	4010
STM.US..STM	A--C-----A-----T--T--G-----G--T-----G-----G--A-----A-----G-----A--GA--G--C-----A-----	3698

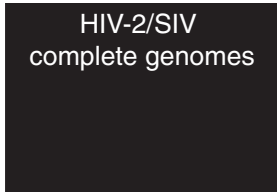
354

HIV-2/SIV smm Complete Genomes



Pol p51 end, p66 RT continues \ Pol p15 RNase start

MAC.US. - .MM239 Pol RT	TGGACAGACTATTGGCAGGTAACCTGGATACCGGAATGGGATTTTATCTCAACACCACCCGCTAGTAAGATTAGTCTTCAATCTAGTGAAGGACCCCTATAGAGGGAGAAGAAACCTATTATACAGATGGAT	4181
	W T D Y W Q V T W I P E W D F I S T P P L V R L V F N L V K D P I E G E E T Y Y T D G	Pol
H2A.CI.88.UC2	---GATA---C---G---A---C---A---C---G---A---T---C---A---G---C---G---GACA---T---C---AGGA---T---CCA---CAC---G---TC---C-----	4264
H2A.DE.-.BEN	---GATA---C---A---G---A---C---A---G---C---G---A---T---C---A---G---C---G---ACA---T---C---AGGA---T---CCA---C---C---G---TC---C-----	4264
H2A.DE.-.PEI2	---GATA---A---G---A---C---A---C---C---CG---A---T---T---A---G---C---G---CA---T---C---A---A---T---C---CCA---T---G---TC---C-----	4232
H2A.GH.-.GH1	---GATA---C---A---G---A---C---A---G---C---CG---A---T---C---A---C---G---ACA---T---C---AGGA---T---CCA---C---C---G---TC---C-----	3708
H2A.GM.-.ISY	---GATA---A---G---A---C---A---C---C---CG---A---C---C---T---G---C---G---CA---T---C---G---A---A---T---CCA---C---C---G---TC---C---G-----	3705
H2A.GM.87.D194	---GATA---C---A---A---G---C---A---G---C---CG---A---T---C---A---G---C---G---GACA---T---CT---G---AGGA---T---CCA---CAC---G---T---C-----	3708
H2A.GW.-.ALI	---GAT---C---A---G---A---C---A---C---C---G---A---T---C---A---G---C---GC---CA---T---C---A---A---T---CTA---C---C---G---TC---C---C---G---C-----	4257
H2A.GW.-.MDS	---GAT---C---A---G---A---C---A---C---C---G---A---T---C---A---G---C---G---A---T---C---A---A---T---CCA---T---C---TC---C-----	3708
H2A.GW.86.FG	---GATA---C---A---A---C---A---C---C---G---A---T---C---A---G---C---GC---CA---T---C---G---AGGA---G---G---CCA---C---C---T---TC---C-----	3702
H2A.GW.87.CAM2CG	---GATA---C---A---G---A---C---A---C---C---CG---A---T---C---A---G---C---C---CA---T---CT---AGG---T---CCA---CAC---G---TC---C-----	4273
H2A.SN.-.ST	---GATA---C---A---G---A---C---A---C---C---C---A---T---C---G---A---G---C---A---T---C---G---A---T---C---CTA---C---C---TC---C-----	3709
H2A.SN.85.ROD	---GATA---C---A---G---A---C---A---C---C---CG---A---T---C---A---G---C---G---CG---T---C---G---AGG---T---CCA---T---C---G---TC---C-----	3710
H2AB.CI.-.7312A	---T---C---A---G---T---C---A---C---C---G---C---G---C---AT---G---GC---C---A---C---C---CC---AAAG---T---C---C-----G-----	4246
H2B.CI.-.EHO	---T---C---A---C---A---C---A---C---G---C---C---AT---A---G---C---AT---C---G---C---A---CC---A---T---T---C---C-----	4235
H2B.CI.88.UC1	---T---C---A---T---C---A---C---G---C---G---C---AT---A---C---C---A---C---C---A---CC---AAAG---TG---C---C-----	4245
H2B.GH.86.D205	---T---C---A---C---A---G---C---G---G---G---AT---A---C---C---A---C---C---A---CC---A---GAG---C---C-----	4237
H2B.JP.01.KR020	---T---C---A---C---A---C---G---C---G---G---T---G---AT---G---C---C---AT---C---C---A---CC---G---T---G---C---C-----	3387
H2G.CI.-.ABT96	---T---C---A---T---C---A---T---C---G---G---T---G---AT---G---C---A---C---C---A---A---C---CAGAC---G---C---C-----	3591
H2U.FR.96.12034	---T---C---G---C---TA---C---G---A---C---C---G---G---G---C---G---CA---AT---A---A---A---AT---CTA---G---A---C-----	3743
MAC.US.-.251_1A11	-----A-----A-----A-----G-----	4180
MAC.US.-.BK28_H824	-----	0
MAC.US.-.MM142	-----C-----AT-----GT-----	3667
MAC.US.-.251_BK28	-----G-----G-----A-----	4157
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----A-----A-----A-----	4182
MAC.US.-.SMM142B	-----C-----AT-----GT-----	3667
MNE.US.-.MNE027	-----A-----G---G---A-----GT-----G-----	3649
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----A-----G---A-----A-----GT-----	3649
SMM.US.-.PBJC	-----	0
SMM.US.-.PBJD	-----	0
SMM.US.-.PBJE	-----	0
SMM.US.-.PBJ_143	---T---A---A---A---C---G---G---T---CT---C---C---T---C---A---A---G---C---AAAG---C---A---T---GTG---A---	3654
SMM.SL.92.SL92B	---T---A---CT---T---A---G---C---C---C---T---A---C---G---G---T---T---A---A---T---A---AAAG---G---GTA---C---TT---C---	3612
SMM.US.-.H9	---T---A---A---C---G---G---T---CT---C---C---T---C---A---A---G---C---AAAG---C---A---T---GT---A---	3654
SMM.US.-.SME543	---T---A---A---T---C---G---G---T---CT---C---C---T---C---A---A---G---C---C---A---T---GT---	4169
SMM.US.-.17EC1	-----	4181
SMM.US.-.17EFR	-----	4181
SMM.US.-.F236_H4	---T---A---A---T---C---G---G---T---CT---C---C---T---C---A---A---G---C---C---A---T---GT---	4168
SMM.US.-.PBJ14_15	---T---A---A---C---G---G---T---CT---C---C---T---C---G---A---A---G---C---C---A---T---GT---	3948
SMM.US.-.PBJA	---T---A---T---A---C---G---G---T---CT---C---C---T---C---A---A---G---C---C---A---T---GT---	3947
SMM.US.-.PGM53	---T---A---A---C---G---G---T---CT---C---C---T---C---A---A---A---C---C---G---A---T---GT---	4098
SMM.US.-.PBJ_6P6	---T---A---A---C---G---G---T---CT---C---C---T---C---A---A---G---C---C---A---T---GT---	4140
STM.US.-.STM	---G---T---A---A---A---A---G---A---C---T---TT---T---T---A---A---A---CT---G---A---AC---A---T---GTG---C---	3828

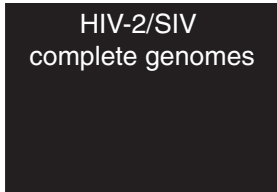


HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	CATGTAATAAACAGTCAAAAGAAGGGAAAGCAGGATATATCACAGATAGGGGCAAAGCAAAGTAAAGTGTTAGAACAGACTACTAATCAACAAGCAGAATTGGAAGCATTCTCATGGCATTGACAGA	4311
Pol p15	S C N K Q S K E G K A G Y I T D R G K D K V K V L E Q T T N Q Q A E L E A F L M A L T D	Pol
H2A.CI.88.UC2	---C---G-----G---A-----G-A-----A-A-G-----G---G---A-----A-----C---G-----C-A-G-C---GCG-----C---G---	4394
H2A.DE..BEN	---C---G-----G---A-----G-A-----A-A-----A-----A-----C---G-----G---G-----A-----TC---GG-----C---G---	4394
H2A.DE..PE12	-C---G---GG-A---G---A---A---A---G---G---G---GGA-A-G-G-A---C---G-----A-----C---CGCA---A---A---	4362
H2A.GH..GH1	---C---G-----G---A-----C---G---G-----A-A-G-----G---G---AC---GA---C---G-----A-----C---GCG---A---C---	3838
H2A.GM..ISY	-T-C---GG-A---G---A---A---A---A---GGA-A-G-A---C---C---G-----A-----C---GCA---G---A---	3835
H2A.GM.87.D194	---C---G-----G---A-----G-A-----A-G-G---GG---G---A---G-A---AT-C---G-----C-A---C---GCG-----C---G---	3838
H2A.GW..ALI	-C---G---GG-A---A---A---A---G---G---G---G---G---AC---A---C---G-----A-----C---CGCGC---G---A---	4387
H2A.GW..MDS	-C-C---GG-A---A---A---AA-G-G---G---G---AC---G-A---C---G-----A-----C---GCA---C---A---	3838
H2A.GW.86.FG	-C-C---GG-A---A---A---A---G---G---GG---A---G---A---C---G-----A-----C---GCA---C---A---	3832
H2A.GW.87.CAM2CG	-C-C---GG-A---A---A---G---A---G---G---A---AC---G-A---C---G-----G-A---C---GCG-----C---A---	4403
H2A.SN..ST	-C-C---G-A---G---A---C---A---A---A---G---G---GCG-A---G-A---C---C---G-----A-----C---GCG---G---A---	3839
H2A.SN.85.ROD	-C-C---GG-A---A---A---G---A---G---G---GAAAC---G-A---C---G-----C-A---C---GCG-----C---A---	3840
H2AB.CI..7312A	-C-C-C-G-ACC---G---A---G---G---C---A---GG---T---CCA---G---A---A---G---G---C-T---GCAC-A---C-ACAG---	4376
H2B.CI..EHO	-C---C---GCC---G---A---G---G---C---A---G---T---T---CCA---G---A---A---G---G---C-T---GCAC-A---C-ACAG---	4365
H2B.CI.88.UC1	-C-C-C-G-GCC---G---A---G---G---C---A---T---G---T---C---G---A---A---G---G---C-T---GCAC-A---C-ACAG---	4375
H2B.GH.86.D205	-C-C---G-ACC---G---A---G---G---T---C---A---T---G---T---C---G---A---A---C---G---C-T---GCAT-A---A---	4367
H2B.JP.01.KR020	-C---C---GGACC---G---A---G---G---A---G---T---T---CA---G---A---A---G---G---C-T---GCAC-A---ACAG---	3517
H2G.CI..ABT96	-C-C---ACC-C-G-R-A---C---CG---C-A-A---G---R-C---G---A---A---C---G---G---R---C-T-G---GCA---C---CAG---	3721
H2U.FR.96.12034	-T---C---GGGCT---C-G---C---G---G---A---A---G---G---CCT---C---C---C---G---A---C---GCT---C---AGA---	3873
MAC.US..251_1A11	-----G-----C-----A-----	4310
MAC.US..BK28_H824	-----G-----A-----C-----G-----	0
MAC.US..MM142	-----G-----A-----C-----G-----	3797
MAC.US..251_BK28	-----G-----A-----C-----G-----	4287
MAC.US..251_32H_PJ5	-----G-----A-----C-----G-----	4312
MAC.US..SMM142B	-----G-----A-----C-----G-----	3797
MNE.US..MNE027	-----G---G---C-----	3779
MNE.US.82.MNE_8	-----C-----G-----	3779
SMM.US..PBJC	-----G-----A-----C-----G-----	0
SMM.US..PBJD	-----G-----A-----C-----G-----	0
SMM.US..PBJE	-----G-----A-----C-----G-----	0
SMM.US..PBJ_143	-C---G---GG---G---A---G---C---G---G---A---G---G---GAC---C---C---G---C---G---G---C---CTATC-A---C-AG---	3784
SMM.SL.92.SL92B	-C-C---G-A-CAGT---G---A---G---C---G---C---A---A---G---CCTGCCA---G---C---G---G---C---G---C---GT-AT---C---A---	3742
SMM.US..H9	-C---G---GG---G---A---C---G---G---A---G---G---GAC---C---C---G---C---G---G---C---TATC-A---C-AG---	3784
SMM.US..SME543	-C---G---GG---G---A---C---G---G---G---C---C---T---C---C---G---G---C---CTATC-A---C-AG---	4299
SMM.US..17EC1	-----G-----A-----C-----G-----	4311
SMM.US..17EFR	-----G-----A-----C-----G-----	4311
SMM.US..F236_H4	-C---G---GG---G---A---C---G---G---G---G---C---C---T---C---C---G---G---C---CTATC-A---C-AG---	4298
SMM.US..PBJ14_15	-C---G---GG---G---A---G---C---G---G---A---G---G---G---C---C---G---C---C---G---G---C---CTC-C-A---C-AG---	4078
SMM.US..PBJA	-C---G---GG---G---A---G---C---G---G---A---G---G---G---C---C---G---C---C---G---G---C---CTA-C-A---C-AG---	4077
SMM.US..PGM53	-C---G---GG-A---G---A---G---C---G-A---A---G---G---G---C---CCT---G---C---C---G---G---C---CTATC-A---C-AG---	4228
SMM.US..PBJ_6P6	-C---G---GG---G---A---G---C---G---G---A---G---G---G---C---C---C---G---C---C---G---G---C---CTA-C-A---C-AG---	4270
STM.US..STM	-----C-GG-A-T-----C-C-A-T-----A-A-A-----CT-----A-----GC-----C---G---G---	3958



Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	CTCAGGGCCAAAGGCAAATATTATAGTAGATTACAATATGTTATGGGAATAATAACAGGATGCCCTACAGAATCAGAGAGCAGGCTAGTTAATCAAATAATAGAAGAAATGATTAATAAGTCAGAAAATT	4441
Pol p15	S G P K A N I I V D S Q Y V M G I I T G C P T E S E S R L V N Q I I E E M I K K S E I	Pol
H2A.CI.88.UC2	-----T-----TT--C--C-----C-----G-----A-----G--G--A-CCAA--A-----G-----T-AA--A--C--C--T-----C-----A--G--AGA--C-G-C	4524
H2A.DE..BEN	-----C-----TT-----C-----G-----A-----G--G--G--CCAG--A-----G-----A-AT-AA--G--C--G--C-----A--G--GA--C-G-C	4524
H2A.DE..PE12	-----T-----A--C-----C-----G-----A-----G--G--G--CCAG--A-----G-----T-AA--A--C--C--C-----A--G--GA--AC-C-C	4492
H2A.GH..GH1	---G--T---A-TT---C-----C-----G-----A-----G--GT--CCAA--A-----G-----A--T-AA--A--C--C--T--G--C-----A--G--AGA--C-G-C	3968
H2A.GM..ISY	-----T-----A-TC-----G-----C-----G-----A-----G-----G--CCAA--GG-T-----G-----T-AA--A--A--C--T--G--C-----A--G--GA--C-C-C	3965
H2A.GM.87.D194	-----T--C-----TT-----C-----C-----G-----A-----G--G--G--CCAA--A-----G-----A-AT-AA--A--C--C--T--G--C-----A--G--AGA--C-G-C	3968
H2A.GW..ALI	-----T-----A--C-----C-----G-----A-----G--G--G--CCAG--A-----G-----A-AT-AA--A--C--C--C-----A--G--GA--CC-C-C	4517
H2A.GW..MDS	-----C-----A--T-----C-----G-----A-----G--GGT--CCAA--A-----G-----A-AT--A--A--G--C--G-----A--G--GA--C-C-C	3968
H2A.GW.86.FG	-----T-----A--T-----C-----G-----A-----G--G--G--CCAA--A-----G-----A-AT-AA--A--G--C-----A--G--AGA--C-C-C	3962
H2A.GW.87.CAM2CG	-----T-----A--T-----C-----G-----A-----G--GG--CCAA--A-----G-----A-AT-AA--A--C--C-----A--G--GA--C-C-C	4533
H2A.SN..ST	-----T-----C--C-----C-----G-----A-----G--G--G--CCAA--A-----G-----T-AAA--A--C--C-----A--G--GA--C-C-C	3969
H2A.SN.85.ROD	---G--T---A-TT---C-----C-----G-----A-----G--C-GTG--A-CCAA--A-----G-----A--T-AAA--G--C--G--C-----A--G--GA--C-C-C	3970
H2AB.CI..7312A	T---A---C-A-TC--C--C-----C-----C-----G--G-T--CAG--A-----A-----TCACC--A--A--GAG--T-----C-----GA--C--A	4506
H2B.CI..EHO	-----A--C--TC--C--C-----C-----C-----G--G-T--CAA--A-----A-----ATCACC--A--A--GAG--T-----C-----GA--A--A	4495
H2B.CI.88.UC1	T---A---C-A-TC--C--C-----C-----C-----G--G-T--CCAG--A-----A--G--TCACCA--A-----T-----C-----AGA--C--A	4505
H2B.GH.86.D205	---AA--C-A-TT--C--C-----C-----C-----G--T--CAG--A-----A-----ATCACCAA--AGCAA--T-----C-----AGAG--C-G-A	4497
H2B.JP.01.KR020	T---A---C--TC--C-----G--C-----C-----G--T--CAG--A-----A-----ATCACCAA--A--GAC--G--T-----C-----GA--C--A	3647
H2G.CI..ABT96	-----T-----A-TC--C-----R--C--G-----C-----R--C--G--RCAA--A--G--A-----ATC-CC-T--A--A--T-----R-----AGA-RCTC-A	3851
H2U.FR.96.12034	T---A---A-T--C--G-GAC-----A--A-----G-----CAG--A-----A-----TC-CCA--A--G-A-----C-----C-T--A-GG--AGA--C-G-G	4003
MAC.US..251_1A11	-----A-----C-----A-----	4440
MAC.US..BK28_H824	-----C-----	0
MAC.US..MM142	-----C-----A-----	3927
MAC.US..251_BK28	-----A-----C-----	4417
MAC.US..251_32H_PJ5	-----C-----	4442
MAC.US..SMM142B	-----C-----C-----A-----	3927
MNE.US..MNE027	-----C-----A-----	3909
MNE.US.82.MNE_8	-----C-----A-----	3909
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	T---A---A--A-----C-----C-----C--G--G--TCAA--C--T-----A--T--AT--A--C--G-----G-----GA--C--	3914
SMM.SL.92.SL92B	T--TCCAAGT--TC--G-AG--ACG--C--G-----CT--AAC-----CAG--AT-----G--TTCAGATA--GGCA--T--T--C--C-AG--C-G--AGA--C-G-A	3872
SMM.US..H9	T---A---A-----C-----C-----C--G--G--TCAA--C--T-----A--T--AT--A--C--G-----GA-----GA--C--	3914
SMM.US..SME543	T--G--A--A-----C-----C-----C--G--G--TCAA--C--T-----A--T--T--A--C--G-----G-----GA--C--	4429
SMM.US..17EC1	-----	4441
SMM.US..17EFR	-----	4441
SMM.US..F236_H4	T--G--A--A-----C-----C-----C--G--G--TCAA--C--T-----A--T--AT--A--C--G-----G-----GA--C--	4428
SMM.US..PBJ14_15	T---A---A-----C-----C-----C--G--G--TCAA--C--T-----A--T--AT--A--C--G-----G-----GA--C--	4208
SMM.US..PBJA	T---A---A-----C-----C-----C--G--G--TCAA--C--T-----A--T--AT--A--C--G-----G-----GA--C--	4207
SMM.US..PGM53	T---A---A-----C-----C-----C--G--G--TCAA--C--T-----A--T--AT--A--C--G-----G-----GA--C--	4358
SMM.US..PBJ_6P6	T---A---A-----C-----C-----C--G--G--TCAA--C--T-----A--T--AT--A--C--G-----G-----GA--C--	4400
STM.US..STM	-----T-----A-----G-G-----C-----G-----C-----CAG--C-----G-----A-T--A--G-----GA--C-----	4088



HIV-2/SIV
complete genomes

	TATGTAGCATGGGTACCAGCACACAAAGGTATAGGAGGAAACCAAGAAATAGACCACCTAGTTAGTCAAGGGATTAGACAAGTTCTTCTTGTG...GAAAAGATAGAGCCAGCACAAGAAGAACATGATA	4568
Pol p15	Y V A W V P A H K G I G G N Q E I D H L V S Q G I R Q V L F L . E K I E P A Q E E H D	Pol
MAC.US.-.MM239	-----T-----A-C-----C-T-----C-----G-G-----TT---A-----G-C-C-----A-T---C-----G-A-----T-C-----G-----A	4651
H2A.CI.88.UC2	-----T-----C-----C-T-----C-----G-G-----TT---A-----G-C-C-----AT-A---C-----C-T-----G-----A	4651
H2A.DE.-.BEN	-----T-----C-----C-T-----C-----G-G-----TT---A-----G-C-C-----AT-A---C-----C-T-----G-----A	4651
H2A.DE.-.PEI2	-----T-----C-----C-T-----C-----G-G-----TT---A-----G-C-C-----AT-A---C-----C-T-----G-----A	4619
H2A.GH.-.GH1	-----C-G-----C-----C-T-----C-----G-G-----TT---A-----G-C-C-----AT-G---C-A-----G-----C-C-----A	4095
H2A.GM.-.ISY	-----T-----C-G-C-----C-----C-----T-----T-----T-----A-----G-C-C-----AT-A---C-A-----G-GA-----C-T---G-----GA	4092
H2A.GM.87.D194	-----T-----C-----C-T-----C-----G-G-----TT---A-----G-C-C-----AT-A---C-----C-T-----G-----A	4095
H2A.GW.-.ALI	-----T-G-----C-----C-----G-----T-G-----TT---A-----G-C-C-----AT-G---TC-A-----A-----T-G-----A	4644
H2A.GW.-.MDS	-----T-----C-----C-----C-----T-G-----TT---A-----G-C-C-----AT-G---C-A-----A-----C-T-----A	4095
H2A.GW.86.FG	-----T-G-----C-----C-----C-----G-G-----T-TT---A-----G-C-C-----AT-A---C-A-----G-A---A---C-G---G-----A	4089
H2A.GW.87.CAM2CG	-----T-----C-----C-T-----C-----G-G-----T-TT---G-----C-C-----A-G---C-A-----T-T---G-----A	4660
H2A.SN.-.ST	-----T-----C-----C-T-----C-----G-G-----T-T---A-----G-C-C-----AT-A---C-A-----G-A---A---C-T---G-----A	4096
H2A.SN.85.ROD	-----T-----C-----C-----C-----G-G-----T-TT---G-----G-T-C-----GT-G---C-----A-----A---C-T---G-----A	4097
H2AB.CI.-.7312A	-----G-----G-----T-----AC---T-T---T-G---G-----A-----A-----G-G---A---C-A-----A-----C-G---G-----A	4633
H2B.CI.-.EHO	-----G-----G-----T-----G---AC-G---T-T---T-G---G-----A-----C-----A---A---TC-A-----A-----T-----A	4622
H2B.CI.88.UC1	-----G-----G-----T-----G---AC-G---T-T---T-G---G-----A-----A-----G-G---A---C-A-----A-----A-----A	4632
H2B.GH.86.D205	-----G-----G-----T-----G---AC-G---T-T---T-G---G-----A-----A---C---G---CT-G---C-A-----A-----C-G---G-----A	4624
H2B.JP.01.KR020	---C-----G-----G-----T---T---AC-G---T-T---T-G---G-----G-----A---C---CA-C---G---TC-A-----T-----A-----C-----G-----A	3774
H2G.CI.-.ABT96	-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----GG-----RT---A---C---G---A-----A---A-----R---A-----A---T---T-----A	3978
H2U.FR.96.12034	-----T-GC-----T---T---T-G---T---T---C---T---G---T---TT-G---G---G---A---G---A---G---TC-A-----A-----A---T---G-----G	4130
MAC.US.-.251_1A11	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G	4567
MAC.US.-.BK28_H824	0
MAC.US.-.MM142	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G	4054
MAC.US.-.251_BK28	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G	4544
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G	4569
MAC.US.-.SMM142B	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G	4054
MNE.US.-.MNE027	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G	4036
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G	4036
SMM.US.-.PBJC	0
SMM.US.-.PBJD	0
SMM.US.-.PBJE	0
SMM.US.-.PBJ_143	-----CA---G-----T---T---T---RRA-----T---G---T---T---G-----A---A---C---A---A-----A---A---G---G---G-----A	4041
SMM.SL.92.SL92B	-----CA---G-----T---T---T---C-----G---A---T---GG-----GTT-----A---A---G---C---G---C---A-----GT-----C---C	3999
SMM.US.-.H9	-----T-----T-----T---RRA-----A---T---G---T---T---G-----AA-----C---A---A-----A---A---G---G---G-----A	4041
SMM.US.-.SME543	-----T-----T-----A-----T---G---T---G-----C---G---A-----C---A---A-----A---A---G---G---G-----A	4556
SMM.US.-.17EC1	-----T-----T-----A-----T---G---T---G-----C---G---A-----C---A---A-----A---A---G---G---G-----A	4568
SMM.US.-.17EFR	-----T-----T-----A-----C---T---G---T---G-----C---G---A-----C---A---A-----A---A---G---G---G-----A	4568
SMM.US.-.F236_H4	-----T-----T-----A-----T---G---T---T---G-----A-----C---A---A-----A---A---G---G---G-----A	4556
SMM.US.-.PBJ14_15	-----T-----T-----A-----T---G---T---T---G-----A-----C---A---A-----A---A---G---G---G-----A	4335
SMM.US.-.PBJA	-----T-----T-----A-----T---G---T---T---G-----A-----C---A---A-----A---A---G---G---G-----A	4334
SMM.US.-.PGM53	-----G-----T---T---T---A-----T---G---T---G-----A-----C---A---A-----A---A---G---G---G-----A	4485
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----T-----T-----A-----T---G---T---T---G-----A-----C---A---A-----A---A---G---G---G-----A	4527
STM.US.-.STM	-----T-----A-----T---G---GG---T---TT-G---A---G---A-----G---C---A---C-A-----A---A---T-----G-----A	4215



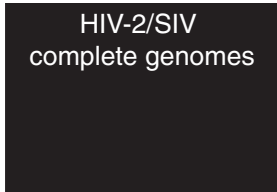
Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	AATACCATAGTAAATGTAAAAGAATTGGTATTCAAATTTGGATTACCCAGAATAGTGCCAGACAGATAGTAGACACCTGTGATAAATGTCATCAGAAAGGAGAGGCTATACATGGGCAGGCAAATTCAGA	4698
Pol Integrase	K_Y_H_S_N_V_K_E_L_V_F_K_F_G_L_P_R_I_V_A_R_Q_I_V_D_T_C_D_K_C_H_Q_K_G_E_A_I_H_G_Q_A_N_S_D	Pol
H2A.CI.88.UC2	---T---C---A---GC--A-CCAT-----A---CA-C---A-A-----A---A---CCC---C---A-----C-----A-T---G---	4781
H2A.DE..BEN	---T---C-T-A-----C-AACCCAT-----A---CTTC---A-A-----A---A---CCC---C---A-----A-C-----A-T---G---	4781
H2A.DE..PEI2	---T---C-----A---ATCCCAT-----C-G---A-C---A-A-----A---A---CCC---C---A-----G-A-----A-T-G---G---	4749
H2A.GH..GH1	---T---C---A-G---C-AACCCAT-----A---CA-C---A-A-----A---A---CCC---C---A-----C-----A-T---G---	4225
H2A.GM..ISY	---T---C-----C-A-CCCAT--G-----ACC-G---A-A-----A---A---CCC-G---C---A---A---G---A-----A-T---G---	4222
H2A.GM.87.D194	---T---C---A-----C-AACCCAT-----A---CA-C---A-A-----A---A---CCC---C---A-----A-C-----A-T---G---	4225
H2A.GW..ALI	-G-T---C---G---C-ATCCCAT-----ATC-G---A-----A---A---CCC---G---G---G---A-----A-TG---G---	4774
H2A.GW..MDS	---T---C-----C-ATCCCAT-----CA-C---A-A-----A---A---CCC---A-----A-T---G---	4225
H2A.GW.86.FG	---T---C---A-----C-TCCCAT-----A---AGC---A-A-----A---A---CCC-TGTG---A-----G-----A-T---G---	4219
H2A.GW.87.CAM2CG	---T---CC-----GC-ATGCCAT-----ATA---CA-C---A-A-----A---A---CCC---A---A-----G-----A-T---G---	4790
H2A.SN..ST	---T---C-----C-ATCCCAT-----C-G---A-T-----A---A---CACCC---G---G-----A-T---G---	4226
H2A.SN.85.ROD	---T---C-----C-TCTCAT-----A---ATT---A-G-A-----A-T-A---CCC---A---G-A-----A-T---G---	4227
H2AB.CI..7312A	---T---G-C-----GC---TCAT-----A-T-ACA-C-----A-A-A-----A-T-----A---A---G-T---A---T---G---	4763
H2B.CI..EHO	---T---A-----C-A-CCAT-----GA-T-ACA-T-----A-A-A-----A-TT-----C---A---A---G-A---T---A---T---G---	4752
H2B.CI.88.UC1	-G---G-C-----A---TCAT-----C-C-ACAGT-----A-A-A-----A-T-----C---A---A---G-A---G-T---A---T---G---	4762
H2B.GH.86.D205	---T---G-C-----C---CCAT-----C---A-T-ACA-T-----A-A-A-----A-TT-----C---A---A---G-A---T---A---T---G---	4754
H2B.JP.01.KR020	---T---G-----A---TCAT-----A-T-ACA-T-----A-A-A-----A-T-----C-----A---C---A---TG---G---	3904
H2G.CI..ABT96	-R-TT---G-----G-AACTCAT--G-----CA-T-TCA-T-----A-A-A-----A-TT-A-ACC-C-GT---C---A-----A-C-T---A---T---G---	4108
H2U.FR.96.12034	-----C---T-----GC-ACAGCAT-----TA---ACA-T---A---A-A-----A-T-T---C-GTT---C---G-----A-C-G---A---T---A---	4260
MAC.US..251_1A11	-----A-----T-----	4697
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----CA-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----	4184
MAC.US..251_BK28	-----	4674
MAC.US..251_32H_PJ5	-G-----A-----A-----A-----A-----T-----	4699
MAC.US..SMM142B	-----CA-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----	4184
MNE.US..MNE027	-----C-----A-----A-----A-----T-----	4166
MNE.US.82.MNE_8	-----C-----A-----A-----A-----T-----	4166
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	-----C-----R-T---T---GC---A-A-A-----A-----A-----C---C---A---Y-----A-T---G-R-R	4171
SMM.SL.92.SL92B	---T---C---G-G-A-CTCAG---A-AACA-C-ACA-T---A-T-A-----A-TG-T---A-C---C---A---G---A-G---T---A---G---G---	4129
SMM.US..H9	---T---C---A---R-T---T---GC---A-A-A-----A-----A-----C---C---T---A---Y-----A-T---G-R-R	4171
SMM.US..SME543	-G---C---TA---T---GC---A-A-A-----A-----A-----G---C---C---A---C-----A-T---G---	4686
SMM.US..17EC1	-----C-----	4698
SMM.US..17EFR	-----C-----	4698
SMM.US..F236_H4	-G---C---T---T---GC---A-A-A-----A-----A-----C---C---A---C-----A-T---G---	4686
SMM.US..PBJ14_15	---C---T---T---GC---A-A-A-----A-----A-----C---C---A---C-----A-A-T---G---	4465
SMM.US..PBJA	---C---T---T---GC---A-A-A-----A-----A-----C---C---A---C-----A-A-T---G---	4464
SMM.US..PGM53	-G---C---TA---T---GC---A-A-A-----A---C-----C---C---A---C-----A-T---G---	4615
SMM.US..PBJ_6P6	---C---T---T---GC---A-A-A-----A-----A-----C---C---A---C-----A-A-T---G---	4657
STM.US..STM	---T---C---G---GC-A-C---G---CA---A-GC---A-A-AG-A---G-T-A---C-G-C-C---A-----A-T---G---	4345

HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TCTAGGGACTTGGCAAATGGATTGTACCCATCTAGAGGGAAAAATAATCATAGTTGCAAGTACATGTAGCTAGTGGATTTCATAGAAGCAGAGGTAATCCACAAGAGACAGGAAGACAGACAGCACTATTT	4828
Pol Integrase	L G T W Q M D C T H L E G K I I I V A V H V A S G F I E A E V I P Q E T G R Q T A L F	Pol
H2A.CI.88.UC2	AA---CGT-----C-C-A-CT---A-----C-T---A-----T---A-----C-C---G-AT-----G-----C--C	4911
H2A.DE..BEN	AA---CGT-----C-AC-A-CT---A-----C-T---A-----T---A-----A-C-C---G-AT-----G-----C--C	4911
H2A.DE..PE12	A--G--C-----C-C-A-CT---A-----C-T---A-----T-A-C-G--T-----A-T-C---G-A-G---G-A---C--C	4879
H2A.GH..GH1	AA---TGTC-----C-C-A-CT---A-----G-C-T---A-----T---A-----A-T-C---G-AT-----G-----G--C--C	4355
H2A.GM..ISY	A---C-C-----C-C-A-CT---A-----C-T---A-----T---A-----T-----A-C-C---G-AT-----G-A---C--C	4352
H2A.GM.87.D194	AA---CGT-----C-C-A-CT---A-----C-T---A-----G---T---A-----A-C-C---G-AT-----G-----C--C	4355
H2A.GW..ALI	A---C-----C-C-A-CT---A-----G-C---A-A---G---T---C-----C-C---G-G-AT-----A-----C--C	4904
H2A.GW..MDS	CT---C-----C-C-T---T---A---G-C-T---A-----T---A-----T---G---A-C-C---G-A-----G-----C--C	4355
H2A.GW.86.FG	A---C-----C-C-A-T---A---G-C-T---A-----T---A-----T---G---A-T-C---G-AT-----G-A---G--C--C	4349
H2A.GW.87.CAM2CG	AG-G--C--C-----C-C-A-----C-----A-----T---A-----T---A-----A-C-C---G-AT-----G-A---C--C	4920
H2A.SN..ST	AT---C-----C-C-A-CT---A-----C-T---A-----T---A-----T-----A-C-C---G-AT-----G-A-G---C--C	4356
H2A.SN.85.ROD	A---C-----C-C-A-T---A---G-C-T---A-----T---A-----T-----A-C-C---G-AT-----A-----C--C	4357
H2AB.CI..7312A	A-----A-----C---A---T---A---G---G-C-A---A---C---C---G---T-----A---A---C---A-----A---T---C--C	4893
H2B.CI..EHO	A-----A-----C---A---T---A---GG-T---A---G---T---C---C---G---T-----A---A---C---A-----A---T---C--C	4882
H2B.CI.88.UC1	A---A-A---G---C---A-CT---A---GG-C-A---G---C---C---T---G---A---C---A-----A---T---C--C	4892
H2B.GH.86.D205	C-----A---G---C---A-T---A---T---A---G---C---C---G---T-----A---A---C---A-----T---C--C	4884
H2B.JP.01.KR020	A-----A---A-CT---A---G---C---C---C---T-----A---A---C---A-----T---C--C	4034
H2G.CI..ABT96	AT-G-T---A---C-C---T---A---G---T---G---C---C---TG-----A---C---A-----G-A---T---C--C	4238
H2U.FR.96.12034	AG-----A---C-----CT---A---G-TG---C-G---G-C---C-T-----A-G-C-G-G-A-T-T-G-A---C-G--C	4390
MAC.US..251_1A11	-----	4827
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----G-----	4314
MAC.US..251_BK28	-----C-----A-----G-----	4804
MAC.US..251_32H_PJ5	-----	4829
MAC.US..SMM142B	-----C-----G-----	4314
MNE.US..MNE027	-----	4296
MNE.US.82.MNE_8	-----	4296
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	A-----C---A-C---C---T-----G-G---G---A---C-GRGG-A-----A-----G---	4301
SMM.SL.92.SL92B	GG---C-A---G---C-C-A-CT---A---GG-T---A---G---C---T-----A---TAGG-A-----T-G--C	4259
SMM.US..H9	A-----C---A-C---C---T-----G-G---G---A---C-G-RG-A-----A-----G---	4301
SMM.US..SME543	A-----C---G-C---A-C---T-----G---G---A---C-G-G-A-----A-----G---	4816
SMM.US..17EC1	-----	4828
SMM.US..17EFR	-----	4828
SMM.US..F236_H4	A-----C---G-C---A-C---T-----G---G---T---G---A---C-G-G-A-----A-----G---	4816
SMM.US..PBJ14_15	A-----C---A-C---C---T-----G---G---G---A---C-G-G-A-----A-----G---	4595
SMM.US..PBJA	A-----C---A-C---C---T-----G---G---G---A---G-G-A-----A-----G---	4594
SMM.US..PGM53	A-----C---A-C---C---A-----G---G---G---A---G-G-A-----G-A-----G---	4745
SMM.US..PBJ_6P6	A-----C---A-C---C---T-----G---G---G---A---C-G-G-A-----A-----G---	4787
STM.US..STM	GT-----G---C---A---A-C-G---T---A-----G-T---G---A---C-----A---G-----T-G---	4475



Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	CTGTAAAAATTGGCAGGCAGATGGCCTATTACACATCTACACACAGATAATGGTGCTAACTTTGCTTCGCAAGAAGTAAAGATGGTTGCATGGTGGGCAGGGATAGAGCACACCTTTGGGGTACCATA	4958
Pol Integrase	L L K L A G R W P I T H L H T D N G A N F A S Q E V K M V A W W A G I E H T F G V P Y	Pol
H2A.CI.88.UC2	--A-----C---CA-T-G---A-A---CT-G-----C---CC-C---CA---A-G-----A---G-----T---T-----AT-----A---T---	5041
H2A.DE..BEN	--A-----C---CA-T-G---A-A-G---CT-G-----C---CC-C---CA---A-G-----G-----G-----T---T-----A---AT-----A---T---	5041
H2A.DE..PE12	--A-----C---CA-T-G---A-A---C-G-----C---CC-C---CA-C-A-G-----A---G-----A---T-----A---AT-----A---T---	5009
H2A.GH..GH1	--A-----C---CA-T-G---A-A---CT-G-----C---CT-C---CA---A-G-----G-----G-----T---T-----A---AT-----A---T---	4485
H2A.GM..ISY	--A-----C---CA-T-G---A-A---CT-G-----C---C---CA---A-G-----G-----A-----A---C-----A---AT-----A---T---	4482
H2A.GM.87.D194	--A-----C---CA-T-G---A-A---CT-G-----C---CC-C---CA---A-G-----G-----G-----AT---T-----AT-----A---T---	4485
H2A.GW..ALI	--A-----C---TA-T-G---A-A---CT-G-----G---TC---CA-C-A-G-----A-----A---TT---T-----AT-----A---T---	5034
H2A.GW..MDS	-----C---TA-T-G---A-A---CT-G-----C---CA---A-G-----G-----A-----AT---T-----A---AT-----A---T---	4485
H2A.GW.86.FG	T-AC-G---C---CA-T-G---A-A---C-G-----C---CA---A-G-----G-A---A-----T---T-----A---A-----A---G---T---	4479
H2A.GW.87.CAM2CG	--A-----C---TA---G---A-A---CT-----A-----C---CA---A-G-----A-----A-----T---C-----A---A-----A---T---	5050
H2A.SN..ST	--AC---C---CA-T-G---A-A---T-G-----C---C---CA---A-G-----G-----G-----AT---T-----A---AT---C---A---T---	4486
H2A.SN.85.ROD	--A-G---C---A-T-G---A-A---CT-G-T-----C---C---CA---A-G-G-G-----A-----A-----AT---T-----A---AT-----A---T---	4487
H2AB.CI..7312A	-----GC---A---C-----C---CT-G---C---C---A---A---T-----G---T-----A---A---A-----A---C---	5023
H2B.CI..EHO	-----GC---CA-----C---C-G---C---C---C---CA---A---T-G-A---CA-C---AT-----A---A---A---C---A---G---C---T---	5012
H2B.CI.88.UC1	-----CA-----C---C-G---C---C---C---CA-C-A-C-G---CG-C---AT-----A---A---C---A---G---C---T---	5022
H2B.GH.86.D205	--AC---G---CA-----C---C---C---C---C---CA-C-A-C-AGT---A---C---T---A---A---T---A---C---T---	5014
H2B.JP.01.KR020	-----C---CA-----C---C---C---C---C---CA---A---C-G-A---CA-C---AT---AG---A---G---C---A---T---T---	4164
H2G.CI..ABT96	-----A---G-----C---C---T---C---C---CA-C---G-G---A---C---T---C---C---AG-A---A---A---T---T---	4368
H2U.FR.96.12034	--AC---GC-A---A-G---C-T---T-G-----C---CA---A-G-----A-----A-----T---T-----T-----A---C---T---	4520
MAC.US..251_1A11	-----	4957
MAC.US..BK28_H824	-----	0
MAC.US..MM142	-----A-----G-----	4444
MAC.US..251_BK28	-----C-----	4934
MAC.US..251_32H_PJ5	-----G-----C-----	4959
MAC.US..SMM142B	-----A-----G-----	4444
MNE.US..MNE027	-----A-----G-----C---A-----	4426
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----G-----C-----	4426
SMM.US..PBJC	-----	0
SMM.US..PBJD	-----	0
SMM.US..PBJE	-----	0
SMM.US..PBJ_143	-----C---A---CA-----C---C---G---T---T---C---T---CA-A-A---G---A---A---T---R---T---A---G---R---T---T---	4431
SMM.SL.92.SL92B	--C---A-A---TCA---A-AG---G---T---C---C---C---T---CA-C-C-G-G-G---A---A---TT---AG-G-A---GT---A---G---	4389
SMM.US..H9	--C---A---CA-----C---C---G---T---T---C---T---CA-A-A---G---A---A---T---R---T---A---G---R---T---T---	4431
SMM.US..SME543	-----GC-A---T-----C---C---G---T---T---C---T---CA-A-A---G---A---C---T---A---G---A---G---T---T---	4946
SMM.US..17EC1	-----	4958
SMM.US..17EFR	-----	4958
SMM.US..F236_H4	-----G-A---T-----C---C---G---T---T---C---T---CA-A-A---G---A---C---T---A---G---G---T---T---	4946
SMM.US..PBJ14_15	--C---A---CA-----C---C---G---T---T---C---T---CA-A-A---G---A---T---T---A---G---T---T---	4725
SMM.US..PBJA	--C---A---CA-----C---C---G---T---T---C---T---CA-A-A---G---A---T---T---A---G---T---T---	4724
SMM.US..PGM53	--C---A---TA-----C---C---G---T---T---C---T---CA-A-A---G---A---C---T---A---G---C---T---T---	4875
SMM.US..PBJ_6P6	--C---A---CA-----C---C---G---T---T---C---T---CA-A-A---G---A---T---T---A---G---C---T---T---	4917
STM.US..STM	-----G-G-A---A---A---G-C---C-G---G---C---CA-C---G-G---A---C---G---A---A---A-----A---T---	4605



HIV-2/SIV
complete genomes

Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	ATCCACAGAGTCAGGGAGTAGTGGAAGCAATGAATCACCACCTGAAAAATCAAATAGATAGAATCAGGGAAACAGCAAATTCAGTAGAAAACCATAGTATTAAATGGCAGTTCATTGCATGAATTTTAAAG	5088
Pol Integrase	N P Q S Q G V V E A M N H H L K N Q I D R I R E Q A N S V E T I V L M A V H C M N F K R	Pol
H2A.CI.88.UC2	-C---A-C-----A-----A-G---G---AG---T-A---G---T---A---G---A---C-----C-----	5171
H2A.DE..BEN	-C---A-C-----A-----A-G---G---AG---T-A---G---A---A---A---A---C---G-----	5171
H2A.DE..PEI2	-----A-C-A-----A-----T-A---C---G---AGC---T-A---G---G---A---A---G---A-----	5139
H2A.GH..GH1	-C---A-C-----A-----T-A---G---G---AG---T-A---G---A---A---G---A-----C-----	4615
H2A.GM..ISY	-----A-C-----A-----G---A---T-A---G---G---A---A---G---A-----C-----	4612
H2A.GM.87.D194	-----A-C-----A-----A---G---AG---T-A---G---G---A---A---G---A-----C-----	4615
H2A.GW..ALI	-----A-C-A-----A-----A---G---AGC---T-A---G---G---A---G---A-----C-----	5164
H2A.GW..MDS	-----A-C-A-----A-----C-----A---G---AG---T-A---G---G---A---A---G---A-----C-----	4615
H2A.GW.86.FG	-----A-C-A-----A-----T---T---A---G---C---T-A---G---G---A---A---G---A-----C-----	4609
H2A.GW.87.CAM2CG	-C---A-C-A-----A-----A---G---AG---T-A---G---G---A---A---G---A-----C-----	5180
H2A.SN..ST	-----A-C-A-----A-----A---G---AGC---T-A---G---G---CA-----A-----C-----	4616
H2A.SN.85.ROD	-----C-A-----A-----T---A---C---AG---T-A---G---G---A---A---G---A-----C-----	4617
H2AB.CI..7312A	-C---A-----A-----T---T-----G---A---T---G---GTA---A---AG---T---G---C-----	5153
H2B.CI..EHO	-----G-A-----A-----C---T---T-----G---C---T---A---T---G---GTA---A---G---AG---T---G---AC---C-----	5142
H2B.CI.88.UC1	-C---A-----A-----C---T-----A---C---G---GTA---A---G---AG---T---C---C-----	5152
H2B.GH.86.D205	-C---A-----A-----C---T-----C---C---A---C---GTA---A---G---AG---T---C---AC---C-----	5144
H2B.JP.01.KR020	-----A-----A-----C---T---T---A-----C---A---C---G---GTA---A---G---AG---T---C-----	4294
H2G.CI..ABT96	-C---C-----A---G---A---T-----T---T---A---G---A-----A---T---A---T-----G-----A-----	4498
H2U.FR.96.12034	-C---G---A---C---A-----G---A---C-----T---A---G---C-----G-----A---A---G---G---CC-----C---C-----	4650
MAC.US..251_1A11	-----CG-----	5087
MAC.US..BK28_H824	0
MAC.US..MM142	4574
MAC.US..251_BK28	5064
MAC.US..251_32H_PJ5	5089
MAC.US..SMM142B	4574
MNE.US..MNE027	-----T---A-----A---G-----	4556
MNE.US.82.MNE_8	-----T---A-----A---G-----	4556
SMM.US..PBJC	0
SMM.US..PBJD	0
SMM.US..PBJE	0
SMM.US..PBJ_143	-----C---AR---G-----G-----C---T---T---A---CC-----T---A---G-----A-----T---C-----A-----	4561
SMM.SL.92.SL92B	-C---A-----A-----C---G---CTTA---T---T---G---AA---C-----A---A-----G---G---A---G---C-----CA-----	4519
SMM.US..H9	-----C---AR---G-----G-----C---T---T---A---CC-----T---A---G-----A-----T---C-----A-----C-----	4561
SMM.US..SME543	-----C---A-----C---T---TT---A---CC---G-----T---A-----C-----G---T---C-----	5076
SMM.US..17EC1	-----C---A-----C---T---TT---A---CC---G-----T---A-----C-----G---T---C-----	5088
SMM.US..17EFR	-----C---A-----C---T---TT---A---CC---G-----T---A-----C-----G---T---C-----	5088
SMM.US..F236_H4	-----C---A-----C---T---TT---A---CC---G-----T---A-----C---A---G---T---C-----T-----	5076
SMM.US..PBJ14_15	-----C---A---G-----G-----C---T---T---A---CC-----T---A---G-----C---A---TTT---T---C-----	4855
SMM.US..PBJA	-----C---A---G-----G-----C---T---T---A---CC-----T---A---G-----A-----T---C-----	4854
SMM.US..PGM53	-----C---A-----C---T---T---A---CC---G-----T---A---G-----A---G---T---C-----	5005
SMM.US..PBJ_6P6	-----C---A---G-----G---C---T---T---A---CC-----T---A---T---G-----A---TTT---T---C-----	5047
STM.US..STM	-----C---A-----C-----T---TT---A---G---CC---G-----C-----T---A---T-----CA-----TG-----C---C-----C-----G---A	4735



Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	AAGGGGAGGAATAGGGGATATGACTCCAGCAGAAAAGATTAATTAACATGATCACTACAGAACAGAGATACAATTTCAACAATCAAAAACTCAAATTTAAAAATTTTCGGGTCTATTACAGAGAAGGC	5218
Pol Integrase	R G G I G D M T P A E R L I N M I T T E Q E I Q F Q Q S K N S K F K N F R V Y Y R E G	Pol
H2A.CI.88.UC2	-----C-G-----C-----T-C-----A-----C-TC--AG--T--T-C--A-C-A-----	5301
H2A.DE..BEN	-----C-----C-----T-C-----A-----C-TC--AG--T--T-C--A-----	5301
H2A.DE..PEI2	-----C-----C-T-----C-----A-----C-TC--CG--T-----A-----C-----T-----	5269
H2A.GH..GH1	-----C-----C-----T-C-----A-----C-TC--AG--T-----T-----C-C-A-----	4745
H2A.GM..ISY	-----C-T-----C-G-C-T-----C-----A-----C-TC--G--T-----A-----T-----	4742
H2A.GM.87.D194	-----C-----C-----C-----C-----A-----C-TC--AG--T-----T-----A-C-A-----	4745
H2A.GW..ALI	-----C-----C-C-T-----T-C-----A-----C-TC--A--T-TG-----C-C-----G-----	5294
H2A.GW..MDS	-----C-T-----C-C-T-----C-----A-----C-TC--G-C--T-----A-----T-----	4745
H2A.GW.86.FG	-----C-----A-C-T-----C-----A-----C-TC--G--T-----A-----T-----	4739
H2A.GW.87.CAM2CG	-----T-----C-C-T-----C-----A-----C-TC--G-C--T-----A-----T-----	5310
H2A.SN..ST	G-----C-----C-C-T-G-----G-----G-A-----C-TC--G--T-----AC-----T-----	4746
H2A.SN.85.ROD	-----G-----T-----C-T-----C-----A-----C-TC--G-C--T-----A-G-----T-----	4747
H2AB.CI..7312A	-----C-T-----G-C-G-----A-C-----A-----CTTC--G--T-T-----C-----C-A-----	5283
H2B.CI..EHO	-----C-T-----A-G-C-----A-----A-----C-TC--A--T-T-----CC-----C-----	5272
H2B.CI.88.UC1	-----C-T-----G-C-G-----A-C-----A-----G--CTTC--G--T-T-----C-----C-A-----	5282
H2B.GH.86.D205	-----C-T-----C-G-----A-C-----G-----G--CTTC--G--T-T-----C-----C-A-----	5274
H2B.JP.01.KR020	-----C-T-----A-G-----A-G-----G-----C-TC--A--G-T-----C-----C-----T-----	4424
H2G.CI..ABT96	-----C-T-----A-----T-----A-----C-TC--A--T-----C-----C-----	4628
H2U.FR.96.12034	-----T-----A-C-----AT-C-----A-----C-TC-----A-----T-----	4780
MAC.US..251_1A11	-----C-----A-----	5217
MAC.US..BK28_H824	-----A-----	125
MAC.US..MM142	-----A-----	4704
MAC.US..251_BK28	-----A-----	5194
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A-----	5219
MAC.US..SMM142B	-----A-----	4704
MNE.US..MNE027	-----G-C-----A-----C-----	4686
MNE.US.82.MNE_8	-----C-----A-----C-----	4686
SMM.US..PBJC	-----C-----A-----C-----T-----	83
SMM.US..PBJD	-----C-----A-----C-----T-----	83
SMM.US..PBJE	-----C-----A-----C-----T-----	83
SMM.US..PBJ_143	-----G-C-T-----T-C-----A-----C-----T-----	4691
SMM.SL.92.SL92B	-----T-----A-G-A-T-----C-----T--A-CC--ACTT-A-T--C-----C-----T-----A	4649
SMM.US..H9	-----G-C-T-----T-C-----A-----C-----T-----	4691
SMM.US..SME543	-----G-C-T-----C-----A-----C-----T-----	5206
SMM.US..17EC1	-----G-C-T-----C-----A-----C-----T-----	5218
SMM.US..17EFR	-----G-C-T-----C-----A-----C-----T-----	5218
SMM.US..F236_H4	-----G-C-T-----C-----A-----C-----T-----	5206
SMM.US..PBJ14_15	-----G-C-T-----C-----A-----C-----T-----	4985
SMM.US..PBJA	-----G-C-T-----C-----A-----C-----T-----	4984
SMM.US..PGM53	-----G-C-T-----C-----A-----C-----T-----	5135
SMM.US..PBJ_6P6	-----G-C-T-----C-----A-----C-----T-----	5177
STM.US..STM	-----C-----C-----G--T-----C-----A-----T-----C-----G-----	4865

HIV-2/SIV
complete genomes

HIV-2/SIV
complete genomes

	AGAGATCAACTGTGGAAGGGACCCGGT	GAGCTATTGTGAAAGGGGAAGGAGCAGT	CATCTTAAAGGTAGGGACAGACATTAAGG	TAGTACCCAGAAGAAAGGCTAAAATTATCAAAGATTATGGAGGAG	/ Vif start	5348																																					
MAC.US.-.MM239	R	D	Q	L	W	K	G	P	G	E	L	L	W	K	G	E	G	A	V	I	L	K	V	G	T	D	I	K	V	V	P	R	R	K	A	K	I	I	K	D	Y	G	G
Pol Integrase																																							M	E	E	5349	
Vif																																										5350	
H2A.CI.88.UC2	-----G-----A-C-T-A-A-----G-A-----G-----AG-C-----G-----A-A-----A-----G-----C-G-----GG-C-----A	5431																																									
H2A.DE.-.BEN	-----G-----A-----T-----A-----C-----G-A-----AG-C-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----GG-C-----A	5431																																									
H2A.DE.-.PEI2	-----G-----A-----T-----G-----A-----C-----G-A-----T-----AG-C-----A-----AA-----G-----A-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----A	5399																																									
H2A.GH.-.GH1	-----G-----A-----T-----A-----A-----C-----G-A-----C-----AG-C-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----C-----A	4875																																									
H2A.GM.-.ISY	---A-----C-A-----T-----G-----C-----G-A-----C-----AG-C-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----C-----CC-A	4872																																									
H2A.GM.87.D194	-----G-----A-----T-----A-----C-----G-A-----C-----AG-C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----GG-C-----A	4875																																									
H2A.GW.-.ALI	-----G-----A-----T-----G-----C-----G-A-----C-----AG-T-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----C-----A	5424																																									
H2A.GW.-.MDS	-----GT-----A-----T-----G-----C-----G-A-----C-----AG-C-----A-----A-----AA-----A-----G-----C-----G-----C-----A	4875																																									
H2A.GW.86.FG	-----G-----A-----T-----G-----A-----GC-----G-A-----C-----AG-C-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----G-----C-----T-----A	4869																																									
H2A.GW.87.CAM2CG	-----GT-----A-----T-----G-----A-----C-----G-A-----C-----AG-C-----A-----T-----A-----AA-----A-----A-----G-----A-----C-----G-----C-----A	5440																																									
H2A.SN.-.ST	-----G-----A-----T-----G-----A-----C-----G-A-----C-----AG-C-----G-----T-----A-----AA-----A-----A-----G-----A-----C-----G-----C-----A	4876																																									
H2A.SN.85.ROD	-----GT-----A-----T-----G-----A-----C-----G-A-----C-----AG-C-----A-----A-----AA-----A-----A-----G-----A-----C-----G-----C-----A	4877																																									
H2AB.CI.-.7312A	-----C-----A-----T-----A-----G-----A-----AG-C-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----GGC-----G	5413																																									
H2B.CI.-.EHO	-----C-----A-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----GGC-----C	5402																																									
H2B.CI.88.UC1	-----C-----A-----T-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----C-----A-----GGC-----G	5412																																									
H2B.GH.86.D205	-----C-----T-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----GGC-----C	5404																																									
H2B.JP.01.KR020	-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----GA-----	4554																																									
H2G.CI.-.ABT96	---C-G-C---A---T---T---T---A---T---A---A---C---A---T---A---A---C---A---C---A---G-----C-----A-----	4758																																									
H2U.FR.96.12034	---C--T---A-C-A-CA-CT-C---G-A---G---C-TA-T---A---A---G---A---A---G---C---G-----	4910																																									
MAC.US.-.251_1A11	-----C-----A-----A-----	5347																																									
MAC.US.-.BK28_H824	-----G-----A-----	255																																									
MAC.US.-.MM142	-----G-----A-----	4834																																									
MAC.US.-.251_BK28	-----G-----A-----	5324																																									
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----G-----A-----	5349																																									
MAC.US.-.SMM142B	-----G-----A-----	4834																																									
MNE.US.-.MNE027	-----G-----A-----T-----G-----	4816																																									
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----A-----T-----G-----	4816																																									
SMM.US.-.PBJC	---C-G---A---C---G---C---A---G---G---A---G---C---C---	213																																									
SMM.US.-.PBJD	---C-G---A---C---G---C---A---G---G---A---G---C---C---	213																																									
SMM.US.-.PBJE	---C-G---A---C---G---C---A---G---G---A---G---C---C---	213																																									
SMM.US.-.PBJ_143	---C-G---A---C---G---C---A---G---G---A---G---C---C---	4821																																									
SMM.SL.92.SL92B	---C---A-CA---CC-C---A---G---T---TG-AA-T---A---A---A---G---A---A---A---C---A---A	4779																																									
SMM.US.-.H9	---C-G---A---C---G---C---A---G---G---A---G---C---C---	4821																																									
SMM.US.-.SME543	---C-G---GA---C---G---G---A---G---G---A---G---C---C---	5336																																									
SMM.US.-.17EC1	---C-G---GA---C---G---G---A---G---G---A---G---C---C---	5348																																									
SMM.US.-.17EFR	---C-G---GA---C---G---G---A---G---G---A---G---C---C---	5348																																									
SMM.US.-.F236_H4	---C-G---A---C---G---C---A---G---G---A---G---C---C---	5336																																									
SMM.US.-.PBJ14_15	---C-G---A---C---G---C---A---G---G---A---G---C---C---	5115																																									
SMM.US.-.PBJA	---C-G---A---C---G---C---A---G---G---A---G---C---C---	5114																																									
SMM.US.-.PGM53	---C-G---A---C---G---C---A---G---G---A---G---C---C---	5265																																									
SMM.US.-.PBJ_6P6	---C-G---A---C---G---C---A---G---G---A---G---C---C---	5307																																									
STM.US.-.STM	-----A-----G-----A-----A-----G-----C-----	4995																																									



Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	Pol, Gag-Pol and p31 integrase end \	
Pol Integrase	GAAAAGAGGTGGATAGCAGTTCCACATGGAGGATACCGGAGAGGCTAGATA...GAGGTGGCATAGCCTCATAAAATATCTGAAATATAA..AACTAAAGATCTACAAAAGGTTTGCTATGTGCCCATTT	5473
Vif	G K E V D S S S H M E D T G E A R . E V A S	
	E K R W I A V P T W R I P E R L E . R W H S L I K Y L K Y . K T K D L Q K V C Y V P H F	Vif
H2A.CI.88.UC2	-GC---C-----T---C-----C-----G-G--A-G--A-G-...-AA-----GC---TG-C-G-C-A---C-G...-A---C---G-GGG---GC-----T---CCA	5556
H2A.DE..BEN	--C-G-AC-----T---C-----C-----G-G--A-G--A-G-...-AA-----GC---TG-C-G-C-A---C-G...-A---C---G-GG---GC-----T---CCA	5556
H2A.DE..PBI2	-GCG---T-----T---C-----C-----G-G--A-G--A-G-...-A-----TG-C-G-C-A---C-G...-A---C---GG---GG---G---T---CCA	5524
H2A.GH..GH1	-GC---AC-----TTCCCA--TGGA--GT-CC-GG-AG--A-G-...-A-----T---TG-C-G-C-A---C-G...-A-G---C---G-GG---GC-----T---CCA	5000
H2A.GM..ISY	-GC---A-----G-----C-----G-G--A-G--A-G-...-AA-----T---C-G---A---C-G...-A---G---G---C---GC-----T---CCA	4997
H2A.GM.87.D194	-GC---AC-----T---C-----C-----G-G--A-G--A-G-...-A-----TG-C-GC-C---G-C-G...-A---CT---G-GG---GC-----T---CA	5000
H2A.GW..ALI	-GC---C-----TG-C---T-----G-G--A-G--A-G-...-A-----TG-C-G-C-A---G-C-G...-A---G---G---G---T---CCA	5549
H2A.GW..MDS	-GC---CA-----TG-C---T-----G-G--A-G--A-G-...-A-----TG-C-G---T-A---C-G...-A---G---G---G---GC-----C---CCA	5000
H2A.GW.86.FG	-GC---A-----TG-----TT-----G-G--A-G--A-G-...-A-----T-GG-C-G---CT---C-G...-A---CT---G-G---A---T---CA	4994
H2A.GW.87.CAM2CG	-GC---C-----C-----C-----G-G--A-G--AA-G-...-A-----TG-C-G---A---C-G...-AGG---G-C---G---T---CCA	5565
H2A.SN..ST	-GC---A-----G-----A---T-----G-G--A-G--A-G-...-A-----T---C-G---A---C-G...-AGG---G-G---G---T---CCA	5001
H2A.SN.85.ROD	--C---A-----TG-----C-----G-G--A-G--A-G-...-AA-----TG-C-G---A---C-G...-A-G---G---G---T---CCA	5002
H2AB.CI..7312A	-----AT---T---A---G---G---A---A-GC-----AA-----C-T-AG-C-G---GC---G...-AGG---AT-G---C---C-CT---C---CCA	5538
H2B.CI..EHO	-----AT---T---G---G---G---ATGC-----AA-----C-T-A-T---C---G-A---CT-G---C---C-CT---T---CCA	5527
H2B.CI.88.UC1	-----AT---T-TG-A-G---A-GC-----AA-----C-T-GG-C-G---GC---G...-A---GT-G---C---C-CT---C---CCA	5537
H2B.GH.86.D205	-----GAT---T-T---G---G---A-GC-----A-----C-T-G-T-G---T-G---G...-AGG---GT-G---C---C-CT---C---CCA	5529
H2B.JP.01.KR020	-----AT---T---G---A---GC-----AA-----C---AG-C---C---G...-A---AT-GG-C---CACT---T---CCA	4679
H2G.CI..ABT96	-----AT---T---A---A---A-GC---A-G-...-A-----T-G---TCT-A-G-T...-A---C---G---CGGT---T---CA	4883
H2U.FR.96.12034	-----AT---T---A---T---G-G---AGA---T---A-----CTC---G-C---C-C---G...-C-A---G---G-A-G-T---CA	5034
MAC.US..251_1A11	-----A-----	5472
MAC.US..BK28_H824	-----A-----	380
MAC.US..MM142	-----A-----T-----	4959
MAC.US..251_BK28	-----A-----	5449
MAC.US..251_32H_PJ5	-G-----	5474
MAC.US..SMM142B	-----A-----T-----	4959
MNE.US..MNE027	-----A-----	4941
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----	4941
SMM.US..PBJC	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	338
SMM.US..PBJD	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	338
SMM.US..PBJE	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	338
SMM.US..PBJ_143	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	4946
SMM.SL.92.SL92B	-GC---A---G---G---AGT-----CAGTAGA--AA--TGGA-C-C-----TG---T---TC-AT-G-----A-G---G---G-A-CC---A---CA	4907
SMM.US..H9	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	4946
SMM.US..SME543	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	5461
SMM.US..17EC1	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	5473
SMM.US..17EFR	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	5473
SMM.US..F236_H4	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	5461
SMM.US..PBJ14_15	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	5240
SMM.US..PBJA	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	5239
SMM.US..PGM53	-----AT---TG-C---T---A---G-----A-----C---CT---T-G...-G---G---C---T---A---CA	5390
SMM.US..PBJ_6P6	-----AT---TG-----T-----G-----A-----C---C-C---C---C---C---G---C---T---A---CA	5432
STM.US..STM	-----TG-----C-----A-G-----G-----C---T-A-G-----C-----G---AGC---CA-----CCA	5120

HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TAAGGTCGGATGGGCATGGTGGACCTGCAGCAGAGTAATCTTCCCCTACTACAGGAAGGCCATTTAGAAGTACAAGGGTATTGGCATTGACACCAGAAAAAGGGTGGCTCAGTACTTATGCAGTGAGG	5603
Vif	K V G W A W W T C S R V I F P L Q E G S H L E V Q G Y W H L T P E K G W L S T Y A V R	Vif
H2A.CI.88.UC2	C---G-----T-----G---A-----A-A-G--A--T--C---GA---G-CA-----A-CC-A-G-----A-----TCCT--C--T---A--A	5686
H2A.DE..BEN	C---G-----T-----G---A-----A-G-AA--T--C---A---G-CA-----A-CC-A-----A-----TCCT--C--T---A--A	5686
H2A.DE..PEI2	-----G-----T-----G---A-----T---A-G-AAT--T--CC---GA---G-CA-----A-CC-A-----A-----TCCT--C--T---A--A	5654
H2A.GH..GH1	C---G-----G-----T-----G---A-----T---A-A-G-A--T--C---GA---G-CA-----A-CC-A-G-----A-----TCCT--C--T---A--A	5130
H2A.GM..ISY	-----G-G-----T-----G---A-----T---A-A-G-AAC--T--C---GA---G-CA-----A-CC-A-----A-----TCCT--C--T---A--A	5127
H2A.GM.87.D194	C---A-----T-----G---A-----G-A-G-A--T--C---GA---G-CA-----A-CC-A-----A-----TCCT--C--T---A--A	5130
H2A.GW..ALI	-----G-----T-----G---A-----T---A-G-A--T--C---GA---G-CA-----A-CC-A-----A-----TCCT--C--T---A--A	5679
H2A.GW..MDS	-----G-----T-----G---A-----T-GA-A-G-AAC--T--C---GA---G-CA-----A-CC-A-----A-----TCCT--A-----A--A	5130
H2A.GW.86.FG	-----G-G-----T-----G---A-----GA-A-GAAC--T--C-G---GA---CA-----A-C-A-----A-----TCCT--C-CT-----A	5124
H2A.GW.87.CAM2CG	-----A-----T-----G---A-----T-AGA-G-AC--T-G-C---GA---G-CA-----A-C-A-----A-----TCCT--C-----A--A	5695
H2A.SN..ST	-----G-----G-----T-----G---A-----T---A-A-G-A--T--C-G---GA---G-CA--C---A-CC-A-----A-----TCCT-C--T---A--A	5131
H2A.SN.85.ROD	-----G-----T-----G---A-----T---A-A-G-AAC--T--C---GA---G-CA-----A-C-A-----A-----TCCT--C--T---A--A	5132
H2AB.CI..7312A	C---G-----C-----T-----T-----A---C---A-A-G---GCATGCC---G-C---A---C---A-CC---C-G---GG-A-TCT-G---T-C---T---A--A	5668
H2B.CI..EHO	-----A-----T-----T-----T-----A---T---C---GA-A---GCA---C---C---A---C---A-CC---C-G---GG-A-TCT-G---T-C---T---A--A	5657
H2B.CI.88.UC1	C---G-----C-----T-----T-----A---C---A-A---A-GCAT-C---G-C---A---C---A-CC---C-G---GG-A-TCT-G---CT-C---T---A--A	5667
H2B.GH.86.D205	C---A-----T-----T-----T-----A---A---T---C---A-CA---GCATGCC---C---A---A-CC-A---C---G---GG-A-TCT-G---CT-C---T---A--A	5659
H2B.JP.01.KR020	-----A-----T-----T-----T-----A---C---A-A---GCAT-C---GA-C---A---A-CC---C-G---GG-A-TC-G---G-C---T---A--A	4809
H2G.CI..ABT96	C---A---T-----T-----T-----G---A---T---ACAA---A-GCA---G---A---A---C---C-T---G-A---T-A-CCAG-----A--A	5013
H2U.FR.96.12034	C---A-----T-----T-----T-----G---A---T---A-AA---TCA---G-G-G---CC---A---A---G-A---ATCCT-----A--A	5164
MAC.US..251_1A11	-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	5602
MAC.US..BK28_H824	-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	510
MAC.US..MM142	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	5089
MAC.US..251_BK28	-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	5579
MAC.US..251_32H_PJ5	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	5604
MAC.US..SMM142B	-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	5089
MNE.US..MNE027	-----A---A---G---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A	5071
MNE.US.82.MNE_8	-----A-AA---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A	5071
SMM.US..PBJC	---A---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T	468
SMM.US..PBJD	---A---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T	468
SMM.US..PBJE	---A---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T	468
SMM.US..PBJ_143	---A---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T	5076
SMM.SL.92.SL92B	C---A---A---AC---AGC-TCT---G---G---T---CT-GG---G---T---C---G---G---T---C---A---C---C---GR---A---T-ATCA-GC-----T---	5037
SMM.US..H9	---A---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T	5076
SMM.US..SME543	---A---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T	5591
SMM.US..17EC1	-----T---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A	5603
SMM.US..17EFR	-----T---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A	5603
SMM.US..F236_H4	---A---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T	5591
SMM.US..PBJ14_15	---A---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T	5370
SMM.US..PBJA	---A---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T	5369
SMM.US..PGM53	---A---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T	5520
SMM.US..PBJ_6P6	---A---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T---T	5562
STM.US..STM	-----T---G-----T-----T-----G---T---T---CT-G---A-G-A-GCA--CC-----T-----A---A-----A-----A-----GAA-----T-----	5250



Sample ID	Sequence	Position
MAC.US..MM239	ATAAACCTGGTACTCAAAGAACTTTTGGACAGATGTAACACCAAACCTATGCAGACATTTTACTGCATAGCACTTATTTCCCTTGCTTTACAGCGGAGAAAGTGAGAAGGGCCATCAGGGGAGAACAACTGC	5733
Vif	I T W Y S K N F W T D V T P N Y A D I L L H S T Y F P C F T A G E V R R A I R G E Q L	Vif
H2A.CI.88.UC2	C-----TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----CC-A-A-----C-----TG-----G-G-A-T-----A-----A-----A-G--A-GT-AT	5816
H2A.DE..BEN	T-----TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----CC-A-A-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G--A-GT-AT	5816
H2A.DE..PEI2	-----TA-G--GG-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----T-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G--A-GT-A-	5784
H2A.GH..GH1	-----TA-G-A-GG-C-----T-C-G-G-----CC-A-A-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G--A-GT-AT	5260
H2A.GM..ISY	--G-T-----G-AGGG-C-----T-C-G-G-----CCC-A-A-C-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-GTCAT	5257
H2A.GM.87.D194	T-----TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-C-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G--A-GT-AT	5260
H2A.GW..ALI	-----T-----TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-G-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G--A-GT-AT	5809
H2A.GW..MDS	C-G-T-----A-G-A-A-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----A-----A-T-----CA-----A-----A-G--A-GT-AT	5260
H2A.GW.86.FG	-----T-----TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G--A-T-AT	5254
H2A.GW.87.CAM2CG	--G-T-----A-G-A-G-C-----C-C-G-G-----CCC-A-A-----T-----T-----A-G-----A-----A-G--A-GT-AT	5825
H2A.SN..ST	C-----T-----TA-G-A-A-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----T-----G-A-C-----A-----A-----A-G--A-G-AT	5261
H2A.SN.85.ROD	-----T-----A-G-A-G-C-----T-C-G-G-----TG-CC-A-A-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G--A-GT-AT	5262
H2AB.CI..7312A	T-----A-----TGA-G--G-----AC-----TG-TGTG-----CAGC-T-----G-G-----T-----CAAT-----A-G-A-----A-GA-AT	5798
H2B.CI..EHO	C-----A-----TGAG-G-G-----AT-----T-----TG-TGTA-----CGA-----G-GT-----T-----CG-----TAAT-----A-G-A-----A-GA-AT	5787
H2B.CI.88.UC1	C-----A-----TAA-G-G-----AT-----G-----TG-GTG-----CAGC-----G-GT-----T-----CAAT-----A-G-A-----A-GA-AT	5797
H2B.GH.86.D205	C-----A-----TGAG-G-----AT-----TG-TGTG-----CAGC-----G-GT-----T-----T-----CAAT-----A-G-A-----A-GA-AT	5789
H2B.JP.01.KR020	C-----A-----TAAG-A-GT-C-AT-----G-----TG-TGTA-----CACC-T-----G-GT-----TT-----TAAT-----A-G-A-----A-GA-AT	4939
H2G.CI..ABT96	T-----A-----GA-A-----AT-----G-----G-GACA-----TCAA-----T-----G-AT-----TGA-----T-T-----A-----G-GA-AT	5143
H2U.FR.96.12034	T-----T-----A-----GAGGT-----TG-T-GC-----CAA-----G-G-G-----T-----T-----G-A-----A-----GT-AT	5294
MAC.US..251_1A11	G-----	5732
MAC.US..BK28_H824	-----T-----G-----G-----	640
MAC.US..MM142	-----G-----G-A-----T-----	5219
MAC.US..251_BK28	-----G-----	5709
MAC.US..251_32H_PJ5	-----G-----	5734
MAC.US..SMM142B	-----G-----G-A-----T-----	5219
MNE.US..MNE027	-----G-----	5201
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----G-----	5201
SMM.US..PBJC	-----C-GA-T-C-----G-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----A-T---	598
SMM.US..PBJD	-----C-GA-T-C-----G-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----A-T---	598
SMM.US..PBJE	-----C-GA-T-C-----G-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----A-T---	598
SMM.US..PBJ_143	-----C-GA-T-C-----C-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----A-T---	5206
SMM.SL.92.SL92B	--T-T-----G-A-A-----C-----G-TGTA-----TCAG--GCA-----T-----G--GG--T-----CAC-CG-----CAA-----A-----G--G--T	5167
SMM.US..H9	-----C-GA-T-C-----C-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----A-T---	5206
SMM.US..SME543	-----C-GA-T-C-----G-T-G-----C-----C-GA-----T-----A-----ACA--A-----GA--T---	5721
SMM.US..17EC1	-----	5733
SMM.US..17EFR	-----	5733
SMM.US..F236_H4	-----C-GA-T-C-----G-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-G-A-----GA--T---	5721
SMM.US..PBJ14_15	-----C-GA-T-C-----G-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----A-T---	5500
SMM.US..PBJA	-----C-GA-T-C-----G-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----A-T---	5499
SMM.US..PGM53	-----C-GA-A-C-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----GA--T---	5650
SMM.US..PBJ_6P6	-----C-GA-T-C-----G-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----A-T---	5692
STM.US..STM	-----T-----TA-C-GA-T-C-----T-----G-----G-----TCAGC-----G-----A-----A-GT-A-	5380

