

III

HIV-2/SIV Complete Genomes

Contents

III-1	Introduction	155
III-2	Annotated features	156
III-3	Sequences	158
III-4	Alignments	161

III-1 Introduction

The HIV-2/SIV_{smm} alignment contains a non-redundant set of all HIV-2, SIV_{smm}, and related species (SIV_{mne}, SIV_{stm} and SIV_{mac}). Compared to HIV-1, only a small number of HIV-2 complete genomes have been determined, so this alignment contains all but a few duplicate sequences available in the database. The web alignment has a few additional sequences.

The HIV-2/SIV_{smm} family is presented together in spite of their different hosts, because their genomic structure is the same—the complete SIV alignment (presented in the next chapter along with a few HIV-1 sequences) is much more stretched out because of the presence of a *vpx* and absence of *vpu* genes in some of these viruses.

The Mac239 sequence (accession M33262) is the master sequence in this alignment. The alignment was generated by a HMMER model, then subsequently codon-aligned using GeneCutter and manual edits to fix obvious misalignments. The alignment presented cannot be considered an “optimal alignment” to any single criterion; it is a compromise between optimal alignment, readability, and codon alignment. Most gaps have been introduced in multiples of 3 bases to maintain open reading frames when the alignment is translated.

III-2 Annotated features

Features of HIV-2 annotated in the alignment that follows.

Feature	Location	Page
5' LTR U3 start	1	161
TCF-1 alpha	309-324	162
NF- κ -B-II	415-424	163
NF- κ -B-I	441-449	164
TATA Box	488-493	164
TAR element start	518	164
5' LTR U3 end	520	164
+1 mRNA start site	521	164
5' LTR R repeat begin	521	164
TAR element end	642	165
Poly-A signal	671-676	165
5' LTR R repeat end	694	165
5' LTR U5 start	695	165
5' LTR U5 end	818	166
Lys tRNA primer binding site	821-839	166
Gag and Gag-Pol start	1053	168
Gag p17 Matrix end	1457	170
Gag p24 Capsid start	1458	170
Gag p24 Capsid end	2144	174
Gag p2 Spacer start	2145	174
Gag p2 Spacer end	2195	174
Gag p8 Nucleocapsid start	2196	174
Gag p8 Nucleocapsid end	2351	175
Gag p1 Spacer start	2352	175
Gag-Pol -1 ribosomal slip site	2354	175
Pol start	2354	175
Gag p1 spacer end	2393	176
Gag p6 start	2394	176
Pol Protease start	2555	177
Gag p6 end	2585	177
Gag end	2585	177
Pol Protease end	2851	179
Pol p66 and p51 RT start	2852	179
Pol RT end	4168	187
Pol p15 RNase H start	4169	187
Pol RNase H end	4528	189
Pol p31 Integrase start	4529	189
Vif start	5340	194
Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end	5410	194
Vpx start	5812	197
Vif end	5984	198
Vpx end	6150	199
Vpr start	6151	199
Tat exon 1 start	6302	200
Vpr end	6456	201
Rev exon 1 start	6528	201
Tat Rev exon 1 end	6597	201
Tat Rev intron start	6598	201

Feature	Location	Page
Env start	6604	202
Env signal peptide end	6669	202
Env gp120 start	6670	202
V1 loop start	6940	204
V1 loop end	7104	205
V2 loop start	7108	205
V2 loop end	7236	206
V3 loop start	7534	207
V3 loop end	7635	208
V4 loop start	7807	209
V4 loop end	7899	210
V5 start	8017	211
V5 end	8034	211
Rev Responsive Element (RRE) start	8123	211
Env gp120 end	8178	212
Env gp41 start	8179	212
RRE end	8479	213
Tat Rev intron end	8805	215
Tat Rev exon 2 start	8806	215
Tat end	8902	216
Rev end	9059	217
Nef start	9077	217
Env gp41, gp160 end	9243	218
Premature stop in SMM239	9355	219
3' LTR U3 start	9462	219
TCF-1 alpha binding	9770-9785	221
Nef end	9868	222
NF- κ -B-II	9876-9884	222
NF- κ -B-I	9891-9900	222
TATA box	9949-9955	223
TAR element start	9980	223
3' LTR U3 end	9978	223
3' LTR repeat start	9979	223
TAR element end	10103	224
Poly-A signal	10132-10137	224
3' LTR R repeat end	10155	224
3' LTR U5 start	10156	224
3' LTR U5 end	10279	225

III-3 Sequences

Sequences included in the HIV-2/SIV complete genome alignment.

Name	Accession	Country	Author	Reference
MAC.US.x.239	M33262	United States	Kestler, H.	<i>Science</i> 248 (4959):1109-1112 (1990)
A.CI.88.UC2	U38293	Cote D'Ivoire	Barnett, S.W.	<i>Virology</i> 222 (1); 257-61 (1996)
A.DE.x.BEN	M30502	Germany	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> 177 (1):305-311 (1990)
A.DE.x.PEI2_KR_KRCG	U22047	Germany	Kraus, G.	<i>ARHR</i> 14 (1); 65-77 (1998)
A.GH.x.GH1	M30895	Ghana	Hasegawa, A.	<i>ARHR</i> 5 (6):593-604 (1989)
A.GM.87.D194	J04542	Gambia	Kuehnel, H.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2383-2387 (1989)
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	J04498	Gambia	Franchini, G.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2433-2437 (1989)
A.GM.x.MCN13	AY509259	Gambia	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
A.GM.x.MCR35	AY509260	Gambia	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	J03654	Guinea- Bissau	Zagury, J.F.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 85 (16):5941-5945 (1988)
A.GW.87.CAM2CG	D00835	Guinea- Bissau	Tristem, M.	<i>J Gen Virol</i> 72 (PT 3):721-724 (1991)
A.GW.x.MDS	Z48731	Guinea- Bissau	Becker, M.	Unpublished
A.IN.07.NNVA	EU980602	India	Gurjar, S.R.	<i>JAIDS</i> 52 (3); 329-35 (2009)
A.IN.95.CRIK_147	DQ307022	India	Santhosh, C.V.	<i>ARHR</i> 24 (10); 1315-7 (2008)
A.PT.x.ALI	AF082339	Portugal	Reeves, J.D.	<i>J Virol</i> 73 (9); 7795-804 (1999)
A.SN.85.ROD	M15390	Senegal	Clavel, F.	<i>Nature</i> 324 (6098):691-695 (1986)
B.CI.88.UC1	L07625	Cote D'Ivoire	Barnett, S.W.	<i>J Virol</i> 67 (2):1006-1014 (1993)
B.CI.x.20_56	AB485670	Cote D'Ivoire	Takekawa, N.	Unpublished
B.CI.x.EHO	U27200	Cote D'Ivoire	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> 202 (1):471-476 (1994)
B.GH.86.D205_ALT	X61240	Ghana	Dietrich, U.	<i>Nature</i> 342 (6252):948-950 (1989)
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1	AB100245	Japan	Kusagawa, S.	<i>ARHR</i> 19 (11):1045-1049 (2003)
G.CI.92.Abt96	AF208027	Cote D'Ivoire	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> 13 (5):401-404 (1997)
AB.CM.03.03CM_510_03	EU028345	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 24 (1):86-91 (2008)
H2_01_AB.CI.90.7312A	L36874	Cote D'Ivoire	Gao, F.	Unpublished
H2_01_AB.JP.04.04JP_NMC307	AB499693	Japan	Ibe, S.	<i>JAIDS</i> 54 (3):241-247 (2010)
H2_01_AB.JP.07.07JP_NMC716	AB499694	Japan	Ibe, S.	<i>JAIDS</i> 54 (3):241-247 (2010)
H2_01_AB.JP.08.08JP_NMC842	AB499695	Japan	Ibe, S.	<i>JAIDS</i> 54 (3):241-247 (2010)
U.FR.96.12034	AY530889	France	Diamond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)
MAC.US.x.17EC1	AY033233	United States	Anderson, M.G.	<i>Virology</i> 195 (2):616-626 (1993)
MAC.US.x.17EFR	AY033146	United States	Flaherty, M.T.	<i>J Virol</i> 71 (8):5790-5798 (1997)
MAC.US.x.1937	AY611495	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.2065	AY611493	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	United States	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> 18 (3-4):311-9 (1989)

Name	Accession	Country	Author	Reference
MAC.US.x.251_32H_PJ5	D01065	United States	Rud, E.W.	(in) Brown, F, Chanock, RM and Ginsberg, HS (Eds); VACCINES 92: MODERN APPROACHES TO NEW VACCINES INCLUDING PREVENTION OF AIDS: 229-235; Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York (1992)
MAC.US.x.251_BK28	M19499	United States	Hirsch, V.	<i>Cell</i> 49 (3):307-319 (1987)
MAC.US.x.80035	AY611486	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.81035	AY599200	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.85013	AY611490	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.87082	AY600249	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.92050	AY603959	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.92077	AY599201	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.93057	AY611492	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.93062	AY607704	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.95058	AY611494	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.95086	AY607703	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.95112	AY588946	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96016	AY607701	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96020	AY611488	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96072	AY611491	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96081	AY597209	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96093	AY611489	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96114	AY588945	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96123	AY611487	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96135	AY607702	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.97009	AY599199	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.97074	AY599198	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.MM142_IVMXX	Y00277	United States	Chakrabarti, L.	<i>Nature</i> 328 (6130):543-547 (1987)
MAC.US.x.SMM142_patent	BD131285	United States	Alizon, M.	Patent: JP 2002030099-A 2 29-JAN-2002; INSTITUT PASTEUR
MAC.US.x.r80025	AY576480	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.r90131	AY576481	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
MNE.US.x.MNE027	U79412	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
SMM.-.pE660.CG7G	JX648292		Lopker, M.J.	Unpublished
SMM.CI.SIVsmCI2	JX860430	Cote D'Ivoire	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.SIVsmLIB1	JX860431	Liberia	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)
SMM.SL.SIVsmSL92A	JX860432	Sierra Leone	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.CFU212	JX860407	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.D215	JX860413	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.FTq	JX860414	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.G078	JX860415	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.G932	JX860416	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M919	JX860417	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M922	JX860418	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M923	JX860419	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M926	JX860420	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M934	JX860421	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)

Name	Accession	Country	Author	Reference
SMM.US.M935	JX860422	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M940	JX860423	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M946	JX860424	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M947	JX860425	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M949	JX860426	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M950	JX860427	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M951	JX860428	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.M952	JX860429	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.SIVsmE660-FL10	JQ864084	United States	Wu, F.	<i>J Virol</i> 86 (16); 8835-47 (2012)
SMM.US.x.F236_H4	X14307	United States	Hirsch, V.M.	<i>Nature</i> 339 (6223); 389-92 (1989)
SMM.US.x.H9	M80194	United States	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PBJ14_15	L03295	United States	Dewhurst, S.	<i>Nature</i> 345 (6276):636-640 (1990)
SMM.US.x.PBJA	M31325	United States	Dewhurst, S.	<i>Nature</i> 345 (6276):636-640 (1990)
SMM.US.x.PBJ_143	M80193	United States	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PBJ_6P6	L09212	United States	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 67 (5):2466-2474 (1993)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	United States	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 72 (11):8841-8851 (1998)
SMM.US.x.SME543	U72748	United States	Hirsch, V.	<i>J Virol</i> 71 (2):1608-1620 (1997)
STM.US.89.STM_37_16	M83293	United States	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> 186 (2):783-787 (1992)

	5' LTR U3 start	
MAC.US.x.239	.TGGAAAGGATTATTACAGTGAAGAAGA...CATAGAATCTTAGACATATACTTAGAAAAGGAAGGACATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCAGGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATAGTCCCTGTAAATGTATCAGA	166
A.CI.88.UC2G-T.....AGGGAT.....C.....T-G-C.....G-G-A.....A-T-TCAT-G.....G-G-G.....T-TGC-C-G-G.....C-A-A.....CA-G-C-C	166
A.DE.x.BENC.....G-T.....AGG-G.....C.....G-A.....A-T-TCAT-G.....G-A-G.....T-TAC-C-G-G.....GC-AT-A-G-AC-C-C	166
A.DE.x.PET2_KR_KRCGT.....G.....AG.....G..A.....A-G.....A-G.....A-C-T-TCAT-G.....G-A-G.....TTC-G.....GC-A-A-G-C-CC-C	167
A.GH.x.GH1	0
A.GM.87.D14	0
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	0
A.GM.x.MCN13	0
A.GM.x.MCR35	0
A.GW.86.FG_clone_NIHZC-G-T.....A.....C-G-T.....A.....G-A-TG.....A-C-T-TAGT-G.....G-A.....T-TTC.....G.....GC-A-A-G-ACC-C	166
A.GW.87_CAM2CGG.....AG.....GAGA-A-TT.....G-G-A-T-C.....A-C-T-AGT-G.....A-T-T-TTCCA-G.....GC-A-A-CC-C	166
A.GW.x.MDSG-T.....A.....G-T.....A.....G-A-T.....A-C-T-TCAT-G.....A-G.....G-T-TTC.....G.....GC-A-A-G-CC-C	24
A.IN.07.NNVAG-T.....A.....G-T.....A.....G-A-T.....A-C-T-TCAT-G.....A-G.....G-T-TTC.....G.....GC-A-A-G-CC-C	166
A.IN.95.CR1K_147G-T.....A.....G-T.....A.....G-A-T.....A-C-T-TCAT-G.....A-G.....G-T-TTC.....G.....GC-A-A-G-CC-C	166
A.PT.x.ALIG-T.....A.....G-T.....A.....G-A-T.....A-C-T-TCAT-G.....A-G.....G-T-TTC.....G.....GC-A-A-G-CC-C	166
A.SN.85.RODC-T-AG.....AC.....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	166
B.CI.88.UC1C-T-AG.....AC.....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	166
B.CI.x.20_56TC-T-AG.....G.....A-AC.....C-TC.....G-T-G.....TG-T-T-GA.....AA-C-T-ACAT-G.....G-A-G-T-G-C.....G-G.....GC-G-AA-A-GAT-C	166
B.GH.86.D205_ALTG-T-AG.....C-A-A.....C-T-T-G-T.....TG-T-T-GC.....AA-C-T-TCAT-G.....G-A-GC-T-C-ATAC.....T-G.....GC-G-A-A-G-GC-C	166
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1G-T-AG.....C-A-A.....C-T-T-G-T.....TG-T-T-GC.....AA-C-T-TCAT-G.....G-A-GC-T-C-ATAC.....T-G.....GC-G-A-A-G-GC-C	0
G.CI.92.Abt96	0
AB.CM.03.03CM_510_03	0
H2_01_AB.CI.90.7312AT-T-A.....G-A-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-C	166
H2_01_AB.JP.04.04JP_NMC307T-T-AG.....G-A-T-C-T-T-G-T-GAG-T-AG-TGGT-GA.....A-C-ACAT-G.....GR-A-T.....TAC.....G-C-A-AR-G-A-GG-C	166
H2_01_AB.JP.07.07JP_NMC716T-T-AG.....G-A-T-C-T-T-G-T-GAG-T-AG-CT-T-GA.....RA-C-AMAT-G.....GR-A-T.....ATAY.....G-C-A-A-RA-C	166
H2_01_AB.JP.08.08JP_NMC842T-T-AG.....G-A-T-C-T-T-G-T-GAG-T-AG-CT-T-GA.....A-C-ACAT-G.....GG-A-T.....TAC.....G-C-A-A-G-A-GG-C	166
U.FR.96.12034	0
MAC.US.x.17EC1	166
MAC.US.x.17EFR	166
MAC.US.x.1937	0
MAC.US.x.2065	0
MAC.US.x.251_1A11T.....	166
MAC.US.x.251_32H_PJ5	166
MAC.US.x.251_BK28G.....G.....C.....	166
MAC.US.x.80035	166
MAC.US.x.81035	0
MAC.US.x.85013	0
MAC.US.x.87082	0
MAC.US.x.92050	0
MAC.US.x.92077	0
MAC.US.x.93077	0
MAC.US.x.93062	0
MAC.US.x.95058	0
MAC.US.x.95086	0
MAC.US.x.95112	0
MAC.US.x.96016	0
MAC.US.x.96020	0
MAC.US.x.96072	0
MAC.US.x.96081	0
MAC.US.x.96093	0
MAC.US.x.96114	0
MAC.US.x.96123	0
MAC.US.x.96135	0
MAC.US.x.97009	0
MAC.US.x.97074	0
MAC.US.x.MM142_IVMXX	0
MAC.US.x.MM142_patent	0
MAC.US.x.r80025	0
MAC.US.x.r90131	0
MNE.US.82.MNE_8	0
MNE.US.x.MNE027	0
SMM.-.pE660_CG7GA-AG-A.....A-T-G-A-G.....A-A.....AA-A-G-C.....T-T-TAC-A-G-C.....A-G-C	166
SMM.CI.SIVsmCI2	0
SMM.LR.SIVsmL1B1	0
SMM.SL.SIVsmSL92A	0
SMM.US.CFU212	0
SMM.US.D215	0
SMM.US.D215	0
SMM.US.FTg	0
SMM.US.G078	0
SMM.US.G932	0
SMM.US.M919	0
SMM.US.M922	0
SMM.US.M923	0
SMM.US.M926	0
SMM.US.M934	0
SMM.US.M935	0
SMM.US.M940	0
SMM.US.M946	0
SMM.US.M947	0
SMM.US.M949	0
SMM.US.M950	0
SMM.US.M951	0
SMM.US.M952	0
SMM.US.SIVsmE660-FL10A-AG-A.....A-T-G-A-G.....A-A.....AA-A-G-C.....T-T-TAC-A-G-C.....A-G-C	166
SMM.US.x.F236_H4A-AG-A.....A-T-G-A-G.....A-A.....AA-A-G-C.....T-T-TAC-A-G-C.....A-G-C	166
SMM.US.x.H9	0
SMM.US.x.PBJ14_15	0
SMM.US.x.PBJA	0
SMM.US.x.PBJ_143	0
SMM.US.x.PBJ_6P6AA-A-G-C.....T-T-TTC.....A-C.....G-G-C	92
SMM.US.x.PGMS3AA-A-G-C.....T-T-TTC.....A-C.....G-A-G-C	92
SMM.US.x.SME543A-AG-A.....A-T-G-A-G.....A-A.....AA-A-T-G-C.....T-T-TAC.....G-C.....A-G-C	166
STM.US.89.STM_37_16AG.....G.....	30