HIV-2/SIV
complete genomes

MAC.US..MM239	TGTCTTGCTGCAGGTTCCCGAGAGCTCATAAGTACCAGGTACCAAGCCTACAGTACTTAGCACTGAAAGTAGTA.....AGCGATGTCAGATCCCAGGAGAGAGAATCCCACCTGGAACAGTGGAGAAG	5857
Vif	L S C C R F P R A H K Y Q V P S L Q Y L A L K V V . . . S D V R S Q G E N P T W K Q W R R	Vif
Vpx	M S D P R E R I P P G N S G E	Vpx
H2A.CI.88.UC2	-----AC-AT--CCA-----AGCA-----TCA--T--A---C---C--AGTG---GCAA...CAAA--A--C---A--A--GG---G--A-----	5943
H2A.DE..BEN	-----AC-AT--CCA-----AGCA-----TCA--T--A---C---C--AGT---CAA...CAAA--A--C---A--A--GG--A--G--A-----	5943
H2A.DE..PEI2	-----AT--A---CCA---C---GA-CTA-----GTTA--C--A--TTC-G--CT-AGT---GCAA...CAAA--G--C---AA--A--C--G--A---A---G---C---	5911
H2A.GH..GH1	-----AC-AT--CCA-----AGTA-----TCA--T--A---C---C--AGTG---GCAA...CAAA--A--C---A--A--GG--A--G--A-----	5387
H2A.GM..ISY	-----AT--AT--CCA---C---C--A-----GTCA--C--A--TTC-G--CT-AGT---CAG...CAAA--A--A--C---A---C---A---A-----C---	5384
H2A.GM.87.D194	-----AC--A---CCA-----AGCA-----TCA--T--A---C---C--AGTG---GCAA...CAAA--G---C---A--A--GG--G--G--A-----	5387
H2A.GW..ALI	-----AT--AT--CCAG--C---CA-----GTCA--C--A--TTC-G--CT-AGTG---GCAA...CAAA--G--A--C---A--A--C--G--A---A---C---	5936
H2A.GW..MDS	-----AT--AT--CCAG--C---A--CT-----G--CA--T--A--TTC-G--CT-AGTG---GCAA...CAAA--G---C---A---C--G--A---A---C---	5387
H2A.GW.86.FG	-----AA--A---CC--G---GA--C-----GTCA--T--A--TTC-G--CT-AGTG---GCAA...CAAA--A---A---A--C--G--G---A---C--C--G---	5381
H2A.GW.87.CAM2CG	-----AA--AT--CC--C---GA--C-----TCA--T--A--TTC-G--CT-AGTG---GCAA...CAAA--A---C---A---CCG--A---A---C---C---	5952
H2A.SN..ST	-A--C-----AC--A---CCA---C---GAGC-----GTCA--C---TTC-G--CT-AGTG---GCAA...CAAA--G--GC---A---C---A---A---C---	5388
H2A.SN.85.ROD	-----AT--AT--CC-----GAGC-----GTCA--T--A--TTC-G--CT-AGTG---GCAA...CAAA--A---C---A---C--G--A---A---C---	5389
H2AB.CI..7312A	-----AC--A---ATC-----CG--GGG-----TT--TTC--CT--A--G---T---CAAGAAG-AA-AAATG-----G--G---A---C--AC---	5928
H2B.CI..EHO	CCA-----AC--A---ATC-----CAGG-----TT--TTC--C--A--G---T---CAAGAAG-AA-AAATG-----G--A---A---C--C---	5917
H2B.CI.88.UC1	-----AC--AT--ATC-----CG--AGGG-----T-----TTC--C--A--GG--CA---CAGGAAG-AA-AAATG-----G--G---A---C--AC---	5927
H2B.GH.86.D205	-----AC--AT--ATC-----CG--AGGG-----T-----TTC--C--A--GG--C---CAGGAAG-AA-AAATG-----G--G---A---C--AC---	5919
H2B.JP.01.KR020	-----AC--A---ATC---C---GAGGA-----TT-----TTC--C--A--GG--T---GCAAGAAG-A-GAAATG-C-----G--G--G--A---C--C---	5069
H2G.CI..ABT96	-----AC--AT--A--C-----AAGG-----G--T---T--G--A--TTC---CT--AC-----GCAAAAAG-A...CATG-----A---G--M-----A--A---C--AC--G---	5270
H2U.FR.96.12034	-----AC--T--ATCG-----GAC--G-----TCTT-----A--TTC-----C--G--C--T--GCAA...GAT--GGAGATCCAAGAGA...-----A----TTCA--A-----	5418
MAC.US..251_1A11	-----A-----G-----A-----T-----	5856
MAC.US..BK28_H824	-----A-----C-----T-----G-----TC-----	764
MAC.US..MM142	-----A-----G-----A-----T-----TC-----	5343
MAC.US..251_BK28	-----A-----G-----A-----T-----TC-----	5833
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A-----G-----T-----G-----TT-----	5858
MAC.US..SMM142B	-----A-----C-----T-----G-----TC-----	5343
MNE.US..MNE027	-----A-----T-----G-----TT-----A-----	5325
MNE.US.82.MNE_8	-----AC-----T-----G-----TT-----A-----	5325
SMM.US..PBJC	-----A-----A-----A--T-----TC-----A--C-----G-----C-----	722
SMM.US..PBJD	-----A-----A-----A--T-----TC-----A--C-----G-----C-----	722
SMM.US..PBJE	-----A-----A-----A--T-----TC-----A--C-----G-----C-----	722
SMM.US..PBJ_143	-----A-----A-----A--T-----TC-----A--C-----G-----C-----	5330
SMM.SL.92.SL92B	-A--C--A---TG--C--A--G--GT---C---C--C--TAGT--C--A-----CTG--G--C--A--G---TTA...CAAA--A--C--A---A---A-----A-----	5294
SMM.US..H9	-----A-----A-----A--T-----TC-----A--C-----TC-----RSR-----A-----R-----	5330
SMM.US..SME543	-----A-----A-----AA--T-----TC-----A--C-----TC-----A-----G-----	5845
SMM.US..17EC1	-----A-----A-----A-----T-----TC-----A--C-----TC-----A-----G-----	5857
SMM.US..17EFR	-----A-----A-----AA--T-----TC-----A--C-----TC-----A-----G-----	5845
SMM.US..F236_H4	-----A-----A-----A--T-----TC-----A--C-----G-----C-----	5624
SMM.US..PBJ14_15	-----A-----A-----A--T-----TC-----A--C-----G-----C-----	5623
SMM.US..PBJA	-----A-----A-----A--T-----TC-----A--C-----G-----C-----	5623
SMM.US..PGM53	-----A-----A-----A-----T-----TC-----A--C-----G-----TC-----A-----G-----	5774
SMM.US..PBJ_6P6	-----A-----A-----A--T-----TC-----A--C-----G-----C-----	5816
STM.US..STM	-----A--A-----A-----T-----TT--A-----G.....GAAC-----A-----A--G--C-----	5504



```

MAC.US.-.MM239          AGACAATAGGAGAGGCCCTTCGAATGGCTAAACAGAACAGTAGAGGAGATAAACAGAGAGGCGGTAAACCACCTACCAAGGGAGCTAATTTTCCAGGTTTGGCAAAGGTCTTGGGAATACTGGCATGA..T 5985
Vif                    D N R R G L R M A K Q N S R G D K O R G G K P P T K G A N F P G L A K V L G I L A $ Vif
Vpx                    E T I G E A F E W L N R T V E E I N R E A V N H L P R E L I F O V W Q R S W E Y W H D Vpx

H2A.CI.88.UC2          ----C-T-----G-----G--G--TA---A-CCT-G-----G--CC-A---C-----G-----C--AG-----.. 6071
H2A.DE.-.BEN          ----C-T-----G-----G-G-G--CA---A-CCT-----G-----A-G---T-G--CC-A---C-----G-----C--AG--T-----.. 6071
H2A.DE.-.PBI2          TA--T--T-----T---CT---G-A-G-TG---CC-----A-G---T-G--TC---T-----G-----C--AG-----.. 6039
H2A.GH.-.GH1          ----C-T-----G-----G--G--TA---A-CCT-----G-----A-G---T-G--CC-A---C-----G-----C--AG-----.. 5515
H2A.GM.-.ISY          -A--T--C-A-----T---G--G--G--A--CC-----A-G---T-G--C---T-----G-----C--AG-----.. 5512
H2A.GM.87.D194        ----C-T-----G-----G--G--TA---A-CCT-----G-----A-G---T-G--CC-A---C-----G-----C--C--T-----.. 5515
H2A.GW.-.ALI          ----T-C-----G-----G--G--G---CCT-----G---T---G--CC---C-----G-----C--AG-----.. 6064
H2A.GW.-.MDS          ----T-C-AGC-----CC---G--G--G---A-CC-----G---T---G--CC-A---T-----G-----C--AG-----.. 5515
H2A.GW.86.FG          ----T-C-A-----C---G--G--G---CT-----A-G---T---AC---C-A---C-----C---G---C--AG-----.. 5509
H2A.GW.87.CAM2CG      ----T-C-A-----CC---G--G--G---A-CT-----A-G---T---G--CC---T---A-CT-----G-----C--AG-----.. 6080
H2A.SN.-.ST          -A--T--C-----G-----G--G--G---A-CC-----A-G---T---G--CC-A---T-----G-----C--AG-----.. 5516
H2A.SN.85.ROD         ----T-C-----C---G--G--G---A-CC-----A-A-G---T---CC-A---A---T-----G-----G---C--AG-----.. 5517
H2AB.CI.-.7312A       ----G-----A---C---G-A---A---TA-AC-C---G-A-A-C---TT-G--CC-A---A---T-----C---G---C--T---G---.. 6056
H2B.CI.-.EHO          -A--G-----A---A---G-G-C---T---AC-TC-C---TA-A-C---T---G--CC-A---A---T-----C---G-A---C--T---G---.. 6045
H2B.CI.88.UC1         -A-----A-A---T---G-A---A---ACA---C-C---G-TA-A-C---T---G--CC-A---A---T-----C---G---G---C--T---G---.. 6055
H2B.GH.86.D205        -A--G-----A-A---CT---G-A---A---ACA---C-C---G-TA---C---TT-G--CC-A---A---T-----C---G---C--T---G---.. 6047
H2B.JP.01.KR020       -A-----A-A---A---G-A---A---ACA---C-C---TA-T-C---T---G--C---A---T-----C---G---C--T---G---.. 5197
H2G.CI.-.ABT96        ----C-----A---A---G-A---A---MACA---C---GATA-A-C---T---TT---C---T-----G---C---C--T---G---.. 5398
H2U.FR.96.12034       -A--TG-----T---AGT---G-A---T---GAGA---T---C---G-CA-A---GC-A---T---T---C---A---T-----C---C---C--T---G---.. 5546

MAC.US.-.251_1A11     -----A-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----.. 5984
MAC.US.-.BK28_H824    -----A-----G-----A-----T-----G-----G-----.. 892
MAC.US.-.MM142        -----A-----G-----A-----G-----.. 5471
MAC.US.-.251_BK28     -----A-----A-----G-----.. 5961
MAC.US.-.251_32H_PJ5  -G-----A-----.. 5986
MAC.US.-.SMM142B      -----A-----G-----G-----.. 5471

MNE.US.-.MNE027       -----A-----A-----G-----.. 5453
MNE.US.82.MNE_8       -----A-----A-----T-G-----.. 5453

SMM.US.-.PBJC         -A-----C-----C-----C-----A-A-----G-CA-A-G-T--TT-G-----C---G---C-----.. 850
SMM.US.-.PBJD         -A-----C-----C-----C-----A-A-----G-CA-A-G-T--TT-G-----C---G---C-----.. 850
SMM.US.-.PBJE         -A-----C-----C-----C-----A-A-----G-CA-A-G-T--TT-G---G---A-----C---G---C-----.. 850
SMM.US.-.PBJ_143      -A--RR---C---Y---C---C-----S---A-A-----G-CA-A-G-T--TT-G---R---A-----C---G---K-C-----.. 5458
SMM.SL.92.SL92B       -A-----A-----T---C---AT---G---CCC-G---TCA-ACA-A---C-A---T---A---T-----C---AG---G-----GTA---.. 5422
SMM.US.-.H9           -A--RR---C---Y---C---C-----S---A-A-----G-CA-A-G-T--TT-G---R---A-----C---G---K-C-----.. 5458
SMM.US.-.SME543       -A-----A-----A-----G-CA-A---T---G-G-----.. 5973
SMM.US.-.17EC1        -----A-----A-----G-CA-A---T---G-G-----.. 5985
SMM.US.-.17EFR        -----A-----A-----G-CA-A---T---G-G-----.. 5985
SMM.US.-.F236_H4      -A-----A-----A-----G-CA-A---T---G-G-----.. 5973
SMM.US.-.PBJ14_15     -A-----C-----C-----G-----A-A-----G-CA-A-G-T--TT-G---G---A-----C---G---C-----T-----.. 5752
SMM.US.-.PBJA         -A-----C-----C-----G-----A-A-----G-CA-A-G-T--TT-G---G---A-----C---G---C-----.. 5751
SMM.US.-.PGM53        -A-----C-----A-----G-----A-A-----G-CA-A-G-T--TT-G---G---A-----C---G---C-----G-----.. 5902
SMM.US.-.PBJ_6P6      -A-----C-----C-----G-----A-A-----G-CA-A-G-T--TT-G---G---A-----C---G---C-----.. 5944

STM.US.-.STM          -G-----AG--A-A---G-----C-----G-----C-----C-----A-----T---G---A-G-----C---G-----.. 5632

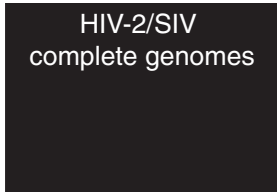
```

HIV-2/SIV
complete genomes

Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239 Vpx	GAACAAGGGATGTCACCAAGCTATGTAATAACAGATACTTGTGTTTAAATACAAAAGGCTTTATTTATGCATTGCAAGAAAGGCTGTAGATGTCTAGGGGAAGGACATGGGGCAGGGGGATGGAGACCAG	6115
H2A.CI.88.UC2	-----C-----T-----CAC--G--T-----T-----CC---G---A--A-G---A--CT---G--C-CT--C--G-----G--G--A-----	6201
H2A.DE..BEN	-----G-----CAC--G--T-----T-----CC---G---A--A--CA---T-----G--G--C-CT--CTGG-----G-ACATG--CCGG-AA---T-GA-GACC	6201
H2A.DE..PEI2	--C-T-----A--T-CAC--G--T-----T-----C-C---G---GT-T--A-G--C--A--GTT-----G--C-CT--C--G-----G--G--A-----	6169
H2A.GH..GH1	--C-----CAC--G--T-----T-----CC-G--G--G--A--G-----A--T-----G--G--C-CT--C--G-----G-----AC-G--A-----T---	5645
H2A.GM..ISY	--G-----G-----CAC--G--T-----T-----C---G--G--A--G-G--C-----T-----G--C-CT--C--GG-----C--A--G-----T---	5642
H2A.GM.87.D194	-----A-----T-CAC--G--T-----T-----CA---G--G--A--G-G-A--A--T-----G--G--C-CT--C--G-----AG-----CC-G--A-----	5645
H2A.GW..ALI	-----A-----A--T-CAC--G--T-----T-----C---G--G--A--A-G-AC-CA--T--T-----G--C-CC--C--G-----G--G-----C--A-----T---	6194
H2A.GW..MDS	-----A-----A--T-CAC--G--T-----T-----C---G--G--A--AA-G-AC-A--G-T-G-----G--C-CT--C--GG-----G-----C--A--G-----	5645
H2A.GW.86.FG	-----A-----CAC--G--T-----T-----C-----G-T--AA-G-AC-----GCT---G--ATG-C-CT--C--G-----G--CATG--CCAGAA--TG-AGAT-AG-	5639
H2A.GW.87.CAM2CG	-----A-----T-CACC-G--T-----T-----C---G--G--A--AG-G--C--A--TT---G--G--C-CT--C--G-----G-----C--A--G-----	6210
H2A.SN..ST	-----A-----AT--T-CAC--G--T-----T-----CC---G--G--A--A-G--C--A--CT---G--G--C-CT--C--G-----G-----C--G--A-----T---	5646
H2A.SN.85.ROD	-----G-----GA--T-CAC--G--T-----T-----CA---G--G--A--AG-G-AC---GTT-G-----G--C-CT--C--G-----AGG-----C--A--G-----	5647
H2AB.CI..7312A	--T-G-C-----ATT---CACC-G--T--G-----CT-C-G-----A--AA-G--G--A--TTGCA-G--T--G-----C--C-GC--C-----C-----G---	6186
H2B.CI..EHO	--G-C-----ATT--T--ACC--T--G--T-----C--G-----A--AA-G--G--A--C-TTGCA-G--T--G-----G--C-----C-----C-----T---	6175
H2B.CI.88.UC1	--G-C-----AGT--T--ACC--T-----TGC--G--G--A--AA-G--G--G--C-AT-CA-G-----G--C-CA--G--C-----C-----C-----T---	6185
H2B.GH.86.D205	--G-C-----ATT---ACC--T-----TGC--G--G--A--AA-G--G--G--C-AT-CA-G-----G--C-CA--G--C-----C-----C-----T---	6177
H2B.JP.01.KR020	--G-C--A--ATT---CACC-G--T-----T-----C-G--G--A--AC-G-A-----CCTTGCA-GG-A--GC---CT-GC--G--T-----C-----C-----T---	5327
H2G.CI..ABT96	--G-C-----G-T--T-CACT-G--T-----T-----TGC-G--G-----A-G--G-A-----T-----A--C--CT-GCA-A-G--C-----C-T--A-----A---	5528
H2U.FR.96.12034	--G-C-----GA--T--ACT-G--T-----TC-C--C-G-----G--A-----A--G--A--CA---CT-G-----C-----AC--A-----T---	5676
MAC.US..251_1A11	-----A-----G-----C-----C-----A-----	6114
MAC.US..BK28_H824	-----A-----AC-----G-----A-----C-----A-----	1022
MAC.US..MM142	-----A-----AC-----G-----C-----C-----A-----	5601
MAC.US..251_BK28	-----A-----AC-----G-----C-----C-----A-----	6091
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A-----AC-----G-----C-----C-----A-----	6116
MAC.US..SMM142B	-----A-----AC-----G-----C-----C-----A-----	5601
MNE.US..MNE027	-----G-----G-----A-----A-----	5583
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----G-----A-----A-----	5583
SMM.US..PBJC	--ATG-----GTC--T--CACT-----C--G-----G--A--A--G-----G--G--CT--A--G--AG-----	980
SMM.US..PBJD	--ATG-----GTC--T--CACT-----C--CG-----G--A--A--G-----G--G--CT--A--G--AG-----	980
SMM.US..PBJE	--ATG-----GTC--CACT-----C--G-----G--A--A--G-----G--G--CT--A--G--AG-----	980
SMM.US..PBJ_143	--ATG-----GTC--CACT--R-----C--G-----G--A--C--G-----G--G--CT--A--G--AG-----	5588
SMM.SL.92.SL92B	--G---ATAC-----C-----T-----TG-ACAG-----G-----A--AA-G--CA--C-T-GA-G-A-C-C--CAG--A--G--TCACAG-----C-----A-T-	5552
SMM.US..H9	--ATG-----GTC--CACT--R-----C--G-----G--A--C--G-----G--G--CT--A--G--AG-----	5588
SMM.US..SME543	--ATG--A-----GA--CAC--T-----ATC--G-----G--A--C--G-----G--G--CT--A--G-----A---	6103
SMM.US..17EC1	-----G-----G-----A-----A-----	6115
SMM.US..17EFR	-----G-----G-----A-----A-----	6115
SMM.US..F236_H4	--ATG--A-----GA-----CAC-----T-----C--G-----G--A--C--G--G-----G--G--CT--A--G--AG-----A---	6103
SMM.US..PBJ14_15	--ATG-----GTC--CACT-----C--G-----G--A--A--G-----G--G--CT--A--G--AG-----	5882
SMM.US..PBJA	--ATG-----GTC--CACT-----C--G-----G--A--A--G-----G--G--CT--A--G--AG-----	5881
SMM.US..PGM53	--ATG-----GAG--CAC-----C-----G--A--C--G-----G-----G--G--CT--A--G-----T---	6032
SMM.US..PBJ_6P6	--ATG-----GTC--CACT-----C--G-----G--A--A--G-----G-----G--G--CT--A--G--AG-----	6074
STM.US..STM	--G-----C-CGGG-----T-----T-----C--G-----G--A--G-----A-----GG-A-C---CT-G-----A-----	5762



	Vpx end \	/ Vpr start	
MAC.US.-.MM239	GACCTCCTCCTCCTCCCTCCA...	GGACTAGCATAA.....	ATGGGAAGAAAGACCTCCAGAAAATGAAGGACCACAAAGGGAACCCATGGGATGAATGGGTAGTGGAGGTTCTGGAAGAACT
Vpx	G P P P P P P P .	G L A \$	M E E R P P E N E G P Q R E P W D E W V V E V L E E L
H2A.CI.88.UC2	---G-C-----T---TC---T---G-A--AGCTA---A-GA-T-TGT--A-
H2A.DE.-.BEN	A-GGA---C---T-C--TCCA-T---TC---	..TGACTGAAGCACCAC--GTTT-C--G--G--GGACC--GG---CTT-G--AG--C---A-A--AAC---AGG---A-	6230
H2A.DE.-.PEI2	-----C-----A.....	..TC---TGACTGAAGCACCAC-C--GTTT-C--G--GG--ACC--CG---GG--G---G---A-A-GAA-C--AG---T-	6292
H2A.GH.-.GH1	-----C-----T---TC---	..TGACTGAAGCACCAC--GTTT-C--G--G--GGACC--GG---T-G--G--C---A-AAGAA---G---A-	5771
H2A.GM.-.ISY	-----C-----T-C---	..TT---TC---TGACTGAAGCACCAC-C--GTTT-C--G--GG--GGACC--CG---G---G---A-A-AA---AG---A-	5768
H2A.GM.87.D194	-----C-----T---TC---	..TGACTGAAGCACCAC--GTTT-C--G--G--GGACC--GG--A--G-T-G--AG-ACC---A-A--AAC---A-G---A-	5771
H2A.GW.-.ALI	-----C-----T---TC---	..TGACTGAAGCACCAC--GTTT-C--G--CCGGAATG---C--CCA--G-G-CA---G---A-A-A-C--AG---A-	6320
H2A.GW.-.MDS	-----C-----T---TC---	..TGACTGAAGCACCAC--GCTC-C--G--GG--GGACC--CG--G--G---G---A-A-AA---AG---GA-	5771
H2A.GW.86.FG	-----C-----A-----	..TT---TC---TGACTGAAGCACCAC--CTC-C--G--GG--AGGACC--CG---G--G---C---A-A-AA-C--AG---A-	5765
H2A.GW.87.CAM2CG	-----C-----G---TC---	..TGACTGAAGCACCAC--GCTC--G--GG--GGACC--CG---G--G---G---A-A-AA-C--AG---CA-	6336
H2A.SN.-.ST	-----C-----T---TC---	..TGACTGAAGCACCAC--GTCT-C--G--GG--AGGACC--CG---G--G---G---A-A--AACC--AG---GA-	5772
H2A.SN.85.ROD	-G-----T---G-TC---	..TGGCTGAAGCACCAC--GCTC-C--G--TGG--GGACC--TG---G--G---G---A-A-AA-CT--AG---A-	5773
H2AB.CI.-.7312A	-----T-C---	..C---C---TGGCAGAAGCAGCCTC-G-CT--G--G--G--G--G--A--G---A--G---A--C--C--G--A-	6312
H2B.CI.-.EHO	-----T-C---	..C---C---TGGCAGAAGCAG-CCC-G-TT---GG--A--AAC---A--G---A--G---A--C--C--G--A-	6301
H2B.CI.88.UC1	-----T-C---	..C---C---TGGCAGAAGCAGCCCC-G-CT--G--G--A--C---G--A--G---A--G---A--C--CA--G--A-	6311
H2B.GH.86.D205	-----T-C---	..C--G--C---TGGCAGAAGCAGCCCC-G-TC---G--C--GAAC---A--G---A--G---A--G---A--C--G--A-	6303
H2B.JP.01.KR020	-----T---CT-G-C---	..TGACAGAAGCAGCCCC-G-CT--G--G--G--AC---A--G---A--G---A--C--C--G--T-	5453
H2G.CI.-.ABT96	-----T---T---G.....	..ATGGCA---TC-C---G--G--CC-C--G--A--G---A--G---A--A---A---A---A-	5646
H2U.FR.96.12034	-G-----A-----T-GATC---C---T---GG-C-GG-CC---A--G--TG---C--G---GAGA--AA-A---G---A-	5790
MAC.US.-.251_1A11	-----C---TG-----G-----	6229
MAC.US.-.BK28_H824	-----C-----	1137
MAC.US.-.MM142	-----C-----G-----A-----A-----	5716
MAC.US.-.251_BK28	-----C-----	6206
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----C-----	6231
MAC.US.-.SMM142B	-----C-----G-----A-----A-----	5716
MNE.US.-.MNE027	-----G---C-----	5698
MNE.US.82.MNE_8	-----G---C-----	5698
SMM.US.-.PBJC	-G-----A--AC-----G-----G-----G-----G-----A--A-----G--A-	1096	
SMM.US.-.PBJD	-G-----A--AC-----G-----G-----G-----G-----A--A-----G--A-	1096	
SMM.US.-.PBJE	-G-----A--AC-----G-----G-----G-----G-----A--A-----G--A-	1096	
SMM.US.-.PBJ_143	-G--A--A-----A-----TT-G-C---	..A--AC---C-TG...GG--GACCAAC-C--A---G---G---A--AGA-T--A---T-	5704
SMM.SL.92.SL92B	-G--A--A-----A-----TT-G-C---	..A--AC---C-TG...GG--GACCAAC-C--A---G---G---A--AGA-T--A---T-	5663
SMM.US.-.H9	-G-----A--AC-----G-----G-----G-----G-----R--A--A-----G--A-	5704	
SMM.US.-.SME543	-G-----A--C-----G-----G-----G-----G-----R--A--A-----G--A-	6219	
SMM.US.-.17EC1	-----	6230
SMM.US.-.17EFR	-----	6230
SMM.US.-.F236_H4	-G-----A--C-----G-----G-----G-----G-----A--A-----G--T-	6219	
SMM.US.-.PBJ14_15	-G-----A--AC-----G-----G-----G-----G-----A--A-----G--A-	5998	
SMM.US.-.PBJA	-G-----A--AC-----G-----G-----G-----G-----A--A-----G--A-	5997	
SMM.US.-.PGM53	-G-----AA--AC-----G-----G-----G-----G-----AA-A-----G--G-	6149	
SMM.US.-.PBJ_6P6	-G-----A--AC-----G-----G-----G-----G-----A--A-----G--A-	6190	
STM.US.-.STM	-C-----CT-----G.....	..A--AC-C-C-----G-----C---G--A-----G-----A-----G--A-	5878



HIV-2/SIV
complete genomes

Strain	Sequence	Position
MAC.US.-.MM239	GAAAGAAGAAGCTTTAAAACATTTTGTATCCTCGCTTGCTAACTGCACCTGGTAATCATATCTATAATAGACATGGAGACACCCTTGAGGGAGCAGGAGAATCATTAGAATCCTCCAACGAGCGCTCTTC	6360
Vpr	K E E A L K H F D P R L L T A L G N H I Y N R H G D T L E G A G E L I R I L O R A L F	Vpr
Tat exon 1	M E T P L R E Q E N S L E S S N E R S S	Tat
H2A.CI.88.UC2	A-----C-A--GG-----C-----T--T--AC--CT-----A-----A-C-CA--G-----A--A-----C---C-	6399
H2A.DE.-.BEN	A--G-----C---G-----C-----T--T--CT-CT-----C-----A-C-CA--G-----A--C---A-----C-----	6460
H2A.DE.-.PEI2	A-G-----C---G-----C-----A-T--C--CT-----G-GC-----C-AA-C-CA--G-----ATG--G-----C-----	6422
H2A.GH.-.GH1	A--G-----C---G-----C-----TC-T--C--CT-----C-G-----A-C-CA--G-----A-----C-----	5901
H2A.GM.-.ISY	A--G-----C---G-----C-----T--T--CT-CT-----C-----A-C-CA--G-----GG--A-----C-----	5898
H2A.GM.87.D194	C--G-----C-----CT-----T--T--C--CT-----C-----A--CA--G-----G--A-----C-----	5901
H2A.GW.-.ALI	A-----GG-----C--A--T--T--CGGCT-----C-----AA--CA-G--G-----ATGC--A-----C-----	6450
H2A.GW.-.MDS	A-C-----C-T--G-----C-GCA--T--T--C-GA-----C-----T--A-C-CA--G-----T-A-----C-----	5901
H2A.GW.86.FG	AG-----GG-----C-----T--C-GAT-----C--G-----A-C-CA--G-----G-----C-----	5895
H2A.GW.87.CAM2CG	A-----CC--G--C--C-----T--CGGA-----GC-----AA--CA--G-----GG--G-----C-----	6466
H2A.SN.-.ST	A--T-----G--C--C-----T-A-T--C--CT-----GC-----A-C-CA--GG-----G--A-----C--C-	5902
H2A.SN.85.ROD	A-----G-----C-----T--T--C--AT-----C-----A-C-CA--G-----A-G--G-----C--T-	5903
H2AB.CI.-.7312A	A--GC-----C---G-----C-----T--G--CTT--T--C-G--G-----T--CA-G--G-----AG--T--G-----	6442
H2B.CI.-.EHO	A--C-----C---G-----C-----AT-----C--TT--C--G--G-----A-T--A-----G--A-C-----G--G--A-----	6431
H2B.CI.88.UC1	A--GC-----C---GG-----C-----G-----TT-----C-G--G-----T--CA-----G-----G-----C-----	6441
H2B.GH.86.D205	A--GC-----C---G-----G-----CTT-----C-G--G-----T--CA-----G-----A-----C-----	6433
H2B.JP.01.KR020	A--GC-----C---GG-----C-----G-----TT-----CGG--G-----G--T--A--CA-----T--G-----	5583
H2G.CI.-.ABT96	C-----C-----C-----G-----CT-----G--G-----C-----A-----G--GA--T-----	5776
H2U.FR.96.12034	A-----G--GG-----G-----G-----CT-----G-----T--A-----G-----A-----G--AA--	5920
MAC.US.-.251_1A11	---G---G-----G-----G-----G-----G--G--A-----	6359
MAC.US.-.BK28_H824	-----G-----GC-T--C-----	1267
MAC.US.-.MM142	-----G-----GC-T--C-----	5846
MAC.US.-.251_BK28	-----G-----GC-T--C-----	6336
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----G-----GC-T--C-----	6361
MAC.US.-.SMM142B	-----G-----GC-T--C-----	5846
MNE.US.-.MNE027	-----G-----T-----G-----A-----G-----	5828
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----A-----G-----	5828
SMM.US.-.PBJC	A-----CC-G--C-----G-----CT-----G-----A-----G-----GA--A-----	1226
SMM.US.-.PBJD	A-----CC-G--C-----G-----CT-----G-----A-----G-----GA--A-----	1226
SMM.US.-.PBJE	A-----CC-G--C-----G-----CT-----G-----A-----G-----GA--A-----	1226
SMM.US.-.PBJ_143	A-----CC-G--C--K-----Y-----G-----CT-----G-----A-----G-----GA--A-----	5834
SMM.SL.92.SL92B	-----G--AC-G--C--K-----C-----T--TT-A--A--T-CG-A--G--CTT-C--G--T--AA-A--A--G--G--A--A--AG--AT-A--AAG--AT-G---	5793
SMM.US.-.H9	A-----CC-G--C--K-----TY--G-----CT-----G-----A-----G-----GG--A-----	5834
SMM.US.-.SME543	A-----CC-G-----G-----CT-----T--G-----A-----G-----A--GA--A-----	6349
SMM.US.-.17EC1	-----CC-G-----G-----CT-----T--G-----A-----G-----A--GA--A-----	6360
SMM.US.-.17EFR	-----CC-G-----G-----CT-----T--G-----A-----G-----G--GA--A-----	6360
SMM.US.-.F236_H4	A-----CC-G-----G-----CT-----T--G-----A-----G-----G--GA--A-----	6349
SMM.US.-.PBJ14_15	A-----CC-G--C-----G-----CT-----G-----A-----G-----GA--A-----	6128
SMM.US.-.PBJA	A-----CC-G--C-----G-----CT-----G-----A-----G-----GA--A-----	6127
SMM.US.-.PGM53	A-----C-G--C-----G-----CT-----G-----A-----G-----G-----GA--A-----	6279
SMM.US.-.PBJ_6P6	A-----CC-G--C-----G-----CT-----G-----A-----G-----GA--A-----	6320
STM.US.-.STM	A--C-----CC-GCGG-----GC--G-----CT-----G-----A-----G-----AG-----G-----C-----	6008



Strain	Sequence	Position
MAC.US.-.MM239	ATGCATTTTCAGAGGCGGATGCATCCACTCCAGAATCGGCCAACCTGGGGGAGGAAATCCTCTCTCAGCTATACCGCCCTCTAGAAGCATGCTATAACACATGCTATTGTAAAAAGTGTGGTACCATT	6488
Vpr	<u>M H F R G G C I H S R I G O P G G G N P L S A I P P S R S M L S</u>	Vpr
Tat exon 1	<u>C I S E A D A S T P E S A N L G E E I L S Q L Y R P L E A C Y N T C Y C K K C C Y H</u>	Tat
H2A.CI.88.UC2	-----CC-----TG--G-T-G--G--A-----T--T--A-AA--A--A--C-----TG-C-----C--A-C-----G-----AC-----C-----G-----CA-T-T-----	6527
H2A.DE.-.BEN	G---C-----CG-----T-A-G--A-----T--T--A-AA--A--A--C-----TG-C-----GC--A-C-----GC-----AC-----A-----GCGA--CA-T-T-----	6588
H2A.DE.-.PEI2	G---C-----CA-----T-AAAT--A-----T-----A-AA--A--AG-C--T-----AA-C--G-----G-----C-----T-----G--A-----T-----	6550
H2A.GH.-.GH1	G---CC-----CA--G--T-A--G--A-----TA-----A-AA--A--A--C-----T--C-----GC--A-C-----G-----TAC-----T-----GC--CA--T-----	6029
H2A.GM.-.ISY	-C--C-----CA-----TGG--A-----T-----AA--A--A-----A-C-----A-----A-----A-----T-----GGG--C--T-----	6026
H2A.GM.87.D194	G---CA-----CG-----TGA--G--A--AG-----A-AA--A--A--GC-----TG-C-----GC--A-C-----G-----AC-----T-----GC--CA-T-----	6029
H2A.GW.-.ALI	-----C-----CA-----TGG--GT--A--G--T-----A-AA--A--A-----TG-C-----A-C-----A-----A-----GG--A--C-----	6578
H2A.GW.-.MDS	-CA-C-----CA-----TGG--A-----T-----GA-AA-----A-C-----A-----A-----AT-----GCGA--C-----	6029
H2A.GW.86.FG	GC--C-----CA-----TGG--A-----T-----GA-AA-----A-C-----G-----AC-----T-C-----C--G--A--C-----G-----	6023
H2A.GW.87.CAM2CG	-C--C-----G-CA-----A--A--A-----T-----A--A-----AA-C-----A--TG-----T-----GCGA--C-----T-----	6594
H2A.SN.-.ST	T---C-----CA-----GG--G--A--G--T--T--G--CA-----C-----T-A-----AA-C-----G-----G-----A--T--C-----C-----	6030
H2A.SN.85.ROD	-C--C-----CA-----TGG--A-----T-----GA-AA-----A-C-----A-----A-----T-----GCGA--C-----	6031
H2AB.CI.-.7312A	C-C-C-----T--TCAA--A--G--T--A--A-----C-----GAGG--A--A--T--G-----G--A-----	6570
H2B.CI.-.EHO	C-C-C-----G--T--CAA--A--G--T--A--G-----TA-G--AG--T--A-----C-----A--C-----	6559
H2B.CI.88.UC1	C-C-C-----C--T--CAA--A--G--A--A-----T-----G-----T--A-----C-----A--C--T-----	6569
H2B.GH.86.D205	C-C-C-----C--T--CAA--A--G--T--A--T--A-----A-----C--TA-G--G--T--A-----C-----G--A--C-----	6561
H2B.JP.01.KR020	C-C-C-----A--G--CAA--G--T--A--A-----T-----T-----AGA--T--AG-----C-----G--A--C--T-----	5711
H2G.CI.-.ABT96	C--C--TC--A--AC--T--GATG-----G--T--AGGGAAC--CA--C-----A--A-----G--G--T--C--T--A--T-----C--A--C--T-----	5904
H2U.FR.96.12034	C-C-C-----G-----TCGG-----A--G-----AGCAGCA-----A--A--G-----T--G--G--C--T--A-----A-----T-----	6048
MAC.US.-.251_1A11	-----C-----C-----T-----A-----	6487
MAC.US.-.BK28_H824	-----T-----C-----C-----A-----A-----T--G--G-----	1395
MAC.US.-.MM142	--A-----A-----C-----G--T-----A-----C-----	5974
MAC.US.-.251_BK28	-----T-----A-----A-----T--G--G-----	6464
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----A-----A-----G--G-----	6489
MAC.US.-.SMM142B	--A-----A-----C-----G--T-----A-----C-----	5974
MNE.US.-.MNE027	-----C-----C--A-----T-----T--A-----A-----A-----G-----C-----	5956
MNE.US.82.MNE_8	-----C-----C-----T-----T--A-----A-----A-----A-----C-----C-----	5956
SMM.US.-.PBJC	--C-----T-----GA-----GT--A-----A-----GA-G--T-----AG-----C-----G-----T-----	1354
SMM.US.-.PBJD	--C-----T-----GA-----GT--A-----A-----C--GA-G--T-----AG-----C-----G-----T-----	1354
SMM.US.-.PBJE	--C-----T-----GA-----GT--A-----A-----A-----G--G--T-----AG-----C-----G-----T-----	1354
SMM.US.-.PBJ_143	--C-----T-----GA-----GT--A--R-----A-----K--G--G--T-----AG--Y--C-----G-----T-----	5962
SMM.SL.92.SL92B	T-A--C--T--GCAT-----C--T--A--G--T--A--G--AA-----CC-----C--GGG--T-----T--G--GA-G--T-----GC--T--T-----	5921
SMM.US.-.H9	--C-----T-----GA-----GT--A--R-----A-----K--G--G--T-----AG--Y--C-----G--A-----T-----	5962
SMM.US.-.SME543	--C-----A--T-----TGC-----T--A--A-----A-----A-----GC-----AG-----C-----G--G-----T-----	6477
SMM.US.-.17EC1	-----A--T-----TGC-----T-----A-----G--G-----AG-----C-----G--G-----T-----	6488
SMM.US.-.17EFR	-----A--T-----TGC-----T-----A-----G--G-----AG-----C-----G--G-----T-----	6488
SMM.US.-.F236_H4	--C-----A--T-----TGC-----T-----A-----G--G-----AG-----C-----G--G-----T-----	6441
SMM.US.-.PBJ14_15	--C-----T-----GA-----GT--A-----A-----A-----G--G--T-----AG-----C-----G-----T-----	6256
SMM.US.-.PBJA	--C-----T-----GA-----GT--A-----A-----A-----G--G--T-----AG-----C-----G-----T-----	6255
SMM.US.-.PGM53	--A--C-----A-----TGCT-----AG--A--A-----G--A-----G--G--C--T-----T--C-----A--C--T-----	6407
SMM.US.-.PBJ_6P6	--C-----T-----GA-----GT--A-----A-----A-----G--G--T-----AG-----C-----G-----T-----	6448
STM.US.-.STM	-----C-----T--CG-----G--T-----A--A-----T--GG--A-----A-----G--AG--T--G-----AG-----T--C-----A-----T--C-----	6136

HIV-2/SIV
complete genomes

374

HIV-2/SIV smm Complete Genomes

```

                                / Rev exon 1 start                                Tat, Rev exon 1 end \ /  Tat, Rev intron
                                / Env gp120, gp160 start
MAC.US.-.MM239              GCCAGTTTGTCTTCTTAAAAAGGCTTGCGATATGTTATGAGCAATCACGAAAGAGAAGAACTCCGAAAAAGGCTAAGGCTAATACATCTTCTGCATCAAACAAGTAA.GTATGGGATGCTCTGG 6617
Tat exon 1                  C  _ Q  _ F  _ C  _ F  _ L  _ K  _ K  _ G  _ L  _ G  _ I  _ C  _ Y  _ E  _ Q  _ S  _ R  _ K  _ R  _ R  _ R  _ T  _ P  _ K  _ K  _ A  _ K  _ A  _ N  _ T  _ S  _ S  _ A  _ S  _ N  _ K
Rev exon 1                  _ M  _ S  _ N  _ H  _ E  _ R  _ E  _ E  _ E  _ L  _ R  _ K  _ R  _ L  _ R  _ L  _ I  _ H  _ L  _ L  _ H  _ Q  _ T _
Env signal                  _ M  _ G  _ C  _ L  _ G _

H2A.CI.88.UC2              -----C-G-----CT-G-----GC-C-----G----T-G-AA-G-CGGAC-----A-G-GAA----A-C-C-GC----A-C-G-----G-----AGCC-GG-A- 6656
H2A.DE.-.BEN               -----C-G-----CTCG----G-GC-C--A---CA-----G-AAGG-C-GAC-----G----A-GG-AA----A-CC-T-GC-----C-G-----G-----AGCC-GG-A- 6717
H2A.DE.-.PEI2              -----C-A-----T-A-----G-AC-C-----A-GGAAGG-C-GAC-----G----A-G-A-A----C-T-G-----G-----G-----AATGGA-AG-A- 6679
H2A.GH.-.GH1               -----C-G-----CT-G-----GC-C-----G---CA-G-AA-A-C-GAC-G---A-G-A---A-C-T-G-----G-----G-----A-ATG--GG-AA 6158
H2A.GM.-.ISY               -----C-G-----T-A-C-G-GC-C-----C-G-AAGG-C-GAC-----G-G----G-AA-----C-T-G--C-----G-----G-----CAATGA--GG-AA 6155
H2A.GM.87.D194             -----C-G-----CT-G-----GC-C-----G---C-G-CAGG-C-GAC-----G----A-G-AA----A-C-C-GC--C-----G-T-----AGCC-GG-A- 6158
H2A.GW.-.ALI               -----C-G-----T-A-T-G-AC-C-----G---C-G-AAGG-C-G-C-----T--A-G-AAT-----C-T-G-----G-----G-----ATG-C-AG-A- 6707
H2A.GW.-.MDS               -----A-A-----T-A-C-G-GC-C-----G----A-G-AAGG-C-GAC-----G----A-G-A----A-C-C-G-----G-----G-----ACGC-CAAAAT 6158
H2A.GW.86.FG               -----C-G-----T-AC--G-GC-C-----G---C-G-AAGG-C-GAC-----G----A-G-AA----C-C-G-----G-----G-----AAGG-AG-AA 6152
H2A.GW.87.CAM2CG          -----C-A-----A-----G-GC-C-----G---C-G-AAGG-C-GAC-----G----A-G-A----C-T-G-----G-----G-----AGC-GGCA- 6723
H2A.SN.-.ST                 -----A-G-----T-A-C-G-GC-C-----G---A-G-AAGG-C-GA-----G----G-AA----C-T-G-----G-----G-----A-ATG--GG-A- 6159
H2A.SN.85.ROD              -T--A-G-----A-C-G-GC-C-----A-G-AAGG-C-GAC-----G---A-G-AA----A-C-C-G--C-A-C-G-----G-----G-----AAT 6151
H2AB.CI.-.7312A           -----C-----C-----G-C-T-----C-GC-GA---A-----T-T-A--G-AA--A-GC-----G-----G-----A-ATG--GG-AA 6693
H2B.CI.-.EHO               -----C-----C-----G-C-----G---A-GC-GA---A-----T-T-A--G---A-C-----C-----G-----G-----C-CA-G-AA 6682
H2B.CI.88.UC1              -----C-----C-----G-C-T-----G---C-C-GA---A-----T-T-A--G---T-C-G-----G-----G-----C-CACAC-A- 6692
H2B.GH.86.D205             -----C-----C-----G-TC-T-----C-GC-GA---G-----T-G-A--GA---A-C-G-C-----C-G-----G-----C-A-T-A- 6684
H2B.JP.01.KR020           -----C-----C-----G-C-T-----C-C-GA---A-----T-T-A--G---T-C-G-C-A-----G-----G-----C-CA-A-CAA 5834
H2G.CI.-.ABT96             -T--A-C-----C-G-AC-C-AG-----C-TA--GA-----A-----A-----T-T-----G-----G-----C-A----- 6030
H2U.FR.96.12034           -----C-A-----G--C-T-----C-CA--GA-G-----G---A-G---T-----T-T-----G-C-----C----- 6171

MAC.US.-.251_1A11          -----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6616
MAC.US.-.BK28_H824         -----G-A-----A-----A-----A-G-AC-G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 1524
MAC.US.-.MM142             -----G-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6103
MAC.US.-.251_BK28         -----G-A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6593
MAC.US.-.251_32H_PJ5      -----G-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6618
MAC.US.-.SMM142B          -----G-----G-----A-----A-----A-----G-AC-G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T----- 6103

MNE.US.-.MNE027            -----G-----G-----C-GA-----G-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6085
MNE.US.82.MNE_8           -----G-----G-----G-----G-----C-GA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6085

SMM.US.-.PBJC              -T--CA-----G-----A-----C-----GCA--GA-----G-A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 1477
SMM.US.-.PBJD              -T--CA-----G-----A-----C-----GCA--GA-----G-A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 1477
SMM.US.-.PBJE              -T--CA-----G-----A-----C-----GCA--GA-----G-A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 1477
SMM.US.-.PBJ_143          -T--CA-----Y-----G-----A-----C-----GCA--GA-----G-A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6085
SMM.SL.92.SL92B           -----C-----GG-G--C-T--C--TAC---CAA--C-CA--GA-----GT-AA--G-----G-----C--T-GA-A-----C-----CG---C--- 6044
SMM.US.-.H9                -T--CA-----Y-----G-----A-----C-----GCA--GA-----G-A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6085
SMM.US.-.SME543           -T--CA-----G-----T-----A-----C-----GCAC--GA-----A-----A-----C-CT-C-----G-----G-----G-----G----- 6600
SMM.US.-.17EC1            -----G-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6617
SMM.US.-.17EFR            -----G-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6617
SMM.US.-.F236_H4          -T--CA-----G--T-----A-----C-----GCAC--GA-----G-A-----C-----C--T-C-----G-----G-----G-----G----- 6564
SMM.US.-.PBJ14_15         -T--CA-----G-----A-----C-----GCA--G-GA-----G-A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6379
SMM.US.-.PBJA              -T--CA-----G-----A-----C-----GCA--GA-----G-A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6378
SMM.US.-.PGM53             -----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----C----- 6536
SMM.US.-.PBJ_6P6          -T--CA-----G-----G-----A-----C-----GCA--GA-----G-A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 6571

STM.US.-.STM               -----C-G-----G--C-----TC-T--A--ACC-----G---A--GA-----GT-AA-----A--T--C--AT-----G-----CC--C-C--- 6259

```





Env signal end \ / Env gp 120 start J Virol. 63(3):1416-9 (1989)

MAC.US.-.MM239	GAATCAGCTGCTTATCGCCATCTTGCTTTAAGTGTCTATGGATCTATTGTACT.....CTATATGTCACAGTCTTTTATGGTGTACCAGCTTGGAGGAATGCGACAATTCCCCTCTTTTGTGCAACC	6741
Env signal	<u> N Q L L I A I L L L S V Y G I Y C T . . L Y V T V F Y G V P A W R N A T I P L F C A T</u>	Env
H2A.CI.88.UC2	-----GCT-T--T-AT-AAC----CT-GCTTA-A-----C-AA.....A-----G--T----C-----C-----C-TG----A-----AT-T--C----A-----	6780
H2A.DE.-.BEN	-----T-G-T-T--T-A-AAC----CT-GCTTAG-A-----GC.....AG-----G--T--T--C-----CA-----C-G--AA-----AT-T-----T-A-----T	6841
H2A.DE.-.PEI2	A-----AA-G-T----T-A-AACT----CT-GCTTA-A-----CG-C.....A-----G--T--T--C-----CA-----C-G--A-----AT-C-----T-----	6803
H2A.GH.-.GH1	--G--TA--ATG-G-T--G-----AGCT----CT--CTTAG-A-----C-C.....A-----G--T--T--C-----C-G-C-TG----A-----AT-C-----T-----	6282
H2A.GM.-.ISY	A-T-----G-T--T-TC----AACT----CT-GCTTA-A-----C-C.....AA-----G--T--T--C-----A-----C-TG--AA-----AT-C-----T-----	6279
H2A.GM.87.D194	-----G-T--T-AT-AACT----CT-GCTTA-A-----C-AA.....A-----G--T--T--C-----CA-----C-G--A-----AT-T-----A-----	6282
H2A.GW.-.ALI	A-----G-TA-T---A-AGCT----CT-GCTTAG-A-----AA.....A-----G--T--T--C-----C-G--A-----AA-----AT-C-----T-----	6831
H2A.GW.-.MDS	-C-----T-----T-A-AACT----CT-GCTTA-A-----C-AACCACAA-A-----A-T--T--C-----CA-----C-G-----AT-C-----C-----	6288
H2A.GW.86.FG	-----A-----G--T--T-TG-A-AGCT----CT--CCTA-AC--C-AG.....A--T--G--T--T--C--C-CA--C-G-----AT-C-----G-----	6276
H2A.GW.87.CAM2CG	A-----A-----T-----TC-A-AGCT----CT-GCTTA-A-----C-GA...CAA-A-----G--T--T--C-----C-----C-G--AA-----AT-C-----T-----	6850
H2A.SN.-.ST	-----A-AT--G-T--G-----AGCT----CT-GCTTA-A-----CGTC.....A-----G--T--T--C-----C-G-C-TG--A-----AT-C-----T-----	6283
H2A.SN.85.ROD	-----T-----T-AT-AGCT----CT-GCTTAG-A-----C-C.....A-----A--T--T--C-----C-----CA-G--AA-----A-C-----	6275
H2AB.CI.-.7312A	-----TA-AT--G-T--G-----AGCT----CT--CTTA-A-----C-C.....AA-----G--T--T--C-----C-G-C-TG--A-----AT-C-----T-----	6817
H2B.CI.-.EHO	T--T-C-A--G-TA-AC-C-----A-----A-----TATATGG-C-AG.....AAC-T-----T-----C-----A-----C-A--AA-----AT-----T-----	6806
H2B.CI.88.UC1	C-----C-----T-----TTTGC-C-A--A-----A-----T-TCTGG-CA-AAGAAAAAC-----T-----C-----CA-----T-A-----C-A--GG--T-----C-----	6822
H2B.GH.86.D205	C-GC-GC--C--T--GC-C-----A-G-A-AG--T-TGTA--AA.....A-----A-----T-----C-----CA-----C-A-----C-A--G-----A-----	6808
H2B.JP.01.KR020	T--GT-C--T--GCT--AC-C-----A-----A-----CT-TATGG-CGAG.....GAT-TC--T-----C-----CA-----A--A-----A--G-----C-----	5958
H2G.CI.-.ABT96	C-----A-----C--R--C-----ACT-----T-----AA-----T-----T-----CA-----C-A-----C--GCG-A--T-----C-----	6154
H2U.FR.96.12034	C-----TC-A--TG-----A-CA-GC-T--A-C-----.....AG-----T-----CA-----T-A-----C-----	6295
MAC.US.-.251_1A11	-----G-----	6740
MAC.US.-.BK28_H824	-----A-----	1648
MAC.US.-.MM142	A-----C-----T-----T-----A-----	6227
MAC.US.-.251_BK28	-----A-----	6717
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----C-----	6742
MAC.US.-.SMM142B	A-----TGC-CT-AGTGTCTAT--TAT--T-----A-----	6224
MNE.US.-.MNE027	-----T-C-----C-----C-T-----A-----	6209
MNE.US.82.MNE_8	-----T-C-----C-----C-T-----A-----	6209
SMM.US.-.PBJC	-----GC-----AG-----CT-CA--T-----GT-----A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C-----	1601
SMM.US.-.PBJD	-----GC-----AG-----CT-CA--T-----GT-----A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C-----	1601
SMM.US.-.PBJE	-----GC-----A-----CT-CA--T-----GT-----A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C-----	1601
SMM.US.-.PBJ_143	-----GC-----A-Y-----CT-CA--T-----GT-----A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C-----	6209
SMM.SL.92.SL92B	ACT--C-----A-A-----T-----G-TA--C--GG--G-A.....AG--A--A-----A-T--T-----A-----C--T--G--C-----C-----G---	6168
SMM.US.-.H9	-----GC-----C-----A-Y-----CT-CA--T-----GT-----A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C-----	6209
SMM.US.-.SME543	-----GC-----AG-----T-TA-A--T-G--GT-----A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C-----	6724
SMM.US.-.17EC1	-----T-----	6741
SMM.US.-.17EFR	-----T-----	6741
SMM.US.-.F236_H4	-----GC-----AG-----T-TA-A--T-G--GT-----A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C-----	6688
SMM.US.-.PBJ14_15	-----GC-----A-----CT-CA--T-----GT-----A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C-----	6503
SMM.US.-.PBJA	-----GC-----A-----CT-CA--T-----GT-----A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C-----	6502
SMM.US.-.PGM53	-----C-----	6660
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----GC-----A-----CT-CA--T-----GT-----A-----A-----A-C-----A-----A-----G-----C-----	6695
STM.US.-.STM	A-----A-----T-----A-----CT-GCTT--C-----C-----AG-----G--A-----A-----G-----	6383

HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	AAGAATAGGGATACTTGGGGAACAACCTCAGTGCCTACCAGATAATGGTGATTATTCAGAAGTGGCCCTTAATGTTACAGAAAAGCTTTGATGCCTGGAATAATACAGTACAGAACAGGCAATAGAGGATG	6871
Env gp120	K_N_R_D_T_W_G_T_T_Q_C_L_P_D_N_G_D_Y_S_E_V_A_L_N_V_T_E_S_F_D_A_W_N_N_T_V_T_E_Q_A_I_E_D	Env
H2A.CI.88.UC2	--A-----A-----G-C-TA-----T-G-----C-----A-----CAG--A-AC-TT-A-----G-----GGCT-----A--G-----A-----A-----A-----	6910
H2A.DE..BEN	--A-----A--C-----G-C-TA-----T-G-----C-----A-----CAG--A-AATTT-A-----G-----GGCT-----A-----A-----G-----A-----	6971
H2A.DE..PEI2	-GA-----A-----C-----C-TA-----T-G-----C-----A-----CAG--A-AC-TT-A-----G-----GGCT--C-A-----C-----A-----A-----G-----A-----	6933
H2A.GH..GH1	--A--C--A-----C-----C-TA-----AAG-----C-----A-----CA--A-AA--T-G-----G-----GGCT--C-C-A-----G-----A-----A-----G-----A-----	6412
H2A.GM..ISY	--A-----A-----C-----C-TA-----T-G-----C-----A-----CA--GA-AC-TT-G-----A-----GGCT--C-A-----G-----T--A-----A-----G-----A-----	6409
H2A.GM.87.D194	--A-----A-----G-C-TC-----T-G-----C-----A-----CAG--A-AA--T-A-----G-----GGCT-----A-----A-----A-----A-----A-----	6412
H2A.GW..ALI	--A-----A-----C-----C-TA-----T-----C-----A-----CAG--A-A--TT-G-----G-----GGCT--C-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----	6961
H2A.GW..MDS	--A-----A-----C-----C-TA-----T-G-----C-----A-----GA--A-A--TT-G-----G-----GGCT-----A-----A-----A-----A-----A-----	6418
H2A.GW.86.FG	--A-----A-----T-----T-----C-----A-----CAG--A-AA-T-A-----G-----GGCT--C-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----	6406
H2A.GW.87.CAM2CG	--A-----A-----T-----T-----C-----A-----CAG--GA-AC-TT-A-----G-----GGCT--C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----	6980
H2A.SN..ST	--A-----A-----C-----C-TA-----T-G-----C-----A-----C--CAG--A-A--TT-A-----G-----GGC--C-C-A-----A-----A-----G-----A-----	6413
H2A.SN.85.ROD	-GA-----A-----C-----C-TA-----T-G--T-C-----A-----CAG--A-AA-TT-G-----A-----GGCT-----A-----A-----A-----A-----A-----	6405
H2AB.CI..7312A	-----C--A-----C-----C-TA-----T-G-----C-----A-----CA--A-A-----G-----G-----GGCT--C-----A-----A-----A-----G-----A-----	6947
H2B.CI..EHO	-GA--C--A-----C-----TGTA--A-----C-----A--C--A--C--A--CCAAT-A-----A--A-----GGCT-----A-----G-----G-----T-----C--A-----	6936
H2B.CI.88.UC1	-CA--C--A--C--C-----TGTA-----C-----C-----G-----CA-C--GA-CAGTG-A-----A--A-----GGCT-----A-----A-----G-----G-----T-----	6952
H2B.GH.86.D205	-CA--C--A--C--C-----TGTA-----T--C-----C-----C-----CA-T--GA-CAGG--A--CA--A-----GGCT-----A-----G-----G-----C-----G-----T-----	6938
H2B.JP.01.KR020	--A-----A-----T-----TGTTG--A-----C-----C-----A--C--GAC--A-C--G-G--G--A--A-----GGCT-----A--G--C-----G-----G-----C-----	6088
H2G.CI..ABT96	--A-----C--A-----C--T--A-----T--T-----A-----CAGT--C--A--AT-G-----A-----GC-----G-----C-----A-----G-----A-----	6284
H2U.FR.96.12034	--C-----A-----A-----C--A-----T--T-----A-----GT-A--AT-A-----C-----GGC-----C-----A-----G--A-----G--G--A-----	6425
MAC.US..251_1A11	-----T-----T-----T-----G--G-----A-----	6870
MAC.US..BK28_H824	-----T-----T-----G--G-----C-----	1778
MAC.US..MM142	-----T-----T-----G--G-----C-----	6357
MAC.US..251_BK28	-----T-----T-----G--G-----C-----	6847
MAC.US..251_32H_PJ5	G-----T-----C-----G--G-----C-----	6872
MAC.US..SMM142B	-----T-----T-----G--G-----C-----	6354
MNE.US..MNE027	-G-----A-----T-----A-----T-----G--G-----	6339
MNE.US.82.MNE_8	-G-----A-----T-----A-----T-----G--G-----	6339
SMM.US..PBJC	-----C-----A--A--T-G-----C-----T--AA-----C-----GGCT-----T--G-----A-----G-----	1731
SMM.US..PBJD	-----C-----A--A--T-G-----C-----T--AA-----C-----GGCT-----T--G-----A-----A-----	1731
SMM.US..PBJE	--G-----C-----A--A--T-G-----GC-----T--AA-----C-----GGCT-----T--G-----A-----A-----	1731
SMM.US..PBJ_143	-GA-----C-----C--A--A--T-G-----C-----T--AA-----C-----GGCT-----T--G-----A-----A-----	6339
SMM.SL.92.SL92B	C-----A--C--A-----G--CGT-----T--G-----A--C-----T-----T-----G-----C-----A--T-----A-----A-----	6298
SMM.US..H9	-GA-----C-----C--A--A--T-G-----C-----T--AA-----C-----GGCT-----T--G-----A-----A-----	6339
SMM.US..SME543	-G-----C-----A--A--T-G--T-----A-----C-----T--AG-C--A--C-----GGCT-----T-----A-----A-----	6854
SMM.US..17EC1	-----A-----A-----A-----A-----	6871
SMM.US..17EFR	-----A-----A-----A-----A-----	6871
SMM.US..F236_H4	-----C-----A--A--T-G-----A-----C-----T--AA-C-----C-----GGCT-----T--G-----A-----	6818
SMM.US..PBJ14_15	-----C-----A--A--T-G-----C-----T--AA-----C-----GGCT-----T--G-----A-----A-----	6633
SMM.US..PBJA	-----C-----A--A--T-G-----C-----T--AA-----C-----GGCT-----T--G-----A-----A-----	6632
SMM.US..PGM53	-----C-----A--T-G-----A-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----	6790
SMM.US..PBJ_6P6	-----C-----A--A--T-G-----C-----T--AA-----C-----GGCT-----T--G-----A-----A-----	6825
STM.US..STM	-----A--T-----C-----C-----T--AA-A-----C-----GGCT-----G--C-----A-----	6513



MAC.US.-.MM239	TATGGCAACTCTTTGAGACCTCAATAAAGCCTTGTGTA AAAATTATCCCCATTATGCATTACTATGAGATGCAATAAAAAGTGAGACAGATAGATGGGGATTGACAAAAATCAATAACAACAACAGCATCAAC	7001
Env gp120	V_W_Q_L_F_E_T_S_I_K_P_C_V_K_L_S_P_L_C_I_T_M_R_C_N_K_S_E_T_D_R_W_G_L_T_K_S_I_T_T_T_A_S_T	Env
H2A.CI.88.UC2	-C--AGG--A-----A--G-----A--A-----C--G--GA--A--TC---TG--GG--A---AT--T---CC--GT--ACAGGGA---ACACCAATGCC---GCCAA--CC---CG--G--CAG--C---	7040
H2A.DE.-.BEN	-C---T--A-----A-----A--A-----C--GC--A--A--TC---TG--GG--A---AT--T--GC--GGGT--C--AGGGA---CCAC--ACCCC---ATCCCAGG--CCT--G--GTT--CA---A--CT--	7101
H2A.DE.-.PE12	-C--A--T--A-----A--G-----A--A-----C-----A--A--C---TG--GCAA--GA---T--C--GC--CAAGT---G--CA--TAACAGC---GTGAGGGG--GC---GTCC-----	7058
H2A.GH.-.GH1	-C---AGT--A-----A-----A--A--C---C--A--A--TC---TG--AG--A---T--T--C--GC--C--CACT--ACA--C--C--ACCAC--ACAGGG--GCA---C--GGG--TG-----	6531
H2A.GM.-.ISY	-C--A--T--A-----A-----A--A-----C-----A--G--T---TG--A--A---AC--T--CGC---ACAGAGAGCGC--GTT--C--ACT---GCC--TCTGG--C--T-----	6528
H2A.GM.87.D194	-C--AG--G-----A-----A--A-----C--G--GA--G--CC---TG--GG--G---AT--T---T--C--TCAGGGAC--CCGC--ACCCC---GTCC--C-----	6522
H2A.GW.-.ALI	-C--AG--A-----A-----A--A-----C--G--A--A--T---T--AG--A---AG--T--GC--C--TAAGC-----G--CACAA--CCAT--CCCAGGCCC--GGG--GC-----	7080
H2A.GW.-.MDS	-C---AGT--A--C-----A-----A--A-----C--G--A--A--C---TG--AG--A---AC--T--GC--G--CTCAGTGACAGCGC--A--CAC--AG--AC--C--A--C--C--ACG--C--C---G--C---	6548
H2A.GW.86.FG	-C--A--T--A-----A-----A--A-----C-----A--A--C---TG--AG--A---AC--T--CA--GG--ACAT---CACAT--GACA--GAG---G--CA--CCA-----	6519
H2A.GW.87.CAM2CG	-C--A--T--A--C-----A-----A--A-----C-----A--A--T---TG--AG--A---A--T--C--T---ACA--GT--C--C--ACTATGA--A--GG--C--A--C--C--C--GC-----T-----	7105
H2A.SN.-.ST	-C---AGT--A-----A-----A--A--C---C--C--A--A--C---TG--AG--A---C--T--T--C--GC--CAACTG--A--A--CACAA--ACC--CC--CC--A---CC--C-----	6538
H2A.SN.85.ROD	-C---T--A--C-----A-----A--A-----C--C--A--A--T---TG--AG--A---A---GC--GC--CA---GCAGC--C--G--AACAA--C---CC---AG--GC---GCA--A--C---	6535
H2AB.CI.-.7312A	-C---AGT--A-----A-----A--A--C---C--C--A--A--TC---TG--AG--A---T--T--C--GC--CCACC--CACC--CTACACC--CCA--GC--CCA--T--AC--AC---CA--A--GA	7077
H2B.CI.-.EHO	-G---AGT--T-----A-----C-----A--A-----T-----A-----C--G--TG--G--A---AG--T---G-----CG---A--C--CAG--T--GCAA--GAG--C--T--GT--C--CG-	7054
H2B.CI.88.UC1	-G---AGT--T-----A-----C-----A--A-----T--GC--GA--G--GC--G---G--GG--A---T-----C--CA--GA--CA---CTACTACTAAAC--T--TTA--T--C--T--TT--TA--TA--T--A	7082
H2B.GH.86.D205	-G---AG-----A-----C-----A--A-----C--C--A-----C--G--TG--GG--A---AC--T--G-----CC--A---A--CCC--G--AATGCC--GT--GTA--T--CC--C--T--AGC--TA--T--	7068
H2B.JP.01.KR020	-G---A--T--A-----T-----A-----A-----T-----A-----C---TG--A--A---AT--T--G---CCT--A--C--CACAGCCAACACCACC---GCCAAC--AC--TC--G--CT--TAAG--A	6218
H2G.CI.-.ABT96	-T--A--T--G-----A--T--C--A-----T-----A--A--TC--G-----G--C-----C-----A--C--A-----TC--A---GGGA--C--CC--TGT---CC--TG---	6414
H2U.FR.96.12034	-C---AGT--T-----A--T-----A--A-----G--GA--A--CC--T--T--AG--A-----T--G---C--A--A-----A-----A--GG--A--GC--G-----A--TAGCC--	6555
MAC.US.-.251_1A11	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	7000
MAC.US.-.BK28_H824	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	1908
MAC.US.-.MM142	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	6487
MAC.US.-.251_BK28	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	6977
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	7002
MAC.US.-.SMM142B	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	6484
MNE.US.-.MNE027	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	6469
MNE.US.82.MNE_8	-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	6469
SMM.US.-.PBJC	-----A--C-----A--A--C--T-----C-----C--CA-----C---T--A--A-----G--T-----C-----T--A---GG--A--CC--G--T-----A--A--CA	1861
SMM.US.-.PBJD	-----A--C-----A--A--C--T-----C-----C--CA-----C---T--A--A-----G--T-----C-----T--A---GG--A--CC--G--T-----A--A--CA	1861
SMM.US.-.PBJE	-----A--C-----A--A--C--T-----C-----C--CA-----C---T--A--A-----G--T-----C-----T--A---GG--A--CC--G--C-----A--A--CA	1861
SMM.US.-.PBJ_143	-----A--C-----A--A--C--T-----C-----C--CA-----C---T--A--A-----G--T-----C-----M--MC-----T--A---GG--AS--CC--G--C-----A--A--CA	6469
SMM.SL.92.SL92B	-T--A--T-----A--A--T--T--A-----G--A--T-----T--G-----A--T-----A-----M--MC-----G-----G--G--GCT--T--T--TAGC---C	6428
SMM.US.-.H9	-----A--C-----A--A--C--T-----C-----C--CA-----C---T--A--A-----G--T-----C-----M--MC-----T--A---GG--GS--CC--G--C-----A--A--CA	6469
SMM.US.-.SME543	-G--A--C-----A--A--C--T-----C-----C--TA-----C---T--AG--A-----T-----C-----T-----G-----GG--AG--GC--GAG-----A--A--G-	6984
SMM.US.-.17EC1	-----A--C-----A--A--C--T-----C-----C--TA-----C---T--AG--A-----T-----C-----T-----G-----GG--AG--GC--GAG-----A--A--G-	7001
SMM.US.-.17EFR	-----A--C-----A--A--C--T-----C-----C--CA-----C---T--AG--A-----T-----C-----G-----T-----GG--AACGC--GGG-----A--A--G-	7001
SMM.US.-.F236_H4	-G--A--C-----A--A--C--T-----C-----C--CA-----C---T--AG--A-----T-----C-----G-----T-----GG--AACGC--GGG-----A--A--G-	6948
SMM.US.-.PBJ14_15	-----A--C-----A--A--C--T-----C-----C--CA-----C---T--A--A-----G--T-----C-----C-----T--A---GG--A--CCC--G--C-----A--A--CA	6763
SMM.US.-.PBJA	-----A--C-----A--A--C--T-----C-----C--CA-----C---T--A--A-----G--T-----C-----T--A---GG--A--CC--G--C-----A--A--CA	6762
SMM.US.-.PGM53	-----A--T-----A-----A--C-----C-----A-----C-----C-----G--CA--A-----C-----G--A---GG--A---AG--ATGA--T--C--A---	6920
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----A--C-----A--A--C--T-----C-----C--CA-----C---T--A--A-----G--T-----C-----C-----T--A---GG--A--CC--G--C-----A--A--CA	6955
STM.US.-.STM	-C--A--C--T-----A--A--C--T--A-----G--A--T-----C---T--G--A-----G--T-----G--A---A-----C--A-----GGGAA--C--GT-----TGA--C--	6643

HIV-2/SIV complete genomes

HIV-2/SIV
complete genomes

MAC.US..MM239	AACATCAACGACAGCATCAGCA.....AAAGTA...GACATGGTCAATGAGACTAGTTCTTGTATAGCCCAGGATAATGCACA...GGCTTGGAAACAAGACCAATGATAAGCTGT	7107
Env gp120	T S T T A S A K V . D M V N E T S S C I A Q D N C T . G L E Q E Q M I S C	Env
H2A.CI.88.UC2	C--CAACC-T.....TC-TACCTTAC--AA-A----A-G-TC-A-C--G--G-GCA--C-----A---GGG-C--AGGG---G-T-AT---	7137
H2A.DE..BEN	G-G-C--C-C---TCC-C-GCCTC--AA-A----A--TC-AAC-C---AAA-CA-C-CA--G---A-A-GGT-T---G-G---GCAA---	7201
H2A.DE..PEI2-G-AT-A-C-A---C---A--A-CA-C-GC---T---AT-A-GGAGT--AG-GG-AG-CGAT---	7136
H2A.GH..GH1TCA-G-A.....A...-C---CCATC-TA-TCA-C-C-----A---GGA-G--AG-G--AG-C-AT---	6606
H2A.GM..ISY-T--A-A--T--GA-C-A-C---CAATT-A-C-----T---AC-AGGG-G--AG-C--G-CGAG---	6606
H2A.GM.87.D194AACATTACA--AA-AG--A-A-TC-A-C-----G-G-CA-C-C---A-A-GGA---AG-GG-G-TGAG---	6606
H2A.GW..ALIC-C-CAAACC-C-A-A----GCGA-C-A-C---AAGGCA-C-C---C-CAGG-AC-A-GGG-T--AG-G---G-C-AT---	7170
H2A.GW..MDS	---CA--TC-G--CA--A-CATAGCACCA.....AGGAACACA-CCA-A-G---A-TC-C-A-C---CG-GCA-C-C---T---AC-A--GG-G--AG-G--G-C-AG---	6663
H2A.GW.86.FGAATAT-CAA-T-TAA-TGAC-C---CCA-GCGCGTGCA-C-C---A-AA-GG-G--AG---CGA---	6600
H2A.GW.87.CAM2CGAA-GAG-CACCAA-A-G--C-A-TC-C---C---CG-ACAA-C-C---T---A-A--GG---AA-G--AG-C-AG---	7189
H2A.SN..STAACACA-CAA-AGGA--A-TC--A-C---CG-ACA-C-C---G---G-G---AG-G--G-CGA---	6619
H2A.SN.85.ROD	---CA--C-C---AC.....CAGGAGC-AGA-A-A-G---GA--C-C-A--CGC-CG-GCA-C-C---T---A---G-G-G--AG--C--C-AT--C	6635
H2AB.CI..7312A	GC-CA---A.....G-GGGCCAGA-A-A---A--TT-C-A-C---GCG-ACA-C-C---A---G-G-G--AG-G---G-CGAT---	7171
H2B.CI..EHO	GT-CCTC-GAT-TT-TA-T.....CAGACC...C-AC--C-AGA--CAAA---TCAAA-T-C-GC--TG--GA-A-G-T--AG---GA---	7154
H2B.CI.88.UC1	-C---TC-GAAA-T-AC---C-C-A---C-A---TAAAA-T-C-CC--C-G---AA-A-G-T--AA-C-CAG-TGA---	7170
H2B.GH.86.D205	C--C--TCGT.....GGCTGA-A-C-A-T-C-A--AGACC-A-C---AAAA-T-C-GC---AC-A-G-G---G---A-GCAA---	7162
H2B.JP.01.KR020	C.....A-AGT.....C---GA-A-GAC-A---CCGAG-T-C-C---TA-A---TTT---A-C---G---CA---	6300
H2G.CI..ABT96	-GTTC-C--A--TAA-ATG.....GTGAC-GCT-AC-A-G--AGC---CCAG--CT-ATGT-C-----T---TA-AC-GTC---ATCC--G-TG---C	6520
H2U.FR.96.12034	-G--ATGCAAGA-T--AGTAA.....G-AA-A---A-A-AGAGC---CGAA-TA---GC---T---A-A---A---A-C-T--G-G--T---	6652
MAC.US..251_1A11	-C--AAGG-A-TGT--GA-AA.....A--..A---A-----TT--T-----G-----	7103
MAC.US..BK28_H824	-G--G--C-AT--A.....A--GACATGG-----T--A-----	2011
MAC.US..MM142	-A---A---A-G-AA-TCAGTAGAG.....AC-AGA---A-----C---G---TT--T-----C-----	6602
MAC.US..251_BK28	-G--C---AT---C---T-TCAGAA.....A-----A-----T--A-----	7089
MAC.US..251_32H_PJ5	-G--C---G-----A-----A-T-T-----G-----	7105
MAC.US..SMM142B	-A---A---A-G-AA-TCAGTAGAG.....AC-AGA---A-----C---G---TT--T-----C-----	6599
MNE.US..MNE027	---A--AA--A-A-A-A.....G-A-ATA--AG-----A-A--A---G--AAT-GT-----C-----	6578
MNE.US.82.MNE_8	-G--AT-C-A---AA-G---AG.....C-ATAA-AG-----A---C-----AAT--T-----C-----	6575
SMM.US..PBJC	---A---A---CA-G--T--ACAAAATCAACATCACCA-T-AC-GCAA-GG-T--A---C-G-GA-C-----AAAATTA-----T-----G---CC--G---T---	1988
SMM.US..PBJD	---A---A---CA-G--T--ACAAAATCAACATCACCA-T-AC-GCAA-GG-T--A---C-G-GA-C-----AAAATTA-----T-----G---CC--G---T---	1988
SMM.US..PBJE	---A---A---CA-G--T--ACAACACCAACATCACCA-T-AC-GCAA-GG-T--A---C-G-GA-C-----AAAATTA-----T-----G---CC--G---T---	1988
SMM.US..PBJ_143	---A---A---CA-G--T--ACAACACCAACATCACCA-T-AC-GCAA-GG-T--A---C-G-GA-C-----AGAAGTA-----T-----G---CC--G---T---	6596
SMM.SL.92.SL92B	---TA-T--T-GCC-C-T-A-TGCTGTAGCCCA.....TC--G-GAG--A-C-T-C---C---TG-----C-AGA-CA-C---T-T---A-A-G-G-A-C-----G-T---	6549
SMM.US..H9	---A---A---C-C-T--CCA.....T-A--GCAA-GG-T--A---C-G-GA-C-----AGAAGTA-----T-----G---CC--G---T---	6581
SMM.US..SME543	G-A-----A--T-A-A--ACAACAACAGTAACACCA.....A-GG-TA-A---AGG-GA---C---AAAA-TA---G-TG---G---G---CC---G-T---	7102
SMM.US..17EC1	-----AGAGTA.....G-----G---CC---G-T---	7107
SMM.US..17EFR	-----AGAGTA.....G-----G---CC---G-T---	7107
SMM.US..F236_H4	-T-A---A-----ACACCAAGT.....GT--C-GAAA-TG-TA-A---A-G-A-C---C---AAAA-TA---G-TG---G---CC---G-T---	7060
SMM.US..PBJ14_15	---A---A---CA-G--T--ACAACACCAACATCACCA-T-AC-GCAA-GG-T--A---C-G-GA-C-----AAAATTA-----T-----G---CC--G---T---	6890
SMM.US..PBJA	---A---A---CA-G--T--ACAACACCAACATCACCA-T-AC-GCAA-GG-T--A---C-G-GA-C-----AAAATTA-----T-----G---CC--G---T---	6889
SMM.US..PGM53	---A---A---A-AA-AGCCCAAAGCAGAAGCA-T-AC-GCAA-AG-TA-A---A-G-GA-C-----AG-A-CA---T-----A-G-G-A-C---G---G---T---	7047
SMM.US..PBJ_6P6	---A---A---CA-G--T--ACAACACCAACATCACCA-T-AC-GCAA-GG-T--A---C-G-GA-C-----AAAATTA-----T-----G---CC--G---T---	7082
STM.US..STM	---G--G-AG---G-.....C-AAGCCA-GT-A-A---A-A--C-C--G--AGTA-CA-C-C-----G---ATC-C-AG--G-T---	6749