		TCF-1 alpha	
MAC.US.x.239	TGAGGCACAG.....GAGGATGAGGAGCATTATTTAATGCATCCAGCTCAAACCTCCAGTGGGATGACCTTGGGAGAGTTCTAGCATGGAAGTTTGATCCAACCTCTGGCTACACTTATGAGGCATATGTAGATACCAGAAGAGTTTGGGAAGCAAGT		324
A.CI.88.UC2	A-----G-----T-----ACCA-C-GC-----C-----A-----AAG-AGA-AT-----ATACAT--G--ACA--TG--CG--A-CT-C-TG-----TGAG--CA---C-TCAC-CT-----A---GCA-----		324
A.DE.x.BEN	A-----G-----A-----CCA-C-GC--G-A-C-----A-----AAG-AGACAT-----TGAGCAT--G--ACAT--TG--C-----CT-C-TG-----T-AC-CA---C-TCAC-CTG-----GCA-----		324
A.DE.x.PET2_KR_KRCG	A-GT-A-G-----C-C-GC--C-A-C-----A-----AAG-GG-CT-----CAT--G--AACAT--ATG--G-----C-T-GG-----TGAG--AC--T-T-AA-C-----A---GTAT-----		316
A.GH.x.GH1			0
A.GM.87.D14			0
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85			0
A.GM.x.MCN13			0
A.GM.x.MCR35			0
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	A---G-G-GACACTGAGACT--CAC--ACT--C-GC--T-A-C-----A-----AAG-AG-CAT-----ATGCAT--G--ACA--G-TC-----CT-C-TG-----CTT-AG-----C-T-AC-C-----A---GCA-----		336
A.GW.87_CAM2CG			0
A.GW.x.MDS	A---G-G-A-----CAC--AACT--C-GC-----C-----A-----AAGTA--TT-----AGACAT--G--ACA--T-----C--AT-A--TGA--TA--C-T-AGGCT-C-----G--A---GCA-----		324
A.IN.07.NNVA			70
A.IN.95.CR1K_147	A--A-GGG-----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-T-A--CT-C-----G--A---GTA-----		324
A.PT.x.ALI			0
A.SN.85.ROD			0
B.CI.88.UC1	G-----A-AG-----GA-CG--AACAG--G-C-GG--C-----A--G-TC--TTCA-----ATCCAC--G--ACC--T--C--CG-----C--CCTC-----AC-TGAC--TA--C-TCAAC--G--T-----GTATC-----		324
B.CI.x.20_53	G--A-A-G-----AGA-CA--AA-CAG--G-C-GG--C-----A--G-C--TCA-----CCAC--G--AAC--T--TC--C-----C--CCTC-----AC-TGAC--ATA--C-TCAAC--G--T-----GTATC-----		323
B.CI.x.EHD	A--AC--G-----C--G--AAC--G-C-GG--C-----A--G-C--GCA-----CCAC--A--ACC--T--TC--C-----CT-CCTC--A--A--TGAC--T--C-TCAGC--G--T-----G-----GTATC-----		324
B.GH.86.D205_ALT	A-C-A-C-GAGAG-----C--G--AAC--GCC-----C--G--A--G-TC--TCA-----ATCCAT--G--AC--TATC--C-----T-CCTC-----A--TGA--T--T-TCAA--G-TT-----C--GTA-C-----		327
B.JP.01_KR020_IMCJ_KR020_1			0
G.CI.92.Abt96			0
AB.CM.03.03CM_510_03			0
H2_01_AB.CI.90.7312A	A-TAA-C-G-GAG-----A--G--ACC--G-C-G--C-----A--G--CG--GCA-----T-CCAT--G--AC--T-TC--C-----T-CCTC-----A--TT-AG-----C-TCAAC--G--T-----GTATC-----		326
H2_01_AB.JP.04.04JP_NMC307	A-CAA-C--GAG-----G--ACC--G-C-G--C-----A--G-C--TGCA-----CCAT--G--AC--T-TC--C-----Y-CTWC-----A--TT-A-----C-TCAAC--G--T-----GTATC-----		327
H2_01_AB.JP.07.07JP_NMC716	A-CAA-C--GAG-----G--ACC--Y-G-C-G--C-----A--G-C--TGCA-----CCAT--G--AC--T-TC--C-----CT-CCAC-----A--TT-A-----C-TCAAA--G-W-----GTATC-----		327
H2_01_AB.JP.08.08JP_NMC842	A-CAA-C-C-GAG-----G--ACC--G-C-G--C-----A--G-C--TTCA-----CCAT--G--AC--T-TC--C-----CGTC-----A--TT-A-----C-TCAAC--G-----GTATC-----		327
U.FR.96.12034			0
MAC.US.x.17EC1			324
MAC.US.x.17EFR			324
MAC.US.x.1937			0
MAC.US.x.2065			0
MAC.US.x.251_1A11		C-----C-----A-----	324
MAC.US.x.251_32H_PJ5			324
MAC.US.x.251_BK28	AG-----G-----A-----G-----A-----C-----		324
MAC.US.x.80035			323
MAC.US.x.81035			0
MAC.US.x.85013			0
MAC.US.x.87082			0
MAC.US.x.92050			0
MAC.US.x.92077			0
MAC.US.x.93057			0
MAC.US.x.93062			0
MAC.US.x.95058			0
MAC.US.x.95086			0
MAC.US.x.95112			0
MAC.US.x.96016			0
MAC.US.x.96020			0
MAC.US.x.96072			0
MAC.US.x.96081			0
MAC.US.x.96093			0
MAC.US.x.96114			0
MAC.US.x.96123			0
MAC.US.x.96135			0
MAC.US.x.97009			0
MAC.US.x.97074			0
MAC.US.x.MM142_IVMXX			0
MAC.US.x.SM142_patent			0
MAC.US.x.r80025			0
MAC.US.x.r90131			0
MNE.US.82.MNE_8			0
MNE.US.x.MNE027			0
SMM.-.pE660_CG7G	--A-C-----A-C--ACA--GCC-GG-----G-A-G--CAT-----C-----A--G-----GAAT-A-T--T-GC--A--T-A--AG-----T--T-----		324
SMM.CI_SIVsmCI2			0
SMM.LR_SIVsmL1B1			0
SMM.SL_SIVsmSL92A			0
SMM.US.CFU212			0
SMM.US.D215			0
SMM.US.FTg			0
SMM.US.G078			0
SMM.US.G932			0
SMM.US.M919			0
SMM.US.M922			0
SMM.US.M923			0
SMM.US.M926			0
SMM.US.M934			0
SMM.US.M935			0
SMM.US.M940			0
SMM.US.M946			0
SMM.US.M947			0
SMM.US.M949			0
SMM.US.M950			0
SMM.US.M951			0
SMM.US.M952			0
SMM.US.SIVsmE660-FL10	--A-T-----A-C--ACA--GCC-GG-----G-A-G--CAT-----C-----A--G-----GAAT-A-T--T-GC--A--T-A--AG-----T--T-----		324
SMM.US.x.F236_H4	--A-T-----A-C--ACA--GCC-GG-----G-A-G--AT-----C-----A--G-----GAAT-A-T--T-GC--A--T-A--AG-----T--T-----		324
SMM.US.x.H9			0
SMM.US.x.PBJ14_15			79
SMM.US.x.PBJA			79
SMM.US.x.PBJ_143			0
SMM.US.x.PBJ_6P6	--A-T-----A-C--ACA--C-G-----A--G--T-----C-----A--G-----AGT-A-T--T-AC--A--T--GAGC-----T--TC-----		250
SMM.US.x.PGMS3	--A-T-A-----A-C--ACA--C-G-----A--G-TA-----T-C-----A--G-----T-CAAT-A--GA--T-T-A--C-----T--T-----		250
SMM.US.x.SME543	--A-C-----A-C--ACA--GCC-GG-----A--G--CAT-----C-----A--G-----GAAT--T--T-GC--A--T-A--AG-----T--T-----		324
STM.US.89.STM_37_16			30

Accession	Sequence	NF-κ-B-II	Position
MAC.US.x.239	CAGGCTGTGAGGAAAGAG...GTTAGAAGAAGGCTAACCCGAAAGGCTTCTTAACATGGCTGACAAGAAGAAACTCGTGA.....	AAACGACGGGACTTTCCA	425
A.CI.88.UC2	---AT-C---A---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CAT-TG-GAA-A.....CAGGAACAACCATACTTGGTCAA.....GCAGGAAGTAGCTACTAAGAAATAGCTGAG--T	460
A.DE.x.BEN	---AT-C---A---A---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CAT-TG-GAA-A.....CAGGAACAACCATACTTGGTCAA.....GCAGGAAGTAGCTACTAAGAAACAGCTGAG--T	460
A.DE.x.PET2_KR_KRCG	---C---A---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATT-A-T-A...AGA.CAGGAACAGCTATATTTGGTCAGAACAGGAAGTAGATGA.....TGA--T	441
A.GH.x.GH1	0
A.GM.87.D14	0
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	0
A.GM.x.MCN13	0
A.GM.x.MCR35	0
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	---AC---A-T---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATT-A-T-A...GGGCAGGAACAACCATAACATGCCCAGGGCAGGAAGTAGCTACTG.....AAAACAGCTGAG--T	471
A.GW.87_CAM2CG	0
A.GW.x.MDS	---AC---A---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATT-A-T-A...GGGCAGGAACAACCATAACATGCCCAGGGCAGGAAGTAGCTACTG.....AAAACAGCTGAG--T	471
A.IN.07.NNVA	---T-AC---A---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATT-A-T-A...GGGCAGGAACAACCATAACATGCCCAGGGCAGGAAGTAGCTACTG.....AAAACAGCTGAG--T	471
A.IN.95.CR1K_147	---T-AC---A---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATT-A-T-A...GGGCAGGAACAACCATAACATGCCCAGGGCAGGAAGTAGCTACTG.....AAAACAGCTGAG--T	471
A.PT.x.ALI	---C---A-T---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATT-A-T-A...GGGCAGGAACAACCATAACATGCCCAGGGCAGGAAGTAGCTACTG.....AAAACAGCTGAG--T	471
A.SN.85.R0D	0
B.CI.88.UC1	---AT-AC---A-G---TGA-AGGCT-A---AA---GA-A-C-AGA--AGGCAAGAG.ACAGCAGCATAAA.CAGGAAGTAGCTGACACT..GCACAAG.AGGGAAACTAGCTGAC--C	464
B.CI.x.20_56	---G-AC---A---TGG-AGGCT-A---AA---GA-A-C-AGA--AGGCAAGAG.ACAGCAGCATAAA.CAGGAAGTAGCTGACACT..GCACAAG.AGGGAAACTAGCTGAC--C	464
B.CI.x.EHD	---AA-C---A---TGG-AGGCT-AA-G-G-AA---AA-A-C-AGAG-AG.ACAGGAATAACAGCAAAAGAGGAACTAGCTAACACTG..CATA.GAGAAGGAAACTAGCTGAT--T	464
B.GH.86.D205_ALT	---G-AC---A---TGG-AGGCT-A---AA---GA-A-C-AGAT-AGGCAAGAG.ACAGCAGCATAAA.CAGGAAGTAGCTGACACT..GCACAAG.AGGGAAACTAGCTGAC--C	467
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1	0
G.CI.92.Abt96	0
AB.CM.03.03CM_510_03	0
H2_01_AB.CI.90.7312A	---AT-AC---A-G-A---TGG-AGGCT-A---AA---A-A-C-AGAG-AGACAGGAAAGCAGCAGCATAAA.GAGGAAGTAGCTGACGCT..GCATAAGAAAGGAAACTGGTGAC--T	468
H2_01_AB.JP.04.04JP_NMC307	---AT-RC---A-G-A---TGG-GGCT-AA-G-AA---A-A-C-AGAG-AGACAGGAAAGCAGCAGCATAAA.GRGAAGTAGCTGACGCT..GCATAAGAAAGGAAACTGGTGAC--T	467
H2_01_AB.JP.07.07JP_NMC716	---AW-C---A-G-A---TGG-GGCT-AA-G-AA---A-A-C-AGAG-AGACAGGAAAGCAGCAGCATAAA.GGGGAAGTAGCTGACGCT..GCATAAGAAAGGAAACTGGTGAC--T	469
H2_01_AB.JP.08.08JP_NMC842	---AA-C---AA-G-A---TGG-AGGCT-A---G-AA---A-A-C-AGAG-AGACAGGAA.GACAGCAGCATAAAGGGGAACTAGCTGACACT..GCATAAGAAAGGAAACTGGTGAC--T	469
U.FR.96.12034	0
MAC.US.x.17EC1	425
MAC.US.x.17EFR	425
MAC.US.x.1917	0
MAC.US.x.2065	0
MAC.US.x.251_1A11A-A.....G.....	425
MAC.US.x.251_32H_PJ5C.....G.....	425
MAC.US.x.251_BK28G.....G-T.....	424
MAC.US.x.80035	0
MAC.US.x.81035	0
MAC.US.x.85013	0
MAC.US.x.87082	0
MAC.US.x.92050	0
MAC.US.x.92077	0
MAC.US.x.93057	0
MAC.US.x.93062	0
MAC.US.x.95058	0
MAC.US.x.95086	0
MAC.US.x.95112	0
MAC.US.x.96016	0
MAC.US.x.96020	0
MAC.US.x.96072	0
MAC.US.x.96081	0
MAC.US.x.96093	0
MAC.US.x.96114	0
MAC.US.x.96123	0
MAC.US.x.96135	0
MAC.US.x.97009	0
MAC.US.x.97074	0
MAC.US.x.MM142_IVMXX	0
MAC.US.x.SM142_patent	0
MAC.US.x.r80025	0
MAC.US.x.r90131	0
MNE.US.82.MNE_8	0
MNE.US.x.MNE027	0
SMM.-.pE660_CG7G	---A-T---A-AG---A---A---AA---G	425
SMM.CI.SIVsmCI2	0
SMM.LR.SIVsmL1B1	0
SMM.SL.SIVsmSL92A	0
SMM.US.CFU212	0
SMM.US.D215	0
SMM.US.FTg	0
SMM.US.G078	0
SMM.US.G932	0
SMM.US.M919	0
SMM.US.M922	0
SMM.US.M923	0
SMM.US.M926	0
SMM.US.M934	0
SMM.US.M935	0
SMM.US.M940	0
SMM.US.M946	0
SMM.US.M947	0
SMM.US.M949	0
SMM.US.M950	0
SMM.US.M951	0
SMM.US.M952	0
SMM.US.SIVsmE660-FL10	---T---GTAA-AG---A---A---AA---G	426
SMM.US.x.F236_H4	---T---A-AG---A---A---AA---G	424
SMM.US.x.H9	0
SMM.US.x.PBJ14_15	---T---A---GCAG---T-A-A---A-AA-A---GACAGCAGGGACTTTCCACAAA.....GGACAGCAGGGACTTTCCACAAA.....G	202
SMM.US.x.PBJA	---T---A---GCAG---T-A-A---A-AA-A---GACAGCAGGGACTTTCCACAAA.....GGACAGCAGGGACTTTCCACAAA.....G	202
SMM.US.x.PBJ_143	---T---A---GCAG---T-A-A---A-AA-A---GACAGCAGGGACTTTCCACAAA.....GGACAGCAGGGACTTTCCACAAA.....G	395
SMM.US.x.PBJ_6P6	---T---G---A-AG---T-A-A---A-AA-A---GACAGCAGGGACTTTCCACAAA.....GGACAGCAGGGACTTTCCACAAA.....G	351
SMM.x.PGMS3	---T---G---A-AG---T-A-A---A-AA-A---GACAGCAGGGACTTTCCACAAA.....GGACAGCAGGGACTTTCCACAAA.....G	439
SMM.US.x.SME543	---T---A-AG---A-TA---A---AA---ACGCAAGAGGCTCTTAAGATGGCTGACAAGAA.....GAAACAGCTGAG	98
STM.US.89.STM_37_16	98

	NF-κ-B1	TATA Box	5' LTR U3 end	5' LTR R repeat begin	TAR element start	+1 mRNA start site	
CAA.GGGGATGTTAC..GGGGAGGTACTGGGAGGAGCCGGTCGGGAACGCCACTTCTTGATGTATAAATATCACTGCATTTCGCTCTGTATTCC...AGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGAGCCTGG							589
A.CI.88.UC2	G-----C--A--CAA-----G-AT-----T--G-----T-A-A--AC-----G-AC-C-T-CC--A-----T...-C-----C-----C-----C-----C-----C-----						626
A.DE.x.BEN	G-----C--A--CAA-----G-AT-----T--G-----T-A-A--AC-----G-AC-C-T-C-T--AT-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----						626
A.DE.x.PET2_KR_KRCG	G-----C--A--CA-----G-GT-----A--G-----T-A-A.C-TC-----G-AC-C-TGC-T--AT-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----						606
A.GH.x.GH1						71
A.GM.87.D14						71
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85						71
A.GM.x.MCN13						71
A.GM.x.MCR35						71
A.GW.86.FG_clone_NIHZ						70
A.GW.87_CAM2CG	G-----C--AC-AG-----G-TAT-----T--G-----T-A-A-C-TC-----TCAC-C-TGC-T--AT--C-T-C-----C-----C-----						637
A.GW.x.MDS	G-----C--A--CA-----G-AT-----T--G-----T-A-ATC-TC-----G-AC-C-TGC-T--AT--C-T-C-----C-----AG...C-----T-----						623
A.IN.07.NNVA	G-T-----C--A--CA-----G-AT-----T--G-----T-A-ATC-TC-----G-AC-C-T--T--AT--C-T-C-----C-----						372
A.IN.95.CR1K_147	G-----C--A--CA-----A-G-AT-----T--G-----T-A-A.C-CC-----G-AC-C-TGC-T--AT-----G-----						622
A.PT.x.ALI						71
A.SN.85.ROD	A-----A--C--A--AT-----G-AT-----TT--T-----T-AAA-CTC-----G-AC-C-T-C-T--AT-----C-----C-----						629
B.CI.88.UC1	AT-----CA--A--AA-----A-AT-----T--G-----T-AAAAATC-----G-AC-C-T-CT--AT--AC-----C-----C-----						627
B.CI.x.20_56	G-----C--A--AGT-----G-AT-----A--GA-----TCAAGACTC-----G-AC-C-T-GT--AT-----C-----C-----						629
B.GH.86.D205_ALT	A-----A--C--A--AT-----AG-AA-----G-TT--T-----T-AAA-CTC-----G-AC-C-T-C--AT-----C-----C-----						632
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1						0
G.CI.92.Abt96						0
AB.CM.03.03CM_510_03						0
H2_01_AB.CI.90.7312A	G-----C--A--AGT-----G-AT-----TT--G-----T-AAGCCTC-----G-AC-C-T-C-T--AT-----C-----C-----						634
H2_01_AB.JP.04.04JP_NMC307	G-----C--A--AGT-----G-AT-----TT--CG-----T-AAT-CTC-----R-AC--T-C-T--AT-----C-----C-----						633
H2_01_AB.JP.07.07JP_NMC716	G-----C--A--AGT-----G-AT-----TT--G-----T-AAT-CTC-----G-AC-Y-T-C-T--AT-----C-----C-----						635
H2_01_AB.JP.08.08JP_NMC842	G-----C--A--AGT-----G-AT-----TT--G-----T-AAT-CTC-----G-AC-C-T-C-T--AT-----C-----C-----						635
U.FR.96.12034						122
MAC.US.x.17EC1						589
MAC.US.x.17EFR						589
MAC.US.x.1937						0
MAC.US.x.2065						0
MAC.US.x.251_1A11						588
MAC.US.x.251_32H_PJ5						589
MAC.US.x.251_BK28						577
MAC.US.x.80035						0
MAC.US.x.81035						0
MAC.US.x.85013						0
MAC.US.x.87082						0
MAC.US.x.92050						0
MAC.US.x.92077						0
MAC.US.x.93057						0
MAC.US.x.93062						0
MAC.US.x.95058						0
MAC.US.x.95086						0
MAC.US.x.95112						0
MAC.US.x.96016						0
MAC.US.x.96020						0
MAC.US.x.96072						0
MAC.US.x.96081						0
MAC.US.x.96093						0
MAC.US.x.96114						0
MAC.US.x.96123						0
MAC.US.x.96135						0
MAC.US.x.97009						0
MAC.US.x.97074						0
MAC.US.x.MM142_IVMXX						71
MAC.US.x.SM142_patent						71
MAC.US.x.r80025						0
MAC.US.x.r90131						0
MNE.US.82.MNE_8						71
MNE.US.x.MNE027						71
SMM.-.pE660_CG7G	-----C--C--T-----T--CT-----AT-CTC-----A-----						588
SMM.CI.SIVsmCI2						0
SMM.LR.SIVsmL1B1						70
SMM.SL.SIVsmSL92A	-----A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----						0
SMM.US.CFU212						0
SMM.US.D215						0
SMM.US.FTg						0
SMM.US.G078						0
SMM.US.G932						0
SMM.US.M919						0
SMM.US.M922						0
SMM.US.M923						0
SMM.US.M926						0
SMM.US.M934						0
SMM.US.M935						0
SMM.US.M940						0
SMM.US.M946						0
SMM.US.M947						0
SMM.US.M949						0
SMM.US.M950						0
SMM.US.M951						0
SMM.US.M952						0
SMM.US.SIVsmE660-FL10	-----C--C-T-----T--CT-----AT-CTC-----A-----						589
SMM.US.x.F236_H4	-----C--C-T-----T--CT-----AT-CTC-----CA-----						586
SMM.US.x.H9						72
SMM.US.x.PBJ14_15	-----A-----C-----C-----CT-----G-AT-CTC-----CA-----A-----						366
SMM.US.x.PBJA	-----A-----C-----C-----CT-----G-AT-CTC-----CA-----A-----						366
SMM.US.x.PBJ_143	-----A-----C-----C-----CT-----G-AT-CTC-----CA-----A-----						72
SMM.US.x.PBJ_6P6	-----A-----C-----C-----CT-----G-AT-CTC-----CA-----A-----						559
SMM.US.x.PGMS3	-----A-----C-----T-----T--CT-----C-----G-----G-C-----C-----						515
SMM.US.x.SMES43	-----A-----C-----T-----T--CT-----C-----G-----G-----G-----C-----						602
STM.US.89.STM_37_16	-----C--A--A-----GA-GTACT-----T--G-----TT--A--TC-----CA--C--T-A-A-----A-----						262

Gag and Gag-Pol start

MAC. US. x. 239TAATAAGATAGAGTGGGAG.	ATGGGCTGTAGAACTCCGCTTGTTCAGGGAAAGAAAGCAGATGAATTAGAAAAATAGGCTACACCCCAACGGAAAGAAAAAGTACATGTTGAAGCATGTAGTATGGGCAGCAAATGAATTAGATAGATTGGATTAGCAGAAA	1197
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 Y M L K H V V W A A N E L D R F G L A E	
A.CI.88.UC2GA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	1247
A.DE.x.BENGA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	1245
A.DE.x.PE12 KR KRCCGA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	1215
A.GH.x.GH1GA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	688
A.GM.87.D194GA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	691
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85GA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	691
A.GM.x.MCN13GA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	692
A.GM.x.MCR35GA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	692
A.GW.86.F6 clone NIHZGA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	691
A.GW.87.CAN2CGGA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	1256
A.GW.x.MDSGA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	691
A.IN.07.NNVAGA-GA...TT.....C-AG--A-G-C.....	1241
A.IN.95.CR1K 147GA-GA...TT.....C-AG--A-G-C.....	992
A.PT.x.AL1GA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	1240
A.SW.85.RODGA-G...TT.....C-AG--A-G-C.....	690
B.CI.88.UC1GGCA.TA.....C-G--A-A-C.....	1228
B.CI.x.20.56GG-CA.TA.....C-GG--A-A-C.....	1226
B.CI.x.EHOGG-CA.TA.....C-GG--A-A-C.....	1224
B.GH.86.D205 ALTGGGCA.TA.....C-GGG--A-A-C.....	1223
B.JP.01.KR020 IMCJ KR020_1GGGCA.TA.....C-GGG--A-A-C.....	369
G.CI.92.Abt96AGG-GA...T.....C-G-G-C.....	610
AB.CM.03.03CM 510 03GGGCA.TA.....C-GG--A-A-C.....	362
H2 01 AB.CI.90.7312AGGGCA.TA.....C-GG--A-A-C.....	1229
H2 01 AB.JP.04.043P NMC307GGGCA.TA.....C-GG--A-A-C.....	1226
H2 01 AB.JP.07.073P NMC716GG-CA.TA.....C-GG--A-A-C.....	1230
H2 01 AB.JP.08.083P NMC842GG-CA.TA.....C-GG--A-A-C.....	1228
U.FH.96.12034AGG-GT...TT.....C-G-G-T.....	726
MAC. US. x. 17EC1			1197
MAC. US. x. 17EER			1197
MAC. US. x. 1937			303
MAC. US. x. 2065			303
MAC. US. x. 251 1A11			1196
MAC. US. x. 251 32H PJ5			1198
MAC. US. x. 251 BK28			1185
MAC. US. x. 80035			303
MAC. US. x. 81035			304
MAC. US. x. 85013			237
MAC. US. x. 87082			274
MAC. US. x. 92050			297
MAC. US. x. 92077			304
MAC. US. x. 93057			302
MAC. US. x. 93062			289
MAC. US. x. 95058			291
MAC. US. x. 95086			160
MAC. US. x. 95112			293
MAC. US. x. 96016			304
MAC. US. x. 96020			296
MAC. US. x. 96072			308
MAC. US. x. 96081			306
MAC. US. x. 96093			304
MAC. US. x. 96114			299
MAC. US. x. 96123			193
MAC. US. x. 96135			289
MAC. US. x. 97009			172
MAC. US. x. 97074			172
MAC. US. x. MM142 IVMXX			695
MAC. US. x. SMM142 patent			695
MAC. US. x. r80025			160
MAC. US. x. r90131			303
MNE. US. 82.MNE 8			677
MNE. US. x.MNE027			677
SMM. - pE660.CG7G			1195
SMM. CI. SIVsmCI12			282
SMM. LR. SIVsmL1B1			637
SMM. SL. 92.SL92B			290
SMM. SL. SIVsmSL92A			449
SMM. US. CFU212			457
SMM. US. D215			470
SMM. US. FT0			463
SMM. US. G078			455
SMM. US. G932			460
SMM. US. M919			461
SMM. US. M922			460
SMM. US. M923			460
SMM. US. M924			458
SMM. US. M934			461
SMM. US. M935			463
SMM. US. M940			459
SMM. US. M946			460
SMM. US. M947			451
SMM. US. M949			459
SMM. US. M950			460
SMM. US. M951			459
SMM. US. M952			1196
SMM. US. SIVsmE660-FL10			1193
SMM. US. x.F236_H4			679
SMM. US. x.H9			973
SMM. US. x.PB114_15			972
SMM. US. x.PB1A			679
SMM. US. x.PB1_143			1165
SMM. US. x.PB1_6P6			1123
SMM. US. x.PGM53			1209
SMM. US. x.SME543			853
STM. US. 89.STM_37_16			

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, Pol, A.CI.88.UC2) and sequence alignments. The table shows multiple rows of sequence data with gaps and specific nucleotide characters (A, C, G, T) aligned across different entries. The rightmost column contains numerical values, likely representing sequence positions or identifiers.