MAC.US..MM239 AAATTCAACATGACAGGGTTAAAAAGAGACAGAAAAAGAGTACAATGAAACTTGGTACTCTGCAGATTGGTATGTGAACAAGGGAATAAACA...GGTAATGAAAGTAGATGTTACATGAACCACT 7234
 Env gp120 K F N M T G L K R D K K K E Y N E T W Y S A D L V C E Q G N N T . G N E S R C Y M N H Env

H2A.CI.88.UC2 --G-----T---G-AC-GG-CA---T---T---G-G---T-C--C-A-----A-AT--G---T-----CAGCACA--C--G--A...-C-CAA-C-CG-C-----GA--T 7264
 H2A.DE..BEN G-G-----T---AG-----G-CA--T-----GGAG--T--G--C-A-----T-TA-A--G---T-----CA-C...-CA-CAG-----G-C-C-----GA--T 7316
 H2A.DE..PEI2 CGG-----T---AC--C-CT--T---CC-C-GC-A--T-G---A-----AAAG--G-A-T-----CAC-ACT---GGG--C...AGCC-C-A-----T 7257
 H2A.GH..GH1 C-G---T-T-----A--G-G---T-----C--T-----A-----AAA--G-A-T-----TC-AAT---C-AA...-A-GGGA--AC-----T 6733
 H2A.GM..ISY C-G---T-T-----AC-G-GTT--T-----C--T-G---C-----AAA--G---T-----TC--AT--C-G---A...-AC...CG-AA-----T 6730
 H2A.GM.87.D194 G-G---T-T---G---C-G-CA--T-----GGA--T---CG-A-----AAG--G---T-----CA-GACA--CGGA...AC-G-C-C-----GA--T 6724
 H2A.GW..ALI CGG-----T---A--C-G---T---CC---C--T-----A-----AAA--G---T-----C-TTT--C-C---CACA...CC-G-CC-G-----T 7297
 H2A.GW..MDS C-----T---A--C-G-T--T-----C--T-C---A-----AAGC--G---T---G-G--AT-----CACA...CC---C-G-C-----G--T 6790
 H2A.GW.86.FG C-G--T-GT---A--G-G---T---G---C---T-C---G-A-----AAA--G---T---CA-T...CTCA...G-C-G--C-AG-----T 6721
 H2A.GW.87.CAM2CG C-C---T-T---A--G---T-----C-----A-----AAGC--G---T---TA-TA-C-CAG-TCAGACCACA---G-CC-CG-----T 7319
 H2A.SN..ST C-G---T-T---A--G-G-G-T-----CTA--T-----A-----AAA--G-A-C---TC...G---CAAGAAAG-G...AA-C-----T 6743
 H2A.SN.85.ROD C-G---T-T---A--G---T---C---T-----A-----AAA--G---T---GAC...ACA---C-G-CCCAG-----T 6759
 H2AB.CI..7312A C-G-----T---A--G-G---T---C---C-A--T-G---A-----AAA--G-A-T---GTC...G-CAGT-A-GGGAG-GAC---C-----T-T 7298
 H2B.CI..EHO C-----A-----A-----TG--TC---C-A--T-G--C--C---TAAACA--A-G---A-G...GGG-CA-GG...A-----C-A---T--A--AAC 7278
 H2B.CI.88.UC1 T-C--T---AC--G---TG-----C-A--T-G--C--C---GAAAA--A-AG-CA-CGG...-C-G---C...AGC-CC-T-----GAAC 7288
 H2B.GH.86.D205 --T--T-GT---G-AC--G---TG--CT---C-A--T-A--C--C---A-A--A-AG--A-TA-T...CC-GG-AGTAT...ACC--C---C--T--A-GAAC 7283
 H2B.JP.01.KR020 CG---T-T---A---GT---TG-ACCG--AC--T---C--C---TG-A-A--G-ACAG--A-TGGG...CC-GG-AGTAT...ACC--C---C--T--A-AAC 6406
 H2G.CI..ABT96 ---T---T---C---G-TC--G--G-A---G---T---ACA---CA--Y---G...TCC--T-AGAGT-AG---G---C---T---GG 6647
 H2U.FR.96.12034 -G--T--T---C---G-T---C---C---T---A---A---T---CAT--CA-A-T-----G...AGT-AA-G-----A 6776

MAC.US..251_1A11 -----G-----T-----G-----T----- 7230
 MAC.US..BK28_H824 -----G-----A-----T-----G-----A-----C-----C-----T----- 2138
 MAC.US..MM142 -----G-----T-----G-----T----- 6729
 MAC.US..251_BK28 -----C-----C-----G-----A-----T-----G-----A-----C-----C-----T----- 7216
 MAC.US..251_32H_PJ5 -----C-----A-----T-----G-----A-----C-----C-----T-----T----- 7232
 MAC.US..SMM142B -----G-----C-----T-----G-----T----- 6726

MNE.US..MNE027 -----G-----T-----T-----G-----AAG-----T----- 6705
 MNE.US.82.MNE_8 -----G--G-----T-----T-----T-----G-----AA-----T----- 6702

SMM.US..PBJC -----T-----G-----A--G-G--A--T-----A-----T--AAGT--A--T-----AAT-GC--TGGAAGT-AA-C--C---A--C--T-----T 2118
 SMM.US..PBJD -----T-----G-----A--G-G--A--T-----A-----T--AAGT--A--T-----AAT-GC--TGGAAGT-AA-C--C---A--C--T-----T 2118
 SMM.US..PBJE -----T-----A--G-G--A--T-----A-----T--AAG--A--T-----AAT--C--T...AA-C--C---A--C--T-----T 2112
 SMM.US..PBJ_143 -----T-----A--G-G--A--T-----A-----T--AAG--A--T-----AAT-GC--TGAAAAT-AA-C--C---A--C--T-----T 6726
 SMM.SL.92.SL92B C---T-----AC-----C-----GGC-----C-----CAG--C-A-C---G---AGGA--TGAAAGC...ACT-----T-T 6670
 SMM.US..H9 -----T-----A--G-G--A--T-----A-----T--AAG--A--G---AAT-GC--TGAAAAT-AA-C--C---A--C--T-----T 6711
 SMM.US..SME543 -----T-----G--G---A--G-T--A--T-----A-----T--AAG--AA-C---G--GCCAGCA--TGGAAGT-AG...A-----C-G--T 7226
 SMM.US..17EC1 -----T-----T-----C-----C-----ACT----- 7234
 SMM.US..17EFR -----T-----T-----C-----C-----ACT----- 7234
 SMM.US..F236_H4 -----T-----T--G---A--G---A--T-----A-----T--AAG--AA-C---G--GTGAGCG--T...AA-G--G---A-----C--T--T 7184
 SMM.US..PBJ14_15 -----T-----A--G-G--A--T-----A-----T--AAG--A--T-----AAT-GC--T...AA-C--C---A--C--T-----T 7014
 SMM.US..PBJA -----T-----A--G-G--A--T-----A-----T--AAG--A--T-----AAT-GC--T...AA-C--C---A--C--T-----T 7013
 SMM.US..PGM53 -G--T-----AG---A--G---A--T-----A-----T--AAG--A--A-----A-T-C--CT-G...A-A-----A-----T--T 7174
 SMM.US..PBJ_6P6 -----T-----A--G-G--A--T-----A-----T--AAG--A--T-----AAT-GC--T...AA-C--C---A--C--T-----T 7206

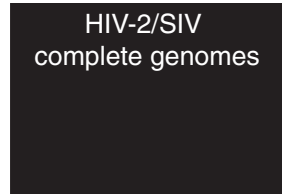
STM.US..STM -----T-----AC-----T--A--G-G-----G-----AGC---C-AA-C-----AATGTC-CTGGCGAA-AG...-C---C-----GA--T 6873

HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	GTAACACTTCTGTTATCCAAGAGTCTTGTGACAAACATTATTGGGATGCTATTAGATTTAGGTATTGTGCACCTCCAGGTTATGCTTTGCTTAGATGTAATGACACAAATTATTCAGGCTTTATGCCTAA	7364
Env gp120	C_N_T_S_V_I_Q_E_S_C_D_K_H_Y_W_D_A_I_R_F_R_Y_C_A_P_P_G_Y_A_L_L_R_C_N_D_T_N_Y_S_G_F_M_P_K	Env
H2A.CI.88.UC2	-----A--A--C--A--G--A--A-----T-----T-----G-AG-----A--C--CA-----A--G-----C--A--A-----C-----T--C--C--C--G-----GCA-----	7394
H2A.DE..BEN	-C--A--AA--C--A-----A-----T--G--C-----G--G--A--C-----A--G--C--T-----CC-AT-A-----T--C--C-----GAA-----	7446
H2A.DE..PEI2	-C--A--A--C--AC-----A-----T--G--C-----G--G--A--C-----A--G--TATGC-----A-----C-----T--C-----GA-----C-----	7387
H2A.GH..GH1	-C--A--A--C--AC-----A-----T--G--C-----A--AG-----A--C-----A--G-----CC-A--A-----C-----T--C-----CGA-----A-----	6863
H2A.GM..ISY	-C--A--A--C--AC-----A-----G--C-----G-----A--C-----A--G--T--TC-----A--G--C-----T--C-----C-----GA-----C-----	6860
H2A.GM.87.D194	-C--A--A--C--A-----A-----G--C-----G-AG-----A--C-----A--G-----T--CC-A--A-----C-----T--C-----GAA-----	6854
H2A.GW..ALI	-C--A--A--C--AC-----A-----T--G--C-----A--G-----A--C-----A--T-----C--CC-A--A-----CG-----T--TC-----GCA-----C-----	7427
H2A.GW..MDS	-C--A--A--C--A-----A-----T--G--C-----A--G-----A--C-----A--G-----T--C-----A-----C-----T--C-----G-----CA-----C-----	6920
H2A.GW.86.FG	-C--A--A--C--AC-----A-----T--G--C-----G--G-----A--C-----A--G-----T--C--A--A-----C-----T--C-----GCA-----	6851
H2A.GW.87.CAM2CG	-C--A--A--C--AC-----A-----T--G--C-----G--G-----A--C-----A--G-----T--CA-A--A-----C-----T--C--G--C-----GCA-----C-----	7449
H2A.SN..ST	-C--A--A--C--AC-----A-----G--C-----A--G-----A-----A--G-----T--CC-----A-----C-----T--C-----GA-----C-----	6873
H2A.SN.85.ROD	-C--A--A--C--AC--A--A-----G--C-----A--G-----A--C-----A--G-----CC-AT-A-----T--C-----GCA-----C-----	6889
H2AB.CI..7312A	-C--A--A--C--AC--A--A--C-----G--C-----A--G-----A--C-----A--G-----T-----C-----C-----C-----C-----	7428
H2B.CI..EHO	-----T--A--AA-----A--A-----AG-T-A-----T--C-----A--T-----A-----C-----T--T--A-----C-----A-----	7408
H2B.CI.88.UC1	-----T--C--A--G-----A-----T-----C-----CAGCT-A-----C-----T--C-----A-----C-----C-----C-----A-----	7418
H2B.GH.86.D205	-C-----AA-AA-----A-----CAGCT-A--G-----T--C--G--G--T--TT--C--A--A-----C-----T--C-----C-----C-----	7413
H2B.JP.01.KR020	-----A--AA-----A-----CCAAT-A-----C--C-----C--T-----TA-G-----C-----TT--T--C-----C-----C-----	6536
H2G.CI..ABT96	-----T--A--A--C--T--G--A--A-----T-----A-----A-----T--G-----G--T-----A-----T--T--C-----A--GCA-----	6777
H2U.FR.96.12034	-C-----C-----A-----C--A-----C--A-----G-----C--T--A-----T--T-----C-----A-----	6906
MAC.US..251_1A11	-----A-----A-----A-----	7360
MAC.US..BK28_H824	-----A-----A-----A-----	2268
MAC.US..MM142	-----T-----G-----G-----G-----A-----	6859
MAC.US..251_BK28	-----A-----A-----A-----	7346
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A-----G-----A-----	7362
MAC.US..SMM142B	-----T-----G-----G-----G-----A-----	6856
MNE.US..MNE027	-----T-----A-----G-----	6835
MNE.US.82.MNE_8	-----T-----A-----	6832
SMM.US..PBJC	-----CAG-----T-----A--C-----G-----A-----G-----G-----TT-----GCT-----	2248
SMM.US..PBJD	-----CAG-----T-----A--C-----G-----A-----G-----G-----TT-----GCT-----	2248
SMM.US..PBJE	-----CAG-----T-----A--C-----G-----A-----G-----G-----TT-----GCT-----	2242
SMM.US..PBJ_143	-----CAG-----T-----A--C-----G-----Y--A-----G-----G-----T--C-----GCT-----	6856
SMM.SL.92.SL92B	-C--T--AAG-----A-----A-----G--C-----C--C--A--C-----A--C-----G-----T-----GCA-----	6800
SMM.US..H9	-----CAG-----T-----A--C-----G-----Y--A-----G-----G-----T--C-----GCT-----	6841
SMM.US..SME543	-----CAG-----T--G--A--C-----G-----G-----A--C-----G-----G-----TT-----T-----GCT-----	7356
SMM.US..17EC1	-----A-----	7364
SMM.US..17EFR	-----A-----	7364
SMM.US..F236_H4	-----CAG-----T-----A--C-----G-----A--C-----G-----G-----TT-----T-----GCT-----	7314
SMM.US..PBJ14_15	-----CAG-----T-----A--C-----G-----A-----G-----G-----TT-----GCT-----	7144
SMM.US..PBJA	-----CAG-----T-----A--C-----G-----A-----G-----G-----TT-----GCT-----	7143
SMM.US..PGM53	-----CAG-----T-----A--C-----G-----A--C-----G-----G-----T-----GCT-----	7304
SMM.US..PBJ_6P6	-----CAG-----T-----A--C-----A-----G-----G-----G-----TT-----GCT-----	7336
STM.US..STM	-C--T--CAG--A--T--A--C-----CT-A--G-----A--T-----C-----C-----T-----A-----GCA-----	7003



Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	ATGTTCTAAGGTGGTGGTCTCTTCATGCACAAGGATGATGGAGACACAGACTTCTACTTGGTTTGGCTTTAATGGAAGTAGAGCAGAAAAATAGAACTTATATTTACTGGCATGGTAGGGATAATAGGACT	7494
Env gp120	C_S_K_V_V_V_S_S_C_T_R_M_M_E_T_Q_T_S_T_W_F_G_F_N_G_T_R_A_E_N_R_T_Y_I_Y_W_H_G_R_D_N_R_T	Env
H2A.CI.88.UC2	T--CC---A--A--A-CTG-----T-----A-G-A-----C-----A--C-T-----A--C-----	7524
H2A.DE..BEN	G--CA---A--A--A-CTG-----A-G-A-----C-----A--C-T-----C--A-----	7576
H2A.DE..PEI2	G--C---A--A--A-CTG--A-----A-----A-G-A-----C-----G-----A--C-T-----A-----	7517
H2A.GH..GH1	G-----A--A--A-CT--A-----A-----A-G-A-C-C-----C-----G-----A--C-T-----C--A-----	6993
H2A.GM..ISY	T--C---A--A--A-CT--A--T-----A-----A-G-AC-----C-----C-----G-----A--C-T-----C--A---	6990
H2A.GM.87.D194	G--C---A--A--A-CTG-----A-G-A-----C-----A--C-T-----A-----A-----	6984
H2A.GW..ALI	T--C---A--A--A-CTG--A-----G-A-----C-----G-----A--C-T-----A-----A---	7577
H2A.GW..MDS	T-----A--A--A-CT--A--T-C-----A-----A-----G-----C-----A--C-T-----AA---C--A---	7050
H2A.GW.86.FG	C--C---A--A--A-CTG--A-----C-A-----A-G-A-----A-----C-----A--C-T-----AA---C--A---	6981
H2A.GW.87.CAM2CG	C-----A--A-CT--A-----C-A-----A-G-----G-----C--C-----G-----A--C-T-----AA---C--A---	7579
H2A.SN..ST	T-----A--A-CTG--A--T-----A-----A-G-A-C-C-----C-----G-----A--C-T-----A-----	7003
H2A.SN.85.ROD	C-----A--A-CT--A-----C-----A-----A-G-A--C-A-----C-----G-----A--C-T-----C--A-----	7019
H2AB.CI..7312A	C--AG---A--A--G--C--T-----A-----A-----C-----A-----C-----T--A--G-----G--A--G--T-----A--AA---	7558
H2B.CI..EHO	C--AG---A--A--A--..CTGTAC--A-----A-----C-----A-----C-----T--A--G-----C--G--A--G--T-----A--AA---C-----	7535
H2B.CI.88.UC1	--AG---A--A--A--G--C--T-----A-----C-----A-----C-----T--G--GA-----G--A--G--T-----A--AA---C-----	7548
H2B.GH.86.D205	C--CAG---A--A--CG--C--C-----A-----A-----T-C-----A-----C-----T--A--G-----G--C--G--A--A--T-----AA-AA---C-----	7543
H2B.JP.01.KR020	C--AGC---A--A--A--C--C--T-----A-----A-----C-----G-----C-----T--A--G-----G--A--A-----AAAGC-----C-----	6666
H2G.CI..ABT96	T--C---A--A-----A--T-----A-----A-----A--C-----A-----C--G-----A--G-----A--C-T-----G--A--C-----	6907
H2U.FR.96.12034	T--C---A--A--A-----A-----A-----G--GA-----A--C-----C-----T-----A-----A-----A--C-----A--A	7036
MAC.US..251_1A11	-----A-----A-----	7490
MAC.US..BK28_H824	C-----	2398
MAC.US..MM142	C-----A-----C-G-----C-----A-----	6989
MAC.US..251_BK28	-----	7476
MAC.US..251_32H_PJ5	-----	7492
MAC.US..SMM142B	C-----A-----C-G-----C-----A-----	6986
MNE.US..MNE027	C-----A-----A-----A--C-AA-----	6965
MNE.US.82.MNE_8	C-----A-----A-----A--C-AA-----	6962
SMM.US..PBJC	C--A-----A--A--T-----A-----A-----A--C-----T--C-----T-----A--C-----T-----C--AAGC-----A--C	2378
SMM.US..PBJD	C--A-----A--A--T-----A-----A-----A--C-----T--C-----T-----A--C-----T-----C--AAGC-----A--C	2378
SMM.US..PBJE	C--A-----A--A--TA-----A-----A-----A--C-----T--C-----T-----A--C-----T-----C--AAGC-----A--C	2372
SMM.US..PBJ_143	C--A-----A--A--T-----A-----A-----A--C-----T--C-----T-----A--C-----T-----R--C--AAGC-----A--C	6986
SMM.SL.92.SL92B	T--AG---A--A--A--A--T-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----A--A--T-----CG--AAG-----A--A	6930
SMM.US..H9	C--A-----A--A--T-----A-----A-----A--C-----T--C-----T-----A--C-----T-----R--C--AAGC-----A--C	6971
SMM.US..SME543	C-----A-----T-----A-----G--A--C-----C-----T-----G-----A--C-----T-----C--ATAG-----A--C	7486
SMM.US..17EC1	-----	7494
SMM.US..17EFR	-----	7494
SMM.US..F236_H4	C-----A-----T-----A-----G--A--C-----C-----T-----G-----A--C-----T-----C--AAAG-----A--C	7444
SMM.US..PBJ14_15	C--A-----A--A--T-----A-----A-----A--C-----T--C-----T-----A--C-----T-----C--AAGC-----A--C	7274
SMM.US..PBJA	C--A-----A--A--T-----A-----A-----A--C-----T--C-----T-----A--C-----T-----C--AAGC-----A--C	7273
SMM.US..PGM53	C-----A-----T-----A-----G--A--C-----C-----T-----G-----A--C-----T-----A-----AAG-----A--C	7434
SMM.US..PBJ_6P6	C--A-----A--A--T-----A-----A-----A--C-----T--C-----T-----A--C-----T-----C--AAGC-----A--C	7466
STM.US..STM	T--C-----A--A-----C--G--T--T--A-----A-----A-----A-----C-----T-----C-----	7133



HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	ATAATTAGTTTAAATAAGTATTATAATCTAACAAATGAAATGTAGAAGACCAGGAAATAAGACAGTTTTACCAGTCCACATTATGTCTGGATTGGTTTTCCACTCA.....CAACCA...ATCAATGATA	7615
Env gp120	I I S L N K Y Y N L T M K C R R P G N K T V L P V T I M S G L V F H S Q P . . I N D	Env
H2A.CI.88.UC2	--C---C---C---AC-----T-----C-T--C-AG-----G-----A-A-AC-----A---CATAGG--T--T--T.....-GG--GTC-----CA-A-	7648
H2A.DE..BEN	--C---C---C---C-----C-----CGT--AG-----A-A-AC-----A---A-G-T-----T.....-G-----CACA-	7697
H2A.DE..PEI2	--T--C--C---C---CAC-----C-----CT--AC-T--AG--G-----T-----G-----A-A-AC--G--A--GAGA--G--T-----C.....-G--GATC-----A-	7641
H2A.GH..GH1	--C--C--C---C---C-----C---TT-T--AC-T--AG-----C-----G-----A-A-AC-C---A--G--A--G--T-----C.....-G-----ACA-	7114
H2A.GM..ISY	--T--C--C---C---A-----C---C--ACTT--G-----A-----A-----G-----A-A-AC-C---A--CCGCAGA--T-----C.....-G--GAAGATC-----A-A-	7114
H2A.GM.87.D194	--C---C---C---C-----C-----C--C-T--AG-----G-----A-A-AC-----A--GCGAAGG--T-----T.....-GG--GTCTA---CA-A-	7108
H2A.GW..ALI	--C--C--C---C---AC-----T--T--C-T--AG--G-----G-----A-A-AC-----A--G--AA-A--T-----C.....-G-----A-A-	7678
H2A.GW..MDS	--C--C--C---GCAAG-----CT-CT--C-T--AG--G-----A-----GG-----A-A-AC-----A---A-G-T--T-----C.....-G--G-----AGA-	7171
H2A.GW.86.FG	--T--C--C---C---T-----C---T--C-T--AG--G--G-----G-----A-A-AT-----A--G--TAAG--T-----C.....-G--GTC-----A-A-	7105
H2A.GW.87.CAM2CG	--C--C--C---C---C-----C---CT-T--T-T--G--G-----GG-G--A-A-AC-----A--GCAAAGA--T-----C.....-GG--ATC--T--A-A-	7703
H2A.SN..ST	--C---C---C---T-----C---CG-AC-T--AG--G-----C-----G-----A-A-AC-C---A--G--A--G--T-----C.....-G-----AGA-	7124
H2A.SN.85.ROD	--C--C--C---C---A-----C---GTT--C-T--AG--G-----G-----T-----GAA--A-A-A-TGC-----A--CAT--G--T---CCACTAC--G--G....-A-A-	7146
H2AB.CI..7312A	--T--A--C--G-----T-----AC-T--AG--G-----C-----G-----A-A-AC-C---A--G--A--G--T-----T.....-G--T-----A-A-	7679
H2B.CI..EHO	--C--A--C---G---TCA-----G-----C--C--A--G-----C--A-TG--G--G--A-A-GA-CCG--A--TA--TC--C---T-----G-----A-A-	7656
H2B.CI.88.UC1	--C--A--C---G-----C---C--C--A--G-----G-----C-----CA--A-A-C---A--G--C--AA--T--G.....-G--T...C-----ACC-	7669
H2B.GH.86.D205	--C--A--C---CA--C---T-GT--AC-C--AG--G-----C-----G-----A-A-GA-CCG--A--C--AC---T-----G-----A-A-	7664
H2B.JP.01.KR020	G-C-A-C---AA-A-----G---AC-C---G-----C-----A-----CG-G-----A--A-----A--TC-AA-C---T-----G--T...-T--C-A-	6787
H2G.CI..ABT96	--A-----T-----A-R-----G-----G-----A-----A-----A--T--T-----A--GC--A--C---T-----T-----A-A-	7028
H2U.FR.96.12034	-----C-----T-----T-C-----G-----G-----C-----A-----A-----A--C--A--G---T--T.....-G--T...-A-C-	7157
MAC.US..251_1A11	-----C-----A-----CA-----	7611
MAC.US..BK28_H824	-----C-----C-----	2519
MAC.US..MM142	-----C-----C-----	7110
MAC.US..251_BK28	-----C-----C-----	7597
MAC.US..251_32H_PJ5	-----C-----C-----	7613
MAC.US..SMM142B	-----C-----C-----	7107
MNE.US..MNE027	-----G-----A-----	7086
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----C-----	7083
SMM.US..PBJC	-----C-----G-----C-----A--G--A--C---T--G.....-C...-A---G-	2499
SMM.US..PBJD	-----C-----G-----C-----A--G--A--C---T--G.....-C...-A---G-	2499
SMM.US..PBJE	-----C-----G-----C-----A--G--C---T--G.....-C...-A---G-	2493
SMM.US..PBJ_143	-----C-----R-----G-----C-----A--G--C---T--G.....-C...-A---G-	7107
SMM.SL.92.SL92B	-----C-----T-G-----A--G--C-----C-----A--T--C--T--T--G.....-G-----A--G-	7051
SMM.US..H9	-----C-----R-----G-----C-----A--G--C---T--G.....-C...-A---G-	7092
SMM.US..SME543	-----C-----R-----G-----C-----A--G--C---T--G.....-C...-A---G-	7607
SMM.US..17EC1	-----C-----A-----G-----	7615
SMM.US..17EFR	-----C-----A-----G-----	7615
SMM.US..F236_H4	-----C--G-----G-----A-----A--G--C---T--G.....-G--C...-A---G-	7565
SMM.US..PBJ14_15	-----C-----G-----C-----A--G--C---T--G.....-C...-A---G-	7395
SMM.US..PBJA	-----C-----G-----C-----A--G--C---T--G.....-C...-A---G-	7394
SMM.US..PGM53	-----C-----A--G-----G-----C-----A--G--A--C---T--G.....-C...-A---G-	7555
SMM.US..PBJ_6P6	-----C-----G-----C-----A--G--C---T--G.....-C...-A---G-	7587
STM.US..STM	--T-----C--G--C-----C--T-----GC-----G--C--A---C-----A--C---C---T--G.....-C...-T---G-	7254



```

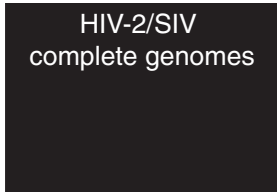
MAC.US..MM239      GGCCAAAGCAGGCATGGTGTGGTTGGAGGAAAATGGAAGGATGCAATAAAAGAGGTGAAGCAGACCATTGTCAAACATCCCAGGTATACTGGA...ACTAACAACTACTGATAAAAATCAATTTGACG.. 7740
Env gp120          R_P_K_Q_A_W_C_W_F_G_G_K_W_K_D_A_I_K_E_V_K_Q_T_I_V_K_H_P_R_Y_T_G..T_N_N_T_D_K_I_N_L_T.. 7740
H2A.CI.88.UC2     AA--T-GA-----C-----AA--C-C-----A-GA--C-GC-G-----A--C--CAGG-----C-AA-----..-C--TG---GAG---G--T--C--TGT-.. 7773
H2A.DE..BEN       ---T-G-----CC-----C-G-----G--A--C-GC-G-----A--C--AC-----A--C-AA-----..TC--TG---A-GG---T--C--T-.. 7822
H2A.DE..PEI2      -A--C-----C-----C-----TG-T-----A-A--C-GC-G-----A--A--C--G-----G-A-----..-C--G-C--AC-G---T--C--T-A.. 7766
H2A.GH..GH1       -A--T-G--A-----C-----CAA--C-G-----G--A--C-GC-G-----A--A--C--A-A-----AA-----..-C--G-C--AA-G---T--C--T-A.. 7239
H2A.GM..ISY       AA--C-G--A-----CC-----CAA--CG-G-----G--A--C-GC-G-----A--A--C--A-----AA-----..-C--TG-C--AA---T--C--T-A.. 7239
H2A.GM.87.D194    AA--TGG-----CA--C--C-----TA--A--C-GCGG-----A--C--CA-----CGGA-----..A--TG---A-GA---T--C--T-.. 7233
H2A.GW..ALI       -A--C-GA--A-----C-----CAA--CG-----G-A-A--C-GC-G-----G-A--C--A-----AA-----..-C--TG-C--AA-CC---T--C--T-A.. 7803
H2A.GW..MDS       -A--T-G--A-----C-----CAAG--C--C-----G-AGA--C-GC-G-----A--G-A-----A-A--C-----AG-----..-C--GT--C--TAACA--T--T--CC--C-.. 7296
H2A.GW.86.FG      AA--C-G--A-----C-----C-A--CC-----A--C-GC-G-----G--C--CG-----A--AA--GAAC--GG-G-CGC--A--G--T--T--A--T-AA.. 7233
H2A.GW.87.CAM2CG -A--C-G--A-----C-----CAA--C--C-----CA--A--C-GC-G-----A--A--C--CGG-G-----AA-----..-C--A--C--TAACGG--T--T--CC--C-AA.. 7828
H2A.SN..ST        -A--C-G--A-----C-----CAA--CG-G-----A--C-G-G-----TA--C--CA-----AA-----..-C--G-C--A--A-----TCG--T-FA.. 7249
H2A.SN.85.ROD     -A--C-GA--A-----C-----CAA--C-----A--C--C-GC-G-----G-A--C--CA-----GA-----..-C--TG-C--AAGG--T--T--GC--TG-A.. 7271
H2AB.CI..7312A    -A--T-G--A-----C-----CAA--CG-G-----G--A--C-GC-G-----A--A--C--A-A-----AA-----..-C--TG-C--AAGG--T--T--CC--T-A.. 7804
H2B.CI..EHO       -A--T--A--A--T-----C-----AA--C-----CA--A--C--C--G-----AG-----AAA--T-----A--T-A-----..-A--CA--TCTCAC--G--A--GG--AG-A.. 7781
H2B.CI.88.UC1     -A--C-GA--A--T-----C-----AAG--C-----TA--A--C--GG-----A--G-----CA--A-----AA-----..-A--T--C--C--G--GG--A--GA--GTA.. 7794
H2B.GH.86.D205    -A--C-GA--A--T-----C-----AAG-----C-----CA--A--C--G-----AAG-----CA--A-----AA--GGTG--A--A-----TCACA--GCG--A--G--AGTATC 7794
H2B.JP.01.KR020  -A--C-G--A--C-----C-----CAC-G--T-----G-----G-----CA--G-----A-----A-----..-A--G-----C--CA--A--G--AG-A.. 6912
H2G.CI..ABT96     -A--C-GA--A--T-----C-----A--C-GC-G-----A--G-A--G-G-----G--C-----C--AA-----..-A--TG-C--AA-G--M--A--CC--T-A.. 7153
H2U.FR.96.12034  AT-----A--A--T-----T-----T-----A--GG-----CC-G-----G-----C-----C-----CA--T-----..-C--G---T--AG-C-G--A--C--G-A.. 7282

MAC.US..251_1A11  -----A-----T-----G-----AA--A-----..-----A-----.. 7736
MAC.US..BK28_H824 -----A-----T-----G-----AA--A-----..-----G-----A-----.. 2644
MAC.US..MM142     -----A-----T-----G-----G-----..-----G-----.. 7235
MAC.US..251_BK28  -----T-----A-----A-----..-----A-----.. 7722
MAC.US..251_32H_PJ5 -----T-----A-----A-----..-----A-----.. 7738
MAC.US..SMM142B   -----A-----T-----G-----G-----..-----A-----.. 7232

MNE.US..MNE027    -----A-----A-----A-----T-----G-----..-----A-----.. 7211
MNE.US.82.MNE_8   -----A-----A-----A-----T-----G-----..-----A-----.. 7208

SMM.US..PBJC      -A-----A-----C-----C-----G-----AA-G--C--CC-G--A-----G-A--T-G-----G-----..-TG---A-AC---T--GC-A--A.. 2624
SMM.US..PBJD      -A-----A-----C-----C-----G-----AA-G--C--CC-G--A-----G-A--T-G-----G-----..-TG---A-AC---T--GC-A--A.. 2624
SMM.US..PBJE      -A-----A-----C-----C-----G-----AA-G--C--CC-G--A-----G-A--T-G-----G-----..-T--G---AC---T--GC-A--A.. 2618
SMM.US..PBJ_143   -A-----A-----C-----C-----G-----A--G--C--CCGG--A-----GMAM--T-G-----AG-----..-TR-K-Y-R-AC---T--GC-A--A.. 7232
SMM.SL.92.SL92B   -----GA--A-----C-----G-----GA--A--T--GC-G--T--A--A-----A-----C-----..-C--TG---AGG---T--C--A--A.. 7176
SMM.US..H9        -A-----A-----C-----C-----G-----A--G--C--CCGG--A-----GMAM--T-G-----AG-----..-TR-K-Y-R-AC---T--GC-A--A.. 7217
SMM.US..SME543    -A-----A-----C-----CC-----C-----GC--G--C--CC-G--A-----G-A--T-G-----G-----..-TG---AGG---T--C--A--A.. 7732
SMM.US..17EC1     -----G-----C-----CC-----G-----G-----G-----A-----T-G-----G-----..-TG---AGG---T--C--A--A.. 7740
SMM.US..17EFR     -----G-----C-----CC-----G-----G-----G-----A-----T-G-----G-----..-TG---AGG---T--C--A--A.. 7740
SMM.US..F236_H4   -A-----A-----C-----C-----A-----GC-----AA-G--C--CC-G--A-----G-A--T-G-----G-----..-TG---AGG---T--C--A--A.. 7690
SMM.US..PBJ14_15 -A-----A-----C-----C-----G-----AA-G--C--CC-G--A-----G-A--T-G-----G-----..-T--G---AC---T--GC-A--A.. 7520
SMM.US..PBJA      -A-----A-----C-----C-----G-----AA-G--C--CC-G--A-----G-A--T-G-----G-----..-T--G---AC---T--GC-A--A.. 7519
SMM.US..PGM53     -A-----A--A--C-----C-----GT-----GA--G--C--CC-G-----G-A-----A-----G-----..-TG-G--A-G---T--C--A.. 7680
SMM.US..PBJ_6P6   -A-----A-----C-----C-----G-----AA-G--C--CC-G--A-----G-A--T-G-----G-----..-T--G---AC---T--GC-A--A.. 7712
STM.US..STM       -A-----A--A--T-----C-----G-----GA-GA-----T-----G-A--T-G-----A-----..-C--TG-C--G-CA---A-GGA-AGT-.. 7379