MAC. US. x. 239	AAAAAGAAAGATAGTTCATTAAGAGAAATCTGT...GAAAGATGAAAGGATGGTCAGTTGGAGGAAGCTCCCGACCAATCCATCAACACCCCCACATTTTGCTATAAAGAAAAAGGATAAGAACAAATGGGAAGTCTGATAGATTTTAGGGAACATAATAGGG	3098
Pol	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 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	
A.CI.88.UC2	AG-AA-AG-G-A-G-C-AC-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-C-A-T-G-A-A-A-T-A	3181
A.DE.x.BEN	G-A-AA-C-A-G-A-A-G-C-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-C-A-T-G-A-A-A-T-A	3181
A.DE.x.PE12 KR KRCC	AA-AG-C-A-G-A-A-G-A-C-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-C-A-T-G-A-A-A-T-A	3149
A.GH.x.GH1	G-A-AA-C-A-G-T-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-C-A-T-G-A-A-A-T-A	2625
A.GM.87.D194	AA-C-A-G-T-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-C-A-T-G-A-A-A-T-A	2625
A.GM.x.ISY SBL 6669_85	A-AA-C-A-G-T-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-C-A-T-G-A-A-A-T-A	2622
A.GM.x.MCN13	A-AG-C-A-G-T-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-C-A-T-G-A-A-A-T-A	2626
A.GM.x.MCR35	A-AG-C-A-G-T-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-C-A-T-G-A-A-A-T-A	2626
A.GW.86.FG clone NIHZ	AA-C-A-G-T-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-C-A-T-G-A-A-A-T-A	3119
A.GW.87.CAN2CG	AA-C-A-G-T-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-C-A-T-G-A-A-A-T-A	3190
A.GW.x.MDS	A-AA-C-A-G-T-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-C-A-T-G-A-A-A-T-A	2625
A.IN.07.NNVA	A-AG-AG-G-T-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-GA-C-T-G-A-A-A-T-A	3175
A.IN.95.CR1K 147	A-AA-A-G-A-G-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T	2926
A.PT.x.AL1	A-AG-C-A-G-T-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-G-C-A-T-G-A-A-A-T-A	3174
A.SW.85.ROD	AA-C-A-G-T-C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T-A-T-C-G-C-A-T-G-A-A-A-T-A	2627
B.CI.88.UC1	T-G-CC-AG-T	3161
B.CI.x.20 56	C-C-CC-AG-T	3157
B.CI.x.EH0	G-A-C-CC-A-T	3152
B.GH.86.D205 ALT	C-GG-C-CC-A-T	3157
B.JP.01.KR020 IMCJ KR020 1	C-G-CC-T-A-G-GA-A-A-G-AC-A-G-T	2304
G.CI.92.Abt96	T-G-A-CAA-C-C-G-T-C-A-C-A-G-A-A-A-A-C-T-G-T-A-C-A-C-G-C-A-T-A-C-C-A-T-C	2508
AB.CM.03.CM 510 03	C-GG-R-C-A-CC-Y-A-R-G-G-A-A-A-A-T	2293
H2 01 AB.CI.90.7312A	T-C-G-CC-T-G-A-A-G-G-C-A-A-AT-T	3163
H2 01 AB.JP.04.043P NMC307	T-C-G-CC-T-G-A-A-G-G-C-A-A-AT-T	3160
H2 01 AB.JP.07.073P NMC716	T-G-G-C-G-CC-T-G-A-A-G-G-C-A-A-AT-T	3164
H2 01 AB.JP.08.083P NMC842	T-C-G-CC-T-G-A-A-G-G-C-R-A-A-T	3162
U.FH.96.12034	T-G-AT-AA-A-G-A-G-A-G-A-A-A-A-C-T	2663
MAC. US. x. 17EC1		3098
MAC. US. x. 17EER		3098
MAC. US. x. 1937		2204
MAC. US. x. 2065		2204
MAC. US. x. 251 1A11		3097
MAC. US. x. 251 32H PJ5		3099
MAC. US. x. 251 BK28		3074
MAC. US. x. 80033		2204
MAC. US. x. 81035		2205
MAC. US. x. 85013		2138
MAC. US. x. 87082		2175
MAC. US. x. 92950		2198
MAC. US. x. 92977		2205
MAC. US. x. 93057		2203
MAC. US. x. 93062		2190
MAC. US. x. 95058		2192
MAC. US. x. 95086		2061
MAC. US. x. 95112		2194
MAC. US. x. 96016		2205
MAC. US. x. 96020		2197
MAC. US. x. 96072		2209
MAC. US. x. 96081		2207
MAC. US. x. 96093		2205
MAC. US. x. 96114		2200
MAC. US. x. 96123		2094
MAC. US. x. 96135		2190
MAC. US. x. 97009		2073
MAC. US. x. 97074		2073
MAC. US. x. MM142 IVMX		2584
MAC. US. x. SMM142 patent		2584
MAC. US. x. r80025		2061
MAC. US. x. r90131		2204
MNE. US. 82.MNE 8		2566
MNE. US. x. MNE027		2566
SMM. - pE660_CG7G		3087
SMM. CI. SIVsmC12		2218
SMM. LR. SIVsmL1B1		2177
SMM. SL. 92_SL92B		2529
SMM. SL. SIVsmSL92A		2179
SMM. US. CFU212		2344
SMM. US. D215		2352
SMM. US. FT9		2380
SMM. US. G078		2358
SMM. US. G932		2347
SMM. US. M919		2352
SMM. US. M922		2353
SMM. US. M923		2352
SMM. US. M924		2352
SMM. US. M934		2350
SMM. US. M935		2353
SMM. US. M940		2358
SMM. US. M946		2351
SMM. US. M947		2352
SMM. US. M949		2346
SMM. US. M950		2351
SMM. US. M951		2355
SMM. US. M952		2351
SMM. US. SIVsmE660-FL10		3088
SMM. US. x. F236_H4		3085
SMM. US. x. H9		2571
SMM. US. x. PB114 15		2865
SMM. US. x. PBJA		2864
SMM. US. x. PB. 143		2571
SMM. US. x. PB. 6P6		3057
SMM. US. x. PGM53		3015
SMM. US. x. SME543		3101
STM. US. 89. STM_16		2745

MAC.US.x.239
PoI
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR.KRCC
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY.SBL.6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG.clone.NIHZ
A.GW.87.CAN2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K.147
A.SW.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205.ALT
B.JP.01.KR020.IMCJ.KR020.1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM.510.03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.043JP.NMC307
H2.01.AB.JP.07.073JP.NMC716
H2.01.AB.JP.08.083JP.NMC842
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EER
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80033
MAC.US.x.81035
MAC.US.x.85013
MAC.US.x.87082
MAC.US.x.92950
MAC.US.x.92977
MAC.US.x.93057
MAC.US.x.93062
MAC.US.x.95058
MAC.US.x.95086
MAC.US.x.95112
MAC.US.x.96016
MAC.US.x.96020
MAC.US.x.96072
MAC.US.x.96081
MAC.US.x.96093
MAC.US.x.96114
MAC.US.x.96123
MAC.US.x.96135
MAC.US.x.97009
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MAC.US.x.SMM142.patent
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.-.pE660.CG7G
SMM.CI.SIVsmC12
SMM.LR.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SL92B
SMM.SL.SIVsmSL92A
SMM.US.CFU212
SMM.US.D215
SMM.US.FT0
SMM.US.G078
SMM.US.G932
SMM.US.M919
SMM.US.M922
SMM.US.M923
SMM.US.M924
SMM.US.M934
SMM.US.M935
SMM.US.M940
SMM.US.M946
SMM.US.M947
SMM.US.M949
SMM.US.M950
SMM.US.M951
SMM.US.M952
SMM.US.SIVsmE660-FL10
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14.15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

TCTACTCAGGACTTTACGGAAAGTCCAATTAGGAATACACACCCCTGCAGGACTAGCAAAAAGGAAAAGAAATTACAGTACTGGATATAGGTGATGCATATTTCCATACCTCTAGATGAAGAATTTAGGCACTGCTCTTACTTTACCATCAGTAAATAATGCAGAG
R V T Q D F T E V Q L G I P H A P 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
-G - A - T - C - A - A - T - GC - T - C - A - A - G - G - T - A - G - G - C - C - T - A - T - T - C - T - A - A - CC - G - C - T - A - 3351
-A - A - T - C - A - A - T - GC - T - G - T - C - A - A - G - G - CT - TA - T - A - G - G - C - C - T - A - C - C - T - A - T - A - CC - G - C - A - 3351
-A - A - G - C - A - A - T - G - T - A - T - C - G - AA - G - G - T - A - G - G - C - C - T - A - C - G - C - A - A - T - A - C - A - G - C - 3319
-G - A - T - C - A - A - T - GC - T - G - T - C - A - A - G - G - C - T - A - G - G - C - C - T - A - C - G - C - A - A - T - A - C - A - G - C - 2795
-G - A - T - C - A - A - T - GC - T - G - T - C - A - A - G - G - C - T - A - G - G - C - C - T - A - C - T - A - T - A - C - CC - G - C - 2795
-A - A - T - C - A - G - T - G - T - A - T - C - G - AA - G - G - T - GT - A - G - A - C - C - T - G - T - A - T - A - C - G - C - 2792
-A - A - T - C - A - A - T - G - T - A - T - G - C - G - AA - G - G - T - A - A - G - G - T - C - T - A - C - C - A - T - A - T - A - C - 2796
-A - A - T - C - A - A - T - G - T - A - T - G - C - G - AA - G - G - T - A - A - G - G - T - C - T - A - C - C - A - A - T - A - T - A - C - 2796
-A - A - T - C - A - A - T - G - T - A - T - G - C - A - G - G - T - A - A - G - G - T - C - T - A - C - G - C - A - A - T - A - C - C - 2789
-A - C - A - T - C - A - A - T - G - T - A - T - C - A - G - G - T - A - A - G - G - T - C - T - A - C - G - C - A - A - T - A - C - C - 3360
-A - A - T - C - A - A - T - G - T - A - G - C - G - A - G - G - T - A - A - G - G - T - C - T - A - C - G - C - A - A - T - A - C - C - 2795
-T - G - C - A - A - T - GC - T - G - T - G - C - G - AA - G - G - C - T - A - G - G - G - C - T - A - G - C - G - C - A - A - T - A - C - G - G - 3345
-A - A - T - C - A - A - T - G - T - A - T - G - C - G - A - G - G - C - T - A - G - G - G - T - C - T - A - G - C - C - A - A - T - A - C - G - 3096
-A - A - T - C - A - GA - T - G - G - T - A - T - G - C - G - AA - G - G - C - T - G - A - G - G - T - C - T - A - GC - GAGC - A - T - A - C - 3344
-A - A - T - C - A - A - T - G - T - A - T - G - C - G - AA - G - G - T - C - T - A - GC - G - C - A - CA - T - A - C - 2797
-G - C - A - A - A - C - G - T - T - C - G - G - G - AA - GG - A - A - A - G - G - A - C - C - AGT - C - A - C - C - A - C - A - T - A - A - C - G - A - C - 3332
-A - C - A - A - A - GC - G - T - T - C - G - T - G - G - AA - GG - A - A - A - G - G - A - C - C - AGT - C - A - C - C - C - A - T - A - A - C - G - G - A - C - 3327
-A - C - A - A - A - G - GC - G - T - T - A - A - G - TC - A - A - A - G - A - C - C - AGT - C - A - C - C - C - A - A - T - A - A - C - G - G - 3322
-A - C - A - C - A - C - G - T - T - C - G - G - G - AA - GG - A - A - A - G - G - A - C - C - AGT - C - A - C - C - A - C - A - T - A - A - C - G - 3324
-A - C - A - A - A - GC - G - C - T - C - G - G - G - A - A - A - A - A - G - A - C - C - AGT - C - A - C - C - T - C - A - A - T - A - A - C - G - 2474
-A - C - T - G - G - C - T - TT - G - G - AA - GG - A - A - A - G - G - A - C - C - AG - T - T - T - C - A - T - C - C - 2678
-A - C - C - A - R - G - T - C - G - GT - G - G - AA - GG - A - A - A - G - G - A - C - C - AGT - C - A - C - C - R - Y - C - A - T - A - A - C - Y - G - AC - C - YA - 2463
-A - C - A - A - A - R - GC - T - T - C - G - G - G - AA - GG - A - GA - A - G - A - C - C - AGT - C - A - C - C - C - C - A - T - A - A - C - G - A - 3333
-A - C - A - A - R - GC - T - T - C - R - T - G - G - AA - GG - AT - A - G - A - C - C - AGT - C - A - C - C - C - C - A - A - T - A - A - C - R - A - 3330
-A - C - A - T - A - R - GC - T - T - C - A - GT - G - G - AA - GG - AT - A - G - A - C - C - AGT - C - A - C - C - C - C - R - A - T - A - A - C - 3322
-A - C - A - R - GC - T - T - C - A - G - G - G - AA - GG - AT - A - G - A - C - C - AGT - C - A - C - C - C - R - A - T - A - A - C - 3322
-A - A - T - GT - G - T - C - A - TG - G - AA - G - G - A - T - A - G - G - C - C - AG - C - G - GTG - C - C - A - T - T - CA - T - 2833

3268
3268
3274
3274
3267
3269
3244
3274
2375
2375
2373
2360
2362
2321
2364
2375
2367
2379
2377
2375
2370
2264
2360
2243
2343
2754
2754
2231
2374
A 2736
A 2736
A 3257
A 2388
A 2347
A 2699
A 2349
A 2514
A 2529
A 2528
A 2517
A 2522
A 2523
A 2529
A 2522
A 2520
A 2523
A 2528
A 2521
A 2521
A 2516
A 2521
A 2525
A 2521
A 2528
A 3255
A 2741
A 3035
A 3034
A 2741
A 3227
A 3185
A 3271
A 2915

MAC. US. x. 239	CCAGGAAACGATACATTTATAAGGTTCTGCCTCAGGATGGAAGGGGTACCAGCCATCTTCCAATACACTAGACACATGTGTAGAACCCTTCAGGAAGGCAAATCCAGATGTGACCTTAGTCCAGTATATGGATGACATCTTAATAGCTAGTGACAGCAGACCT	3438
Pol	E P G K R Y I Y K V L P Q G W K G S P A I F O Y T M R H V L E P F R K A N P D V T L V Q Y M D D I L I A S D R T D	
A. CI. 88. UC2A.....CTA-A-A-G.....A.....T-T-T-A.....G-GA-CT.....T-A-A-C.....C-T-C-CA.....C.....A-G-TT	3521
A. DE. x. BENA.....T-A.....A-CT-A-A-A.....A.....A-T-T-T-A.....G-G-CT.....T-A-A-C.....C-TTC-CA.....C.....GTT	3521
A. GH. x. PEI2 KR KRCCA.....T-A.....A-C-A-A-A.....A-G.....A-T-T-C.....A.....G-G-CT.....G-A.....C.....C-TTC-C.....A.....C.....	3489
A. GH. x. GH1A.....T-A.....A-CT-A-A-A.....A.....A-T-T-C.....A.....G-G-CT.....T-A-A-C.....C-TTC-CA.....A.....GTT	2965
A. GM. 87. D194A.....TG-A.....CT-A-A-A.....A.....A-T-T-C.....T-TG.....G-AA-CT.....T-A-A-C.....C-TTC-CA.....A.....G-TT	2965
A. GM. x. ISY_SBL 6669_85A.....T-A-C-A-CT-A-A.....A.....A-T-T-T.....A.....G-A-CT.....A-A-A-C.....C-TTA-C-T.....C.....T-T	2962
A. GM. x. MCN13A.....T-A.....C.....A.....A-T-T-T.....A.....G-G-CT.....A-A-A-C.....C-TTA-CA-T.....C.....T-C	2966
A. GM. x. MCR35A.....T-A.....C-A-A-A.....A.....A-T-T-T.....A.....G-G-CT.....A-A-A-C.....C-TTA-CA-T.....C.....T-C	2966
A. GW. 86. FG clone NIHZA.....T-A-C-A-C-A-A.....G.....A.....A-T-T-G.....A.....G-GA-CT.....A-A-A-CGAG.....C-TTA-CA-T.....C.....C-C	3530
A. GW. 87. CAN2CGA.....T-A.....A-CT-A-A.....G.....A.....A-T-T-G.....A.....G-G-CT.....G-A.....C.....C-TTA-CA-T.....C.....T	3530
A. GW. x. MDSA.....T-A-A-CT-A-A.....A.....A-T-T-T.....A.....G-TT.....A-A-A-C.....C-AG.....C-TTA-CA-T.....C.....T	2965
A. IN. 07. NNVAA.....T-A-C-CT-A-A.....A.....A-T-T-T.....A.....GA-GA-CT.....G-A-A-A.....C-AG.....C-TTA-CA-T-A-C.....T-C	3515
A. IN. 95. CR1K 147A.....T-A-A-CT-A-A.....A.....A-T-T-T.....A.....G-GA-CT.....G-A-A-A.....C-AG.....C-TTA-CA-T.....C.....T	3266
A. PT. x. ALTA.....T-A-A-CT-A-G.....A.....A-T-T-C.....A.....G-AT.....G-A-A-A.....C-AG.....C-TTC-CA-T-A-C.....T	3514
A. SW. 85. RODA.....A-CT-A.....A.....A-T-T-C.....A.....G-AT.....A-A-A-CAGG.....C-TTA-CA-T.....C.....T	2967
B. CI. 88. UC1GA.....A-A-A-A.....C.....A-T-T-T.....T-C.....GA-G-AT.....T-T-A-A.....C-CAGC.....C-TTA-A-T.....C.....C-T-A	3502
B. CI. x. 20 56A.....C-A-A-A-T.....C.....A-T-T-T.....C-G-GA-G-A.....C.....A-A-C-CGAT.....C-A-A-C.....C-TC-TG-G-A.....A-GT-T	3497
B. CI. x. EHOGA.....TC-C-A-A-A.....A-C.....A-T-T-G.....C-GC-A-G-A.....C-T-A-A-C-CAAT.....C-TA-A-C.....C-TC-CG-G-A.....A-GT-T	3492
B. GH. 86. D205 ALTGA.....A-A-A-A-G.....C-AGT-A-T-GT.....T-C.....A-G-AT.....T-T-A-A.....C-CAGC.....C-TTA-A-T.....C.....C-T-A	3494
B. JP. 01. KR020 IMCJ KR020_1A.....C-C-A-A-A-G.....A.....C-AGT-A-T-T.....T-CG-AG-GA-A-A.....C.....A-A-C-GAT.....C-A-C.....C-C-TG-G-A.....A-GC-T	2644
G. CI. 92. Abt96A.....C-C-C-A-A-G.....C.....T.....C-T-A.....GA-G-A.....C.....A-A-C-GAG.....R-A-TTA-YA.....A.....TC-TG-G-C.....A-T-TT	2848
AB. CM. 03. 03CM 510 03GA.....A-A-A-R.....R-C.....A-T-T-T.....T-C.....GA-G-AT.....T-T-A-A-C-CAGC.....C-TA-A-T.....C.....C-T-A	2633
H2 01 AB. CI. 90. 7312AA-G.....A-C-A-A.....A-C.....A-T-T-T.....T-C.....A-G-A-C.....A-G-C-CAAT.....C-A-A-C.....C-C-TG-G-A-C-T-A-GT-T	3503
H2 01 AB. JP. 04. 04JP NMC307A-G.....Y-C-A-A.....A-C.....A-T-T-T.....T-C.....A-G-A-C.....A-C-CAAT.....C-A-A-C.....C-C-TG-R-A-C-T-A-GT-TT	3500
H2 01 AB. JP. 07. 07JP NMC716A-G.....C-C-A-A.....A-C.....A-T-T-T.....T-C.....GA-G-A.....C.....A-C-CAAT.....C-A-A-C.....C-C-TG-G-A-C-T-A-GT-TT	3504
H2 01 AB. JP. 08. 08JP NMC842A-G.....Y-C-A-A.....A-C.....A-T-T-T.....T-C.....GA-G-A.....C.....A-C-CAAT.....C-A-A-C.....C-C-WG-R-A-C-T-A-GT-TT	3502
U. F. 96. 12034A.....C-C-GT.....A-C.....A-A-A-T-T-G-T-A.....GA-CC-A-G-G-A-T-A.....GA-CTGT-A-A-T.....TC-T-C.....T-A-TT	3003
MAC. US. x. 17EC1	3438
MAC. US. x. 17EFR	3438
MAC. US. x. 1937	2544
MAC. US. x. 2065	2544
MAC. US. x. 251 1A11	3437
MAC. US. x. 251 32H PJ5G.....A.....A.....A.....	3439
MAC. US. x. 251 BK28	3414
MAC. US. x. 80035	2544
MAC. US. x. 81035	2545
MAC. US. x. 85013	2478
MAC. US. x. 87082	2515
MAC. US. x. 92050	2538
MAC. US. x. 92077	2545
MAC. US. x. 93057	2543
MAC. US. x. 93062	2530
MAC. US. x. 95058	2532
MAC. US. x. 95086	2401
MAC. US. x. 95112	2534
MAC. US. x. 96016	2545
MAC. US. x. 96020	2537
MAC. US. x. 96072	2549
MAC. US. x. 96081	2547
MAC. US. x. 96093	2545
MAC. US. x. 96114	2540
MAC. US. x. 96123	2434
MAC. US. x. 96135	2530
MAC. US. x. 97009	2413
MAC. US. x. 97074	2413
MAC. US. x. MM142 IVMX	2924
MAC. US. x. SMM142 patent	2924
MAC. US. x. r80025	2401
MAC. US. x. r90131	2544
MNE. US. 82. MNE 8C.....G.....C.....A.....G.....C.....G.....	2906
MNE. US. x. MNE027	2906
SMM. - pE660_CG7GA.....C.....AT-A-A-A-G.....T-T-T-G-T.....A-AT.....T-A-A-C.....C-GA-A-C.....T-A-TT	3427
SMM. CI. SIVsmCI2T-A-G-T-C.....C-A-A-A.....A-A-T-T.....A-T-G-T-C.....GA-G-T.....T-A-A-T-GAG.....CT-TA-CA.....A.....T-A-TT	2558
SMM. LR. SIVsmL1B1GA-G-T-C.....C-A-A-A.....A-A-T-T-A-T.....GGCA-C-G-G-AT.....T-A-A-T-C.....C-TTC-C.....A.....TT-AC-T-GC-A-AGGCCCTAAC	2869
SMM. SL. 92. SL92BA.....C-A-C-A-A-A.....A-C-T.....A-T-T-GC-T-C.....A-CT.....G-A-T-A-T.....A-C-T-T.....C.....TC-G.....T-TT	2519
SMM. SL. SIVsmSL92AA.....T-C-C-A-A-A-G.....A-A-A-T-T-T.....C-T-A.....GG-AT-G.....G-A-T-A-A-C.....C-A-C-A-T.....C-G-C.....A.....T	2684
SMM. US. CFU212A.....C-C-A-A-G.....A-A-A-T.....G.....A-A-A-G-A-T.....A.....C.....A-TC-A-T.....A-C.....T.....T	2692
SMM. US. D215GA-G-TG-G-C-A-CT-A-A-A.....A-A-A-T.....G-T-C-A.....G-AT-G-T.....T-A-A-CC.....A-A-T-GA-T-A-C.....T-G.....C.....T	2720
SMM. US. FT0G.....C-C-CT-A-A-A.....A-A-A-T.....T-G-C.....A-A-G.....C.....A-A-C.....A-A-A-C.....T-A-G-T.....T	2687
SMM. US. G078A.....C-CT-A-A-G-A-A.....A-T-T-GC-T.....A-CT.....T-A-A-C.....C.....C-GA-A-C.....C-T.....T-A-TT	2692
SMM. US. G932A.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-GC-T.....A-CT.....T-A-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	2693
SMM. US. M919A.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-GC-T.....A-CT.....T-A-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	2693
SMM. US. M922A.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-GC-T.....A-CT.....T-A-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	2692
SMM. US. M923A.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-GC-T.....A-CT.....T-A-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	2692
SMM. US. M924G.....C-T.....T-A-A.....A-T-T-GC-C.....A-AT.....T-A-A.....TC-A-A.....C.....G.....C-G.....T	2690
SMM. US. M934A.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-GC-C.....A-CT.....G-T-A-A.....TC-C-C.....A.....G-T-A-C.....T-G.....C.....T	2693
SMM. US. M935G.....G-TG-G-C-A-A-A-A-G.....A-A-A-T-T-GC-T.....A-AT-G-C.....A-A-A-TC-C-C.....A.....G-T-A-C.....T-G.....C.....T	2698
SMM. US. M940G.....C-CT-A-A-A.....A-A-A-T-T-GC-T.....A-AT.....A-A-A-C.....TC-A-A.....C.....C-G.....T-A-TT	2691
SMM. US. M947A.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-GC-T.....A-CT.....T-A-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	2692
SMM. US. M949GA-G-TG-G-C-A-A-A-A-T.....A-A-A-T-T-GC-T.....A-AT-G-C-T-T-A-A-CC-C.....A-A-GA-T-A-C.....T-C-GG-C.....T	2686
SMM. US. M950G-G-T-C.....T-A-A.....A-T-T-GC-C.....A-AT.....T-A-A.....TC-GA-A-C.....T-G.....C.....T	2691
SMM. US. M951GA-G-TG-G-C-A-A-A-A-T.....A-A-T-T-GC-T.....A-G-AAACAT-G-C.....A-A-CC-C.....A.....GA-T-A-C.....T-G.....C.....T	2695
SMM. US. M952G.....C-AT-A-A-T.....A.....A-T-T-GC-T.....C-A-AT.....T-A-A-C.....TC-A-A.....C.....G.....T	2691
SMM. US. SIVsmE660-FL10A.....C-AT-A-A-G.....A-A-A-T-T-G-T.....A-AT.....T-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	3425
SMM. US. x. F236_H4A.....C-AT-A-A-G.....A-A-A-T-T-T-R.....A-AT.....T-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	3425
SMM. US. x. H9A.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-T-R.....A-AT.....T-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	2911
SMM. US. x. PB114_15A.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-T-R.....A-AT.....T-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	3205
SMM. US. x. PBJAA.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-T-R.....A-AT.....T-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	3204
SMM. US. x. PB1_143A.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-T-R.....A-AT.....T-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	2911
SMM. US. x. PB1_6P6A.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-T-R.....A-AT.....T-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	3397
SMM. US. x. PGM53A.....C-AT-A-A-G-A-A.....A-T-T-T-G-T.....A-AT.....T-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	3355
SMM. US. x. SME543A.....C-AT-A-A-G.....A-A-A-T-T-T-G-T.....A-AT.....T-A-A.....C.....C-GA-A-C.....C.....T-A-TT	3441
STM. US. 89. STM_16A.....C-C.....A.....A-A-T-T.....T-A.....A-A-T.....G-A.....GA-C-C.....A-TC-GA-A-C.....T-G.....C.....A-T	3085

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR.KRCC
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY.SBL.6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.F6.clone.NIHZ
A.GW.87.CAN2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K.147
A.INT.x.ALT
A.SW.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205.ALT
B.JP.01.KR020.IMCJ.KR020.1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM.510.03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.043JP.NMC307
H2.01.AB.JP.07.073JP.NMC716
H2.01.AB.JP.08.083JP.NMC842
U.FI.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.81035
MAC.US.x.85013
MAC.US.x.87082
MAC.US.x.92050
MAC.US.x.92077
MAC.US.x.93057
MAC.US.x.93062
MAC.US.x.95058
MAC.US.x.95086
MAC.US.x.95112
MAC.US.x.96016
MAC.US.x.96020
MAC.US.x.96072
MAC.US.x.96081
MAC.US.x.96093
MAC.US.x.96114
MAC.US.x.96123
MAC.US.x.96135
MAC.US.x.97009
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.NM142.IVMXX
MAC.US.x.SMM142.patent
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.-.pE660.CG7G
SMM.CI.SIVsmC12
SMM.LR.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SL92B
SMM.SL.SIVsmSL92A
SMM.US.CFU212
SMM.US.D215
SMM.US.FT0
SMM.US.G078
SMM.US.G932
SMM.US.M919
SMM.US.M922
SMM.US.M923
SMM.US.M924
SMM.US.M934
SMM.US.M935
SMM.US.M940
SMM.US.M946
SMM.US.M947
SMM.US.M949
SMM.US.M950
SMM.US.M951
SMM.US.M952
SMM.US.SIVsmE660-FL10
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14.15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

ATTCCACAAGAGACAGGAAGACAGACAGCACTATTTCGTTAAAATGGCAGGCAGATGGCCATTACACATCTACACACAGATAATGGTCTAACTTGTCTCGCAAGAAGTAAAGATGGTTCATGGTGGCAGGATAGACACACCTTTGGGGTACCATACAATCC
V I P O E T G R Q T A L F 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 N
-C -G -AT -G -G -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -CC -C -CA -A -G -G -A -G -T -T -C -A -AT -A -T -C -C 5045
-C -G -AT -G -G -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -CC -C -CA -A -G -G -G -G -A -T -T -A -AT -A -T -C -C 5045
-C -G -A -G -G -A -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -CC -C -CA -A -G -G -G -G -A -G -A -T -A -AT -A -T -C -C 5013
-C -G -AT -G -G -G -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -CT -C -CA -A -G -G -G -G -G -G -A -T -A -AT -A -T -C -C 4489
-C -G -AT -G -G -G -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -CC -C -CA -A -G -G -G -G -G -G -A -T -A -AT -A -T -C -C 4489
-C -G -AT -G -A -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -G -G -G -A -A -T -C -A -AT -A -T -C -C 4486
-C -G -AT -G -G -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -G -G -A -A -A -T -T -A -AT -T -C -A -T -C -C 4490
-C -G -AT -G -G -G -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -G -G -A -A -A -T -T -A -AT -T -C -A -T -C -C 4490
-C -G -AT -G -G -A -G -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -G -G -A -A -A -T -T -A -AT -T -C -A -G -T -C -C 4483
-C -G -AT -G -G -G -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -G -G -G -G -A -A -T -T -C -A -AT -A -T -C -C 5026
-C -G -A -G -G -A -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -G -G -A -A -A -T -T -A -AT -A -T -C -C 4489
-C -G -AT -G -G -A -C -C -A -GC -A -TA -T -A -A -C -G -G -A -C -A -A -G -G -A -A -T -T -A -AT -A -T -C -C 5039
A -IN.95.CR1K.147
-C -G -A -G -G -A -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -G -G -G -G -A -A -T -T -A -AT -A -T -C -C 4790
A -INT.x.ALT
-C -G -G -AT -G -A -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -G -TC -C -CA -A -G -G -G -G -A -A -T -T -A -AT -A -T -C -C 5068
A -SW.85.ROD
-C -G -AT -G -A -C -C -A -G -C -A -T -G -A -A -G -CT -G -T -G -TC -C -CA -A -G -G -G -G -A -A -T -T -A -AT -A -T -C -C 4491
B -CI.88.UC1
A -C -A -A -A -T -C -C -A -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -G -G -G -G -CG -C -AT -A -A -C -C -T -C -C 5026
B -CI.x.20.56
-A -C -A -G -A -T -C -C -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -G -G -G -G -G -G -T -A -A -C -C -T -C -C 5021
B -CI.x.EHO
-A -C -A -A -T -C -C -GC -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -T -G -A -CA -C -AT -A -A -A -C -A -G -C -T -C 5016
B -GH.86.D205.ALT
-A -C -A -A -T -C -C -AC -G -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -C -AGT -A -A -C -T -A -A -A -T -A -C -T -C 5018
B -JP.01.KR020.IMCJ.KR020.1
-A -C -A -A -T -C -C -C -CA -T -G -A -A -G -CT -G -C -C -C -CA -A -A -C -G -A -CA -C -AT -AG -A -G -C -A -T -T -C 4168
G -CI.92.Abt96
-C -A -G -A -T -C -C -A -G -C -C -C -T -C -C -C -CA -C -G -G -A -C -T -C -C -AG -A -A -C -C -C 4372
AB -CM.03.03CM.510.03
-A -C -AT -T -C -C -G -CA -R -C -C -G -C -C -C -C -CA -C -A -T -G -A -A -C -T -A -A -G -A -A -C -T -C -C 4157
H2 -01.AB.CI.90.7312A
-A -C -A -A -T -C -C -GC -A -C -C -CT -G -C -C -A -A -A -T -G -T -T -A -A -A -A -C -C -C -C 5027
H2 -01.AB.JP.04.043JP.NMC307
-A -C -A -A -T -C -C -G -C -A -A -C -C -G -C -C -A -C -A -T -G -C -T -T -A -A -AT -A -C -C -C 5024
H2 -01.AB.JP.07.073JP.NMC716
-A -C -A -A -T -C -C -G -GC -A -A -C -C -G -C -C -A -C -A -T -G -C -T -T -A -A -AT -A -C -C 5028
H2 -01.AB.JP.08.083JP.NMC842
-A -C -A -A -T -C -C -G -C -A -A -C -C -G -C -C -A -C -A -T -G -C -T -T -A -A -AT -A -C -C 5026
U -FI.96.12034
-C -G -G -A -T -T -G -A -C -G -C -AC -GC -A -A -G -C -T -T -G -C -CA -A -G -G -A -A -T -T -A -C -T -C 4524
MAC.US.x.17EC1
..... 4962
MAC.US.x.17EFR
..... 4962
MAC.US.x.1937
..... 4068
MAC.US.x.2065
..... 4068
MAC.US.x.251.1A11
..... 4961
MAC.US.x.251.32H.PJ5
..... G C 4963
MAC.US.x.251.BK28
..... C 4938
MAC.US.x.80035
..... 4068
MAC.US.x.81035
..... 4069
MAC.US.x.85013
..... 4002
MAC.US.x.87082
..... 4039
MAC.US.x.92050
..... 4062
MAC.US.x.92077
..... 4069
MAC.US.x.93057
..... 4067
MAC.US.x.93062
..... 4054
MAC.US.x.95058
..... Y 4056
MAC.US.x.95086
..... 3925
MAC.US.x.95112
..... 4058
MAC.US.x.96016
..... 4069
MAC.US.x.96020
..... 4061
MAC.US.x.96072
..... 4073
MAC.US.x.96081
..... 4071
MAC.US.x.96093
..... 4069
MAC.US.x.96114
..... 4064
MAC.US.x.96123
..... 3958
MAC.US.x.96135
..... 4054
MAC.US.x.97009
..... 3937
MAC.US.x.97074
..... 3937
MAC.US.x.NM142.IVMXX
..... A A G 4448
MAC.US.x.SMM142.patent
..... A A G 4448
MAC.US.x.r80025
..... 3925
MAC.US.x.r90131
..... 4068
MNE.US.82.MNE.8
..... A G C 4430
MNE.US.x.MNE027
..... G 4430
SMM.-.pE660.CG7G
-C -G -G -A -A -G -G -A -T -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -C -T -A -G -G -T -T -C 4951
SMM.CI.SIVsmC12
-C -G -G -A -A -G -T -G -A -T -C -C -CT -C -C -A -C -CA -C -A -G -G -A -T -C -A -A -A -C -T -C 4082
SMM.LR.SIVsmL1B1
-G -G -G -A -T -G -C -C -A -T -A -C -C -T -G -C -C -C -C -CA -C -A -G -G -A -T -MAC -A -A -C -T -A -C -T -C 4040
SMM.SL.92.SL92B
-A -TAGG -A -G -T -G -C -C -A -A -TCA -A -AG -T -G -T -C -C -C -T -CA -C -C -G -G -A -T -AG -G -A -GT -A -G -C -C 4393
SMM.SL.SIVsmSL92A
-C -G -A -G -A -CT -G -CT -A -T -CA -G -AG -C -G -T -T -C -A -C -T -CA -T -G -G -G -A -A -AT -A -A -AT -A -G -C -T 4042
SMM.US.CFU212
-T -G -G -A -T -C -C -G -A -T -C -C -G -T -C -C -T -G -T -C -C -T -CA -C -G -G -A -A -T -A -AAT -A -A -C -T -C 4208
SMM.US.D215
-A -G -A -A -T -G -C -G -A -T -C -C -C -G -T -C -C -T -CA -C -G -G -A -A -C -T -A -G -A -G -T -T -C 4216
SMM.US.FT0
-A -G -A -A -T -G -C -G -A -T -C -C -C -G -T -C -C -T -CA -C -G -G -A -A -C -T -A -G -A -G -T -T -C 4244
SMM.US.G078
-C -G -A -A -T -G -C -G -A -CA -G -C -C -C -G -T -C -C -T -CA -C -G -G -A -A -C -T -A -G -G -T -C 4222
SMM.US.G932
-C -G -A -A -G -C -C -A -A -G -G -A -A -C -T -T -T -C -T -A -A -G -G -A -A -C -T -A -G -C -C 4211
SMM.US.M919
-C -G -A -A -G -C -C -A -CA -C -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -G -A -A -C -T -A -G -C -T -T 4216
SMM.US.M922
-C -G -G -A -A -G -C -A -TA -C -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -G -A -A -C -T -T -A -G -G -T -T 4217
SMM.US.M923
-C -G -A -A -G -C -A -CA -C -C -T -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -G -A -A -C -T -T -A -G -G -T -T 4216
SMM.US.M924
-G -A -G -C -A -CA -C -C -C -G -T -T -C -C -C -A -A -G -G -A -C -C -T -A -G -A -C -C 4216
SMM.US.M934
-C -G -G -A -A -G -CT -A -G -C -T -T -C -T -T -T -C -T -CA -A -A -G -G -A -C -C -T -A -G -C -C 4214
SMM.US.M935
-C -G -G -A -A -G -CT -C -G -AA -T -T -C -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -G -A -C -C -T -A -T -A -G -T -T 4217
SMM.US.M940
-C -G -G -A -A -G -CT -A -TA -C -C -C -G -G -G -A -A -C -C -T -A -A -G -A -C -T -A -G -T -T 4222
SMM.US.M946
-C -G -G -A -A -G -CT -A -CA -A -G -C -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -C -T -A -G -G -T -T 4215
SMM.US.M947
-C -G -G -A -A -G -C -A -CA -C -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -C -T -T -A -G -G -T -T 4216
SMM.US.M949
-C -G -G -A -A -T -G -C -A -TA -G -C -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -C -T -A -G -T -G -T -T 4210
SMM.US.M950
-C -G -G -A -A -T -G -CT -A -TA -G -C -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -C -T -A -G -T -C 4215
SMM.US.M951
-C -G -G -A -A -T -G -CT -A -TA -G -C -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -C -T -A -G -T -C 4219
SMM.US.M952
-C -G -G -A -A -T -G -CT -A -TA -G -C -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -C -T -A -G -G -T -T 4215
SMM.US.SIVsmE660-FL10
-C -G -G -A -A -T -G -G -A -T -C -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -C -T -A -G -G -T -T 4950
SMM.US.x.F236.H4
-C -G -G -A -A -T -G -G -A -T -C -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -C -T -A -G -G -T -T 4950
SMM.US.x.H9
-C -G -RG -A -A -CA -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -C -R -T -A -G -R -T -T 4435
SMM.US.x.PBJ14.15
-C -G -G -A -A -G -C -A -CA -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -T -T -A -G -T -T 4729
SMM.US.x.PBJA
-C -G -G -A -A -G -C -A -CA -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -T -T -A -G -R -T -T 4728
SMM.US.x.PBJ.143
-C -GRGG -A -A -G -C -A -CA -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -T -R -T -A -G -R -T -T 4435
SMM.US.x.PBJ.6P6
-C -G -G -A -A -G -C -A -CA -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -T -R -T -A -G -R -T -T 4921
SMM.US.x.PGM53
-C -G -G -A -G -A -G -C -A -TA -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -T -A -T -G -C -T -T 4879
SMM.US.x.SME543
-C -G -G -A -A -G -GC -A -T -C -C -G -T -T -C -T -CA -A -A -G -A -A -T -A -G -A -G -T -T 4965
STM.US.89.STM_37_16
-C -A -G -A -T -G -G -G -A -A -G -C -G -G -G -C -CA -C -G -G -A -A -C -G -A -A -A -A -T -T 4609

MAC.US.x.239
Vif

A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.F6 clone NIHZ
A.GW.87.CAN2C6
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.MT.x.ALT
A.SW.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.KR020 IMCJ KR020_1
G.CI.92.Ab196
AB.CM.03.03CM 510_03
H2_01_AB.CI.90.7312A
H2_01_AB.JP.04.043P NMC307
H2_01_AB.JP.07.073P NMC716
H2_01_AB.JP.08.083P NMC842
U.FI.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17FER
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_32H PJ5
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.80033
MAC.US.x.81035
MAC.US.x.85013
MAC.US.x.87082
MAC.US.x.92050
MAC.US.x.92077
MAC.US.x.93057
MAC.US.x.93062
MAC.US.x.95058
MAC.US.x.95086
MAC.US.x.95112
MAC.US.x.96016
MAC.US.x.96020
MAC.US.x.96072
MAC.US.x.96081
MAC.US.x.96093
MAC.US.x.96114
MAC.US.x.96123
MAC.US.x.96135
MAC.US.x.97009
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MAC.US.x.SMM142 patent
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.-.pE660_CG7G
SMM.CI.SIVsmC12
SMM.LR.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SL92B
SMM.SL.SIVsmSL92A
SMM.US.CFU212
SMM.US.D215
SMM.US.FT0
SMM.US.G078
SMM.US.G932
SMM.US.M919
SMM.US.M922
SMM.US.M923
SMM.US.M924
SMM.US.M934
SMM.US.M935
SMM.US.M940
SMM.US.M946
SMM.US.M947
SMM.US.M949
SMM.US.M950
SMM.US.M951
SMM.US.M952
SMM.US.SIVsmE660-FL10
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB114_15
SMM.US.x.PB3A
SMM.US.x.PB3 T 143
SMM.US.x.PB3_6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

Table with 20 columns of nucleotide sequences (L, Q, K, V, C, Y, V, P, H, F, K, V, G, W, A, W, W, T, C, S, R, V, I, F, P, L, O, 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, I, T, W) and a 20th column of accession numbers. The sequences are aligned, showing conserved regions and variations across different HIV-2/SIV strains.