```

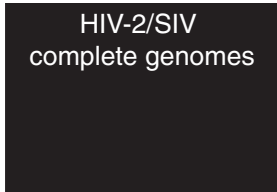


HIV-2/SIV
complete genomes

MAC.US..MM239	.GCTCCTGGA...GGAGGAGATCCGGAAGTTACCTTCATGTGGACAAATTGCAGAGGAGAGTTCTCTACTGTAAAATGAATTGGTTTCTAAAATTGGGTAGAAAGATAGGAATACAGCTAAC.....	7857
Env gp120	A P G . G G D P E V T F M W T N C R G E F L Y C K M N W F L N W V E D R N T A N	Env
H2A.CI.88.UC2	.AAA--A---GTA--CTC--C--A--G--G--A-A-----T-C-----A--TT-----C---C-----C--C-----G--GA-C---CG-GCCAA--A.....	7893
H2A.DE..BEN	.AAA--G---GCA--CTC--C--A---GG-A-T-----T-C-----A--T-----C---C-----C--C-----C-A---CCA-A-ACGG.....	7942
H2A.DE..PEI2	.CAA--A---AAA--TTC--G-A---GGTA-A-----T-C-----A--T--A---C--C---C---C---A---A-C---GCACACC-A.....	7883
H2A.GH..GH1	.AAA--A---AGA--CTC--C--A---GG-A-A-----T-C-----A--T-----C---C-----C--C-----A-C---ACCG-ATCAG-CA.....	7359
H2A.GM..ISY	---A--A-A-AAA-ACTC--C--A---AG-A-AT-----T-C-----A-----T-C---C---C---A-C-A---CGGGTCAA.....	7356
H2A.GM.87.D194	.AAG--A---ATA--TTC--C--A---G--A-A-----T-C-----A--T-----T-C---C---C---A--A---CG-ACCAA-CA.....	7353
H2A.GW..ALI	.AAA--A---AGA--CTC--G-A---GGTA-AT-----T-C-----A--T---C-T-C---C---C---G--A-C-AA-CGGGTCAGG-A.....	7923
H2A.GW..MDS	---A--A---AAA--CTC--C--A---AG-A-A-----T-C-----A--T-----C--C---C---C---A-C--A-C-GATAAGCCA.....	7416
H2A.GW.86.FG	---A--A---GAGA--CTC--C--A---A--A-A-----T-C-----A--CT-----C--C---C---C---GA-C---CGGGTCAG--A.....	7353
H2A.GW.87.CAM2CG	---A--A-A-AGA--TTC--C--A---G--A-A-----T-T-C-----A--TT-----C--C---CC---C---A---AACC--ATA-G-CA.....	7948
H2A.SN..ST	---G--A---GAAC-CTC--C--A---GG-A-A-----T-C-----A--T-----C--T---C---C---A-C--A-CG-ATCAG-CA.....	7369
H2A.SN.85.ROD	---G--A---AAA--CTC--C--A---AG-A-A-----T-C-----T-----C--C---C---C---A---GA--A---CACACCGC--T.....	7391
H2AB.CI..7312A	.AAA--A---ACA--CTC--C--A---GG-A-A-----T-C-----A--T-----C--C---C---C---A---A-C---CGGGTCAG-CA.....	7924
H2B.CI..EHO	---AG-AC-CGAGAA-CTC--A---A--GA-AT-----T-C-T-G-----T-----T---C---TT--CT---C---A---A-C-GGGCTC--G.....	7901
H2B.CI.88.UC1	---GG--CTCGGCA--TTC--C--A--G--G-GACAT-----T-C-T-G-----A--T---T---T---CC---T---C---G--GA-C--A-CAGGTA-A-CT.....	7914
H2B.GH.86.D205	A-AA-A---AAA--TTC--A---ACA--A-AT-----C--T-----A--T-A-----T---CC---CT---C---GA-C-AA-CA-ATA-A-CT.....	7915
H2B.JP.01.KR020	---AG-ACTCGCAA--CTC--A---A--GA-AT-----T-C-T-----TT-G-----T---C---C---A---A---CAGG-AT--G.....	7032
H2G.CI..ABT96	.A-A-A---GAA--TTC--A---A--AG-----T-----A--T-G-T-----C-----A---G-C-A---TGA--CT.....	7273
H2U.FR.96.12034	..AA--A-C-.....T--T-A--G--A-AA--T-----T-C-----A-----G---CA---C-C-----A-C---GC-TG-AGGGA.....	7399
MAC.US..251_1A11T-----T-----T-----C-----G-----GT-A.....	7853
MAC.US..BK28_H824A-----T-----T-----C-----G-----GT-A.....	2761
MAC.US..MM142A-----T-----T-----C-----G-----GT-A--C.....	7352
MAC.US..251_BK28A-----T-----T-----C-----G-----GT-A--C.....	7839
MAC.US..251_32H_PJ5A-----T-----T-----C-----G-----GT-A.....	7855
MAC.US..SMM142BA-----T-----T-----C-----G-----GT-A--C.....	7349
MNE.US..MNE027C-----T-----T-----A---CTGA--GGA.....	7328
MNE.US.82.MNE_8T-----T-----T-----A---CTGA--GGA.....	7325
SMM.US..PBJCA-----A-----ACA-----TC-----A--T-A--T--C-----T-----TA--A-AT-G-TCT...AGATGG	2747
SMM.US..PBJDA-----A-----ACA-----TC-----A--T-A--T--C-----T-----TA--A-AT-G-TCT...AGATGG	2747
SMM.US..PBJEA-----A-----T-----TC-----A--T-A--T--C-----T-----G-TAC-A-AT-G-TCT...AGATGG	2741
SMM.US..PBJ_143A-----A-----T-----TC-----A--T-A--T--C-----T-----Y--TA--A-AT-G-TCT...AGATGG	7355
SMM.SL.92.SL92B	---C--G-----G-----C--A-----T-----A-----T-----C-----G-----GAGC-G-CCAAGGTGG	7302
SMM.US..H9A-----A-----T-----TC-----A--T-A--T--C-----T-----Y--TA--A-AT-G-TCT...AGATGG	7340
SMM.US..SME543A-C-----A-----C--T--T-----TC-----A--T-A--CT--C-----T-----G--C--AG-CCA-AA--GTAACAGATGG	7858
SMM.US..17EC1A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----A---TAC-A-AT-G-TCT...AGATGG	7857
SMM.US..17EFRA-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----A---TAC-A-AT-G-TCT...AGATGG	7857
SMM.US..F236_H4A-C-----A-----C--T--T-----TC-----A--T-A--T--C-----T-----G--C--AG-CCA-AAGGGTGGCAGATGG	7816
SMM.US..PB14_15A-----A-----A-----T-----TC-----A--T-A--T--C-----T-----TAC-A-AT-G-TCT...AGATGG	7643
SMM.US..PB1AA-----A-----A-----T-----TC-----A--T-A--T--C-----T-----A---TAC-A-AT-G-TCT...AGATGG	7642
SMM.US..PGM53A-----A-----C--T--T-----T-----T-----T-----C-----T-----A--C--T-AGGTTCTCTATGG	7806
SMM.US..PB1_6P6A-----A-----A-----T-----TC-----A--T-A--T--C-----T-----TAC-A-AT-G-TCT...AGATGG	7835
STM.US..STMG-----A--G--C-----C--T-----A--T--T--T--C-----CT-----A-----A-C--A-G---T-AG-AATGAGAGAT	7505



MAC.US..MM239CAGAAGCCAAAGGAACAGCATAAAAGGAATTACGTGCCATGTCATATTAGACAAATAATCAACACTTGGCATAAAGTAGGCAAAAATGTTTATTTGCCTCCAAGAGAGGGAGACCTCACGTGTA	7981
Env gp120	..._Q_K_P_K_E_Q_H_K_R_N_Y_V_P_C_H_I_R_Q_I_I_N_T_W_H_K_V_G_K_N_V_Y_L_P_P_R_E_G_D_L_T_C	Env
H2A.CI.88.UC2C-GC-C-C-T-C-----C-----A-G-G-----T-T-C-----G-----GC-T---A-----T-G-A-G-GT-G-C-C-C-	7996
H2A.DE..BENC-C-C-T.....C-----A-AG-G-----T-T-C-----G-----A-----T-G-A-G-GT-GG-C---G	8036
H2A.DE..PEI2C-GC-C-T-CA-G-C-----A-G-----T-T-C-----G-----C-----A-A-----T-G-A-G-AT-GGTC-C-	7986
H2A.GH..GH1C-GCAC---T-C-G-C-----A-G-----T-T-C-----G-----G-----A-----T---A---C-GT-G-C-C-	7462
H2A.GM..ISYC-GCAT-C-T---G-C-----AGAG-----T-T-C-----G-----G-----A-----T-G-A---GT-GT-C-CG	7459
H2A.GM.87.D194C-CG-C-C-T-C-----C-----A-G-G-----T-T-C-----G-----G-C---A-----T-G-A-G-GT-G-C-C-	7456
H2A.GW..ALIC-GCAC---T-CA-G-C-----A-AG-----T-T-T-C-----C---C---G-----A-----T-G-A---GT-G-C-C-	8026
H2A.GW..MDSTGGCAC---T-A---C-----A-AG-----T---C-----A-G---A-----C-G-A---GT-GGTC-C-	7519
H2A.GW.86.FGC-GC-C-T-CA-G-C-G---A-G-----T-T-C-----C-GG---G---C-A-----C-G-A-G-GT-G-C-C-	7456
H2A.GW.87.CAM2CGGC-C---T-CA---C-----A-G-----T---C-----G---G---A-----C-G-A-G-GT-G-C-C-	8051
H2A.SN..STC-GCAC---T---C-----A-AG-----T-T-C-----C-G---G---A-----T-G-A---C-GT-A-C-C-	7472
H2A.SN.85.RODT-CA-G-C---A-AG-----T---A-----G---G---A-----C-G-A-G-G-GT-C-C-	7485
H2AB.CI..7312AC-GCAC---T-C---G-C---A-A-----T-T-C-----C-G---A---G-----T-G-A---C-AT-G-C-C-	8027
H2B.CI..EHOA---T-C-T---C-C---C---G---G---G---C---GA-T-A-G---G-----T-A---T-C---	8001
H2B.CI.88.UC1C-G-A---T-A-G-C-C---C-A---G---G---G---C---G-T-A-T-C-A---G-----G---TACG---T-C---	8017
H2B.GH.86.D205CGG-A---T-C---C---G---G---G---C---G-T-G---A-A---A---T-G---T-A---	8018
H2B.JP.01.KR020AA---T---G-C-C---C---GG---G---G---T-A---A---A---TC---T-C---	7132
H2G.CI..ABT96TA---CC---GA-A-G-C-C---T-A-C-C---G-G---T---A---C---A---G-C---C-C---A-T-T-G---	7397
H2U.FR.96.12034-A-C-T---G---GAGA---A-G-C-C---T---C-----G-GG---T---A-----A-----G-G---G-----A---T---C-C-	7523
MAC.US..251_1A11A-----	7977
MAC.US..BK28_H824G-T---GG---G---	2885
MAC.US..MM142G---A---	7476
MAC.US..251_BK28G---G---G---G---	7963
MAC.US..251_32H_PJ5G---G---G---	7979
MAC.US..SMM142BG---A---	7473
MNE.US..MNE027	ACTACC-----C-----	7458
MNE.US.82.MNE_8	ACTACC-----C-----G-----G-----	7455
SMM.US..PBJC	ACAAGT--A--C-AG--A--G-GA--A-GG--A---T-----G-----G---C-----G-----T-G-A---G-A---	2877
SMM.US..PBJD	ACAAGT--A--C-AG--A--G-GA--A-GG--A---T-----G-----G---C-----A-----T-G-A---G-A---	2877
SMM.US..PBJE	ACAAGT--A--C-AG--A--G-GA--A-GG--A---T-----G-----G---C-----G-----T-G-A---G-A---	2871
SMM.US..PBJ_143	ACAAGT--A--C-AG--A---GAT-CC-G-AA---R-----G-----G---C-----G-R-----T-G-A---G-A---	7485
SMM.SL.92.SL92B	ACAAGT--A--C-AG--A---GAT-CC-G-AA---T---A---T---C---C---G---G---T---T---G---C---GG---A---C---G---A---T---	7432
SMM.US..H9	ACAAGT--A--C-AG--A---GAT-CC-G-AA---R-----G-----G---C-----G-R-----T-G-A---G-A---	7470
SMM.US..SME543	AAACAA--A---AAGCCA--G--A--G--G--A---T-----G-----G---C-----A-----T-G-A---G-A---	7988
SMM.US..17EC1C-----	7981
SMM.US..17EFRC-----	7981
SMM.US..F236_H4	AAACAA--A--TAGG--A--G--A--G--G-AA---T-----G-----G---C-----A-----T-G-A---G-A---C-	7946
SMM.US..PBJ14_15	ACAAGT--A--C-AG--A--G-GA--A-GG--A---T-----G-----G---C-----A-----T-G-A---G-A---	7773
SMM.US..PBJA	ACAAGT--A--C-AG--A--G-GA--A-GG--A---T-----G-----G---C-----G-----T-G-A---G-A---	7772
SMM.US..PGM53	ACACAA--A--CAAAGGCA--CG-AA-G--G--A---C---T-----G-----G---C---G---T-----G-----T-G-A---G-A---	7936
SMM.US..PBJ_6P6	ACAAGT--A--C-AG--A--G-GA--A-GG--A---T-----G-----G---C-----G-----T-G-A---G-A---	7965
STM.US..STM	TGGAACA-A--CAA-----A--A--G-----T--A---C---C---C---G---T---T---A-----G-----C-A-----T---T---	7635



HIV-2/SIV
complete genomes

MAC.US..MM239	ACTCCACAGTGACCAGTCTCATAGCAAAACATAGATTGG.....ATTGATGGAAACCAAACTAATATCACCATGAGTGCAGAGGTGGCAGAACTGTATCGATTGGGAATTGGGAGATTATAAATTAGT	8102
Env gp120	N S T V T S L I A N I D W I D G N Q T N I T M S A E V A E L Y R L E L G D Y K L V	Env
H2A.CI.88.UC2	---A---A---CA-A-T-T---T-C.....-CA-----T-G-C-C-T-T-T-----C-----A-----C-C---GA-	8114
H2A.DE..BEN	-A-A---A---CA-A-T-T---T-CATA.....GAT-AAA--C-G-CT-T-C-C-T---T-T-----A-----C-----C-C---A-	8160
H2A.DE..PEI2	---A---A---CA-A-T-T---T-CAT.....TT-AT---G-A-GC-T---T-T-----A-C-----C-----C-----A-	8104
H2A.GH..GH1	---A---A---CA-A-T-T---T-CGTA.....A-A-T---G-A---T-T---T-T-----A-C-----A-----C-----A-	7580
H2A.GM..ISY	-A-A---A---CA-A-T-T---T-GTT.....GA-GA-AT---GG-A---T-T---T-T-----A-C-----G-----G-----A-	7580
H2A.GM.87.D194	-T-A---A---CA-A-T-T---T-C-CA.....T-G-C-C-T---T-T---T-T-----A-----C-----A-----G-C-C---GA-	7574
H2A.GW..ALI	---A---A---CT-G-T-T---T-CAC.....C-----G-A---T-T---T-T-----A-C-----A-----G-----C-----A-	8144
H2A.GW..MDS	---A---A---CA-A-T-T---T-CGAC.....A-G-AT-T-G-A---T-T---T-T-----T-----A-C-----A-----G-----C-----A-	7637
H2A.GW.86.FG	---A-G---CA-A-T-C---T---GC.....GA-AT.....A---T-T---T-T-----C-----A-C-----G-----C-----A-	7571
H2A.GW.87.CAM2CG	---A-----CA-A-T-T---T-CGA.....GG--AATC-GAC--A---T-T---T-T-----T-----C-----G-----G-----G-----A-	8172
H2A.SN..ST	---T-----CA-A-T-T---T-CG-A.....GA-AG---G-A---T-T---T-T-----A-C-----A-----G-----G-----A-	7590
H2A.SN.85.ROD	---A---A---CA-A-T-T---T-C---CAAA-CAAT-T-G-A-C-T---T-T-----T-----A-CA-----G-----G-----A-	7606
H2AB.CI..7312A	---A-----CT-G-T-T---T-CGTA.....GACG-A-G-AAT---GG-A---T-T---T-T-----C-----A-----C-----A-----A-	8151
H2B.CI..EHO	-T---T-T---C---C---T-C---A---AAG---TT---T-TG-----A---T-----AA-----C---G-C-C-----A-	8122
H2B.CI.88.UC1	-T---GT-C---T---C---T---CGT-TATTATGATGGCA--AT-C-A-G-C-T---T---A---G-----CA-----C---G-C-C-----A-	8147
H2B.GH.86.D205	-T---T---T-C---C---CA-C-CA.....CAAC-GTACC-C---TT-TG-----A---T-----A-----C---G-C-C-----A-	8136
H2B.JP.01.KR020	-T---T-T---A---C-T-T---CAA-AAT-TAGG.....CAA-AAT-TAGG.....A---T-----A-----C---G-C-C---C-----A-	7253
H2G.CI..ABT96	-T-A---C---C-A---G-T---AGA.....AAT-GGTC-AAC---T-A---TTT-C-----A-----A-----G-----G-----A-	7521
H2U.FR.96.12034	-T-T---A-T-CA-G-T---T-T---C---A-CAA---T---A---T---T---C---A-----A-----A---G-----G-----G-----A-	7644
MAC.US..251_1A11	T-----C-----	8098
MAC.US..BK28_H824	-----C-----A-----G-----	3006
MAC.US..MM142	-----A-----C-----G-----	7597
MAC.US..251_BK28	-----C-----G-----	8084
MAC.US..251_32H_PJ5	-----C-----	8100
MAC.US..SMM142B	-----A-----C-----G-----	7594
MNE.US..MNE027	-----A-----	7579
MNE.US.82.MNE_8	-T-----	7576
SMM.US..PBJC	-T---T-A-T-C---G-A---A---C-TG-G-C-----C-----G-----C-----	2998
SMM.US..PBJD	-T---T-A-T-C---G-A---A---C-TG-G-C-----C-----C-----G-----C-----	2998
SMM.US..PBJE	-T---T-A-T-C---G-A---CA---C-TG-G-C-----C-----G-----C-----	2992
SMM.US..PBJ_143	---T-A-T-C---G-A---CA---C-TA-G-C-----C-----G-----C-----	7606
SMM.SL.92.SL92B	---T-A-T-C---G-A---CAAC-TG-G-C---T---A---T-----G-----G-----	7553
SMM.US..H9	---T-A-T-C---G-A---CA---C-TA-G-C-----C-----G-----C-----	7591
SMM.US..SME543	-T---T-A-T---G-G---CA--AAC-TG-G-C-----C-----G-----C-----	8109
SMM.US..17EC1	-----C-----	8102
SMM.US..17EFR	-----C-----	8102
SMM.US..F236_H4	-T---T-A-T---G-G---CA--A-C-TG-G-C-----C-----G-----C-----A-	8067
SMM.US..PBJ14_15	-T---T-A-T-C---G-A---CA---C-TG-G-C-----C-----G-----C-----	7894
SMM.US..PBJA	-T---T-A-T-C---G-A---CA---C-TG-G-C-----C-----G-----C-----	7893
SMM.US..PGM53	-T---T-A-T-C---G-T---C---C---G---C-----CA-----G-----C-----	8057
SMM.US..PBJ_6P6	-T---G-A-T-C---G-A---CA---C-TG-G-C-----C-----G-----C-----	8086
STM.US..STM	-T---T-----A-A-----T-C---C-A-CAAT-TG-G---C---TGCA-----C-----	7756



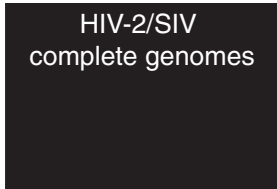
Rev responsive element secondary structure in RNA, see Charpentier, J Mol Evol 266:950-956(1997)

see HIV-1 complete genome annotation for stem-loop positions

|- Rev responsive element start Env gp120 end / Env gp41 start

Strain	AGAGATCACTCCAATTGGCTTGGCCCCACAGATGTGAAGAGGTACTACTGGTGGCACCTCAAGAAATAAAAGAGGGGTCTTTGTGCTAGGGTCTTGGGTTTTCTCGCAACGGCAGGTTCTGCAATG	8232
Env gp120	E I T P I G L A P T D V K R Y T T G G T S R N K R G V F V L G F L G F L A T A G S A M	Env
MAC.US.-.MM239	---A-A-A-...C-A-T--AG--AA-A-A--TT-CT-G-CC...C-AG-G--G-C-----T-G--C-----C-----G--A-----	8241
H2A.CI.88.UC2	---A-A-A-...C-A-T--CA--GA-----T-CT-AAC...C-AGTG--G-C-----T-G--C-----G--A-----	8287
H2A.DE.-.BEN	---A-A-A-...C-A-T--TCA-AA-A--TT-CT--C...C-ACAG--G-A-----T-G--C-----AG-----G--A-----	8231
H2A.DE.-.PBI2	---AG-A-A-...C-A-T--GAGA-A--A--TT-CT-G-C...C-AGTG--G-C-----T-G--C-----G--A-----	7707
H2A.GH.-.GH1	---AG-A-A-...C-A-T--CA-AA-A-A--T-CT--C...C-AGGG--C--G-----T-GC-----C-A-----A-G-A-----G-----	7707
H2A.GM.-.ISY	---AG-A-A-...CCG-C-A-T--A-A-A--A--TT-CT-G-C...C-AGTG--G-C-----T-G--C-----G--A-----	7701
H2A.GM.87.D194	---A-A-A-...C-A-T--TCA-AA-G--A--T-CT-AC...C-AAGG--G-----T-G--C-----A-----G--A-----	8271
H2A.GW.-.ALI	---A-A-A-...C-A-T--CCA-AA-AC-A--T-CT--C...CA-GGG--C-----T-G-----A-----A-----G-----	7764
H2A.GW.-.MDS	---A-A-A-...C-A-T--TCA-A--A--T-CT--C...CA-CAG--C--C-----T-G-----C-A-----A-----C-----	7698
H2A.GW.86.FG	---A-A-A-...C-A-T--TCACAA--A--T-CC--C...CA-GGG--CC-----T-CG-----A-----A-----AGT-----	8299
H2A.GW.87.CAM2CG	---AG-A-A-...T-A-T--CCA-A-A-A--T-CT--C...C-AGTG--G-----T-A--C-----A-----A-G-A-----AG-----	7717
H2A.SN.-.ST	---A-A-A-...C-A-T--A-A-AA-A-A--T-CT--C...CA-GGG--C--C-----T-G--C-----CA-G-A-----AG-----	7733
H2A.SN.85.ROD	---AG-G-A-...T-C-A-T--TCA-AA-A-A--T-CT-AC...C-GGGG--C-----T-A--C-----A-G-A-----AG-----	8278
H2AB.CI.-.7312A	---A-A-A-...T-A-T--AG-A-A-A--TT-CT-A-TG...AC-G-G-----T-AC-----T-----A-C-T-G-----	8249
H2B.CI.-.EHO	---A-A-A-...T-A-T--GA-A-A-A--TT-CT-AAAG...AC-G-G-----T-AA-G-----AC-----T-----T-----	8274
H2B.CI.88.UC1	---A-A-A-...C-A-T--A-GA-A--T-CT-A-TA...AAC-G-G-----T-AA-G-----A-----A-C-T-----T-----	8263
H2B.GH.86.D205	---A-A-A-...T-A-T--AG--A-A--TT-CT-A-CG...AC-G-G-----G-----T-ACCG-----T-----A-----T-----	7380
H2B.JP.01.KR020	---A-A-A-...T-A-T--A--A--TT-CT--TG...AC-G-A-----T-A-----T-----T-----T-----	7648
H2G.CI.-.ABT96	---A-A-GA-...T-T--CCA--A-A--TT-CT-A-TG...AC-G-G-----G-A-A-----T-----T-----C-----	7771
H2U.FR.96.12034	-----A-----G-----	8228
MAC.US.-.251_1A11	-----A-----	3136
MAC.US.-.BK28_H824	-----A-----	7727
MAC.US.-.MM142	-----A-----	8214
MAC.US.-.251_BK28	-----G-----	8230
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----A-----	7724
MAC.US.-.SMM142B	-----A-----C-----A-----	7709
MNE.US.-.MNE027	-----A-----A-----	7706
MNE.US.82.MNE_8	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	3128
SMM.US.-.PBJC	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	3128
SMM.US.-.PBJD	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	3122
SMM.US.-.PBJE	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	7736
SMM.US.-.PBJ_143	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	7680
SMM.SL.92.SL92B	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	7721
SMM.US.-.H9	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	8239
SMM.US.-.SME543	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	8232
SMM.US.-.17EC1	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	8232
SMM.US.-.17EFR	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	8197
SMM.US.-.F236_H4	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	8024
SMM.US.-.PBJ14_15	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	8023
SMM.US.-.PBJA	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	8184
SMM.US.-.PGM53	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	8216
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----T-----C-----C-----AG--A-A-----C--AAC--TG-----G--A-----	8216
STM.US.-.STM	---A-A-...A--GA--A--A--A--AC-...C--G--GA--C-----G--A-----	7883

HIV-2/SIVsmm Complete Genomes



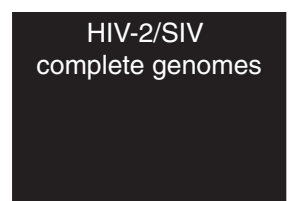
HIV-2/SIV
complete genomes

Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	GGCGCGGCGTCGTTGACGCTGACCGCTCAGTCCCGAACTTTATTGGCTGGGATAGTGCAGCAACAGCAACAGCTGTTGGACGTGGTCAAGAGACAAACAAGATTGTTGCGACTGACCGTCTGGGGAACAA	8362
Env gp41	<u>G A A S L T L T A Q S R T L L A G I V Q Q Q Q L L D V V K R Q Q E L L R L T V W G T</u>	Env
H2A.CI.88.UC2	-----CC-----T-A-----G-----C-----C-----A-A-----C-----G-----	8371
H2A.DE..BEN	-----CG-----CC-----T-A-C-----G-----C-----A-----A-----G-----	8417
H2A.DE..PEI2	-----C-----T-G-----TC-G-CT-AC-G-----A-----A-----	8361
H2A.GH..GH1	-----CC-----T-G-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----	7837
H2A.GM..ISY	--G-----TC-----T-G-----T-G-----CCG-----A-----A-----T-----	7837
H2A.GM.87.D194	--G-----C-----T-G-----G-----C-----C-----A-----T-----G-----	7831
H2A.GW..ALI	--A---AG-T-A-----T-T-----T-G-----C-----C-----G-A-----G-----	8401
H2A.GW..MDS	-----C-----T-----T-G-----C-----C-----A-----A-----	7894
H2A.GW.86.FG	-----C-----T-A-----T-G-----C-----C-----T-----A-----	7828
H2A.GW.87.CAM2CG	--A-----C-----T-A-C-----T-G-----C-----A-----A-----	8429
H2A.SN..ST	-----C-----T-G-----T-G-----C-----C-----A-----	7847
H2A.SN.85.ROD	-----CC---CG---T-G-----G-----C-----C-----A-----C-----	7863
H2AB.CI..7312A	-----C-----T-G-----T-G-----C-----C-----A-----A-----	8408
H2B.CI..EHO	-----C-----T-T-G-----G-----C-----G-----CG-----A-----C-----G-----G-----	8379
H2B.CI.88.UC1	-----AA-----C-----T-A-----G-----C-----C-----G-----A-----G-----C-----G-----	8404
H2B.GH.86.D205	-----AA-----T-----T-A-----G-----C-----C-----G-----CTG-----A-----G-----C-----G-----G-----	8393
H2B.JP.01.KR020	-----C-----T-----T-G-C-----G-----G-----C-----A-----G-----C-----G-----G-----	7510
H2G.CI..ABT96	--A-A-----C-----T-G-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----G-----G-----	7778
H2U.FR.96.12034	--T-----C-----T-A-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----T-----	7901
MAC.US..251_1A11	-----G-----T-----	8358
MAC.US..BK28_H824	-----G-----	3266
MAC.US..MM142	-----CG-----G-----	7857
MAC.US..251_BK28	-----A-----G-----	8344
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A-----G-----	8360
MAC.US..SMM142B	-----CG-----G-----	7854
MNE.US..MNE027	-----G-----	7839
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----	7836
SMM.US..PBJC	-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----C-----T-----	3258
SMM.US..PBJD	-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----C-----T-----	3258
SMM.US..PBJE	-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----G-T-----	3252
SMM.US..PBJ_143	-----A-----C-A-----T-----G-----G-----T-----T-----	7866
SMM.SL.92.SL92B	-----A-----C-A-----T-----G-----G-----A-----T-----T-----	7810
SMM.US..H9	-----C-----CG---T-G-----G-----G-----T-----T-----	7851
SMM.US..SME543	-----C-----CG---T-G-----G-----G-----T-----T-----	8369
SMM.US..17EC1	-----C-----CG---T-G-----G-----G-----T-----T-----	8362
SMM.US..17EFR	-----C-----CG---T-G-----G-----G-----T-----T-----	8362
SMM.US..F236_H4	-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----T-----	8327
SMM.US..PBJ14_15	-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----G-T-----	8154
SMM.US..PBJA	A-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----G-T-----	8153
SMM.US..PGM53	-----CG---T-G-T-----G-----G-----T-----A-----T-----	8314
SMM.US..PBJ_6P6	-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----T-----G-T-----	8346
STM.US..STM	-----A-----C-----G-----G-----A-----C-----	8013



	AGAACCTCCAGACTAGGGTCACTGCCATCGAGAAGTACTTAAAGGACCAGGCGCAGCTGAATGCTTGGGGATGTGCGTTTAGACAAGTCTGCCACACTACTGTACCATGG.....CCTAAATGC	Rev responsive element end -	
MAC.US.-.MM239	K_N_L_Q_T_R_V_T_A_I_E_K_Y_L_K_D_Q_A_Q_L_N_A_W_G_C_A_F_R_Q_V_C_H_T_T_V_P_W.....P_N_A		8480
Env gp41			Env
H2A.CI.88.UC2	-A--T-----G-A-A-----T-----A-----A--T-A-----A-----G--G-----T-----GT-----A		8489
H2A.DE.-.BEN	-A-----G-A-A-----T-----C-----C-T-----A-----A--T-A-----G-----G-----G-----GT-----A		8535
H2A.DE.-.PEI2	-A--T-----A-A-----T-----A--C--G-----G-----A-----T-A-----A-----A-----T-----C-----T-----GA-----AA		8479
H2A.GH.-.GH1	-A--T-----G-A-A-----T-----A-----A--T-A-----T-A-----G-----G-----G-----G-----T-----C-----T-----GT-----A		7955
H2A.GM.-.ISY	-A-----G-A-A-----T--T-----C--GCA-----GA--A--T-A-----A-----G--G-----T-----GT-----A		7955
H2A.GM.87.D194	-A--T-----G-A-A-----T-----A-----A--T-A-----T-A-----G-----G-----T-----GT-----A		7949
H2A.GW.-.ALI	-A--T-----G-A-A-----T-----A-----G--A--T-A-----A-----A-----T-----GT-----AA		8519
H2A.GW.-.MDS	-A--T-----G-A-A-----T--A-----C-----A-----A--T-A-----G-----G-----T-----GT-----AG		8012
H2A.GW.86.FG	-A--T-----G-A-A-----T--A-----C-----A-----A--T-A-----T-----G-----T-----GT-----A		7946
H2A.GW.87.CAM2CG	-A--TT-----G-A-A-----T--A-----C-----T-----A-----A--T-A-----T-----G-----G-----GT-----A		8547
H2A.SN.-.ST	-A--T-----G-A-A-----T-----A-----A--T-A-----T-A-----G-----G-----T-----GT-----A		7965
H2A.SN.85.ROD	-A-----G-A-A-----T--A-----C--C-----G--A--T-A-----A-----G-----G-----T-----GTT-----A		7981
H2AB.CI.-.7312A	-A--T-----G-A-A-----T--T-----A-----A-----A--T-A-----T-----G-----G-----T-----GT-----A		8526
H2B.CI.-.EHO	-A-----G-A-A-----T--TC-C--A-----A--A--T-A-----T--C--G-----T-----G-----G-----GT-----A		8497
H2B.CI.88.UC1	-A-----A-----A-----C-----A--TA--A--T-G-----T--G-----G-----T-----G-----GT-----A		8522
H2B.GH.86.D205	-A-----G-A-A-----A--C-----T-----A--A--T-A-----T--C--G-----T-----G-----G-----GT-----A		8511
H2B.JP.01.KR020	-A-----G-A-A-----A--C-----A-----A--TA--A--T-G-----C--T--C-----G-----T-----G-----CAA		7628
H2G.CI.-.ABT96	-A-----A-----TC-----A--G--A--T-A-----A-----G-----G-----T-----GATGCCCTTGGTG-T--AA		7908
H2U.FR.96.12034	-A-----A-----C-----T-----AAGT--A--A-----C-----G-----T-----G-----AT-----C-A		8019
MAC.US.-.251_1A11	-----A-----		8476
MAC.US.-.BK28_H824	-----A-----		3384
MAC.US.-.MM142	-----T-----A-----T-----		7975
MAC.US.-.251_BK28	-----A-----		8462
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----A-----		8478
MAC.US.-.SMM142B	-----T-----C--A-----T-----		7972
MNE.US.-.MNE027	-----A-----A-----A-----T-----		7957
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----A-----A-----T-----		7954
SMM.US.-.PBJC	-----A-----T-----C-----T-----A--T-A-----T--G--G-----T-----A		3376
SMM.US.-.PBJD	-----A-----T-----C-----T-----A--T-A-----T--G--G-----A-----A		3376
SMM.US.-.PBJE	-----A-----T-----C-----T-----A--T-A-----T--G--G-----A-----A		3370
SMM.US.-.PBJ_143	-----A-----T-----C-----T-----CRN--A--T-A-----T--G--G-----K-----A		7984
SMM.SL.92.SL92B	-A--T--T-----A--C-----A--C-----T-----A--A--T-A-----A--G-----T-----A		7928
SMM.US.-.H9	-----A-----T-----C-----T-----CRN--A--T-A-----T--G--G-----K-----A		7969
SMM.US.-.SME543	-----A-----T-----C--G--T-----A--T-A-----T--G--G-----T-----A		8487
SMM.US.-.17EC1	-----A-----A-----A-----		8480
SMM.US.-.17EFR	-----A-----A-----A-----		8480
SMM.US.-.F236_H4	-----A-----T-----C--G--T-----A--T-A-----T--G--G-----T-----A		8445
SMM.US.-.PBJ14_15	-----A-----T-----C-----T-----A--T-A-----T--G--G-----A-----A		8272
SMM.US.-.PBJA	-----A-----T-----C-----T-----A--T-A-----T--G--G-----A-----A		8271
SMM.US.-.PGM53	-----A-----T-----CG-----T-----A--T-A-----T--G--G-----A-----A		8432
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----A-----T-----C-----T-----A--T-A-----T--G--G-----A-----A		8464
STM.US.-.STM	-----A-----T-----A--C-----T-----A--A--T-----G-----C-----A		8131

HIV-2/SIVsmm Complete Genomes



HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
MAC.US..MM239	AAGTCTAACACCAAAGTGGAAACAATGAGACTTGGCAAGAGTGGGAGCGAAAGGTTGACTTCTTGGAGAAAAATATAACAGCCCTCCTAGAGGAGGCACAAAATTCACCAAGAGAAGAACATGTATGAATTA	8610
Env gp41	S L T P K W N N E T W Q E W E R K V D F L E E N I T A L L E E A Q I Q Q E K N M Y E L	Env
H2A.CI.88.UC2	CTC-T-----T-GA-----AT--A-----G--A-----AAA-C-A--CCG--A-C-A--G-C-----C-GTCAAAG-T-----A-----A-----T-----	8619
H2A.DE..BEN	CTC-T--T-G--TG-C-----A--AT--A-----G--A-----AA-C-A--CCG--A-C-A--G-C-----C-GTCAAAGTT-----A--A--C-----A-----T-----	8665
H2A.DE..PEI2	C--CA--GT--TG-T-----CAT--G-----G--A-----A-A-C-AAACCCG-GA-C-A--G-C-----C-GTAGATCGT-----C-----C-----A--T-----GC--	8609
H2A.GH..GH1	TTC-T--T-G--TG-C-----AT--A-----G--A-----AAA-C-A--CCG--A-C-A--G-C-----C-GTCAAAGTT-----AC-----A-----T-----	8085
H2A.GM..ISY	C-CCT-----TG-----CAT--A-----A-----A-AC-AA-CCG-----C-A--G-C-----C-GT-AGAGTT-----AC-----C--G-----A-----T-----GC-G	8085
H2A.GM.87.D194	CTCCT-----TG-C-----AT--A-----G--A-----AAA-CGA--CC--A-C-A--G-C-----C-GTCAAAGTT-----AC-----A-----T-----C-----	8079
H2A.GW..ALI	CTCCT--A--TG-T--G--CAT--G-----A--A-C-A--CCGT-A-C-A--G-C-----C-GT-AA-AGT-----ACG-----G-----A-----T-C-----C--	8649
H2A.GW..MDS	TTCCT--GA--TG-T--G-A--AT--G-----G--A-----A-A-----CCG--A-C--G-C-----C-GTCAAAGT-----A-----C--G--G--AC-----GC--	8142
H2A.GW.86.FG	T-CCT-G-----TG-T-----AT--G-----G--A-----A-A--A--CCG--A-C--G-C-----C-GTCAAAGT-----AC-A-----G-----A-----T-----GC--	8076
H2A.GW.87.CAM2CG	GTC-T-----TG-T-----AT--A-----G--A-----A-A-----CCG--A-C--G-C-----C-GTCAAAGTT-----A-----C--G-----A-----T-----C--	8677
H2A.SN..ST	C-CCT--G--TG-T-----CAT--A-----G--A-----A-CGAA-CCG-AA-C-A--G-C-----C-GT-AAAAGTT-----AC-----C--G-----A-----C--	8095
H2A.SN.85.ROD	TTCCT--G--TG-C--G--AT--G-----G--A-----AAA-C-A--CCG--A-C--G-C-----C-GTAAAAGTT-----AC-----G-----A--T-----C--	8111
H2AB.CI..7312A	C--CT-G-----TG-T--G--CAT--G-----C--A-----AAA-C-AA-CCG-GA-C--G-C-----C-GT-AAAAGT-----AC-----C--G-----A-----C--	8656
H2B.CI..EHO	-TCC--T-AG--G-C--T--CAT--A-----C--A-----A-GC-A-CCG-----T-C-----AAAT-A-----A-----G--A-----A-----G--	8627
H2B.CI.88.UC1	--C--C-----G-C--G-A--CAT--A-----C-----AAAGCGA--CA-T-----T-C-----GT-----A-----T--G--A-----A--G-----	8652
H2B.GH.86.D205	--CC--C-----T-----T--CAT--A-----C-----AAAGC-A-CC-T-----T-C-----G--T--GT-----A-----T--G--A-----G--A-----	8641
H2B.JP.01.KR020	--A-T-C--T-----C--G--T--CAT--A-----GC-----AACC-CCG-----T-----T-----AAAT-AT-----A-T-----G--A-----AG-----CA-G--	7758
H2G.CI..ABT96	--CAT-GGAG--C-A-----T--AT--A-----A-----AAAGC-A-CA--T-----G--C--C--C-----CGG--AT-----A--A-----G-----A--A--T-----G--	8038
H2U.FR.96.12034	C-CAT-----T--T--G-T--AT--G-----A-----GA-----GA--A-----C--CAG--AT-----A-CA-T-----A-----A-----	8149
MAC.US..251_1A11	-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----	8606
MAC.US..BK28_H824	-----G-C--C-----G-----G-----G-----A-----	3514
MAC.US..MM142	-----G-T-----G-C-----G-----A-----	8105
MAC.US..251_BK28	-----G-C-----T-----G-----G-----A-----	8592
MAC.US..251_32H_PJ5	-----G-C-----T-----G-----G-----A-----	8608
MAC.US..SMM142B	-----G-T-----G-----G-C-----G-----A-----	8102
MNE.US..MNE027	-----T-----G-----G-----T-----A-----A-----	8087
MNE.US.82.MNE_8	--A-----T-----G-----G-----TT-----A-----A-----	8084
SMM.US..PBJC	C-CAT-G-----TG-C-----AT-----AAA-C--GA--C-A--G-C-----TCAAT-AT-G-A-A-----G-----A-----T-C-----G	3506
SMM.US..PBJD	C-CAT-G-----TG-C-----AT-----AAA-C--GA--C-A--G-C-----TCAAT-AT-G-A-A-----G-----A-----T-C-----G	3506
SMM.US..PBJE	C-CAT-G-----T--C-----AT-----AAA-C--GA--C-A--G-C-----TCAATCAT-G-A-A-----G-----A-----T-C-----G	3500
SMM.US..PBJ_143	C-CAT-G-----T-RC-----AT--Y-----AAA-C--GA--C-A--G-C-----TSAATYAT-G-A-A-----G-----G-----AM--T-----G	8114
SMM.SL.92.SL92B	C-----TGTC--G-C-----AT--A-----A-----AA--A--C-A--G-C-----TCAAA-GT-G-A-A-----G-C-A--G-----A-----	8058
SMM.US..H9	C-CAT-G-----T-RC-----AT--Y-----AAA-C--GA--C-A--G-C-----TSAATYAT-G-A-A-----G-----G-----AM--T-----G	8099
SMM.US..SME543	CTCAT-GGTG--T--T--G--AT-----AG-----AG-----C-A--G-C-----TCAAT-AT--A-A-----G-----A-----T-----G	8617
SMM.US..17EC1	-----T-----T-----T-----T-----T-----	8610
SMM.US..17EFR	-----T-----T-----T-----T-----T-----	8610
SMM.US..F236_H4	--CAT-GGTG--T--T--AT-----AA--C-----C-A--G-C-----TCAAT-AT--A-A-----G-----A-----T-----G	8575
SMM.US..PBJ14_15	C-CAT-G-----T--C-----AT-----AAA-C--GA--C-A--G-C-----TCAATCAT-G-A-A-----G-----A-----T-C-----G	8402
SMM.US..PBJA	C-CAT-G-----T--C-----AT-----AAA-C--GA--C-A--G-C-----TCAATCAT-G-A-A-----G-----A-----T-C-----G	8401
SMM.US..PGM53	CTCAT-GGTG--T--T--AT-----A-----AA--C-----GA-C-A--G-C-----TCAGGCAT-G-A-A-----G-----A-----T-----G	8562
SMM.US..PBJ_6P6	C-CAT-G-----T--C-----AT-----AAA-C--GA--C-A--G-C-----TCAATCAT-G-A-A-----G-----A-----T-C-----G	8594
STM.US..STM	TTC-T-GGT--GG-T-----AT--A-----G--A-----A-----TC-T--G-C-----CAA--GT-----A--A--T--G-----G--A-----T-----G--G	8261