MAC. US. x. 239	ACTCAAAGAACTTTTGGACAGATGAACACCAAACATGCGACACATTTTACTGCTAGACACTTATTTCCCTTGGCTTTTACAGCGGGAGAAGTGAGAAGGGCCATCAGGGGAGAACAACCTGCTGCTTCTGCTCAGGTTCCGAGAGCTCATAAAGTACCAGGTACCAAGCCTA	5783
Vif	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 L S C C R F P R A H K Y Q V P S L	
A.CI.88.UC2	-TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----G-G-----CC-A-A-----C-----TG-----G-G-A-T-----A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AC-AT-CCA-----AGCA-----TCA-T	5866
A.DE.x.BEN	-TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----CC-A-A-----T-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AC-AT-CCA-----AGCA-----TCA-T	5866
A.GH.x.GH1	-TA-G-A-GG-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----T-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AC-AT-CCA-----AGCA-----GTTA-C	5834
A.GM.87.D194	-TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-C-----T-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AC-AT-CCA-----AGCA-----TCA-T	5310
A.GM.x.ISY.SBL.6669_85	-G-AGGG-C-----T-C-G-G-----CCC-A-A-C-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-GT-AT-C-----AT-AT-CCA-C-----C-A-----GTCA-C	5307
A.GM.x.MCN13	-TA-GG-A-GG-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----T-----T-----A-T-----A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AT-AT-CCA-C-----GAGC-----GTCA-C	5311
A.GM.x.MCR35	-TA-GG-A-GG-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----T-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AT-AT-CCA-C-----GAGC-----GTCA-C	5311
A.GW.86.F6.c1one.NIHZ	-TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----T-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AA-A-CC-G-----GA-C-----GTCA-T	5308
A.GW.87.CAN2CG	-A-G-A-G-C-----T-C-G-G-----CCC-A-A-----T-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AA-AT-CC-G-----GA-C-----TCA-T	5875
A.GW.x.MDS	-A-G-A-A-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----T-----T-----A-T-----CA-A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AT-AT-CCAG-C-----A-CT-----G-CA-T	5310
A.IN.07.NNVA	-TA-G-A-A-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-G-----G-----G-----A-T-----A-----A-----A-G-A-G-AT-C-----AT-AT-CCAG-C-----AC-----G-CA-T	5860
A.IN.95.CR1K.147	-A-G-A-T-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----G-----G-----G-----A-T-----A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AT-AT-CCAG-C-----GAAC-----G-CA-T	5611
A.MT.x.ALT	-TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-G-----G-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AT-AT-CCAG-C-----CA-----GTCA-C	5859
A.SW.85.ROD	-A-G-A-G-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----G-----T-----G-A-T-----A-----A-----A-G-A-GT-AT-C-----AT-AT-CCAG-C-----GAGC-----GTCA-T	5312
B.CI.88.UC1	-TAA-G-G-----AT-----G-----TG-TGTG-----CAGC-----G-GT-----T-----CAAT-----A-G-A-----A-GA-AT-C-A-----AC-AT-ATC-----CG-AGGG-----T	5847
B.CI.x.20.56	-AG-G-G-----AC-----TG-TGTG-----CAGC-----T-----G-GT-----T-----CAAT-----A-G-A-----A-GA-AT-C-A-----AC-AT-ATC-----CG-CAGG-----TT	5842
B.CI.x.EHO	-TGAG-G-G-----AT-----T-----TG-TGTA-----CGA-----G-GT-----T-----TAAT-----A-G-A-----A-GA-AT-CCA-----AC-AT-ATC-----CAGG-----TT	5837
B.GH.86.D205.ALT	-TGAG-G-G-----AT-----G-----TG-TGTG-----CAGC-----G-GT-----T-----CAAT-----A-G-A-----A-GA-AT-C-A-----AC-AT-ATC-----CG-AGGG-----T	5839
B.JP.01.KR020.IMCJ.KR020.1	-TAAG-A-GT-C-AT-----G-----TG-TGTA-----CACC-----T-----G-GT-----TT-----TAAT-----A-G-A-----A-GA-AT-C-A-----AC-A-ATC-----C-GAGGA-----TT	4989
G.CI.92.Abt96	-A-GA-A-AT-----G-----G-GACA-----TCAA-----T-----G-AT-----TGA-----T-----T-----A-----A-----G-GA-AT-C-----AC-AT-A-C-----AAGG-----G-T-----T	5193
AB.CM.03.03CM.510.03	-YGAG-G-G-----AT-----G-----TG-TGTG-----CAGC-----G-GT-----T-----CAAT-----A-G-A-----A-GA-AT-C-A-----AC-AT-ATC-----CG-AGGG-----T	4978
H2.01.AB.CI.90.7312A	-TGA-G-G-----AC-----TG-TGTG-----CAGC-----T-----G-G-----T-----CAAT-----A-G-A-----A-GA-AT-C-A-----AC-A-ATC-----CG-GGG-----TT	5848
H2.01.AB.JP.04.043P.NMC307	-TGA-G-G-----AC-----TG-TGTG-----CAAC-----T-----G-G-----T-----CAAT-----G-A-----A-A-AT-C-A-----AC-A-ATC-----Y-CG-AGG-----TT	5845
H2.01.AB.JP.07.073P.NMC716	-TGA-G-G-----AC-----TG-TGTG-----CAAC-----T-----G-G-----T-----CAAT-----G-A-----A-A-AT-C-A-----AC-A-ATC-----C-CG-AGG-----TT	5849
H2.01.AB.96.08.083P.NMC842	-TA-G-G-C-AC-----T-----TG-TGTG-----CAAC-----T-----G-G-----T-----CAAT-----G-A-----A-A-AT-C-A-----AC-A-ATC-----CR-AGG-----TT	5847
U.FH.96.12034	-A-GAGGT-----TG-TGC-----CAA-----G-G-G-----T-----T-----G-A-----A-----GT-AT-C-----AC-T-ATCG-----GAC-G-----TCCT	5344
MAC. US. x. 17EC1		5783
MAC. US. x. 17EER		5783
MAC. US. x. 1937		4889
MAC. US. x. 2065		4889
MAC. US. x. 251.1A11		5782
MAC. US. x. 251.32H.PJ5		5784
MAC. US. x. 251.BK28		5759
MAC. US. x. 8003		4889
MAC. US. x. 81035		4890
MAC. US. x. 85013		4823
MAC. US. x. 87082		4860
MAC. US. x. 92050		4883
MAC. US. x. 92077		4890
MAC. US. x. 93057		4888
MAC. US. x. 93062		4875
MAC. US. x. 95058		4877
MAC. US. x. 95086		4746
MAC. US. x. 95112		4879
MAC. US. x. 96016		4890
MAC. US. x. 96020		4882
MAC. US. x. 96072		4894
MAC. US. x. 96081		4892
MAC. US. x. 96093		4890
MAC. US. x. 96114		4885
MAC. US. x. 96123		4779
MAC. US. x. 96135		4875
MAC. US. x. 97009		4758
MAC. US. x. 97074		4758
MAC. US. x. MM142.IVMXX		5269
MAC. US. x. SMM142.patent		5269
MAC. US. x. r80025		4746
MAC. US. x. r90131		4889
MNE.US.82.MNE.8		5251
MNE.US.x.MNE027		5251
SMM.-.pE660.CG7G		5772
SMM.CI.SIVsmC12		4903
SMM.LR.SIVsmL1B1		4861
SMM.SL.92.SL92B		5217
SMM.SL.SIVsmSL92A		4863
SMM.US.CFU212		G.5029
SMM.US.D215		T.G.5037
SMM.US.FT0		T.5065
SMM.US.G078		T.G.5043
SMM.US.G932		T.5032
SMM.US.M919		T.5037
SMM.US.M922		T.5038
SMM.US.M923		T.5037
SMM.US.M924		T.5037
SMM.US.M934		T.5035
SMM.US.M935		T.5038
SMM.US.M940		T.G.5043
SMM.US.M946		T.5036
SMM.US.M947		T.5037
SMM.US.M949		T.G.5031
SMM.US.M950		T.5035
SMM.US.M951		T.G.5040
SMM.US.M952		T.5036
SMM.US.SIVsmE660-FL10		T.5773
SMM.US.x.F236.H4		T.5771
SMM.US.x.H9		T.5256
SMM.US.x.PB114.15		T.5550
SMM.US.x.PB3A		T.5549
SMM.US.x.PB3.143		T.5256
SMM.US.x.PB3.6P6		T.5722
SMM.US.x.PGM53		T.5700
SMM.US.x.SME543		T.5786
STM.US.89.STM_37_16		T.5430

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2), sequence alignments (Vpx end, Vpr start), and accession numbers (e.g., 6306, 6367, 6329). The table contains multiple rows of sequence data and their corresponding identifiers.

	Vpr end	Rev exon 1 start	Tat Rev exon 1 end	Tat Rev intron start
MAC.US.x.239	CTCTAGAAGCATGCTATAA...CACATGCTATTGTA	AAAAAGTGTGCTACCATGCCAGTTTTGTTTTCTTAA	AAAAAGGCTGGGGATGTTATGAGCAATCA...CGAAAG	AAGAAGAACTCCGAAAAAGGCTAAGGCTAATACATCTTCTGCATCAAAACAAGTAA.6601
Vpr	S R S M L * P L E A C Y N##	T C Y C K K C C Y H C Q F C F L K K G L G I C Y E Q S	M S N H E R R E E E L R K R L R L I H L H Q T	R K R R R T P K K A K A N T S S A S N K
Tat exon 1				
Rev exon 1				
A.CI.88.UC2	-C-G--AC--C-----G--CA-T-T-----C-G--CT-G--GC-C--A-G--T--G-AA--G-CGGAC--A-G-GAA--A-C-CT-GC--A-C-G--G--G--6640			
A.DE.x.BEN	-C-GC-AC--A--T-----G-GA-CA-T-T-----C-G--CTCG--G--GC-T-A--CA--A--GGAAG--G-C-GAC--A-G-AA--A-GC-T-GC--C-G--G--6701			
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-C-G--G--A--C--T-----G--A--T-----C-A--T-A--G--AC-C--A--G--A--GGAAG--G-C-GAC--G--A-G-A--A--C-T-G--C--G--G--6663			
A.GH.x.GH1	-C-G--G--TAC--T-----GC--CA-T-----C-G--CT-G--GC-C--G--CA-G-AA--A-C-GAC-G--G--A-G--A--A--C-T-G--G--G--6142			
A.GM.87.D194	-C-G--G--AC--T-----GC--CA-T-----C-G--CT-G--GC-C--G--C-G-CAG--G-C-GAC--G--A-G--AA--A-C-CT-GC--C--G--T--6142			
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-C-A--A--A--A--T-----GGG--C--T-----C-G--T-A--C--G--GC-C--T--C--G-AAG--G-C-GAC--G-G--G--AA--A-C-T-G--C--G--G--6139			
A.GM.x.MCN13	-C-C--C--A--A--A-----GGA--C--T-----C-G--T-A--C--G--GC-C--A--C--GGAAG--G-C-GAC--G--AA--A--C-T--G--G--G--6143			
A.GM.x.MCR35	-C-C--G--G--A--T-----GGA--C--T-----C-G--T-A--C--G--GC-C--A--C--GGAAG--G-C-GAC--G--AA--A--C-T--G--G--G--6443			
A.GW.86.FG_c1one_NIH3	-C-C--G--AC--T-C-----C-G--A--C--T-----C-G--T-AC--G--GC-C--G--C-G-AAG--G-C-GAC--G--A-G--AA--A-C-C-G--G--6136			
A.GW.87_CAM2CG	-C-C--A--TG--T-----GGA--C--T-----C-A--A--G--GC-C--G--C-G-AAG--G-C-GAC--G--A-G--A--A--C-T-G--G--G--6707			
A.GW.x.MDS	-C-C--A--A--AT-----GGGA--C-----A-A--T-A--C--G--GC-C--G--A-G-AAG--G-C-GAC--G--A-G--A--A--C-C-G--G--6142			
A.IN.87.NMVA	-C-C--G--G--T-G-----G--A--C--T-----C-G--T-AC--G--AC-C--G--C-G-AAG--G-C-G-C--G--CA--G--AA--A--C-C--G--A--C--G--6693			
A.IN.95_CR1K_147	-C-C--G--G--T-----G--A--C--T-----C-G--T-AC--G--AC-C--G--C-G-AAG--G-C-G-C--G--CA--G--AA--A--C-C--G--CT-A--C--G--6443			
A.PT.x.ALI	-C-C--A--A--T-----GG-A-C-----C-G--T-A--T-G--AC-C--G--C-G-AAG--G-C-G-C--T--A--G--AAT--A--C-T-G--G--G--6691			
A.SN.85.ROD	-C-C--A--A--T-----GGGA--C-----T-A--G--A--C--G--GC-C--G--A-G-AAG--G-C-GAC--G--A-G--AA--A--C-C-G--C--A--C--G--6144			
B.CI.88.UC1	-T--T--G--T-A--C-----C--A--C--T-----C--C--G--C--T-----G--C--C--G--A--T-T-A--G--T--C--G--G--G--G--6676			
B.CI.x.20_56	-T--T--G--A--C-----C--C--G--A--C--T-----C--C--G--C--T-----G--C--C--G--A--T-T-A--G--T--C--G--G--G--G--6671			
B.CI.x.EH0	-T--G--AG--T-----C--C--G--A--C-----C--C--G--C--T-----G--C--C--G--A--G--T-T-A--G--T--C--G--G--G--G--6666			
B.GH.86.D205_ALT	-C--TA--G--T-----C--G--A--C-----C--C--G--C--T-----G--C--G--G--G--T--G--A--G--A--T--G--C--C--G--G--G--6678			
B.JP.01_KR020_IMCJ_KR020_1	-T--G--AGA--T-----C--G--A--C-----C--C--G--C--T-----G--C--G--G--G--T--G--A--G--A--T--G--C--C--G--G--G--6678			
B.CI.92.Ab196	-T--G--G--T-C--T-A--T-----C--A--C--T-----T--T--A--C--C--G--AC-C--AG--C--T-----GA--A--T--T--A--G--T--G--G--6014			
AB.CH.03.03CM_510_03	-C--TA--G--A--T-----C--A--C-----RA--C-----G--TC--T-----G--C--C--G--A--T-T-A--G--AA--A--GC--C--G--G--6677			
H2_01_AB.CI.90.7312A	-G--G--G--T-----G--A-----C-----G--C--T-----G--GC--G--A--T-T-A--G--AA--A--GC--C--G--G--6677			
H2_01_AB.JP.04.043JP_NMC307	-C--G--GG--T-A--T-----G--A-----C-----C--G--C--T-----G--GC--G--A--T-T-A--G--AA--A--GC--C--G--G--6674			
H2_01_AB.JP.07.07JP_NMC716	-C--G--GG--C--TA--T-----G--A-----C-----GGGA--C-----C--G--C--T-----G--GC--G--A--T-T-A--G--AA--A--GC--C--G--6678			
H2_01_AB.JP.08.08JP_NMC842	-C--G--GG--TA--T-----G--A-----C-----GGGA--C-----T--G--C--T-----C--GC--G--A--T-T-A--G--AA--A--GC--C--G--6676			
U.FR.96.12034	-T--G--G--C--T-A-----A-----T-----C-A-----G--C--T-----C--C-----G--G--A--G--T--T--T--G--C-----6155			
MAC.US.x.17EC1			A	6601
MAC.US.x.17EFR			A	6601
MAC.US.x.1937			K	5707
MAC.US.x.2065				5707
MAC.US.x.251_1A11				6660
MAC.US.x.251_32H_PJ5			G	6602
MAC.US.x.251_BK28			T-G-G	6577
MAC.US.x.80035				5707
MAC.US.x.81035				5708
MAC.US.x.85013				5641
MAC.US.x.87082				5678
MAC.US.x.92050				5701
MAC.US.x.92077				5708
MAC.US.x.93057				5706
MAC.US.x.93062				5693
MAC.US.x.95058				5695
MAC.US.x.95086				5564
MAC.US.x.95112				5697
MAC.US.x.96016				5708
MAC.US.x.96020				5700
MAC.US.x.96072				5712
MAC.US.x.96081				5710
MAC.US.x.96093				5708
MAC.US.x.96114				5703
MAC.US.x.96123				5597
MAC.US.x.96135				5693
MAC.US.x.97009				5776
MAC.US.x.97074				5576
MAC.US.x.MM142_IVMXX				6087
MAC.US.x.SM1142_patent				6087
MAC.US.x.r80025				5564
MAC.US.x.r90131				5707
MNE.US.82_MNE_8				6069
MNE.US.x.MNE027				6069
SMM.-_pE660_CG7G				6585
SMM.CI_SIVsmCI2				5724
SMM.LR_SIVsmIB1				5666
SMM.SL.92_SL92B				6028
SMM.SL_SIVsmSL92A				5680
SMM.US.CFU12				5844
SMM.US.D215				5855
SMM.US.FTg				5880
SMM.US.G078				5861
SMM.US.G932				5850
SMM.US.H919				5854
SMM.US.H922				5857
SMM.US.H923				5850
SMM.US.H926				5856
SMM.US.H934				5853
SMM.US.H935				5857
SMM.US.H940				5863
SMM.US.H946				5854
SMM.US.H947				5850
SMM.US.H949				5849
SMM.US.H950				5853
SMM.US.H951				5858
SMM.US.H952				5854
SMM.US.SIVsmE660-FL10				6586
SMM.US.x.F236_H4				6548
SMM.US.x.H9				6069
SMM.US.x.PB114_15				6263
SMM.US.x.PB3A				6362
SMM.US.x.PBJ_143				6069
SMM.US.x.PBJ_6P6				6555
SMM.US.x.PGM53				6520
SMM.US.x.SME543				6599
STM.US.89_STM_37_16				6243

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2) and corresponding nucleotide alignments. The table is organized into two main sections: MAC.US.x.239 and SMM.US.x.2065. Each row represents a specific sequence and its alignment with a reference sequence, showing gaps and mismatches.

Table of HIV-2/SIV Complete Genomes alignments. Columns include sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, Env, A.CI.88.UC2) and nucleotide sequences. The table is divided into V1 loop end and V2 loop start regions. The alignment shows conserved regions and variable loops across different strains.

V3 loop end

MAC.US.x.239	GAATAAGACAGTTTTACCAGTCACCAATATGTCTGGATTGGTTTTCCACTCACAACCA.....ATCAATGATAGGCCAAAGCAGGCATGGTGTGGTGGAGGAAATGGAAGGATGCAATAAAAGAGGTGAAGCAGACCATTTGTCAAACATCCAGGTAT.....	7704
Env	G N K T V L P V T I M S G L V F H S Q P I N D 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	
A.CI.88.UC2	-----G--A-A-AC-----A--CATAGG--T-T--GG-GTC-----CA-AA-T-GA-----C--AA-C-C--A-C-GC-G-----A--C--CAGG-----C-----	7737
A.DE.x.BEN	-----T--G--A-A-AC-----A--GAGA--G-T--C-G--GATC-----CA-AA-T-G-----C--C--TG-T--G--A-A-C-GC-G-----A--A--C--G-----A--C-----	7786
A.GH.x.GH1	-----C--G--A-A-AC-----A--G--A-G-T--C-G--ATC-----ACA-A-T-G-----C--CAA-C-G--G-A-C-GC-G-----A--A--C--CA-A-----A--T-----	7730
A.GM.87.D194	-----A--G--A-A-AC-----A--GCCAAG--T--T--GG--GTC--TA--CA-AA-TGG-----C--CAA-C-C--TA-A-C-GC-G-----A--A--C--CA-----C-----	7197
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	A-----A--G--A-A-AC-----A--CCGAGA--T--C--GAAGATC--A-AA-C-G-A-----CC--CAA-CG-G--G--A-C-GC-G-----A--A--C--A-----A-----	7203
A.GM.x.MCN13	-----GG--A-A-AC-----A--G--AAGG--T--C--G--GGTC-----A-A-A-C-GA-A-----CAA-TG--G--GA-C-GC-G-----G--A--C--CA-----A-----	7219
A.GM.x.MCR35	-----GG--A-A-AC-----A--G--AAGG--T--C--G--GGTC-----A-A-A-C-GA-A-----CAA-TG--G--GA-C-GC-G-----G--A--C--CA-----A-----	7219
A.GW.86.F6_clone_NIHZ	-----G--G--A-A-AT-----A--G--TAAG--T--C--G--GTC-----A-AA-C-G-A-----C-A--CC--C--CA-A-C-GC-G-----A--G--A--C--CG-----A-----	7194
A.GW.87.CAN2CG	-----GG--G--A-A-AC-----A--GCAAGA--T--C--GG--ATC-----T--A--C--C-G-A-----C--CAA-C-C--CA-A-C-GC-G-----A--A--C--CGG-G-----A-----	7792
A.GW.x.MDS	-----A--GG--A-A-AC-----A--A--G-T-T--C--G--G-----AGA-A-T-G-A-----C--CAAG-C-C--G-AGA-C-GC-G-----A--A--C--A-----A-----C-----	7260
A.IN.07.NNVA	-----A--AG--TA-A-ACA-----C-A-C-A-G-T-T--C--G--T-----ACC-A-T-GA-A-----C--CAA-C-G--A-C-GC-G-----A--A--C--CAG-----C-----	7781
A.IN.95.CR1K_147	-----A--AAC--TA-A-AC-----A--ATAAG--T-T--C--GG--GTA-----ACA-A-T-A-A-----C--CAA-CGG--C--C-GC-G-----A--A--A--G--CAG-----A-----	7528
A.IT.x.ALT	-----A--G--A-A-AC-----A--G--AA-A-T--C--G--G-----A-A-A-C-GA-A-----C--CAA-CG--G-A-A-C-GC-G-----G--A--C--A-----A-----	7767
A.SW.85.ROD	G-----T--GAA--A-A-TGC-----A--CAT--G-T--C--CTACCAAGCCG--A-A-A-C-GA-A-----C--CAA-C--A-C-C-GC-G-----G--A--C--CA-----A-----	7235
B.CI.88.UC1	G-C-----CA--A-A-A-C-----A--C--AA--T-G-G--T-----ACC-A-C-GA--T-C-----C--AAG--C--TA-A-C-C-GG-----A--G--C--CA-A-----A-----	7758
B.CI.x.20_56	G-C-----CC--A-A-A-AC-----A--GCGAAG--T-G--GG--TGTI--C--ACC--G-A-C-GA--T-C-----C--AAG--C--CA-G-C-G-G-----A--G--C--CA-G-----A-----	7735
B.CI.x.EHO	-----C-A-TG--G--A-A-GA-CCG--A--TA-TC-C--T--G--T-----A--A--T-A-A-T-C-----AA--C--CA-A-C-G-G-----AG--G--AAA-T-----A-----	7745
B.GH.86.D205_ALT	-----C--A-G--G--A-A-GA-CCG--A--C--AC--T--G--T-----A--G-A-C-GA-A-T-C-----AAG--C--CA-A-C-G-G-----AAG--CA-A-----A-----	7753
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1	C--A--G--CG-G--A--A-----A--TC-AA-C--T--G--T-----T--C-A-A-C-G-A-C-----C--CAA-C--CAC-G-T-G-----G--G--CA-G-----A-----	6876
G.CI.92.Abt96	G--A--A--A--A-T-T-----A--GC-A-C-----T-----A--A-C-GA--T-----C-----C-----A--A-C-GC-G-----A--G--A--G-G--G-C-----C-----	7117
AB.CM.03.03CM_510_03	G--G--A-A-A-AC-----C-A--C-A-G-T--T--G-----CCCG--T-GA-----C--A--C-C--CA-A-C-G-G-----A--C--A--G--A-----A--C-----	6865
H2_01_AB.CI.90.7312A	C-----G--A-A-AC-----A--G--A-G--T-C--G--T-----A--A--T-G--A-----C--CAA-CG-G--G--A-C-GC-G-----A--A--C--A-A-----A-----	7768
H2_01_AB.JP.04.043P_NMC307	C-----G--A-A-AC-----A--G--A-G-----C--G--C-----A--A--T-G--A-----C--C--A-C-G-G--G--A-C-GC-G-----A--A--C--A-A-----A-----	7750
H2_01_AB.JP.07.073P_NMC716	C-----G--A-A-AC-----A--AGAAG--C--G--ATC-----ACA-AA-T-G-A-----CC--CAA-C-GG--G--A-C-GC-G-----A--A--C--A-A-----A-----	7751
H2_01_AB.JP.08.083P_NMC842	C--A--G--A--A-AC-----A--G--A-G-----C--G--C-----A--A--T-G-A-----C--CAA-C--R--G--A-C-GC-G-----A--A--C--A-A-----A-----	7746
U.FI.96.12034	G-----C-----A-----A--C-A-G-----T-T--G-T-----A-C-AT--G--A-T-----T--T--A-GG--CC-G-----G-----C--C-----	7246
MAC.US.x.17EC1	-----G-----G-----	7704
MAC.US.x.17EFC	-----G-----G-----	7704
MAC.US.x.1937	-----W-----G-----	6810
MAC.US.x.2065	-----W-----G-----	6810
MAC.US.x.251_1A11	-----CA-----A-----T-----	7700
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----CA-----A-----T-----	7702
MAC.US.x.251_BK28	-----CA-----A-----T-----	7686
MAC.US.x.8003	-----A-----A-----	6810
MAC.US.x.81035	-----A-----A-----	6811
MAC.US.x.85013	-----A-----A-----	6744
MAC.US.x.87082	-----A-----A-----	6781
MAC.US.x.92050	-----R--R--R-----R-----	6804
MAC.US.x.92077	-----R--R--R-----R-----	6811
MAC.US.x.93057	-----R-----R-----	6809
MAC.US.x.93062	-----C--A--R-----	6796
MAC.US.x.95058	-----C--A--R-----	6798
MAC.US.x.95086	-----C--A--R-----	6667
MAC.US.x.95112	-----C--A--R-----	6800
MAC.US.x.96016	-----G-----G-----	6811
MAC.US.x.96020	-----G-----G-----	6803
MAC.US.x.96072	-----G-----G-----	6815
MAC.US.x.96081	-----A-----C-----G-----G-----	6813
MAC.US.x.96093	-----A-----C-----G-----G-----	6811
MAC.US.x.96114	-----R--R--R-----	6806
MAC.US.x.96123	-----R--R--R-----	6700
MAC.US.x.96135	-----R--R--R-----	6796
MAC.US.x.97009	-----C-----G-----A-----T-----G-----	6679
MAC.US.x.97074	-----C-----G-----A-----T-----G-----	6699
MAC.US.x.NM142_IVMX	-----C-----G-----A-----T-----G-----	7199
MAC.US.x.SMM142_patent	-----C-----G-----A-----T-----G-----	7196
MAC.US.x.r80025	-----C-----G-----A-----T-----G-----	6667
MAC.US.x.r90131	-----C-----G-----A-----T-----G-----	6810
MNE.US.82.MNE_8	-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----	7172
MNE.US.x.MNE027	-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----	7175
SMM.-.pE660_CG7G	-----G--G--T--G-----C--A--G--A--C-----T--G--C-----A--G--A--A--C-----C-----G--C--A--G--C--CC-G--A--G--A--T--G-----	7694
SMM.CI.SIVsmC12	-----G--G--T--G-----C--A--G--A--C-----T--G--C-----A--G--A--A--C-----C-----G--C--A--G--C--CC-G--A--G--A--T--G-----	6851
SMM.LR.SIVsmL1B1	G-----C-----C--A--T--C--T--T--G-----G-----A--G--A--A--A--T-----G--GTC--GAA-A--C--C--C--G--A--T--A-----C-----	6760
SMM.SL.92.SL92B	G-----CC-----A--T--C--T--T--G-----G-----A--G--A--A--A--C-----C-----AA--GG-G--A--G--T--G-----A--AG--A--C-----C-----	7140
SMM.SL.SIVsmSL92A	G-----G--G--T--T--T--A-----A--A--A--C-----T--C-----A--G--A--A--A--T-----AA--GG-G--A--G--T--G-----A--AG--A--C-----C-----	6789
SMM.US.CFU212	G-----A--AC-----T--A-----A--G--A--C-----T--G--C-----A--G--A--GA-----C-----TCA-----G--A--T--G-----	6956
SMM.US.D215	G-----C-----C--A--G--T--G--A-----C--A--GC--A--C--TG--G-----G-----A--G--A--T--G--A-----C-----C--G--C--G--A--T--G-----	6961
SMM.US.FT0	C-----A--G--T--G--A-----C--A--GC--A--C--TG--G-----G-----A--G--A--T--G--A-----C-----C--G--C--G--A--T--G-----	6961
SMM.US.G078	C-----C-----A--G--C--T--G--C-----A--G--C--T--G--C-----A--G--A--A--C-----C-----T-----GT--A--G--C--CC-G--A--AG--G-----A-----	6985
SMM.US.G932	G-----C-----G-----A--G--C--T--T-----A--G--A--A--A--C-----CC-----AA--GT--CA--G--C--CC-G--C--G-----G--A--AA-T-----A-----	6962
SMM.US.M919	C-----C-----A--G--C--T--T-----A--G--A--A--A--C-----AA-----GT--CA--G--C--CC-G--C--G-----G--A-----A-----	6984
SMM.US.M922	C-----C-----A--G--C--T--T-----A--G--A--A--A--C-----AA-----GT--CA--G--C--CC-G--C--G-----G--A-----A-----C-----	6987
SMM.US.M923	C-----C-----A--G--C--T--T-----A--G--A--A--A--C-----AA-----GT--CA--G--C--CC-G--C--G-----G--A-----A-----	6971
SMM.US.M934	G-----C--T-----A--G--C--T--T-----G-----A--G--A--GA--A-----C-----GC--A--GG--C--CCG--A-----G--C--T--G-----	6980
SMM.US.M934	G-----C--T-----A--G--C--T--T-----G-----A--G--A--GA--A-----C-----GT--GA-----G--A--C-----T-----A-----AAT-----	6950
SMM.US.M935	G-----C--T-----A--G--A--C--T--T-----G--C-----A--G--A--GA--A-----C-----G--AC-G--C--CC-G--A--G--A-----A-----	6960
SMM.US.M940	C--A-----C-----T-----G-----A--G--C--T-----G-----A--G--A--GA--A-----C-----G--G-----GT--GA-----C--G--A--T--GA-----AATAA-----	7009
SMM.US.M946	C-----C--T-----A--G--C--T-----G-----A--G--A--GA--A-----C-----G--G-----GT--GA-----C--G--A--T-----A-----	6978
SMM.US.M947	C-----C-----A--G--C--T-----T--G--C-----A--G--A--GA-----C-----CC--A-----CGA--G--C--CC-G--A-----G--C-----T-----A-----	6974
SMM.US.M949	C-----C-----G-----A--G--C--T-----T-----A--G--A--A--A--G-----C--T--CA--G--G--C-----A--A--CC-G--C--G-----T--G-----G-----	6961
SMM.US.M950	G-----C--T-----A--G--C--T-----G-----A--G--A--GA--A-----C-----GT--GA-----G--A--C-----T-----A-----	6968
SMM.US.M951	G-----C--T-----A--G--C--T-----G-----A--G--A--GA--A-----C-----A--G--T-----GT--GA-----CC-G--C--G-----T--G-----CGC-----	6961
SMM.US.M952	G-----C--T-----A--G--C--T-----G--G-----A--G--A--GA--A-----C-----A--G--T-----GT--GAA--A-----C--G--A--C-----G-----A-----	6960
SMM.US.SIVsmE660_FL10	A-----C-----A--G--C--T-----G--G-----A--G--A--GA--A-----C-----A--G--C-----GC--A--G--C--CC-G--A-----G--A--T--G-----	7698
SMM.US.x.F236_H4	A-----C-----A--G--C--T-----G--G-----A--G--A--GA--A-----C-----A--G--C-----AA--G--C--CC-G--A-----G--A--T--G-----	7654
SMM.US.x.H9	C-----C-----A--G--C--T-----G--C-----A--G--A--A--C-----C-----G-----A--G--C--CCG--A-----G--A--T--G-----	7181
SMM.US.x.PB114_15	C-----C-----A--G--C--T-----G--C-----A--G--A--A--C-----C-----G-----AA--G--C--CC-G--A-----G--A--T--G-----	7484
SMM.US.x.PB3A	C-----C-----A--G--C--T-----G--C-----A--G--A--A--C-----C-----G-----AA--G--C--CC-G--A-----G--A--T--G-----	7483
SMM.US.x.PB_143	C-----C-----A--G--C--T-----G--C-----A--G--A--A--C-----C-----G-----A--G--C--CCG--A-----GMAM--T--G-----	7196
SMM.US.x.PB3_6P6	C-----C-----A--G--C--T-----G--C-----A--G--A--A--C-----C-----G-----A--G--C--CCG--A-----GMAM--T--G-----	7676
SMM.US.x.PGMS3	C-----C-----A--G--A--C--T-----T--G--C-----A--G--A--A--A--C-----C-----GT--GA-----G--C--CC-G--A-----A-----	7638
SMM.US.x.SME543	C-----C-----A--G--C--T-----G--C-----A--G--A--A--C-----CC-----C--GC--G--C--CC-G--A-----G--A--T--G-----	7711
STM.US.89.STM_37_16	G--C--A--C-----A--C--C-----T--G--C-----T-----G--A--A--A--T-----C-----G--GA-GA-----T-----G--A--T--G-----	7343

Table of HIV-2/SIV Complete Genomes alignments. Columns include sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2), sequence letters (A, C, G, T), and alignment positions (1-7859). The table shows multiple sequence alignments with gaps represented by dashes.

V4 loop end

Table of HIV-2 genome alignments. Columns include sample ID (e.g., MAC.US.x.239), sequence alignment (K, P, K, E, Q, H, K, R, N, Y, V, P, C, H, I, R, Q, I, N, T, W, H, K, V, G, K, N, V, Y, L, P, P, R, E, G, D, L, T, C, N, S, T, V, T, S, L, I, A, N, I), and position (8014, 8019, 8029, etc.).

	V5 start	V5 end	Rev	Responsive Element (RRE) start			
MAC.US.x.239	ATTGGATTGAT	GGAAACCAAACTAATACCACTAGTGCAGAGGTGGCAGAACTGTATCGATTGGAAATGGGAGATTATAAATAGTAGAGACTCTCAAAATGGCTTGGCCCCACAGATGTGAAGAGGTACACTACT			8172		
Env	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 E I T P I G L A P T D V K R Y T T		G G T S R N			
A.CI.88.UC2	-CACAGA-GA	-T-G-C-C-T-T-T	-C-A-T	-AG-AA-A-A-TT-C	TGC-C-C-AG-G-G-C 8181		
A.DE.x.BEN	-CATAGA-A-A	-AATC-G-CT-T-C-C-T-T-T	-A	-C-A-T	-CA-GA-TT-C	TCAACTC-AGTG-G-C 8227	
A.GH.x.GH1	-CGTA-A-AG	-G-A-GC-T-T-T	-A	-C-A-T	-TCA-AA-A-TT-C	TC-CTC-ACAG-G-G 8171	
A.GM.87.D194	-C-CAGA-GA	-T-G-C-C-T-T-T	-A	-C-A-T	-GAGA-A-A-TT-C	TGC-CTC-AGTG-G-C 8171	
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-GTGTA-GA	-AT-GG-A-T-T-T	-A	-C-A-T	-CA-AA-A-A-TT-C	TC-CTC-AGTG-G-C 8171	
A.GM.x.MCN13	-GCA-A-GA	-TA-T-A-T-T-T	-A	-C-A-T	-CA-AA-A-A-TT-C	TC-CTC-AGTG-G-C 8171	
A.GM.x.MCR35	-GCA-A-A	-TA-T-AG-T-T-T	-A	-C-A-T	-CA-AA-A-A-TT-C	TC-CTC-AGTG-G-C 8171	
A.GW.86.F6_c1one_NIHZ	-GC-GGA	-A-T-T-T-T	-C	-A-C	-TCA-AA-A-TT-C	TC-CTC-AGTG-G-C 8171	
A.GW.87.CAN2CG	-CGA-GG	-AATC-GAC-A-T-T-T	-A	-C-A-T	-TCA-AA-A-TT-C	TC-CTC-AGTG-G-C 8171	
A.GW.x.MDS	-CGAC-AG	-T-G-A-T-T-T	-A	-C-A-T	-TCA-AA-A-TT-C	TC-CTC-AGTG-G-C 8171	
A.IN.07.NNVA	-A	-G-T-T-T-T	-G	-C-A-T	-TCA-AA-A-TT-C	TC-CTC-AGTG-G-C 8171	
A.IN.95.CR1K_147	-GTA-AC-A	-ATA-AT-A-GG-A-T-T-T	-A	-C-A-T	-TCA-AA-A-TT-C	TC-CTC-AGTG-G-C 8171	
A.IT.x.ALT	-CAC-CA-GC	-G-A-T-T-T	-A	-C-A-T	-TCA-AA-A-TT-C	TC-CTC-AGTG-G-C 8171	
A.SW.85.ROD	-C-CAMA-C	-AAT-T-G-A-C-T-T-T	-A	-C-A-T	-TCA-AA-A-TT-C	TC-CTC-AGTG-G-C 8171	
B.CI.88.UC1	-CGT-TA-T	-GATGGCAAT-AT-C-A-G-C-T-T	-A	-G-CA	-C-G-C-C-T	T-A-T-GA-A-A-A-TT-C	TCAACG-AC-G-G- 8214
B.CI.x.20.56	-A	-A-G-G-C-T	-A	-G-CA	-C-G-C-C-T	T-A-T-GA-A-A-A-TT-C	TCAACG-AC-G-G- 8214
B.CI.x.EHO	-C-A	-AAG-TT-TG	-A	-T-AA	-C-G-C-C-T	T-A-T-GA-A-A-A-TT-C	TCAACG-AC-G-G- 8214
B.GH.86.D205_ALT	-C-CAGAC	-AAC-GTACC-C-TT-TG	-A	-T-AA	-C-G-C-C-T	T-A-T-GA-A-A-A-TT-C	TCAACG-AC-G-G- 8214
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1	-CA	-AATAAT-TAGG	-A	-T-AA	-C-G-C-C-T	T-A-T-GA-A-A-A-TT-C	TCAACG-AC-G-G- 8214
G.CI.92.Abt96	-AGA-A-AGG	-TCTAAC-T-A-TTT-C	-A	-G-CA	-C-G-C-C-T	T-A-T-GA-A-A-A-TT-C	TCAACG-AC-G-G- 8214
AB.CM.03.03CM_510_03	-CACAA-AA	-T-G-C-C-T-T-C	-C	-A-G-CA	-A-A-A-TT-C	TCAACTC-AGGG-G- 7306	
H2_01_AB.CI.90.7312A	-CGTAGAC-TA	-GGTAAT-GG-A-T-T-T	-C	-A-A-AG	-G-G-A-TT-C	TCAACTC-AGGG-G- 7306	
H2_01_AB.JP.04.043P_NMC307	-CRC-GA-A	-AAT-A-G-G-A-C-T-T-C	-C	-A-A-AG	-G-G-A-TT-C	TCAACTC-AGGG-G- 7306	
H2_01_AB.JP.07.073P_NMC716	-AA	-GATACG-G-A-C-T-T-C	-C	-A-A-AG	-G-G-A-TT-C	TCAACTC-AGGG-G- 7306	
H2_01_AB.JP.08.083P_NMC842	-C-G	-AC-G-A-C-T-T-C	-C	-A-A-AG	-G-G-A-TT-C	TCAACTC-AGGG-G- 7306	
U.FI.96.12034	-C-C	-A-C-AA-T-A-T-T	-C	-A-A-G	-G-G-A-TT-C	TCAACTC-AGGG-G- 7306	
MAC.US.x.17EC1						8172	
MAC.US.x.17EER						8170	
MAC.US.x.1937						8154	
MAC.US.x.2065						7278	
MAC.US.x.251_1A11						8168	
MAC.US.x.251_32H_PJ5						8170	
MAC.US.x.251_BK28						8154	
MAC.US.x.8003						7278	
MAC.US.x.81035						7279	
MAC.US.x.85013						7212	
MAC.US.x.87082						7249	
MAC.US.x.92050						7272	
MAC.US.x.92077						7249	
MAC.US.x.93057						7277	
MAC.US.x.93062						7246	
MAC.US.x.95058						7266	
MAC.US.x.95086						7135	
MAC.US.x.95112						7268	
MAC.US.x.96016						7279	
MAC.US.x.96020						7271	
MAC.US.x.96072						7283	
MAC.US.x.96081						7281	
MAC.US.x.96093						7279	
MAC.US.x.96114						7274	
MAC.US.x.96123						7168	
MAC.US.x.96135						7264	
MAC.US.x.97009						7147	
MAC.US.x.97074						7141	
MAC.US.x.NM142_IVMX						7667	
MAC.US.x.SMM142_patent						7664	
MAC.US.x.r80025						7135	
MAC.US.x.r90131						7278	
MNE.US.82.MNE_8						7646	
MNE.US.x.MNE027						7649	
SMM.-.pE660_CG7G						8177	
SMM.CI.SIVsmC12						7325	
SMM.LR.SIVsmL1B1						7234	
SMM.SL.SIVsmSL92A						7620	
SMM.US.CFU212						7269	
SMM.US.D215						7439	
SMM.US.FT9						7441	
SMM.US.G078						7457	
SMM.US.G932						7465	
SMM.US.M919						7442	
SMM.US.M922						7467	
SMM.US.M923						7463	
SMM.US.M924						7439	
SMM.US.M934						7439	
SMM.US.M935						7446	
SMM.US.M940						7492	
SMM.US.M946						7467	
SMM.US.M947						7451	
SMM.US.M949						7426	
SMM.US.M950						7454	
SMM.US.M951						7447	
SMM.US.M952						7443	
SMM.US.SIVsmE660_FL10						8131	
SMM.US.x.F236_H4						8137	
SMM.US.x.H9						7661	
SMM.US.x.PB114_15						7964	
SMM.US.x.PB3A						7963	
SMM.US.x.PB3_143						7676	
SMM.US.x.PB3_6P6						8156	
SMM.US.x.PGM53						8118	
SMM.US.x.SME543						8194	
STM.US.89.STM_37_16						7823	