HIV-2/SIV
complete genomes

Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TGCTAGCTAAGTTAAGGCAGGGGTATAGCCAGTGTCTCTTCCCCACCTCTTATTTCCAGCAGACCCATATCCAACAGGACCCGGCACTGCCAACCAGAGAAGGCCAAAGAAAGAGACGGTGGAGAAGG	8870
Env gp41	M L A K L R Q G Y R P V F S S P P S Y F Q Q T H I O Q D P A L P T R E G K E R D G G E G	8875
Tat exon 2	N P Y P T G T R H C Q P E K A K K E T V E K	8880
Rev exon 2	N P Y P T G T R H C Q P E K A K K E T V E K	8885
H2A.CI.88.UC2	--T--AG--GA--T--AA--C-----T--T-----C-----C--GG--C--A--T-----TACA--G--G--A--GG--AC--AA--C--G-----CC-----C-C	8879
H2A.DE..BEN	--T--AG--GA--T--AA--C-----T--T-----C-----C--GG--C--A--T-----CA--G--G--A--G--AC--A--C--GA--TC-----GC--A	8925
H2A.DE..PBI2	-A--AG--GAC--T--AA--C-----T--T-----C-----C--GG--A--A--T-----CA--TG--A--A--GA--AA--C--CGA--CC--A--CA-	8869
H2A.GH..GH1	-T--AG--GAC--T--AA--C-----T--T-----T--GG--C--A--T-----CAC--G--G--A--G--AC--A--C--GA--ACA--C--A	8345
H2A.GM..ISY	---AG--GAC--T--AA--C-----T--T-----C-----C--GG--A--T--A--T-----CA--TG--A--A--GA--AA--C--GA--T--GA--C--A	8345
H2A.GM.87.D194	-T--AG--GAC--T--AA--C-----T--T-----C-----C--GG--C--A--T-----CAC--AG--G--A--G--AC--AA--C--GA--CC--C--A	8339
H2A.GW..ALI	-T--AG--GAC--C--A--C-----T--T-----C-----C--GG--CA--A--T-----CA--A--A--A--G--AA--C--GA--T--CAA	8909
H2A.GW..MDS	---AG--GAC--T--AA--C-----T--T-----C-----C--GG--A--A--T-----CA--G--A--A--GA--AA--C--GA--T--GCAA	8402
H2A.GW.86.FG	-T--AG--GAC--T--AA--C-----T--T-----C-----C--GG--CA--A--T-----CA--A--A--A--G--AA--C--GA--T--AGCAA	8336
H2A.GW.87.CAM2CG	---AG--G--C--T--AA--C-----T--T-----C-----T--C--GG--A--A--T-----CA--A--A--G--C--AA--C--GA--T--GCAA	8937
H2A.SN..ST	-T--AG--GAC--T--AA--C-----T--T-----C-----C--G--C--A--T-----CA--G--A--A--G--AA--C--GA--T--A--CA-	8355
H2A.SN.85.ROD	-T--AG--G--C--T--AA--C-----T--T-----C-----C--GG--A--A--T-----CA--G--G--A--G--AC--AA--C--GA--AGCAA	8371
H2AB.CI..7312A	-A--G--GAC--T--AAGA--C-----T--T-----C-----C--GG--C--A--T--G--CA--A--A--G--AC--AA--C--GA--GA--A--C--A	8916
H2B.CI..EHO	---A--G--C--T--A--C-----T--T-----C-----T--ACT--A--T--C--GCA--G--G--A--G--AC--AA--C--GA--GA--A--CAA	8887
H2B.CI.88.UC1	---A--GAC--T--A--C-----T--T-----C-----T--ACT--A--T--C--GCA--AC--G--G--A--G--AC--AA--C--GAC--A--A--C--A	8912
H2B.GH.86.D205	---A--GAC--T--A--C-----T--T-----T--ACT--A--T--C--GCA--G--G--A--G--AC--AA--C--GA--GA--A--C--A	8901
H2B.JP.01.KR020	---A--GAC--T--AA--C-----T--T-----C-----T--G--T--A--T--C--CA--G--A--G--G--G--C--AA--C--GA--GA--A--C--A	8018
H2G.CI..ABT96	-A--GA--GAC--T--A--C-----T--T--YT--T-----T--G--T--A--T--C--GCA--A--A--W--A--AA--T--G--AA--A--CAA	8298
H2U.FR.96.12034	--T--G--GTC--T--A--A--T-----T-----AC-----G--TG--A--T--C-----G--A--A--A--A--G--AA--T--GA--G--C-----CA-	8409
MAC.US..251_1A11	-----T-----A-----G-----	8866
MAC.US..BK28_H824	-----A-----C-----T-----T-----G-----	3774
MAC.US..MM142	-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----GCA-	8365
MAC.US..251_BK28	-----T-----T-----C-----G-----	8852
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A-----G-----	8868
MAC.US..SMM142B	-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----GCA-	8362
MNE.US..MNE027	-----A-----T-----G-----AA-----A-----A--C--G-----CA-	8347
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----T-----T-----G-----A-----A-----A--C--G-----GCA-	8344
SMM.US..PBJC	--T-----G-----A-----T-----T-----G-----G--T-----T--C-----GAC--G--A--A-----A-----AG--G-----GCA-	3766
SMM.US..PBJD	--T-----G-----A-----T-----T-----G-----G--T-----T--C-----GAC--G--A--A-----A-----AG--G-----GCA-	3766
SMM.US..PBJE	-T-----G-----A-----T-----T-----G-----G--T-----T--C-----GAC--G--A--A-----A-----AG--G-----GCA-	3760
SMM.US..PBJ_143	-T-----G-----A-----T-----T-----G-----R--G--TY-----T--C-----Y--RAC--G--A--A-----A-----AG--G-----RCA-	8374
SMM.SL.92.SL92B	-T--AG--G-----A-----T-----T--T-----C-----C--A-----CAT-----T-----G--G-----A--A-----G--A-----A--C-----G--A-----A--C-----	8318
SMM.US..H9	-T-----G-----A-----T-----T-----G-----R--G--TY-----T--C-----Y--RAC--G--A--A-----A-----AG--G-----RCA-	8359
SMM.US..SME543	-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----G--T-----T--C-----CA-----A--A--C-----A-----AG--G-----A-----CA-	8877
SMM.US..17EC1	-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----G--T-----T--C-----CA-----A--A--C-----A-----AG--G-----A-----CA-	8870
SMM.US..17EFR	-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----G--T-----T--C-----CA-----A--A--C-----A-----AG--G-----A-----CA-	8870
SMM.US..F236_H4	-T-----G-----A-----T-----T-----G-----G--T-----T--C-----CA--G--A--A--C-----A-----AG--G-----CA-	8835
SMM.US..PBJ14_15	-T-----G-----A-----T-----T-----G-----G--T-----GT--C-----GAC--G--A--A-----A-----AG--G-----GCA-	8662
SMM.US..PBJA	-T-----G-----A-----T-----T-----G-----G--T-----T--C-----GAC--G--A--A-----A-----AG--G-----GCA-	8661
SMM.US..PGM53	-A-----G-----A-----T-----T-----GT--G--T-----T--C-----CA--G--A--A--A-----A-----AG--G-----CA-	8822
SMM.US..PBJ_6P6	-T-----G-----A-----T-----T-----G-----G--T-----T--C-----GAC--G--A--A-----A-----AG--G-----GCA-	8854
STM.US..STM	--T-----G--C--T--A--A--T--C-----T-----T-----G--CGT-----T--C-----CA--G--A--A--A-----A-----A--C--GA--GA-----CA-	8521



Tat exon 2 end \

MAC.US.-.MM239	CGGTGGCAACAGCTCCTGGCCTTGGCAGATAGAATATATTCATTTCCTGATCCGCCAACTGATACGCTCTTGACTTGGCTATTTCAGCAACTGCAGAACCTTGCTATCGAGAGTATACCAGATCCTCCAA	9000
Env gp41	G G N S S W P W Q I E Y I H F L I R Q L I R L L T W L F S N C R T L L S R V Y Q I L Q	Env
Tat exon 2	A V A T A P G L G R S	Tat
Rev exon 2	R W Q Q L L A L A D R I Y S F P D P P T D T P L D L A I Q Q L Q N L A I E S I P D P P	Rev
H2A.CI.88.UC2	-A---T--GA--T-----C---A-C-C-A-GC-----A-TG---CT--T-----G-----A---T-----GGA---A---CGCGAAC-C--C--G--G-	9009
H2A.DE.-.BEN	-A---TT--GA--TG-----CA--A-C--G-G-G-----A-T---CT-----TCG---A-A-T-----GA---A---C-AGAAC-C--C--G--G-	9055
H2A.DE.-.PBI2	-AT---AG-----G-----C---C-----A-----G-----T-----CG---A---GT---AGGA---A---C-GAGC-T--C--G--G-	8999
H2A.GH.-.GH1	-A---TT--GA--TG-A-----C---A-C-----A-----A-T---CT-----CG---A-AG-T---GA---A---C-CGAAC-C--C--A--G-	8475
H2A.GM.-.ISY	--T---A-G--A-----C-----A-----A-----TG---C-----CA-A--A-A-G---GGA---A---C--C--T-----	8475
H2A.GM.87.D194	-A---TTT-G--TG-----CAC--A-C-C-A-A-----A-T---CT-----CG---A-A-G---GGG---A---C-AGAAC-C--C--G--G-	8469
H2A.GW.-.ALI	--T---GG---A-TG---C---C-C---T-A-----A-TG--AGCT-----TCG---G-A---T---GGA---A---C-GA-C-C--C-----	9039
H2A.GW.-.MDS	---AG---A-T---C---C---C---A-----TG---T-----CA-A-G-A-A-G---GGA---A---C-GA-C-T--T--C-----	8532
H2A.GW.86.FG	---AG---A-T---C---C---A-----TG---T-----CG---A-A-T---GGA---A---C-GA-C-C--C-----	8466
H2A.GW.87.CAM2CG	---AG---A-----G-----C-----CG-A--A-A-T---G-A---A---C-GA-C-T-----C-----	9067
H2A.SN.-.ST	--T---AG--AT-GG---C---C--AG---A-----G---T-----ACA-A--A-A-T---GGA---A---C-GAGC-T-----C-----	8485
H2A.SN.85.ROD	---AG---A-A-----C---C---A-----G---T-----CA-A--A-A-T---GGA---A---C-GAGC-T--T--C-----	8501
H2AB.CI.-.7312A	--G---T---A-T---C---C---C-C-C---A-T---G---GGAA---T---A-GA-GG---A-G-T--AGACC-T--A-C-----	9046
H2B.CI.-.EHO	--AG--T---A-T---C---C---C-C-C---C---T---GGGA---T---A---GG---AT---A-AGACC-T--A-C-----	9017
H2B.CI.88.UC1	A--G-CTT--A-T---C-----CGC---C-T---T---GGAA---T---G-A-A-GG---G-A---A-G-T--AGACC-C--A-----	9042
H2B.GH.86.D205	--G-A-T---A-----C-----T-AC-G---G---GGAA---A-T---A-A-GG---A-G-T--AGACC-T--A-----C	9031
H2B.JP.01.KR020	--AG-A-T---A-----CAG--C-C-C---T---T---GGAA---A-T---A-A-G---G---A-G-T--AGA-C-T--ACC-----	8148
H2G.CI.-.ABT96	A-----T---A-T-----M---G--AGGGAA-----A-----G---A---C-GA-CYT---CT-----	8428
H2U.FR.96.12034	-----T---A-T-----AG---A-----A-----T---G-----A---G---GGA-----C-GA-T-G---G-----G	8539
MAC.US.-.251_1A11	-----C-----	8996
MAC.US.-.BK28_H824	-----C-----	3904
MAC.US.-.MM142	-----C-----	8495
MAC.US.-.251_BK28	-----C-----	8982
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----C-----	8998
MAC.US.-.SMM142B	-----C-----	8492
MNE.US.-.MNE027	-----T-----G-----A-----T-----C-----	8477
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----T-----C-----	8474
SMM.US.-.PBJC	A-----A-T-A-----GT-----GT-----GGAT-G---T---GAGC-G---A-----G	3896
SMM.US.-.PBJD	A-----A-T-A-----GT-----GT-----GGAT-G---T---GAGC-G---A-----G	3896
SMM.US.-.PBJE	A-----A-T-----GT-----GT-----GAT-G---T---GAAC-G---A-C-----G	3890
SMM.US.-.PBJ_143	A-----A-T-----R-----GT-----GT-----GGAT-G---T---GANC-G---A-----G	8504
SMM.SL.92.SL92B	A---AT---A-TG-----G-----GA-A-----A-A---T-TG-CTCG--AGC--C---CC---A-----	8448
SMM.US.-.H9	A-----A-T-----R-----G-----GT-----GGAT-G---T---GANC-G---A-----G	8489
SMM.US.-.SME543	A-----G---A-T-----A-----G-----G-----GGAT-G---T---GA-C-----	9007
SMM.US.-.17EC1	-----	9000
SMM.US.-.17EFR	-----A-----	9000
SMM.US.-.F236_H4	A-----G---A-T-----GT-----G-----GGAT-G---T---GAGC-----	8965
SMM.US.-.PBJ14_15	A-----A-T-----GT-----GT-----GAT-G---T---GAAC-G---A-C-----G	8792
SMM.US.-.PBJA	A-----A-T-----GT-----GT-----GAT-G---T---GAAC-G---A-C-----G	8791
SMM.US.-.PGM53	A-----A-T-----G---T-----G---A-----G---A---AT-C-T---A-----	8952
SMM.US.-.PBJ_6P6	A-----A-T-----GT-----GT-----GAT-G---T---GAAC-G---A-C-----G	8984
STM.US.-.STM	A-----A-T-A-----A-----C-----G--AG-----G-A-A-----T---GG-T-GT---C--GA-C-----C	8651



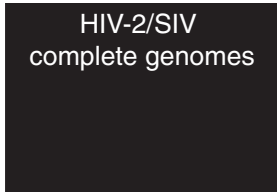
HIV-2/SIV
complete genomes

	Rev exon 2 end \	/ Nef start	
MAC.US.-.MM239	CCAATACTCCAGAGGCTCTCTGCGACCTACAGAGGATTCGAGAAGTCCTCAGGACTGAACTGACCTACCTACAATATGGGTGGAGCTATTTCCATGAGGCGGTCCAGGCCGTCTGGAGATCTGCGACAG		9130
Env gp41	P I L Q R L S A T L Q R I R E V L R T E L T Y L Q Y G W S Y F H E A V Q A V W R S A T		Env
Rev exon 2	T N T P E A L C D P T E D S R S P Q D \$	M G G A I S M R R S R P S G D L R Q	Nef
H2A.CI.88.UC2	-TG-CTC---AT-G.....ACAGCA--CA-G--CTGG--G--ACT-A-GGC-G-----G-----CGAG-GGA---A-A--TT---A-AA--GCA--GA-----G--		9127
H2A.DE.-.BEN	-TG-CTC---T-A.....ACAGCA--CA-G--CTGG--G--ACT-A-GGC-G--C-A-G-----G-----CGAG-GGA---A-A--TT---A-AT--GC--GA--A---G--		9173
H2A.DE.-.PEI2	-T--CT-----T--TCAGAGAG-A--ACA-CA--CA-G--CTGG--G--ACT-AC-A-AG-----G-----CGAG-GGA---A-A--T-C-----T-C-TGCA--GA--A---G--		9129
H2A.GH.-.GH1	-TG-CTC---AT-A.....ACAGCA--CA-G--CTGG--G--ACT-A--GC-G-----G-----G-CGAG-GGA---A-A--AT---A-AT--GCA--AGA--A---G--		8593
H2A.GM.-.ISY	-----C-CA---CTGG--G--ACTCA-GGCAG-----G-G-----CGAG-GGA---A-A--T-----C-GC--GGT-A-A-G--		8572
H2A.GM.87.D194	-TG-CTC---T-A.....ACAGCA--CA-G--CTGG--G--ACT-A-GGC-G-----G-----CGAG-GGA---A-A--T--GA--AT--GCA--GA-----G--		8587
H2A.GW.-.ALI	-G-CT---G--T--TCAGAGAG-G--GACA-CA--CA-G--CTGG--G--ACT-A--GCAG-----G-G-----CGAG-GGA---A-A--T--G---T-TGCA--GAT-----G--		9169
H2A.GW.-.MDS	--C-CT-----AT-----A--CCAG--GC-ACT-AG-A-AG--T-----G-----CGAG-GGA---A-A--T-----T-GC--GGT-A-A-G--		8641
H2A.GW.86.FG	--CT-----T--CAGAGAG-A--ACAGCA--CA--CTGG--G--CT-A--GCAG-----G-G-----CGAG-GGA---A-A--T--A---C-TGCA--GA--A-A-G--		8596
H2A.GW.87.CAM2CG	--C-C---AT-----A--CTGG--G--C-A--G-AG--T--G-----G-----CGAG-GGA---A-A--T-----CTGCA--GG--A-A-G--		9176
H2A.SN.-.ST	-T--CTC---T--TCGGAGAG-AT-GACAGCAG-CA--CTGG--G--ATT-A-CACAG-----G-----G-CGAG-GGA---A-A--T--GA---T--GC--GG--A-A-G--		8615
H2A.SN.85.ROD	-TC-CTA---AT-----A--CTGG--G--ACT-AG-ACAG--T-T-G-----G-----CGAG-GGA---A-A--AT-----C-GC--GG--A-A-G--		8610
H2AB.CI.-.7312A	--GCT-----C-CCA---CTCCTGT-TG-G-----C-----ATCG--GG---A-A--A---A-A-CAGC-G-GG--A-A-G--		9143
H2B.CI.-.EHO	--G-----C-CCG---CT-CC--CTG-A--C-G-----ATC--GG---A-A--AA---A-A-CAGCC--GG--GG--		9114
H2B.CI.88.UC1	--GC-----C-CCG---CT-TC--TG-A--C-G-----ATC--GG---A-A--AA---A-A-CAAC--GG--GG--		9139
H2B.GH.86.D205	-A--CTCAACC-AT-----C-CCA---CTCCCG-TG-G-----C-G-----ATC--GG---A-A--C--GA--G-CAGCA--GG--A--GG--		9137
H2B.JP.01.KR020	-T-G-T---C-CAG---ACT-CC--TG-A--C-----ATCG--GG---A-A--AA---A-A-CGAC--GG--GG--		8245
H2G.CI.-.ABT96	--GC-GT---A-AA---CAG---C-AGCA--A--CAT--C-CTA---GCAG-T--TT-CAGC-----TCC--GGC---A-A--TG-ACC--A-CAACT--GG--CA--		8558
H2U.FR.96.12034	--GT-GT---CA-----A---CGT--GCACCT---A-AG-T-----CAG-----A-A--A--AT---A-GT--G---A-G---CG--		8648
MAC.US.-.251_1A11	-----GA-----A-----T-A-----		9126
MAC.US.-.BK28_H824	-----GAG-G-----T-----G-----G-----		4034
MAC.US.-.MM142	-----T-----G--A-----CT-----A-A-----A---C-CA-----		8625
MAC.US.-.251_BK28	-----GA--G-----A-----A-----G-----		9112
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----G-----A-----G-----A-T-G-----		9128
MAC.US.-.SMM142B	-----T-----TACGGAGAAT-CG-----CT-----A-A-----A---C-A-AGATCTGCGACAGA-----		8622
MNE.US.-.MNE027	-----T-----AT---CA---AG-C-----A-----C---A-A-----A-T-C-----		8607
MNE.US.82.MNE_8	-----T-----AT---CA---A-C-----A-----C---A-----A-T-C-----		8604
SMM.US.-.PBJC	--G-G-----C---AAG--G-G---AGCC-T---A---AGT--GA-A-----G-----C-T-GCC---A-A--A-CG--A--ATGG---A-T---CG--		4026
SMM.US.-.PBJD	--G-G-----C---AAG--G-G---AGCC-T---A---AGT--GA-A-----G-----C-T-CC---A-A--A-CG--A--ATGG---A-T---CG--		4026
SMM.US.-.PBJE	--G-G-----C---AAG--G-G---AGCC-T---A---AGT-C-GA-AG-----G-----C-T-CC---A-A--A-CG---GTGG---A-T--TACG--		4020
SMM.US.-.PBJ_143	--G-G-----C---AAG--G-G---AGCC-T---A---AGT--GA-AG-----G-----C-T-CC---A-A--A-CG---RRG-TGG---A-T--YRCG--		8634
SMM.SL.92.SL92B	-A-C-GTG---A--A-A--T-AGT--CC---A--GC-TG---A-GA---GCAGG---TA-C-GT-----AT-C-ATC-A-CTG---AA-CA-----CA--		8578
SMM.US.-.H9	--G-G-----C---AAG--G-G---AGCC-T---A---AGT--GA-A-----G-----C-T-CC---A-A--A-CG---RRG-TGG---A-T--YRCG--		8619
SMM.US.-.SME543	--G-G-----A---AAG--G-G-A-AG---T---A---A-T---A-A-----G-----A-A--A-A---GTGG---A-T---CG--		9137
SMM.US.-.17EC1	-----T-----		9130
SMM.US.-.17EFR	-----T-----		9130
SMM.US.-.F236_H4	--G-G-----C---AA---GT-G-A--AG-C-T---A---A-T---A-AG-----C-----A-A--A-A--A-GTGG---A-CT---CG--		9095
SMM.US.-.PBJ14_15	--G-G-----C---AAG--G-G---AGCC-T---A---AGT-C-GA-AG-----G-----C-T-CC---A-A--A-CG---GTGG---A-CT--TACG--		8922
SMM.US.-.PBJA	--G-G-----C---AAG--G-G---AGCC-T---A---AGT-C-GA-AG-----G-----C-T-CC---A-A--A-CG---GTGG---A-T--TACG--		8921
SMM.US.-.PGM53	--G-GT-----C---AAG--G-G---AGCC-T---A---AGT-C-GA-AG-----G-----C-T-CC---A-A--A-CG---GTGG---A-T--TACG--		9073
SMM.US.-.PBJ_6P6	--G-G-----C---AAG--G-G---AGCC-T---A---AGT-C-GA-AG-----G-----C-T-CC---A-A--A-CG---GTGG---A-T--TACG--		9114
STM.US.-.STM	-----CCT---A---A---CAG--TA-G---A---A-----G---ACTA-G-GCAG---TT---G-----C-T--GGA---A-A--A-CG--A--A-CA-----G---GG--		8781





Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	AGACTCTTGC...GGGAGACTTATGGGAGACTCTTAGGAGAGGTGGAAGATGGGACTCGCAATCCCAGGAGGATTAGACAAGGGCTTGGAGCTCACTCTCTGTGA....GGGACAGAAA..	9253
Env gp41	E T L A G A W G D L W E T L R R R G G R W I L A I P R R I R Q G L E L T L L S	Env
Nef	R L L R A R G E T Y G R L L G E V E D G Y S Q S P G G L D K G L S S L S C E . G Q K	Nef
H2A.CI.88.UC2	-----A-G-GG---TA--G-AG-GCA-C-CATC--G--GG-A--C-----G---A-----C--G--G--AGCA--AA--G-C--C-----C-G..	9250
H2A.DE..BEN	-----TGG-----AG-AGCGC-AC-CATC--G--GG-A-----G-T--A--A--A--C--G--G--AGCA--A--G-C--C-----C-G..	9296
H2A.DE..PEI2	-----A-----A-----G-----G--G-AA-GG-AC-GATC--C--GG-A-----T--G-T--A--A-----C--G--G--GCA--A--TG-C--C-----G--CGG..	9252
H2A.GH..GH1	-----A--A-----G-GG---T-CAG-AG-GCAAC-C-TC--G--GG-A-----G--A--A-----C--G--G--GCA--AA--G-C--C-----C-G..	8716
H2A.GM..ISY	-----A--A-----G-A-GAG--G-----G--G--GG-AC--ATC-----GG-----G-T--AC-A-----C--G--G--AGCA--AA--TG-C--C-----G..	8695
H2A.GM.87.D194	-----A-----A-G-GG---T--AG-AGCGCAAC-CATC--G--GG-A--C-----G---A--A-----C--G--G--AGCA--AA--G-C--C-----C-G..	8710
H2A.GW..ALI	-----A-AAA-A-C--A-----G-----G--G-AG-GCA-T-G-TC--G--GA-----G--A-----C--G--G--GCA--AA--TG-C--C-----A--CGG..	9292
H2A.GW..MDS	-----A--A-----CA-G-G--G-----G--AT-GG-AC--AT--G--GG-A-----GG--A--A-----C--G--G--GCA--A--G-C--C-----C-G..	8764
H2A.GW.86.FG	-----A-----G--A-----G--AG-G-G--GCAAC--ATC--G--GG-----T--G-----AC-A-----C--G--G--AGCA--A--G-C--C-----CG..	8719
H2A.GW.87.CAM2CG	-----A-----CA-G--G--G--GA-TGT-ACAAC-CAT--GG--A--C--T--GG--A--A-----C--G--G--AGCA--A--G--C--C-----CG..	9299
H2A.SN..ST	-----A-AAA--C--A--G--C-----G--A--GG-ACA-AT--G--GG-A-----T--G-----A--A-----C--G--G--GCA--AA--G-C--C-----G-CGG..	8738
H2A.SN.85.ROD	-----A--A--AG--A-GAC-----G-----GACG-CG--GG-A--CA-----G--T--A--A-----C--G--G--AGCA--AA--G-C--C-----G-C-G..	8733
H2AB.CI..7312A	-----A--A--AG--A-GAC-----G-----GACG-CG--GG-A--CA-----G--T--A--A-----C--G--G--AGCA--AA--G-C--C-----G-C-G..	9263
H2B.CI..EHO	-----A-----GC-A-GAC--CG--GAGTC--C-----CG-C-G--GA--CA--T-----A-----A-----C-----GC--A--G-C--C-----T--A....	9234
H2B.CI.88.UC1	-----AA-A-AG-AA--C-C--A-AG--C--A--GACA--CGGA--GCA--CA--G-----C-----A--A--G-C-----GC....	9259
H2B.GH.86.D205	-A-----A-T--CG-A-AGAC-----G-----C--CG-CG--GCA--CA--G-----A--C-----A--A--C-----A....	9257
H2B.JP.01.KR020	-----A-AAA-A-AG-AA-G-C-C-----G-----C--A--ACA-CG--GGCA--CG--G-----C-----A--C--A--G-C-----GC....	8365
H2G.CI..ABT96	-----A-AA--A--A--C-----A-A-----GG-A--G-T-----G-----A--G--A--A--C--G-----A--CA-C--T....	8682
H2U.FR.96.12034	-----AGCC--A--G--A--AC-----GG--C-G-T-----C-T-GA--T--A--A-----C--G-----AT-----G-G--T-----A-CT--GGCCA	8773
MAC.US..251_1A11	-----A--G-----C-----T--A-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----A-----	9249
MAC.US..BK28_H824	-----A-----A-----G-----CAA--G-----C-----T-----G-----G-----C-----A-----	4157
MAC.US..MM142	-----A-----A-----G-----CAA--G-----C-----T-----G-----G-----C-----A-----	8748
MAC.US..251_BK28	-A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----C-----A-----	9235
MAC.US..251_32H_PJ5	-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----C-----A-----	9251
MAC.US..SMM142B	GACTCT-GCG--CGCGTG--AGA-A-----G-----CAA--G-----C-----T-----G-----G-----C-----A-----	8745
MNE.US..MNE027	-----GG-A--G-T-----T-----C-----A-----T-----	8730
MNE.US.82.MNE_8	-----GG-A--T-----T-----C-----C-----T-----	8727
SMM.US..PBJC	-----AA-----A-----GG-A--G-T-AA--GG-A-----A--AC-C-C--G-----CCT-----	4149
SMM.US..PBJD	-----AA-----A-----GG-A--G-T-AA--GG-A-----A--AC-C-C--G-----CCT-----	4149
SMM.US..PBJE	-----AA-----A-----GG-A--G-T-AA--GG-A-----A--AC-C-C--G-----CCT-----	4143
SMM.US..PBJ_143	-----AA-----A-----GG-A--G-T-AA--GG-A-----MR-AC-C-C--G-----CCT-----	8757
SMM.SL.92.SL92B	-AG-A--TC-----CT-A-----GG-AC-G-T-----G-----CGCA-----A-----C-----G--C-----A--TG--TAAC-AG..GGAT--T-T....	8704
SMM.US..H9	-----AA-----A-----GG-A--G-T-AA--GG-A-----MR-AC-C-C--G-----CCT-----	8742
SMM.US..SME543	-----A-----A-----A-----GG-A--G-T-----G-----T--C-CG-C--G-----G-----CCT-----	9260
SMM.US..17EC1	-----A-----A-----A-----GG-A--G-T-----G-----T--C-CG-C--G-----G-----CCT-----	9253
SMM.US..17EFR	-----A-----A-----A-----GG-A--G-T-----G-----T--C-C-C--G-----A-----CCT-----	9253
SMM.US..F236_H4	-----AA-----A-----A-----GG-A--G-T-----G-----T--C-C-C--G-----CCT-----	9218
SMM.US..PBJ14_15	-----AA-----A--C-----A-----GG-A--G-T-----GG-A-----A--AC-C-C--G-----CCT-----	9045
SMM.US..PBJA	-----AA-----A-----A-----GG-A--G-T-----GG-A-----A--AC-C-C--G-----CCT-----	9044
SMM.US..PGM53	-A-----AA-----A--C-----A-----GG-A--G-T-----G-----G--G--A--G--A--TG-A--C-T-----GG..	9196
SMM.US..PBJ_6P6	-----AA-----A-----A-----GG-A--G-T-----GG-A-----A--AC-C-C--G-----CCT-----	9237
STM.US..STM	-----A-----G--A-----A-----G-A--G-T--G--A--CGGG--C-----A--C-C-C-----A-----A-----CCT--G..	8904



HIV-2/SIV
complete genomes

Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239TACAATCAGGGACAGTATATGAATACTCCATGGAGAAACCAGCTGAAGAGAGAGAAAAATTAGCATAACAGAAAACAAAATATGGATGATATAGATGAGTAAGATGATGAC...TTGGTAGGGGTA	\$ Premature in-frame stop in SIVMM239 clone 9376
Nef	Y N Q G Q Y M N T P W R N P A E E R E K L A Y R K Q N M D D I D E L D D D L V G V	Nef
H2A.CI.88.UC2TCGG-----G-T-C-----C-C-----C-----AATG--AG--C-G--GAGT-----AGC-G-----G-----TCTG-T---A-----CAA--G--A--T	9373
H2A.DE..BENTC-G-----G-----C-----C-GC-----AAC--A--C-G--GATTTG--T--GC-G-----G-----TCTG-T-----C-AA---A--T	9419
H2A.DE..PBI2TC-A-----G-C-T-----C-C-----CT--A-C--GA--G--GGG-AC-TTG-----AGC-----G-----CAG-TA-----A---C-AA-----C	9375
H2A.GH..GH1TCGG-----G-T-TC-----C-C-----C--G--AAT--AG--C-G--AAGTT-----AGC-G-----G-----TCTAGT-----C-A--G--A--T	8839
H2A.GM..ISYTC-G--A--G-C-T-----C-----C-----AAC--A-AG-----GA-T-G-----GC-----G-----TCAG-T-----C-A-----C	8818
H2A.GM.87.D194TC-G-----G--TC-----C-C-----C--A-C-ATAG-GC-G--AATT--T-AGC-G-----G-----TCTG-T-----C-A--G--A--T	8833
H2A.GW..ALITC-G-----G-T-T-----C-----C-----AAC--A--G--GA-TTG-----AGC--G-----G-----TTAG-T-----TAGCC-A-----C	9418
H2A.GW..MDSTC-A--A--GG-C-TC-----C-----C-----AAC--AG-G-G--GATT--T--C-----G-----TCAG-T-----C-A---ATAC	8887
H2A.GW.86.FGTC-G-----G-T-T-G-A-----C-----C-----A-C--A-G-G--GA-TTG-----A-C-G-----G-----CTAG-T-----CAA---AT-C	8842
H2A.GW.87.CAM2CGTC-G-----GG-C-T-----C-----GC--A-C--G-GA-G--AAT--G-C-G-----G-----TCAG-T-----C-A--G--T	9422
H2A.SN..STTC-A-----G-T-T-----C-----GC--A--AG-G-G--GGCT-G-----AGC-----G-----TCAG-T-----C-A-----C	8858
H2A.SN.85.RODTC-G-----G-C-T-----C-----AGG--A-C--A-G-G--AATTTG-----GC-----G-----TCAG-T-----CAA---A-A--T	8856
H2AB.CI..7312ACCGC-----GA-C--AG-G-G-GGG-----C-----G-C--A--G--AGAT-----G-CA---A-----C	9335
H2B.CI..EHOAG-CTTTG-GA-C--AG-G-G-GG-----C-----G--TCA--GGAT-----G-CA---A-----C	9306
H2B.CI.88.UC1ATGC--AGA-C--AG-G-G-GGG-----C-----G--CA--GT-----G-TA---A-----G---C	9331
H2B.GH.86.D205ATGC--GG-GG-C--AG-G-G-GGG-----C-----G--GCA--A-GT-----G-C---A-----G--A-CC	9329
H2B.JP.01.KR020TGCT--GA-C-C-AG-G-G-GGG-----C-----G-GG--A--A--GT-----AG-TA---A-----G--A--C	8437
H2G.CI..ABT96CG--T--A-T-----C-----AAC--A--C--G-----GY-G-----AT-----G--AGTG-T---A-----A---A--	8804
H2U.FR.96.12034	AGGC--T-G-G-A--G--TC-----A--T-----C-----AAC--G--A--T-----CA--T-AGC-----C-----G-----AG--A---A---A--	8900
MAC.US..251_1A11A-----C-----G-----T-----	9372
MAC.US..BK28_H824G-----A-----G-----	4280
MAC.US..MM142G-A--C-----GA-----C-----A-----G-----A-----	8871
MAC.US..251_BK28G-----A-A-----G-----G-----	9358
MAC.US..251_32H_PJ5G-----G-----G-----	9374
MAC.US..SMM142BG-A--C-----GA-----C-----A-----G-----A-----	8868
MNE.US..MNE027T-----A-----G-----G-----	8853
MNE.US.82.MNE_8T-----A-----G-----G-----A-----AG--A-----	8850
SMM.US..PBJCTTG-G--T--A-T-----T--G-----AAC-A-A--C-----AT--T--C-----C-----G-G--AGTGCT-----A---TTGT	4266
SMM.US..PBJDTTG-G--T--A-T-----T--G-----AAC-A-A--C-----AT--T--C-----C-----G-G--AGTGCT-----A---TTGT	4266
SMM.US..PBJETTG-G--T--A-T-----C--T--G-----AAC--A--C-----AT--T--C-----C-----G-G--AGTGCT-----A---TTGT	4260
SMM.US..PBJ_143TTG-G--T--A-TC-----C--T--G-----AAC--A--C-----AT--T--C-----C-----G-G--AGTGCT-----A---TTGT	8874
SMM.SL.92.SL92BGTA--GG-A-T-----C--C-----T--AC--A--C-----GCA-CAG--T--GC-G--GTG-----G-T-----G--C--CT--A--	8827
SMM.US..H9TTG-G--T--A-TC-----C--T--G-----AAC--AG--C-----GT--T--C-----C-----G-G--A-TG-----T---A---TTGT	8859
SMM.US..SME543T-G-G-----A-----C--C-----A-A-C--A-A--C-----GT--T--A--C-----C-----G-G--TG-----A---T--C	9383
SMM.US..17EC1A-----C-----G-----	9376
SMM.US..17EFRA-----C-----G-----	9376
SMM.US..F236_H4T-G-G-----A-----C--C--G-----AAC--A--C-----GT--T--C-----C-----G-G--TG-----AA---T--C	9341
SMM.US..PB14_15TTG-G--T--A-T-----C--T--G-----AAC--A--C-----AT--T--C-----C-----G-G--AGTGCT-----A---TTGT	9162
SMM.US..PBJATTG-G--T--A-T-----C--T--G-----AAC--A--C-----AT--T--C-----C-----G-G--AGTGCT-----A---TTGT	9161
SMM.US..PGM53G-G-----A-TC-----C--C-----T-----AG--A--C-----G--AA--T--C-----C-----G-----TG-T-----G--C--A---A--	9319
SMM.US..PBJ_6P6TTG-G--T--A-T-----C--T--G-----AAC--A--C-----AT--T--C-----C-----G-----AGTGCT-----A---TTGT	9354
STM.US..STMT--G-A--T--A-T-----C--T--A-----G--A-C--A--C-CT--GC--A--T--C-G-----C-----G-----G-----A-T...C-A---A--	9027