Env gp120 end_Env gp41 start

MAC.US.x.239	AAAAGAGGGGCTTTGTGCTAGGGTCTTGGGTTTTCTCGCAACGCCAGGTTCTGCAATGGGCGCGGCTGTGACGCTGACCGCTCAGTCCCGAACTTTA...TTGGCTGGGATAGTGACGACCAACAGCAACAGCTGTTGGACGTGGTCAAGAGACAACAAGAATTGTT	8339
Env	K R G V F V L G F L G F L A T A G S A M G A A S L T L T A Q S R T L L L A G I V Q Q Q Q L L D V V K R Q Q E L L	
A.CI.88.UC2T-G-C-.....C-.....G-A-.....CC-CC-.....T-A-C-.....G-.....C-C-.....A-A-.....C-.....	8348
A.DE.x.BENT-G-C-.....G-A-.....CG-CC-.....T-A-C-.....G-.....C-C-.....A-.....A-.....A-.....	8394
A.GH.x.GH1T-G-.....AG-.....G-A-.....CC-CC-.....T-G-.....G-.....C-G-.....A-.....A-.....A-.....	8358
A.GM.87.D194T-G-.....G-A-.....G-.....GC-CC-.....T-G-.....G-.....C-C-.....A-.....A-.....A-.....	7814
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	..-G-T-GC-.....C-A-.....-A-G-A-.....G-.....GC-TC-.....T-G-.....T-G-.....C-CG-.....A-.....A-.....	7808
A.GM.x.MCN13	..-G-T-GC-.....G-A-.....C-.....G-.....C-A-.....T-G-.....T-G-.....C-C-.....G-A-.....A-.....	7814
A.GM.x.MCR35	..-G-T-GC-.....A-C-.....A-.....C-.....T-G-.....T-G-.....C-C-.....G-A-.....A-.....	7821
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	..-C-T-GC-.....C-A-.....A-.....C-.....A-.....T-G-.....T-G-.....C-C-.....A-.....T-.....	7821
A.GW.87.CAN2CGT-GC-.....A-A-.....AGT-.....A-.....C-.....T-A-C-.....T-G-.....C-C-.....A-.....A-.....	8406
A.GW.x.MDST-G-.....A-A-.....G-.....A-.....C-.....T-T-.....T-G-.....C-C-.....A-.....A-.....	7871
A.IN.07.NNVA	..-C-T-GC-.....C-A-.....A-.....G-.....A-.....C-.....T-.....C-G-.....C-C-.....G-.....A-.....	8386
A.IN.95.CR1K_147	..-C-T-GC-.....AA-.....A-.....A-.....A-.....AG-T-A-.....T-.....C-G-.....C-C-.....A-.....	8149
A.PT.x.AL1T-G-C-.....A-.....G-A-.....A-.....AG-CC-.....T-T-.....T-G-.....C-C-.....G-A-.....	8378
A.SW.85.ROD	..-C-T-GC-.....A-.....A-.....A-.....A-.....AG-CC-.....CG-.....T-G-.....C-C-.....A-.....	7840
B.CI.88.UC1T-AA-G-.....AC-.....T-.....T-.....AA-C-.....T-A-.....G-.....C-.....C-.....A-.....G-C-.....	8381
B.CI.x.20_56	..-GG-T-AA-G-.....C-.....A-.....G-.....AA-C-.....T-A-.....G-.....C-.....C-.....A-.....G-C-.....	8346
B.CI.x.EH0T-AC-.....T-.....A-C-.....T-G-.....A-.....C-.....T-T-G-.....G-.....CG-.....A-.....G-C-.....	8356
B.GH.86.D205_ALTT-AA-G-.....A-.....A-C-.....T-.....AA-T-.....T-A-.....G-.....C-C-.....CTG-.....A-.....G-C-.....	8370
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1	..-G-T-ACCG-.....T-.....A-.....T-.....A-.....C-.....T-T-G-C-.....G-.....G-.....C-.....A-.....G-C-.....	7487
G.CI.92.Abt96T-A-.....T-.....A-.....T-.....T-.....A-A-.....T-.....T-G-.....G-.....G-.....T-.....A-.....G-A-.....	7755
AB.CM.03.03CM_510_03T-A-.....A-.....A-C-.....T-G-.....A-.....C-.....T-A-.....G-.....C-.....G-.....C-.....A-.....G-C-.....	7473
H2_01_AB.CI.90.7312AT-A-C-.....A-G-A-.....AG-.....C-.....T-G-.....T-G-.....C-C-.....A-.....A-.....A-.....	8385
H2_01_AB.JP.04.043P_NMC307T-G-C-.....A-G-A-.....AG-.....C-.....T-G-.....T-G-.....C-C-.....A-.....A-.....A-.....	8364
H2_01_AB.JP.07.073P_NMC716T-CG-C-.....A-G-A-.....AA-.....C-.....T-A-.....G-.....C-.....C-.....A-.....A-.....A-.....	8362
H2_01_AB.JP.08.083P_NMC842	..-G-T-G-.....R-.....A-.....A-G-A-.....AG-R-.....R-C-.....T-A-.....G-.....C-.....A-.....A-.....	8357
U.FH.96.12034	..-G-A-A-.....T-.....C-.....A-.....T-.....T-.....A-.....G-.....C-.....A-.....A-.....A-.....	7878
MAC.US.x.17EC1	8339
MAC.US.x.17EER	8339
MAC.US.x.1937R-.....	7447
MAC.US.x.2065	7445
MAC.US.x.251_1A11	8335
MAC.US.x.251_32H_PJ5A-.....G-.....T-.....	8337
MAC.US.x.251_BK28	8321
MAC.US.x.80035	7445
MAC.US.x.81035	7446
MAC.US.x.85013	7379
MAC.US.x.87082	7416
MAC.US.x.92050	7439
MAC.US.x.92077	7436
MAC.US.x.93057	7444
MAC.US.x.93062	7413
MAC.US.x.95058	7433
MAC.US.x.95086	7302
MAC.US.x.95112	7435
MAC.US.x.96016	7446
MAC.US.x.96020	7438
MAC.US.x.96072	7450
MAC.US.x.96081	7448
MAC.US.x.96093	7446
MAC.US.x.96114	7441
MAC.US.x.96123	7335
MAC.US.x.96135	7431
MAC.US.x.97009G-.....	7314
MAC.US.x.97074CG-.....G-.....	7308
MAC.US.x.MM142_IVMXXCG-.....G-.....	7834
MAC.US.x.SMM142_patentCG-.....G-.....	7831
MAC.US.x.r80025	7302
MAC.US.x.r90131	7445
MNE.US.82.MNE_8A-.....G-.....	7813
MNE.US.x.MNE027A-.....G-.....	7816
SMM.-.pE660_CG7G	..-G-T-A-.....A-.....T-.....G-A-.....C-.....T-G-.....G-.....G-.....T-.....C-.....C-.....	8344
SMM.CI.SIVsmCI2T-A-.....A-.....T-.....G-A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....G-.....G-.....C-.....C-.....	7492
SMM.LR.SIVsmL1B1A-.....A-.....G-.....A-.....A-.....C-.....A-.....T-.....G-.....G-.....A-.....G-.....	7401
SMM.SL.92.SL92B	..-G-A-.....G-.....T-.....G-.....A-.....C-.....A-.....T-.....T-.....G-.....G-.....A-.....G-.....	7787
SMM.SL.SIVsmSL92AA-.....G-.....T-.....G-.....A-.....C-.....A-.....T-.....T-.....G-.....G-.....C-.....C-.....	7436
SMM.US.CFU212	..-G-A-.....T-.....A-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....C-.....C-.....	7606
SMM.US.D215T-G-C-.....T-.....A-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....A-.....C-.....	7608
SMM.US.FT0T-G-C-.....T-.....A-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....A-.....C-.....	7624
SMM.US.G078A-.....T-.....G-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7632
SMM.US.G932A-.....T-.....G-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7609
SMM.US.M919G-A-.....G-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7634
SMM.US.M922G-A-.....G-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7634
SMM.US.M923G-A-.....G-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7621
SMM.US.M924G-A-.....G-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7630
SMM.US.M934G-A-.....G-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7606
SMM.US.M935G-A-.....G-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7613
SMM.US.M940G-A-.....G-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7659
SMM.US.M946G-A-.....G-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7634
SMM.US.M947C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7618
SMM.US.M949C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7593
SMM.US.M950C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7621
SMM.US.M951C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7614
SMM.US.M952C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7610
SMM.US.SIVsmE660-FL10C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	8348
SMM.US.x.F236_H4C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	8304
SMM.US.x.H9C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7828
SMM.US.x.PB114_15C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	8131
SMM.US.x.PB1AC-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	8130
SMM.US.x.PB1_143C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7843
SMM.US.x.PB1_6P6C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	8323
SMM.US.x.PGM53C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	8285
SMM.US.x.SME543C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	8361
STM.US.89.STM_37_16C-.....G-.....A-.....A-.....C-.....T-.....T-.....T-.....G-.....G-.....T-.....A-.....C-.....	7990

Tat Rev intron end_Tat Rev exon 2 start

MAC. US. x. 239	AAGTATATACAATATGGAGTTTATATAGTTGTAGGAGTAATACTGTTAAGAATAGTATCTATATAGTACAATGCTAGCTAAGTAAAGGCAGGGGTATAGCCAGTGTCTTCTCCACCCCTTTATTTTCAGCAGACCCATATCCAAACAGGACCCGGCACTGCCAAC	8837
Env	K Y I Q Y G V Y I V V G V I L L R I V I Y I V Q 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 Q Q D P A L P T	
Tat exon 2		
Rev exon 2		
	N P Y P T G P R H C Q	
A. CI. 88. UC2	--A--T--G--A--A--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8846
A. DE. x. BEN	-----T--G-----GC--A--A--G--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8892
A. DE. x. PEI2_KR_KRCG	-----T--G-----G--A--AA--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8836
A. GH. x. GH1	-----T--G-----A--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8312
A. GM. 87. D194	-----T--G-----A--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8306
A. GM. x. ISY_SBL_6669_85	-----T--G-----CATG--A--A--A--G--GCTC--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8312
A. GM. x. HCN13	-----T--G-----A--AA--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8319
A. GM. x. MCR35	-----T--G-----A--AA--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8319
A. GW. 86. FG_c1one_NIHZ	-----G--T--T--G--A--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8303
A. GW. 87. CAM2CG	-----GC--T--T--G--A--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8904
A. GW. x. MDS	-----T--G-----C--A--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8369
A. IN. 87. NNVA	-----T--G-----C--A--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8884
A. IN. 95. CR1K_147	-----T--G-----GC--A--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8876
A. PT. x. ALI	-----T--G-----GCT--A--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8338
A. SN. 85. ROD	-----T--G-----GCT--A--A--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8338
B. CI. 88. UC1	GCA--C--CAGG--TA--C--A--G--A--C--T--G--A--A--C--TA--G--G--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8879
B. CI. x. 20_56	GCA--C--CAGG--TA--C--G--G--A--A--T--G--A--A--C--TA--G--G--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8844
B. CI. x. EHO	GCA--C--CAGG--TA--T--A--AA--A--G--G--A--CA--A--C--TA--G--G--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8854
B. GH. 86. D205_ALT	-----A--C--T--TA--C--A--A--C--GT--G--G--A--A--C--TA--G--G--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8868
B. JP. 01. KR020_IMCJ_KR020_1	GC--C--ATA--T--A--G--A--C--GT--G--G--A--A--C--TA--G--G--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	7983
G. CI. 92. Abt96	-----A--CG--TT--C--TA--CC--G--G--C--G--G--C--A--G--A--A--GA--GAC--T--A--A--T--T--YT--T--G--T--T--GCA--A--A--W--	8265
AB. CH. 03. 03CM_510_03	-----GA--T--T--C--TA--CC--G--G--C--G--G--C--A--G--A--A--GA--GAC--T--A--A--T--T--YT--T--G--T--T--GCA--A--A--W--	8265
H2_01_AB. CI. 90. 7312A	-----A--T--G--TC--A--A--G--A--G--GCTC--G--A--A--A--G--G--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8883
H2_01_AB. JP. 04. 943JP_NMC307	-----A--T--G--TC--A--A--G--A--G--GCTC--G--A--A--A--G--G--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8862
H2_01_AB. JP. 07. 073JP_NMC716	-----A--T--G--TC--A--A--G--A--G--GCTC--G--A--A--A--G--G--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8860
H2_01_AB. JP. 08. 083JP_NMC842	-----A--T--G--TC--A--A--G--A--G--GCTC--G--A--A--A--G--G--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--GG	8855
U. FR. 96. 12034	-----A--G--T--C--TA--C--G--G--A--C--A--A--AC--T--A--A--G--G--C--T--G--GTC--T--A--A--T--T--AC--G--TG--A--T--C--G--A--A--A--	8376
MAC. US. x. 17EC1	-----G--	8837
MAC. US. x. 17EFR	-----G--	8837
MAC. US. x. 1937	-----R--	7945
MAC. US. x. 2065	-----R--	7943
MAC. US. x. 251_1a11	-----A--	8863
MAC. US. x. 251_32H_P35	-----A--	8835
MAC. US. x. 251_BK28	-----A--G--	8819
MAC. US. x. 80035	-----A--G--	7943
MAC. US. x. 81035	-----A--G--	7944
MAC. US. x. 85013	-----A--G--	8877
MAC. US. x. 87082	-----A--G--	7914
MAC. US. x. 92050	-----A--G--	7937
MAC. US. x. 92077	-----A--G--	7944
MAC. US. x. 93057	-----A--G--	7942
MAC. US. x. 93062	-----A--G--	7911
MAC. US. x. 95058	-----A--G--	7931
MAC. US. x. 95086	-----R--	7800
MAC. US. x. 95112	-----R--	7933
MAC. US. x. 96016	-----R--	7944
MAC. US. x. 96020	-----R--	7936
MAC. US. x. 96072	-----R--	7948
MAC. US. x. 96081	-----R--	7946
MAC. US. x. 96093	-----R--	7944
MAC. US. x. 96114	-----R--	7939
MAC. US. x. 96123	-----R--	7833
MAC. US. x. 96135	-----R--	7929
MAC. US. x. 97009	-----R--	7812
MAC. US. x. 97074	-----R--	7806
MAC. US. x. MM142_IVMXX	-----A--A--G--A--A--G--A--A--T--T--C--T--R--T--	8332
MAC. US. x. SM1142_patent	-----R--A--A--G--A--A--G--A--A--T--T--C--T--T--	8329
MAC. US. x. r80025	-----R--A--A--G--A--A--G--A--A--T--T--C--T--T--	8329
MAC. US. x. r90131	-----R--A--A--G--A--A--G--A--A--T--T--C--T--T--	7800
MNE. US. 82_MNE_8	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8311
MNE. US. x. MNE027	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8314
SMM. -_pE660_CG7G	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8842
SMM. CI. SIVsmCI2	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	7990
SMM. LR. SIVsmIB1	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	7899
SMM. SL. 92_SL92B	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8285
SMM. SL. SIVsmSL92A	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	7934
SMM. US. CFU212	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8104
SMM. US. D215	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8106
SMM. US. FTg	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8122
SMM. US. G078	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8130
SMM. US. G932	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8107
SMM. US. M919	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8132
SMM. US. M922	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8119
SMM. US. M923	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8119
SMM. US. M926	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8128
SMM. US. M934	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8104
SMM. US. M935	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8111
SMM. US. M940	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8157
SMM. US. M946	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8132
SMM. US. M947	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8116
SMM. US. M949	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8116
SMM. US. M950	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8119
SMM. US. M951	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8112
SMM. US. M952	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8108
SMM. US. SIVsmE660-FL10	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8846
SMM. US. x. F236_H4	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8802
SMM. US. x. H9	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8326
SMM. US. x. PB114_15	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8629
SMM. US. x. PB3A	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8628
SMM. US. x. PB3_143	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8341
SMM. US. x. PB3_6P6	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8821
SMM. US. x. PGM53	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8783
SMM. US. x. SME543	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8859
STM. US. 89_STM_37_16	-----G--C--C--A--A--G--A--A--T--T--G--A--A--	8488

	Rev end	Nef start	
MAC.US.x.239	TCCAGAGGCTCTCTGCAGCCTACAGAGATTGAGAACTCTCAGAGACTGACTGACCTACTACAATATGGGTGGAGCTATTTCCATGAGGCGGTCCAGGCGCTGAGATCTGCGACAGAGACTCTTGGGGCGGTGGGGA...GACTTATGGGAGACTCTTAGG	9174	
Env	L Q R L S A T L Q R I R E V L R D E L T Y L Q Y M G W S Y F H E A V Q A V W R S A T E T L L A G A W G . D L W E T L R		
Nef	L Q R L S A T L Q R I R E V L R D E L T Y L Q Y M G W S Y F H E A V Q A V W R S A T E T L L A G A W G . D L W E T L R		
Rev exon 2	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 R S R P S G W D L R Q R L L R A R G E . T Y W E R L L G	
A.CI.88.UC2	C---AT---GACAGCA-CA-G-CTGG-G-ACT-A-GGC-G-C-A-G-CCAG-GGA-A-A-TT-A-AA-GCA-GA-A-G-A-G-GG---TA-G-AG-GCA-9171		
A.DE.x.BEN	C---T---ACAGCA-CA-G-CTGG-G-ACT-A-GGC-G-C-A-G-CCAG-GGA-A-A-TT-A-AT-GC-GA-A-G-A-G-GG---AG-AGC-G-A-9177		
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	C---T---TCAGAGAG-A-ACA-CA-CA-G-CTGG-G-ACT-AC-A-G-C-G-CCAG-GGA-A-A-T-C-T-C-TGCA-GA-A-G-A-G-GG---G-G-AA-GG-A-9173		
A.GH.x.GH1	C---AT---ACAGCA-CA-G-CTGG-G-ACT-A-GC-G-G-G-CCAG-GGA-A-A-AT-A-AT-GCA-AGA-A-G-A-A-A-A-G-GG---T-AG-AG-GCAA-8637		
A.GM.87.D194	C---T---ACAGCA-CA-G-CTGG-G-ACT-A-GGC-G-G-G-CCAG-GGA-A-A-T-GA-AT-GCA-GA-A-G-A-G-GG---A-A-A-G-GG---T-AG-AGC-GCAA-8631		
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85T---TCAGAG-G-A-GACACCA-CA-CTGG-G-ACT-A-GGCAG-G-G-G-CCAG-GGA-A-A-T-C-GC-GGT-A-A-G-A-A-A-A-G-A-G-AG-G-G-G-A-GCA-8616		
A.GM.x.HCN13T---TCAGAG-G-A-GACACCA-CA-CTGG-G-A-A-GCAG-G-T-G-G-CCAG-GGA-A-GA-T-T-GCA-GG-A-G-A-G-A-A-A-G-A-G-G-G-G-A-GCA-8656		
A.GM.x.MCR35T---TCAGAG-G-A-GACACCA-CA-CTGG-G-A-A-GCAG-G-T-G-G-CCAG-GGA-A-GA-T-T-GCA-GG-A-G-A-G-A-A-A-G-A-G-G-G-G-A-GCA-8656		
A.GW.86.FG.c1one_N1HZT---CAGAGAG-A-ACAGCA-CA-CTGG-G-CT-A-G-CAG-G-G-G-CCAG-GGA-A-A-T-A-C-TGCA-GA-A-G-A-A-A-G-A-G-AG-G-G-A-GCA-8640		
A.GW.87.CAM2CGAT---C-CA-CTGG-G-C-A-G-AG-T-G-CCAG-GGA-A-A-T-CTGCA-GG-A-G-A-G-A-A-A-G-A-G-G-G-GA-TGT-ACAA-9220		
A.GW.x.MDSAT---C-CA-CTGG-G-CT-AG-ACAG-T-G-CCAG-GGA-A-A-T-T-GC-GG-A-A-G-A-A-A-A-G-A-G-G-G-GA-TGT-ACAA-9220		
A.IN.07.NMVAAT---C-CA-CTGG-G-CT-AG-ACAG-T-G-CCAG-GGA-A-A-AT-T-GC-GG-A-A-GG-A-A-A-G-A-G-G-G-GT-GC-A-9200		
A.IN.95.CRIK_147AT---C-CA-CTGG-G-CT-AG-ACAG-T-G-CCAG-GGA-A-A-AT-T-GC-GG-A-A-GG-A-A-A-G-A-G-G-G-GT-GC-A-9200		
A.PT.x.ALIG---T---TCAGAGAG-G-GACA-CA-CA-CTGG-G-ACT-A-GCAG-G-G-G-CCAG-GGA-A-A-T-G-TGCA-GAT-G-G-A-A-A-A-A-C-A-A-G-G-G-G-AG-GCA-9213		
A.SN.85.RDD	A---AT---C-CA-CTGG-G-ACT-AG-ACAG-T-T-G-CCAG-GGA-A-A-AT-T-GC-GG-A-A-G-A-A-A-A-G-A-G-G-G-AG-GTAT-GGAA-8654		
B.CI.88.UC1A---CCG-CT-TC-TG-A-C-G-ATC-GG-A-A-AA-A-A-CAAC-GG-G-G-AA-A-AG-AA-C-C-A-A-AG-C-A-9183		
B.CI.x.20_56A---CCA-CT-TCG-TG-A-C-G-ATC-GG-A-A-AA-A-A-CAAC-GG-GG-AA-A-G-AA-C-C-A-A-AG-C-A-9148		
B.CI.x.EHOA---CCG-CT-CC-CTG-A-C-G-ATC-GG-A-A-AA-A-A-CAACC-GG-GG-AA-A-G-AA-C-C-A-A-AG-C-A-9158		
B.GH.86.D205_ALT	CAACC-AT---CAA---CCTCCGG-TG-C-G-ATC-GG-A-A-C-A-GA-CAGCA-GG-A-GG-A-A-A-T-CG-A-AG-AC-C-G-C-9181		
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1G---CAG-ACT-CC-TG-A-C-G-ATC-GG-A-A-AA-A-A-CAAC-GG-GG-AA-A-A-A-AG-AA-G-AC-C-C-9289		
G.CI.92.Ab196A-AA---CAG---C-AGCA-A---CAT-C-CTA---GCAG-T-TT-CAGC-TCC-GGC-A-A-TG-ACC-A-CAACT-GG---CA-A-AA-A---A---C---A-A-GG-A-8602		
AB.CH.03.03CM_510_03A---CCA-CTCCCTGT-G-A-C-G-ATCG-GG-A-A-A-C-GA-A-CAGC-GG-A-G-G-A-T-G-A-AG-AC---AG-C---8275		
H2.01.AB.CI.90.7312AA---CCA-CTCTCTGT-TG-C-C-ATCG-GG-A-A-A-A-A-CAGC-GG-A-GG-A-A-A-AG-A-G-AC---G-C---9187		
H2.01.AB.JP.04.043P_NMC307A---CCA-CTCTCTGT-TG-C-C-ATCG-GG-A-A-A-A-A-CAGC-GG-A-GG-A-A-A-AG-A-G-AC---G-C---9187		
H2.01.AB.JP.07.073P_NMC716A---CCA-CTCTCTGT-TG-AC-C-G-ATC-GG-A-A-A-A-A-CAGC-GG-GG-AA-A-CA-CA-G-AC-A-G-C---A-9164		
H2.01.AB.JP.08.083P_NMC842A---CCA-CTCTCTGT-TG-AC-C-G-ATC-GG-A-A-A-A-A-CAGC-GG-GG-AA-A-CA-CA-G-AC-A-G-C---9159		
U.FR.96.12034C---CGT-GCACTT-A-AG-T-CAG-CAG-A-A-AT-A-GT-G-A-G-CG-AGCC-A-G-G-A---AC---GG-8692		
MAC.US.x.17EC1			9174
MAC.US.x.17EFR			9174
MAC.US.x.1937	Y	R	8282
MAC.US.x.2065			8280
MAC.US.x.251_1A11			9170
MAC.US.x.251_32H_P35	G	GA	9172
MAC.US.x.251_BK28			9156
MAC.US.x.80035			8280
MAC.US.x.81035			8281
MAC.US.x.85013			8254
MAC.US.x.87082			8274
MAC.US.x.92050			8281
MAC.US.x.92077			8279
MAC.US.x.93057			8248
MAC.US.x.93062			8268
MAC.US.x.95058			8137
MAC.US.x.95086			8270
MAC.US.x.95112			8271
MAC.US.x.96016			8273
MAC.US.x.96020			8285
MAC.US.x.96072	Y	R	8283
MAC.US.x.96081			8281
MAC.US.x.96093			8276
MAC.US.x.96114			8170
MAC.US.x.96123			8266
MAC.US.x.96135			8149
MAC.US.x.97009			8143
MAC.US.x.97074			8137
MAC.US.x.MM142_IVMXX			8669
MAC.US.x.SM1142_patent			8666
MAC.US.x.r80025			8137
MAC.US.x.r90131			8280
MNE.US.82.MNE_8	AT	CA	8648
MNE.US.x.MNE027	AT	CA	8651
SMM.-pE660_CG7G	C	AA	9179
SMM.CI.SIVsmCI2	ACTA	GT	8318
SMM.LR.SIVsmIB1	A	AAG	8236
SMM.SL.92.SL92B	G	A	8622
SMM.SL.SIVsmSL92A	A	A	8271
SMM.US.CFU212	A	A	8441
SMM.US.D215	A	A	8443
SMM.US.FTg	G	G	8459
SMM.US.G078	A	A	8467
SMM.US.G932	ACAAAG	G	8444
SMM.US.H919	A	A	8469
SMM.US.M922	A	A	8456
SMM.US.M923	C	AAG	8456
SMM.US.M926	A	TCA	8465
SMM.US.M934	A	TC	8441
SMM.US.M935	A	TCT	8448
SMM.US.M940	A	A	8469
SMM.US.M946	A	TC	8469
SMM.US.M947	C	TAAA	8453
SMM.US.M949	A	A	8428
SMM.US.M950	A	TC	8456
SMM.US.M951	A	A	8449
SMM.US.M952	A	T	8445
SMM.US.SIVsmE660-FL10	C	AA	9183
SMM.US.x.F236_H4	C	AA	9139
SMM.US.x.H9	C	AAG	8663
SMM.US.x.PB114_15	C	AAG	8663
SMM.US.x.PB3A	C	AAG	8963
SMM.US.x.PB3_143	C	AAG	8678
SMM.US.x.PB3_6P6	C	AAG	9158
SMM.US.x.PGM53	A	CT	9111
SMM.US.x.SME543	A	AAG	9196
STM.US.89.STM_37_16	A	A	8825