HIV-2/SIV
complete genomes

Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	ACATATACTTAGAAAAGGAAGGAGGCATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCAGGACCAGGAATTAGATACCCAAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATTAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGAGGC	9633
Nef	D I Y L E K E E G I I P D W Q D Y T S G P G I R Y P K T F G W L W K L V P V N V S D E A	Nef
H2A.CI.88.UC2	--T-G--C-----G-----GG-A-----A---T-TCAT-G-----G-G-G-----T-TGC--C--G-----G-----C---A--A---CA-G---C-A-----	9630
H2A.DE..BEN	-----C-----A-G-----G-A-----A---T-TCAT-G-----G-A-G-----T-TAC--C--G-----G-----GC---AT-A---G-AC-C---C-A-----	9676
H2A.DE..PEI2	-----A-G-----G-A-T-----A-C-T-TCAT-G-----G-A-G-----TTC-----G-----GC---A-A---G-C-CC--C-A-GT..	9630
H2A.GH..GH1	--T-G--C-----G-----G-A-----A---T-TCAT-G-----G-A-G-----T-TGT--C--G-----G-----GC---A-A---G---C---C-A-----	9093
H2A.GM..ISY	-----G-A-T-----A-C-T-TCAT-G-T-----G-A-G-----T-TTC-----G-----GC---A-A---C---CC--C-A--A-G	9075
H2A.GM.87.D194	--T-G-T-C-----G-----G-A-----A---T-TCAT-G-----CA-G-----T-TAC--C--G-----G-----C---A-A---G-CA-C---C-A-----	9090
H2A.GW..ALI	-----G-A-T-----A-C-T-TCAT-G-----A-G-----G-T-TTC-----G-----G-----GC---A-A---G---CC--C-A--A-G	9675
H2A.GW..MDS	-T-----G-A-T-----A---T-TCAT-G-----G-CA-----C--TGC-----G-----GC---A-A---G--C-CC--C-A--T-A	9144
H2A.GW.86.FG	-T-----C---CTTTACTC-GTAC---G.....	9007
H2A.GW.87.CAM2CG	-T-----G-A-TG-----A-C-T-TAGT-G-----G-A-----T-TTC-----G-----GC---A-A---G-ACC---C-A---G	9679
H2A.SN..ST	-----G-A-A-TGG--C-----A-C-T-TCAT-----G-A-G-T-----TTC-----G---T-----GC---A-A---G---CC--C-A---G	9115
H2A.SN.85.ROD	-T-----G-A-TG-----A-C---TCAT-G-----G-A-----T-TTC-----G-----GC---A-A---G---CC--C-A--A-G	9113
H2AB.CI..7312A	-T-C--T--T--G--T--GAG--T--AG-TGGT-GA-----A-C---A-AT-G-----G-A-----ACAC-----G-----C---G-A--GG-A--GG--CA-TAA-	9592
H2B.CI..EHO	-----C-----T-----TG-GT-T-GA-----A-C---ACAT-G-----G-A-----T-C---TTC-----G-----GC---G-AA---A-GAT--CA-AC-	9563
H2B.CI.88.UC1	---C---TC---G-T-G-----TG-T-T-GA---AA-C-T-A-AT-G-----G-A-G-T---G---C---G---G---GC---G-A---G-A-C---G---A	9588
H2B.GH.86.D205	---C---T-T-G-T-----TG-GT-T-GC---AA-C-T-TCAT-G-----G-A-G-T-C-ATAC-T-----G-----GC-G-A-A---G-G-GC---CA-C-A	9589
H2B.JP.01.KR020	---C---TC---T-G-----TG-T-T-GA---AA-C-T-ACAT-G-----G-A-G-T-C-A-C---G---G---GC---G-A---A-C---G---A-A	8694
H2G.CI..ABT96	-----A-G-----G-C-T-A-T-----A---AG-----T-A---T-RT-G-----C-----C---A-A-C-CG-C-T-----	9061
H2U.FR.96.12034	-T-C-----T-G-G-A-A-C-----A-----C---GG---T-TGC---A---T---GC---AA-A---G---C-AAT---A-A--	9157
MAC.US..251_1A11	-----G-----	9629
MAC.US..BK28_H824	-----A-----	4537
MAC.US..MM142	-----ATA...CA---C-----T---TG-----A-----	9125
MAC.US..251_BK28	-----G-----	9615
MAC.US..251_32H_PJ5	-----G-----	9631
MAC.US..SMM142B	-----ATA...CA---C-----T---TG-----A-----	9122
MNE.US..MNE027	-----G-G-----G-----CC-----	9110
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----G-----A-----G-----CC-----	9107
SMM.US..PBJC	-TC-G-----A-A-----AA-----AG--G-----C-----T-T-TTC---A---C-----G-----C-----A--	4523
SMM.US..PBJD	-TC-G-----A-A-----AA-----AG--G-----C-----T-T-TTC---A---C-----G-----C-----A--	4523
SMM.US..PBJE	-TC-G-----A-A-----AA-----AG--G-----C-----T-T-TTC---A---C-----G-----C-----A--	4517
SMM.US..PBJ_143	-TC-R-----R-----A-A-----AA-----AG--G-----C-----T-T-TTC---A---C-----W-G-----C-----A--	9131
SMM.SL.92.SL92B	-T-----C-----A-G---T---C-----A---T-AAGT-G-----A-G-----TTC---A---C---C-GC-G-G-A---G-C---C-G-----	9084
SMM.US..H9	-TC-R-----R-----A-A-----AA-----AG--G-----C-----T-T-TTC---A---C---W-G-----C-----A--	9116
SMM.US..SME543	-T-G--A-G-----A-A-----AA-----A-T-G-----C-----T-T-CAC---G---C-----A---G---C-----A--	9640
SMM.US..17EC1	-----A-----T-----	9633
SMM.US..17EFR	-----A-----T-----	9633
SMM.US..F236_H4	-T-G---G-----A-A-----AA-----A---G-----T-T-CAC-A---G---C-----A---G---C-----A--	9598
SMM.US..PBJ14_15	-TC-G-----A-A-----AA-----AG--G-----C-----T-T-TTC---A---C-----G-----C-----A--	9419
SMM.US..PBJA	-TC-G-----A-A-----AA-----AG--G-----C-----T-T-TTC---A---C-----G-----C-----A--	9418
SMM.US..PGM53	-----CC-----A-----A-----C-----T-TTC-----G---A---G---CC-----A--	9576
SMM.US..PBJ_6P6	-TC-G-----A-A-----AA-----AG--G-----C-----T-T-TTC---A---C-----G-----C-----A--	9611
STM.US..STM	-----G-----A-----G-AG-T-----A-----AG-----G-A-----CAG---A-----C---A-A---G-A-G---A-----	9284





MAC.US..MM239	ACAGGAGGATGAGGAG.....CATTATTTAATGCATCCAGCTCAAACCTCCAGTGGGATGACCCTTGGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGATCCAACCTCTGGCCTACACTTATGAGGCA	9751
Nef	Q E D E E H Y L M H P A Q T S Q W D D P W G E V L A W K F D P T L A Y T Y E A	Nef
H2A.CI.88.UC2	-G---T---ACC.....A-C-GC-----C-----A---AAG-AGA-AT-----ATACAT--G--ACA---TG---CG---A-CT-C-TG-----TGAG--CA---C	9748
H2A.DE..BEN	-G---A---CC.....A-C-GC--G-A-C-----A---AAG-AGACAT-----TGAGCAT--G--ACAT---TG---C-----CT-C-TG-----T-AC--CA---C	9794
H2A.DE..PEI2-A---C.....-C-GC--C-A-C-----A---AAG-GG--CT-----CAT--G--AACAT---ATG---G-----C-T-GG-----TGAG--AC---T	9741
H2A.GH..GH1	-G---C---ACC.....A-C-C---CA-C-----A---AAG-AGACAT-----GAGCAT--AACA---CTT---CG---C-C-G-----TGA--CA---T	9211
H2A.GM..ISY	GG---CAC---ACT.....TC-GC-----CT--A---GTAAG-AGA-TT-----GCAT--G--ACA---TC-----C-C-TG-----TC-TGAG--CAC-A-C	9193
H2A.GM.87.D194	-G---A-TA---ACC.....A-C-GC--G-A-C-----A---AAG-AGA-AT-----GAGCAT--G--ACA---TT---CG---C-C-TG-----T-G---CA---C	9208
H2A.GW..ALI	GG---CAC---ACT.....-C-GCC-GC-A-C---TA---AAG-AG-CAT-----A-GCAT--G--ACAT---TT---GA---C-T-AG---TC-TGA--CA-A-C	9793
H2A.GW..MDS	GA-CACT--GACT.....-C-GC--GG-----A---TAAG-A--TT-----AGCAT--G--AACAT---TT---G---CT-CCTG-----GAG--ACA--C	9259
H2A.GW.86.FG	9007
H2A.GW.87.CAM2CG	-G---CAC---ACTGACACTGAGACT--C-GC--T-A-C---A---AAG-AG-CAT-----ATGCAT--G--ACA--G-TC-----CT-C-TG-----CTT-AG-----C	9809
H2A.SN..ST	-G-T--CAG---ACT.....-C-GC--G-----A---AAG-AG--TT-----GCAT--AACAT---TT---G---C-C-G--A--T-TT-GC--C---C	9233
H2A.SN.85.ROD	GG---CAC---ACT.....-C-GC--G-A-----A---AAG-A--TT-----GCAT--G--ACA---TC--G-----CTTG---T-T-G--C---T	9231
H2AB.CI..7312A	C-G---A---ACC.....-G-C-G--C-----A-G--CG--GCA-----T--CCAT--G--AC--T-TC--C-----T-CCTC---A--TT-AG---C	9713
H2B.CI..EHO	-G---C--G--AACC.....-G-C-GG-----A-G--C--GCA-----CCAC-A--ACC--T-TC--C-----CT-CCTC--A--A--TGAC---T--C	9681
H2B.CI.88.UC1	-AG--GA-CG--AACC.....AG-G-C-GG--C---A-G-TC--TTCA-----ATCCAC--G--ACC--T--C--CG---C-CCTC--AC-TGAC---TA--C	9706
H2B.GH.86.D205	C-GA---G---AACC.....GCC-----C-G-A-G-TC--TCA-----ATCCAT--G--AC--TATC--C-----T-CCTC---A--TGA---T--T	9710
H2B.JP.01.KR020	CA---A-CA--AACC.....AG-G-C-G--C---A-GG-C-T-CA-----GTCCAC---ACC--TATC--C-----CT-CCTC---A--TGAC---ATA--C	8812
H2G.CI..ABT96	-----C---ACT.....-GC--GG-A-----A---AG--CA-----GGA-ACC-A--GT-G-G-----C-T-AT-A---TGAC--CAG---	9179
H2U.FR.96.12034	-----AG-.....TG--C-GG--GG-T---A-G--CAG-TGCCA--G--AC-----CCT-----T-CT-----A--T-GC--C---	9275
MAC.US..251_1A11	-----C-----C-----	9747
MAC.US..BK28_H824	-----AG-.....C-----A-----G-----T-----A-----	4655
MAC.US..MM142	-----G-----C-----A-----	9243
MAC.US..251_BK28	-----AG-.....G-----A-----G-----A-----	9733
MAC.US..251_32H_PJ5	-----AG-.....G-----A-----A-----A-----	9749
MAC.US..SMM142B	-----G-----C-----A-----A-----	9240
MNE.US..MNE027	-----G-----A-----C-----T-----A-----	9228
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----A-----C-----T-----A-----	9225
SMM.US..PBJC	T----A-C--ACA.....--GC-G-----A-----T-----C-----A-G-----GAGT-A--T--TGAC--A----	4641
SMM.US..PBJD	T----A-C--ACA.....--GC-G-----A-G-----T-----C-----A-G-----GAGT-A--T--TGAC--A----	4641
SMM.US..PBJE	T----A-C--ACA.....--C-G-----A-----T-----C-----A-G-----AGT-A--T--T-AC--A----	4635
SMM.US..PBJ_143	T----A-C--ACA.....--GC-G-----A-----T-----C-----A-G-----RAGT-A--T--TRAC--A----	9249
SMM.SL.92.SL92B	-A-CA-T---ACC.....-GC--GG-A-----C-G-A-AT--CATTCA-----A--C--C-----A--TCAC--A--A----	9202
SMM.US..H9	T----A-C--ACA.....--GC-G-----A-----T-----C-----A-G-----RAGT-A--T--TRAC--A----	9234
SMM.US..SME543	C----A-C--ACA.....--GCC-GG-----A-G--CAT-----C-----A-G-----GAAT--T--T-GC--A----	9758
SMM.US..17EC1	-----	9751
SMM.US..17EFR	-----	9751
SMM.US..F236_H4	T----A-C--ACA.....--GCC-GG-----G-A-G---AT-----C-----A-G-----GAAT-A--T--T-GC--A----	9716
SMM.US..PBJ14_15	T----A-C--ACA.....--C-G-----A-----T-----C-----A-G-----AGT-A--T--T-AC--A----	9537
SMM.US..PBJA	T----A-C--ACA.....--C-G-----A-----T-----C-----A-G-----AGT-A--T--T-AC--A----	9536
SMM.US..PGM53	T--A--A-C--ACA.....--C-G-----G-TA-----T--C-----G-----T--CAA--A-----GA-----	9694
SMM.US..PBJ_6P6	T----A-C--ACA.....--C-G-----A-----T-----C-----A-G-----AGT-A--T--T-AC--A----	9729
STM.US..STM	-----T-G-ACA.....--C-GG-----A-G--ACAT-----A--A--G-TT---A-----CTAT-A--C-T-----C	9405

HIV-2/SIV
complete genomes

Strain	Sequence	Position
MAC.US..MM239	TATGTTAGATACCCAGAAGAGTTTGAAGCAAGTCAGGCCTGTGAGGGAAGAGGTTAGAAGAAGGCTAACCC...GCAAGAGGCCTTCTTAACATGGCTGAC...AAGAAG.GAAACTCGCTGAAAC	Nef end \ 9871
Nef	Y V R Y P E E F G S K S G L S E E E V R R R L T . . A R G L L N M A D . . K K . E T R \$	Nef
H2A.CI.88.UC2	-TCAC-CT-----A-----GCA-----AT-C-----A-----TGG-AGGC-AA-G-AA.....-GA-A-CAT-T-GT....-A...T-AC-----CAA-CA-ACTTG	9865
H2A.DE..BEN	-TCAC-CTG-----GCA-----AT-C-----A-----ATGG-AGGC-AA-G-AA.....-GA-A-CAT-T-GT....-A...T-AC-----CAA-CA-ACTTG	9911
H2A.DE..PEI2	-T-AA-C-----A-----GTAT-----C-----A-----TGG-AGGC-AA-G-AA.....-GA-A-CATTT-GT...T-A...-GAC-----CAG-TA-ATTTG	9858
H2A.GH..GH1	-TCA-CTGC-T-----GCA-----AT-C-----A-----TGG-AGGC-AA-G-AA.....-GA-A-CAT-T-GT...T-A...C-AC-----CAG-CA-ACTTG	9328
H2A.GM..ISY	-T-A-CT-----G-A-----GCA-----AA-GA--A-T--CTGG-AGGC-AA-G-AA.....-GA-A-CATTT-GT...T-A...-AC-----CAA-CA-ACTTG	9310
H2A.GM.87.D194	-TCA-CTGC-----A-----GCA-----AT-C-----A-----TGG-AGGC-AA-G-AA.....-GA-A-CAT-T-GT....-A...T-AC-----CAA-CA-ACTTG	9325
H2A.GW..ALI	-T-A-CT-C-----G-A-----GTA-----C-----A-T--TGG-AGGC--A-G-AA.....-GA-A-CATTT-GT...T-A...G-AC-----CA.GCTGATTTG	9908
H2A.GW..MDS	-T-AAACTG-----G-A-----GCA-C-----AC--A-G--ATGG-AGGCG-A-G-AA.....-G-AA-A-CCTTT-AC...T-A...G-GAC-----CAG-TA-ACTTG	9377
H2A.GW.86.FG-A-----GCAT-T-----A-C-----A-----TGG-AGGCG-A-G-AA.....-G-AA-A-CATTT-GT...T-A...-AC-----CAG-TA-ACTTG	9106
H2A.GW.87.CAM2CG	-T-AC-C-----A-----GCA-----AC--A-T--TGG-AGGCG-AA-G-AA.....-GA-A-CATTT-GT...T-A...GG-C-----CAA-CA-AC-TG	9926
H2A.SN..ST	-T-A-C-----G-----GTA-----C-----T--ATGG-AGGC--A-G-AA.....-GA-A-CGTTT-GC...T-A...-AC-----CAG-TA-ACTTG	9350
H2A.SN.85.ROD	-T-A-C-G-----G-A-----GCA-----C-----TGG-AGGCG-A-G-AA.....-AA-A-CATTT-GT...T-A...-GAC-----CAG-TA-ACTTG	9348
H2AB.CI..7312A	-TCAAC-G-T-----GTATC-----AT-AC--A-G--ATGG-AGGCT-A-AA.....-A-A-C--CAGA...T-G...AC--G-A.AGC-GCA--AT--G	9831
H2B.CI..EHO	-TCAGC-G-T-----G-----GTATC-----AA-C--A--TGG-AGGCT-AA-G-AA.....-AA-A-C--CAGA...T-G...-CAGGA.A-T-ACA--AC--G	9798
H2B.CI.88.UC1	-TCAAC-G-----GTATC-----AT-AC--A-G--TGA-AGGCT-A-AA.....-GA-A-C--CAGAC...T-G...GCA-GA...C-GCA--AT---	9823
H2B.GH.86.D205	-TCAA--G-TT-----C-GTA-C-----G-AC--A-G--TGG-AGGCT-A-AA.....-GA-A-C--CAGAT...T-G...GCA-GA...C-GCA--AT---	9827
H2B.JP.01.KR020	-TCAA--G-----TA-C-----G-AC--A-G--TGG-AGGTT--AA.....-GA-A-C--CAGAT...T-G...GCAGGA.A-T-ACA--TG--G	9829
H2G.CI..ABT96	-T-A-ATTGC-T-T-G-----CA-GT-G-----G-AC--A-C--TATGG-A-GAG-AA--AA.....CAG---A-G-C--TAGAA...T-A...GCAG-A.AG-GGA-AA.....	9290
H2U.FR.96.12034	-T-A--AG-G-----G-T-----T--AC-----A-TATGG-AG-G-----.....-C-CAGTA-A-AA-TG-TGAC---AG---AA---G--	9399
MAC.US..251_1A11	-----A-A--G--	9867
MAC.US..BK28_H824	-----G-T	4775
MAC.US..MM142	-----A--C--	9363
MAC.US..251_BK28	-----G-T	9852
MAC.US..251_32H_PJ5	-----G--	9869
MAC.US..SMM142B	-----G--	9360
MNE.US..MNE027	-----CT-A-A	9348
MNE.US.82.MNE_8	-----CT-A-A	9345
SMM.US..PBJC	-T---AGC-----T-T-----T-----G-AG-----T-A-A-----AA---G--	4761
SMM.US..PBJD	-T---AGC-----T-T-----T-----G-AG-----T-A-A-----AA---G--	4761
SMM.US..PBJE	-T---GAGC-----T-TC-----T-A-----GCAG-----T-A-A-----A-AA--A-G--	4755
SMM.US..PBJ_143	-T---GAGC-----T-TC-----T-A-----GCAG-----T-A-A-----A-AA--A-G--	9369
SMM.SL.92.SL92B	-T---A-GC-----GT-G-----T-A-----GAG-----T-G-TAACAAAGC--A-CCG-AGAAG--G--G--T...A-AA---G--	9328
SMM.US..H9	-T---GAGC-----T-TC-----T-A-----GCAG-----T-A-A-----A-AA---AGG--	9354
SMM.US..SME543	-T-A--AG-----T-T-----T-A-----A-AG-----A-TA--A-----T-G---AA---G--	9879
SMM.US..17EC1	-----A-AA---G--	9871
SMM.US..17EFR	-----A-AA---G--	9871
SMM.US..F236_H4	-T-A--AG-----T-T-----T-A-----A-AG-----T-A-A-----AA---G--	9835
SMM.US..PBJ14_15	-T---GAGC-----T-TC-----T-A-----GCAG-----T-A-A-----A-AA--A-G--	9657
SMM.US..PBJA	-T---GAGC-----T-TC-----T-A-----GCAG-----T-A-A-----A-AA--A-G--	9656
SMM.US..PGM53	-TCA---C-----C-T-----T-A-----A-AG-----T-A-A-----AA---G--	9814
SMM.US..PBJ_6P6	-T---GAGC-----T-TC-----T-A-----GCAG-----T-A-A-----A-AA--A-G--	9849
STM.US..STM	-T---C-----TTCT-----T-C-A-----GAG-----A-G-----AA---G--	9525



MAC.US..MM239	AG.....CAGGGACTTTCCACAA.....GGGGATGTTACGGGG..AGGTACTGGGGAGGAGCCGGTCGGGAAC	9932
H2A.CI.88.UC2	GTCAAAGCAGGAAGTAGCTACT..AAGA..AATAGCTGAGACTG-----G-----C--A--CAA-GG--G--AT-----T--G-----	9966
H2A.DE..BEN	GTCAAAGCAGGAAGTAGCTACT..AAGA..AACAGCTGAGGCTG-----G-----C--A--CAA-GG--G--AT-----T--G-----	10012
H2A.DE..PEI2	GTCAGAACAGGAAGTAGATGAT.....GAAACTG-----G-----C--A--CA--GG--G--GT-----A--G-----	9948
H2A.GH..GH1	GTCAAAGCAGGAAGTAGCTACT.GAGAACAGCTGAGGCTGCAGCTG-----G-----C--A--CAA-GG--G--AT-----T--G-----	9434
H2A.GM..ISY	GTCAGGACAGGAAGTAGCTACT.GAAAAACA.....GCTGAGACTG-----G-----C--A--CA--GG--G--AT-----T--G-----	9410
H2A.GM.87.D194	GTCAGGGCAGGAATAGCTACT.AAGAACA.....GCTGAGACTG-----G-----C--A--CAA-GG--G--AT-----T--G-----	9425
H2A.GW..ALI	GTCAGGGCAGGAAGTAAGTACT.GAAAAACA.....GCTGAGACTG-----G-----C--A--CA--GG--A--G--AT-----T--G-----	10008
H2A.GW..MDS	GTCAGGGCAGGAAGTAAGTACT.GAAAAACA.....GCTGAGACTG-----G-----C--A--CAA-GG--G--AT-----T--G-----	9477
H2A.GW.86.FG	GTCAGGGCAGGAAGTAGCTACT.GAGAACA.....GCTGAGACTG-----G-----C--A--CA--AG--G--AT-----T--G-----	9206
H2A.GW.87.CAM2CG	GCCAGGGCAGGAAGTAGCTACT.GAAAAACA.....GCTGAGACTG-----G-----C--A--CA--GG--G--TAT-----T--G-----	10025
H2A.SN..ST	GTCAGGGCAGGAAGTAAGTACTAACAGAAAAACA.....GCTGAGACTG-----G-----C--A--CA--GG--G--AT-----T--G-----	9451
H2A.SN.85.ROD	GTCAGGGCAGGAAGTAAGTACTAAC.AGAAAAACA.....GCTGAGACTG-----G-----C--A--CAA-GG--G--AT-----T--G-----	9448
H2AB.CI..7312A	--GAAGTAGCTGACGCTGCATAAAGAAAGGAAACTG.GCTGACACTG-----G-----C--A--A--T--GG--G--AT-----TT--G-----	9937
H2B.CI..BHO	--GAAGTAGCTAAGCTGCATAGAGAAAGGAAACTA.GCTGATACTG-----G-----C--A--A--T--GG--G--AT-----A--GA-----	9902
H2B.CI.88.UC1	--GAAGTAGCTGACACTGCACA.AGAGGGAAACTA.GCTGACACTG-----A-----A--C--A--AT--GG--G--AT-----TT--T-----	9927
H2B.GH.86.D205	--GAAGTAGCTGACACTGCACA.AGAAAGGAAACTA.GCAGACACTG-----A-----A--C--A--AT--GG--AG--AA-----G--TT--T-----	9931
H2B.JP.01.KR020	--GAAGTAGCTGACAGTGCATA.AGAAAGA.ACTA.GCTGACACTG-----GAG-----CA--A--AA--GG--A--AT-----T--G-----	9032
H2G.CI..ABT96	-----GT-----T-----C--A--A--G-----AT--GA--G--A--T--GTT--G--A	9360
H2U.FR.96.12034	-----C-----A--GA--G--ACCA--G--GA--G--GCAA--GA--GAG--CA--G-----	9461
MAC.US..251_1A11	-----	9927
MAC.US..BK28_H824	-----T--A-----G-----	4824
MAC.US..MM142	-----C--T-----T-----	9424
MAC.US..251_BK28	-----T-----	9902
MAC.US..251_32H_PJ5	-----	9930
MAC.US..SMM142B	-----C--T-----T-----	9421
MNE.US..MNE027	-----T-----C--T-----G-----T-----	9409
MNE.US.82.MNE_8	-----T-----C--T-----	9406
SMM.US..PBJC	-----A-----T-----T--CT-----	4822
SMM.US..PBJD	-----A-----T-----T--CT-----	4822
SMM.US..PBJE	-----AGACAGCAGGGACTTTCCACAAA-----T--CT-----	4838
SMM.US..PBJ_143	-----AGACAGCAGGGACTTTCCACAAA-----T--CT-----	9452
SMM.SL.92.SL92B	-----G--AG--ACAA-----AGTCT--C--G--GGAACG-----	9389
SMM.US..H9	-----A-----T-----T--CT-----	9415
SMM.US..SME543	-----GGGACTTTCCACA.A--C--C--TC-----T--CT-----	9941
SMM.US..17EC1	-----	9932
SMM.US..17EFR	-----	9932
SMM.US..F236_H4	-----C--C--T-----T--CT-----	9894
SMM.US..PBJ14_15	-----AGACAGCAGGGACTTTCCACAAA-----T--CT-----	9740
SMM.US..PBJA	-----AGACAGCAGGGACTTTCCACAAA-----C-----T--CT-----	9739
SMM.US..PGM53	-----A-----G-----T--CT-----	9875
SMM.US..PBJ_6P6	-----AGACAGCAGGGACTTTCCACAAA--A-----T--CT-----	9932
STM.US..STM	-----G-----C--A--A--G-----A--T--G-----	9586

HIV-2/SIV
complete genomes

Accession	Sequence	Position
	3' LTR U3 region end \ / 3' LTR R repeat start	
MAC.US..MM239	CCCC.ACTTCTTGATGT...ATAAATATCACTGC.ATTTGCTCTGTA.TTCAGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCCTCCAGCACT.AGCAGGTAGAGCCTGGGTGTT	10055
H2A.CI.88.UC2	----.T-A-A---AC-----G-AC-C-.T-CC--A-----T--C-----A-----C-----C-----	10089
H2A.DE..BEN	----.T-A-A---AC-----G-AC-C-.T-C-T--AT-----C-----A-----	10135
H2A.DE..PEI2	----.T-A-A---C-----G-AC-C-.TGC-T--AT-----C-----	10070
H2A.GH..GH1	----.T-A-A---AC-----G-ACTC-.T-C-TA-AT-----	9480
H2A.GM..ISY	----.T-A-A---TC-----G-AC-C-.TGC--AT-----	9533
H2A.GM.87.D194	----.T-A-AT-CTC-----G-AC-C-.T-C-T--AT-----	9472
H2A.GW..ALI	----.T-A-A-C-C-----G-AC-C-.TGC-T--AT-----	10130
H2A.GW..MDS	----.T-A-A-C-TC-----G-AC-C-.TGC-T--AT--C-----	9525
H2A.GW.86.FG	TT-A-A---TC-----G-AC-C-.TGC-T--AT-----C-----	9329
H2A.GW.87.CAM2CG	----.T-A-A-C-TC-----TCAC-C-.TGC-T--AT--C-----	10149
H2A.SN..ST	----.T-A-A---TC-----G-AC-C-.TAC--AT-----	9574
H2A.SN.85.ROD	----.T-A-AT-CTC-----AC-C-T-GC-T--AT--C--G-----G-----	9573
H2AB.CI..7312A	----.T-AAGCCTC-----G-AC-C-.T-C-T--AT-----	10060
H2B.CI..EHO	----.TCAAGACTC-----G-AC-C-.T--GT--AT-----C-----	10025
H2B.CI.88.UC1	----.T-AAA-CTC-----G-AC-C-.T-C-T--AT-----C-----	10050
H2B.GH.86.D205	----.T-AAA-CTC-----G-AC-C-.T-C--AT-----	10054
H2B.JP.01.KR020	----.T-AAACCTC-----G-AC-C-TT-C-ACA.T--AC-----C-----	9155
H2G.CI..ABT96	CG--C-AAAA-CTC-----AG-----C-----	9483
H2U.FR.96.12034	----.T-AAATGATC-----G-AC-C-TC--GCA-----	9584
MAC.US..251_1A11	A-----T--A--G-----	10050
MAC.US..BK28_H824	A-----C-----	4947
MAC.US..MM142	A-----C-----	9547
MAC.US..251_BK28	A-----	10025
MAC.US..251_32H_PJ5	A-----	10053
MAC.US..SMM142B	A-----	9544
MNE.US..MNE027	A-----	9532
MNE.US.82.MNE_8	A-----	9529
SMM.US..PBJC	----.AT-CTC-----CA-----A-----	4945
SMM.US..PBJD	----.AT-CTC-----CA-----A-T-----	4945
SMM.US..PBJE	----.G-AT-CTC-----CA-----A-----	4961
SMM.US..PBJ_143	----.AT-CTC-----CA-----A-----	9575
SMM.SL.92.SL92B	----.C-AAACTC--AGT-----AC-C-TT-GC-----A--A-----C--A-----C-A-----G-----T--T-----	9514
SMM.US..H9	----.AT-CTC-----CA-----A-----	9538
SMM.US..SME543	----.AT-CTC-----CA-----	10064
SMM.US..17EC1	----.AT-CTC-----CA-----	10055
SMM.US..17EFR	----.AT-CTC-----CA-----	10055
SMM.US..F236_H4	----.AT-CTC-----CA-----	10017
SMM.US..PBJ14_15	----.G-AT-CTC-----CA-----A-----	9863
SMM.US..PBJA	----.G-AT-CTC-----CA-----A-----	9862
SMM.US..PGM53	----.AT--TC-----CA-----	9998
SMM.US..PBJ_6P6	----.G-AT-CTC-----CA-----T-A-A-----A-----A-----	10055
STM.US..STM	----.TT--A--TC-----CA-C-.T-A-A-----A-----	9709



	AATAAA poly-A signal 3' LTR repeat end \ / 3' LTR U5 region start	
MAC.US.-.MM239	CCCTGCTAGACTCTCA.CCAGCACTTGGCCGGTGTGGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTTGCTTAAA..GCCTCTTCAATAAAG.CTGCCAT.TTTAGAAGTAAGC.TAGTGTGTGTTCCCATCTCTC	10179
H2A.CI.88.UC2	-----TG--C-----CA-----C-G-----A-----T-----A-----C--TTA-----	10211
H2A.DE.-.BEN	-----G-----T-----A-----C-G-----A-----G-----C--TTA-----	10258
H2A.DE.-.PEI2	-----T-----A-----C-G-----A-----T-----G-----C--TTA-----	10172
H2A.GH.-.GH1	-----G-----TG-----C-----C-G-----AGA-CTC-T-----G-----C--TTA-----	9480
H2A.GM.-.ISY	-----G-----TG-----C-----C-G-----A-----T-----A-----C--TTA-----	9636
H2A.GM.87.D194	-----TG-----CA-----C-G-----A-----T-----A-----C-G-TTA-AG-----	9472
H2A.GW.-.ALI	-----TG-----C-----C-G-----A-----T-----A-----C--TTA-----	10252
H2A.GW.-.MDS	-----TG-----C-----C-G-----A-----T-----G-----C--TTA-----	9525
H2A.GW.86.FG	-----TG-----CA-----C-G-----A-----T-----G-----C--TTA-----	9431
H2A.GW.87.CAM2CG	-----TG-----CA-----C-G-----A-A-----T-----G-----C--TTA-----	10271
H2A.SN.-.ST	-----TG-----CA-----C-G-----A-A-----T-----G-----C-----	9672
H2A.SN.85.ROD	-----C-G-C-----AA--C-T-----G-----C-----	9671
H2AB.CI.-.7312A	-----C-G-----A-----T-----A-----C--TCA-----	10182
H2B.CI.-.EHO	-----C-G-----A-----T-----A-----C--ACA-----	10147
H2B.CI.88.UC1	-----C-G-----A-----T-----A-----C--TTG-----	10171
H2B.GH.86.D205	-----A--A--T-----C-G-----A-----T-----A-----C--TA-----	10174
H2B.JP.01.KR020	-----C-G-----A-----T-----TA-----C--TTG-----	9276
H2G.CI.-.ABT96	-----C-G-----C-AC-A--T-----AA-----A-----GT-----	9599
H2U.FR.96.12034	-----C-G-----A-----T-----A-----C-----	9607
MAC.US.-.251_1A11	-----C-G-----A-----T-----A-----C-----	10174
MAC.US.-.BK28_H824	-----A-----G-----A-----C-----G-----	5071
MAC.US.-.MM142	-----G-----A-----A-----C-----	9646
MAC.US.-.251_BK28	-----A-----G-----A-----C-----	10149
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----G-----A-----A-----C-----	10177
MAC.US.-.SMM142B	-----G-----A-----A-----C-----	9600
MNE.US.-.MNE027	-----T-----G-----A-----C-----C-----	9655
MNE.US.82.MNE_8	-----G-----A-----T-----C-----	9628
SMM.US.-.PBJC	-----G-----G-----A-----C-----	5068
SMM.US.-.PBJD	-----G-----G-----A-----C-----	5068
SMM.US.-.PBJE	-----G-----G-----A-----C-----	5084
SMM.US.-.PBJ_143	-----RG-----A-----AG-----C-----	9675
SMM.SL.92.SL92B	-T-A-A-A-ACA--AT--T--CG.G-----A-----G--A-C-----C--T.C-----	9613
SMM.US.-.H9	-----G-----RG-----A-----G-----G-----	9638
SMM.US.-.SME543	-----G-----A-----G-----A-----	10187
SMM.US.-.17EC1	-----G-----A-----G-----A-----	10179
SMM.US.-.17EFR	-----G-----A-----G-----A-----	10179
SMM.US.-.F236_H4	-----G-----A-----A-----A-----	10140
SMM.US.-.PBJ14_15	-----G-----A-----C-----C-----	9986
SMM.US.-.PBJA	-----G-----A-----AG-----C-----	9986
SMM.US.-.PGM53	-----G-----A-----GC-----A-----	10121
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----G-----A-----C-----C-----	10178
STM.US.-.STM	-----A-----T-----G-----T--TAT-----A-----A-----G-----	9833

HIV-2/SIV
complete genomes

	3' LTR U5 region end \	
MAC.US.-.MM239	CTAGCCGCCCGCTGGTCAACTCGGTACTCAA.T.AATA.AGAAGACCCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTTTGGGAAACCGAAGCAGGAAAAATCCCTAGCA	10279
H2A.CI.88.UC2	-----T-----TTCG-TGTTTCATC.-G-G--.-C-----C-C-----T--A--G-----	10312
H2A.DE.-.BEN	-----T-----TTCG-TGTTTCATC.-G-G--.-C-----CTC-----T--A-G-----	10359
H2A.DE.-.PEI2	10172
H2A.GH.-.GH1	9480
H2A.GM.-.ISY	9636
H2A.GM.87.D194	9472
H2A.GW.-.ALI	-----T-----TTCG-TGTTTCACC.-G-G--.-C-----G-G-----	10353
H2A.GW.-.MDS	9525
H2A.GW.86.FG	9431
H2A.GW.87.CAM2CG	-----T-----TTCG-TGTTTCACC.-G--.-C-----CT-----A-G-----	10372
H2A.SN.-.ST	9672
H2A.SN.85.ROD	9671
H2AB.CI.-.7312A	-----T-----GT--GC-G--.-G-----CT-----T-----	10282
H2B.CI.-.EHO	-----T-----T--G--C--CT-GA--.-G-----C-----A-G-----	10242
H2B.CI.88.UC1	-----T-----T--AA-G--T--CT-A-T-A-----A-G-----	10271
H2B.GH.86.D205	-----T-----T--G--C-C-G-----CT-----A-G-----G-----	10269
H2B.JP.01.KR020	-----T-----C--G--.-CTG-G-T-A-----	9339
H2G.CI.-.ABT96	9599
H2U.FR.96.12034	9607
MAC.US.-.251_1A11	-----T-----GG.-	10274
MAC.US.-.BK28_H824	-----T-----GG.-	5111
MAC.US.-.MM142	9646
MAC.US.-.251_BK28	-----T-----GG.-	10249
MAC.US.-.251_32H_PJ5	-----T-----GG.-	10277
MAC.US.-.SMM142B	9600
MNE.US.-.MNE027	-----T-----	9664
MNE.US.82.MNE_8	9628
SMM.US.-.PBJC	-----T-----	5078
SMM.US.-.PBJD	-----T-----	5078
SMM.US.-.PBJE	-----T-----	5094
SMM.US.-.PBJ_143	9675
SMM.SL.92.SL92B	9613
SMM.US.-.H9	9638
SMM.US.-.SME543	-----T-----T-----G-.CAC--A-----G-----	10289
SMM.US.-.17EC1	10279
SMM.US.-.17EFR	10279
SMM.US.-.F236_H4	-----T-----T-----G-.CAC--A-----G-----	10241
SMM.US.-.PBJ14_15	-----T-----	9996
SMM.US.-.PBJA	-----T-----	9996
SMM.US.-.PGM53	-----T-----T-----G-.ATC--	10190
SMM.US.-.PBJ_6P6	-----T-----T-----G-.A.C--.-C-----	10246
STM.US.-.STM	-----T-----	9892