MAC. US. x. 239	AGAGGTGGAAGATGGATACTCGCAATCCCGAGGAGGATTAGACAAGGGCTTGAGCTCACTCTCTGTGGA..GGGA.....CAGAAATACATCAGGACAGTATATGAATACTCCATGGAGAAACCAGCTGAAGAGAGAGAAAAATAGCATACAGAAAAACAATAT	9336
Env	R G G R W I L A I P R R I R Q G L E L T L L L * E## G Q K 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	
Nef	E V E D G Y S Q S P P G G L D K G L S S L S C * E## G Q K 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	
A.CI.88.UC2	C-CATC-G-GG-A-C-G-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-G-TCGG-G-T-C-C-C-C-AATG-AG-C-G-GAGT-AGC-G	9333
A.DE.x.BEN	C-CATC-G-GG-A-G-T-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-G-TCGG-G-T-C-C-C-C-AAC-A-A-C-G-GAGT-AGC-G	9379
A.DE.x.REI2_KR_KRCG	C-GATC-G-GG-A-T-G-T-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-TG-C-C-C-G-TCGG-G-T-C-C-C-C-AAC-A-A-C-G-GAGT-AGC-G	9335
A.GH.x.GH1	C-CATC-G-GG-A-C-G-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-G-TCGG-G-T-C-C-C-C-AAC-A-A-C-G-GAGT-AGC-G	8799
A.GM.87.D194	C-CATC-G-GG-A-C-G-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-G-TCGG-G-T-C-C-C-C-AAC-A-A-C-G-GAGT-AGC-G	8793
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	C-ATC-G-GG-A-G-T-AC-A-C-G-G-AGCA-AA-TG-C-C-C-G-TCGG-G-A-G-C-T-C-C-C-AAC-A-A-G-GA-T-G-GC	8778
A.GM.x.MCN13	C-GATC-G-GG-A-T-G-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-A-A-AG-G-G-GA-TTG-AGC-G	8818
A.GM.x.MCR35	C-GATC-G-GG-A-T-G-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-A-A-AG-G-G-GA-TTG-AGC-G	8818
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	C-ATC-G-GG-A-T-G-AC-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-A-A-AG-G-G-GA-TTG-AGC-G	8802
A.GW.87.CAM2CG	C-CAT-G-GG-A-C-T-GG-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-G-TCGG-GG-C-T-C-GC-A-C-G-GA-G-AAT-T-AGC-G	9382
A.GW.x.MDS	C-AT-G-GG-A-GG-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-C-G-TC-A-A-GG-C-TC-C-AAC-AG-G-G-GATT-T-C	8847
A.IN.07.NNVA	C-CAT-G-GG-A-GG-T-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-G-GA-TC-C-G-CGC-G-CGC-G-T-CATCA-C-GAGAGACCG-CG-TTGGAT-GGG-GC-G-ACA	9362
A.IN.95.CR1K_147	C-AT-G-GG-A-GG-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-C-G-TC-A-A-GG-C-TC-C-AAC-A-A-GG-GACTT-GC	9125
A.PT.x.ALI	T-G-TC-G-GA-G-A-C-G-G-AGCA-AA-TG-C-C-C-A-AG-G-TC-G-G-T-C-C-C-CGG-TC-G-G-T-C-C-AAC-A-A-G-G-GA-TTG-AGC-G	9375
A.SN.85.ROD	C-ATC-G-GG-A-GG-T-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-C-G-C-G-TC-G-G-C-T-AGG-A-A-C-A-G-G-AATTG-GC	8816
B.CI.88.UC1	-GACA-CGGA-GCA-CA-G-G-C-A-A-A-G-C-GC-ATGC-AGA-C-AG-G-G-G-GC-G-G-C	9297
B.CI.x.20_56	-ACG-CGG-GCCA-CA-GG-A-A-C-A-A-G-C-A-TGCC-A-GAC-A-G-G-G-G-GC-G-G-A	9262
B.CI.x.EHO	-CG-C-G-GA-CA-T-A-C-C-GC-A-G-C-T-AG-CTTTG-GA-C-AG-G-G-G-G-G-TC	9272
B.GH.86.D205_ALT	-CG-CG-GCA-CA-G-A-C-A-A-C-A-ATGC-GG-GG-C-AG-G-G-G-GC-G-G-G	9295
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1	-ACA-CG-GGCA-CG-G-G-C-A-C-A-G-C-GC-TCGT-GA-C-AG-G-G-G-GC-G-G-G	8403
G.CI.92.Abt96	-G-T-G-G-A-G-A-A-C-G-A-G-AC-CG-T-A-T-C-AAC-A-C-G-GY-G	8764
AB.CM.03.03CM_510_03	G-G-CG-CG-GC-C-G-A-A-C-A-A-G-C-ATGC-TG-GG-C-AG-G-G-G-GC-GC	8386
H2_01_AB.CI.90_7312A	-GAGC-CG-GG-A-CA-G-A-A-C-G-A-A-G-C-C-A-CGC-GA-C-AG-G-G-G-GC-G-C	9301
H2_01_AB.JP.04_043P_NMC307	-GAGC-CG-GG-A-CA-G-A-A-C-G-A-A-G-C-C-A-ACGC-GG-C-AG-G-G-G-GC-G-C	9280
H2_01_AB.JP.07_073P_NMC716	-AGC-CG-GG-A-CA-G-A-R-C-A-A-R-C-A-ACGC-GG-C-AG-G-G-G-GC-G-C	9278
H2_01_AB.JP.08_083P_NMC842	-G-CG-CG-GG-A-CA-G-A-R-C-A-A-R-C-A-ACGC-GG-C-AG-G-G-G-GC-G-C	9273
U.FR.96.12034	C-G-T-----C-T-GA-T-A-A-----C-G-AT-----G-G-T-----A-CTCAGGGC-AGGC-T-G-G-A-G--TC-----A-T-----C-----AAC-G-A--T-----CA--T-AGC-----C-----	8860
MAC.US.x.17EC1		9336
MAC.US.x.17EFR		9336
MAC.US.x.1937	G-----A-----A-----	8444
MAC.US.x.2065	R-----C-----T-----A-----A-----C-----	8442
MAC.US.x.251_1A11		9332
MAC.US.x.251_32H_PJ5		9334
MAC.US.x.251_BK28	C-----T-----G-----G-----A-A-----	9318
MAC.US.x.80035		8442
MAC.US.x.81035		8443
MAC.US.x.85013		8376
MAC.US.x.87082		8413
MAC.US.x.92096	A-----	8436
MAC.US.x.92077		8443
MAC.US.x.93057	R-----Y-----A-----	8441
MAC.US.x.93062		8410
MAC.US.x.93062		8430
MAC.US.x.95058		8299
MAC.US.x.95086		8432
MAC.US.x.95112		8443
MAC.US.x.96016		8435
MAC.US.x.96020		8447
MAC.US.x.96072		8445
MAC.US.x.96081	R-----R-----W-----G-----RR-----	8443
MAC.US.x.96093		8438
MAC.US.x.96114		8332
MAC.US.x.96123		8428
MAC.US.x.96135		8311
MAC.US.x.97009		8305
MAC.US.x.97074		8831
MAC.US.x.MM142_IVMXX	-G-----C-----T-----C-----A-----G-A-C-----GA-----C-----	8828
MAC.US.x.SMM142_patent	-G-----C-----T-----C-----A-----G-A-C-----GA-----C-----	8299
MAC.US.x.r80025		8442
MAC.US.x.r90131		8810
MNE.US.82.MNE_8	-G-T-----T-----C-----A-----T-----T-----A-----G-----G-----	8813
MNE.US.x.MNE027		9341
SMM.p6600_CG76	-G-T-----G-----T-----GC-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----C-----	8480
SMM.CI.SIVsmC12	-GAT-----G-----T-----T-----GC-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----G-----	8392
SMM.LR.SIVsmLIB1	-GAT-----G-----T-----TGG-----T-----C-----C-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----A-----G-----C-----CAAG-----TG-----G-----TGC-----	8787
SMM.SL.92.SL92B	C-G-T-----G-----CGCA-----A-----C-----G-----C-----A-----TG-----TAAC-----AG-----ATGGA-----T-----T-----GTA-----GG-----A-----C-----C-----T-----AC-----A-----C-----GCA-----CAG-----T-----GC-----GTG-----	8416
SMM.SL.SIVsmSL92A	CACAT-----G-----CGCA-----G-----A-----C-----G-----AT-----G-----A-----T-----A-----AAT-----CCT-----TG-----GC-----CA-----GG-----A-----C-----C-----AG-----A-----CC-----T-----AAG-----A-----CC-----T-----AAG-----A-----G-----CGCATG-----T-----G-----GC-----A-----	8603
SMM.US.CFU212	-G-T-----G-----TAAC-----G-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----G-----CCT-----TG-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----T-----AAG-----A-----CC-----T-----AAG-----A-----G-----CGCATG-----T-----G-----GC-----A-----	8621
SMM.US.D215	C-G-T-----G-----CGCA-----G-----G-----C-----C-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----AGTT-----G-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----T-----AAG-----A-----G-----CGCATG-----T-----G-----GC-----A-----	8629
SMM.US.G078	-G-T-----G-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----T-----A-----CT-----T-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----AAC-----A-----C-----GT-----T-----C-----	8606
SMM.US.G932	G-G-TC-----G-----GA-----G-----G-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----T-----A-----AGCT-----T-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----T-----G-----T-----AG-----A-----GA-----AA-----T-----C-----	8631
SMM.US.M919	-G-T-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----A-----C-----T-----A-----AG-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----GA-----AA-----T-----C-----	8631
SMM.US.M922	-GG-TC-----G-----G-----T-----G-----AC-----C-----G-----T-----G-----A-----T-----A-----C-----C-----CCT-----A-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----T-----T-----AG-----A-----C-----GC-----GAAG-----T-----C-----	8618
SMM.US.M923	C-G-T-----G-----GG-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----CT-----A-----G-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----T-----AG-----A-----G-----GC-----AA-----T-----C-----	8627
SMM.US.M926	-GAT-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----T-----AG-----A-----G-----GC-----AA-----T-----C-----	8603
SMM.US.M934	C-G-TC-----G-----G-----T-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----A-----C-----C-----A-----G-----GA-----GC-----AAG-----T-----C-----	8610
SMM.US.M935	-G-T-----GG-----C-----TGGG-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----TC-----CCCGAGCCA-----AGCT-----TTG-----G-----AA-----C-----C-----T-----G-----T-----AAC-----A-----CT-----CA-----T-----C-----TGC-----	8662
SMM.US.M940	-G-T-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----C-----C-----CCCGAGCCA-----AGCT-----TTG-----G-----AA-----C-----C-----T-----G-----T-----AAC-----A-----CT-----CA-----T-----C-----TGC-----	8651
SMM.US.M947	C-G-T-----G-----GG-----AG-----G-----T-----G-----C-----A-----C-----G-----C-----T-----GT-----CCT-----A-----G-----TTG-----G-----A-----C-----A-----T-----C-----T-----G-----T-----A-----AAT-----GA-----C-----AT-----T-----C-----	8615
SMM.US.M949	-G-TC-----G-----GG-----C-----TGGG-----A-----AC-----C-----G-----G-----T-----GT-----TC-----CCTGAGTCA-----AGCT-----TTG-----G-----A-----T-----T-----C-----T-----G-----T-----AAC-----A-----CT-----GCA-----T-----C-----G-----TGC-----	8596
SMM.US.M950	-G-T-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----T-----AG-----A-----G-----GC-----AA-----T-----C-----	8618
SMM.US.M951	-CTC-----GG-----C-----TGGG-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----G-----AC-----CCCAAACA-----AGCT-----TTG-----G-----AA-----T-----C-----T-----G-----T-----AAT-----AG-----CT-----GC-----CA-----T-----C-----GTGC-----	8617
SMM.US.M952	-G-T-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----G-----AC-----CCCAAACA-----AGCT-----TTG-----G-----AA-----T-----C-----T-----G-----T-----AAT-----AG-----CT-----GC-----CA-----T-----C-----GTGC-----	8617
SMM.US.SIVsmE660-FL10	-G-T-----G-----T-----C-----CG-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----CCT-----T-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----AG-----GC-----GA-----T-----C-----G-----	9345
SMM.US.x.F236_H4	-G-T-----G-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----CCT-----T-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----AG-----GC-----GA-----T-----C-----G-----	9301
SMM.US.x.H9	-G-T-----GG-----A-----MR-----AC-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----CCT-----T-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----AG-----GC-----GA-----T-----C-----	8825
SMM.US.x.PBJ14_15	-G-T-----GG-----A-----A-----AC-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----CCT-----T-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----AG-----GC-----GA-----T-----C-----	9128
SMM.US.x.PBJ3A	-G-T-----GG-----A-----A-----AC-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----CCT-----T-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----AG-----GC-----GA-----T-----C-----	9127
SMM.US.x.PBJ_143	-G-T-----GG-----A-----MR-----AC-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----CCT-----T-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----AG-----GC-----GA-----T-----C-----	8840
SMM.US.x.PBJ_6P6	-G-T-----GG-----A-----A-----AC-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----CCT-----T-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----AG-----GC-----GA-----T-----C-----	9320
SMM.US.x.PGM53	-G-T-----G-----G-----T-----C-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----TG-----A-----C-----T-----GG-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----AG-----GC-----GA-----T-----C-----	9273
SMM.US.x.SME543	-G-T-----G-----G-----T-----C-----CG-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----CCT-----T-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----AG-----GC-----GA-----T-----C-----	9358
STM.US.89.STM_37_16	-G-T-----G-----A-----CGGG-----C-----A-----C-----C-----G-----A-----A-----CCT-----T-----G-----G-----A-----TC-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----AG-----GC-----GA-----T-----C-----	8987

	TATA box	3' LTR U3 end	TAR element start	3' LTR repeat start	
MAC.US.x.239	CCGGTC...GGGAACGCC	ACTTTCTTGATGTTATAAATATC	ACTGCATTTGCTCTGTGA	TTCACTGCTCTGCGGAGGCTGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCTCA	.CCAGCACTTGGC10083
A.CI.88.UC2	GA-C-GGTG	T-A-A-AC	G-ACC-GCT-CC	-A-T-C	C-A-C-C
A.DE.x.BEN	GA-C-GGTG	T-A-A-AC	G-ACC-GCT-C-T-AT	C-A	G
A.DE.x.PET2_KR_KRCC	GAACCGGTG	T-A-A-C	G-ACC-GCT-GC-T-AT	C	T
A.GH.x.GH1	GA-C-GGTG	T-A-A-AC	G-ACC-GCT-C-TA-AT		
A.GM.87.D14	GA-C-GGTG	T-A-AT-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT		
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	GA-C-GGTG	T-A-A-TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT		G
A.GM.x.MCN13	GA-CCGGTG	T-A-A-TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT-C		G-TG
A.GM.x.MCR35	GG-CCGGTG	T-A-A-TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT-A-C		G-TG
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	GA-C-GGTG	TT-A-A-TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT	C	TG
A.GW.87_CAM2CG	GA-C-GGTG	T-A-A-C-TC	TCACC-GCT-GC-T-AT		TG
A.GW.x.MDS	GA-C-GGTG	T-A-A-C-TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT-C		TG
A.IN.07.NNVA	GA-CCGGTG	T-A-ATC-TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT-C		AG CT T A
A.IN.95.CR1K_147	GA-C-GGTG	T-A-ATC-TC	G-ACC-GCT-T-AT-C		G
A.PT.x.ALI	GA-C-GGTG	T-A-A-C-C	G-ACC-GCT-GC-T-AT		TG
A.SN.85.RDD	GA-C-GGTG	T-A-AT-CTC	G-ACC-GCT-GC-T-AT-C	G	TG
B.CI.88.UC1	GA-T-GGTT	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT		C
B.CI.x.20_56	B.CI.x.EHD	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-CT-AT	AC	
B.GH.86.D205_ALT	GG-T-GGTT	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-C-AT		C
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1	GA-C-GGTG	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-CTA-AT	AC	C
G.CI.92.Abt96	GGAC-GGTT	-AAAA-CTC	A-G		C
AB.CM.03.03CM_510_03	GG-T-GGTT	T-AAA-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT	AC	
H2_01_AB.CI.90.7312A	GA-T-GGTG	T-AAGCTC	G-ACC-GCT-C-T-AT		
H2_01_AB.JP.04.04JP_NMC307	GA-T-GGCG	ATTAA-TC	R-ACCTGCT-C-T-AT		Y
H2_01_AB.JP.07.07JP_NMC716	TT--GG--	T-AAT-CTC	A-C-Y-T-C-AT		
H2_01_AB.JP.08.08JP_NMC842	GA-T-GGTG	T-AAT-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT		G
U.FR.96.12034	GGA-C-ATG	T-AAATGATC	G-A-C-C-TC-T-AT		AA-G
MAC.US.x.17EC1					
MAC.US.x.17EFR					G
MAC.US.x.1937					
MAC.US.x.2065					
MAC.US.x.251_1A11		A	T-A-G		
MAC.US.x.251_32H_PJ5		A			
MAC.US.x.251_BK28		A			
MAC.US.x.80035					
MAC.US.x.81035					
MAC.US.x.85013					
MAC.US.x.87082					
MAC.US.x.92050					
MAC.US.x.92077					
MAC.US.x.93077					
MAC.US.x.93062					
MAC.US.x.95058					
MAC.US.x.95086					
MAC.US.x.95112					
MAC.US.x.96016					
MAC.US.x.96020					
MAC.US.x.96072					
MAC.US.x.96081					
MAC.US.x.96093					
MAC.US.x.96114					
MAC.US.x.96123					
MAC.US.x.96135					
MAC.US.x.97009					
MAC.US.x.97074					
MAC.US.x.MM142_IVMXX	T	A			
MAC.US.x.SM142_patent	T	A			
MAC.US.x.r80025					
MAC.US.x.r90131					
MNE.US.82.MNE_8		A			
MNE.US.x.MNE027		A			
SMM.-.pE660_CG7G	T-CT	AT-CTC	A		
SMM.CI.SIVsmCI2	T-G	TA-AA-CTC	AAGC	T-G-A-G-A-T-C	
SMM.LR.SIVsmL1B1	GA-TCGGTG	T-CT-TC	AAAC-GCT-ACT		A-T
SMM.SL.SIVsmSL92B	GG-GGAAC	CTAAACTC-TA	ACC-GCT-GC		C-A-G-G-TAGTA-GT
SMM.SL.SIVsmSL92A	T-G	TAAAA-CTC	A.C.A-T--GCAGCTGAT		T-A-A-A-ACA
SMM.US.CFU212					
SMM.US.D215					
SMM.US.FTg					
SMM.US.G078					
SMM.US.G932					
SMM.US.M919					
SMM.US.M922					
SMM.US.M923					
SMM.US.M926					
SMM.US.M934					
SMM.US.M935					
SMM.US.M940					
SMM.US.M946					
SMM.US.M947					
SMM.US.M949					
SMM.US.M950					
SMM.US.M951					
SMM.US.M952					
SMM.US.SIVsmE660-FL10	T-CT	AT-CTC	A		
SMM.US.x.F236_H4		AT-CTC			
SMM.US.x.H9	GA-C-GGCT	AT-CTC	CA		G
SMM.US.x.PBJ14_15	GA-C-GGCT	G-AT-CTC	CA		
SMM.US.x.PBJA	GA-C-GGCT	G-AT-CTC	CA		
SMM.US.x.PBJ_143	GA-C-GGCT	G-AT-CTC	CA		
SMM.US.x.PBJ_6P6	GA-C-GGCT	G-AT-CTC	CA		A
SMM.US.x.PGMS3	GA-C-GGCT	AT-TC	CA		
SMM.US.x.SMES43	GA-C-GGCT	AT-CTC	CA		G
STM.US.89.STM_37_16	T-G	TT-A-TC	CA-C-T-A-A		A

	TAR element end	Poly-A signal 3' LTR R repeat end	3' LTR U5 start	
MAC.US.x.239	CGGTGCTGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTTGCTTA	.AAGCCCTCTCAATAAA	.GCTGCCATTTTGAAGTAAGCT	.AGTGTGTGTTCCATCTCTCTAGCCGCCGCTGGTCAACTCGGTA
A.CI.88.UC2	CA	C	G	T
A.DE.x.BEN	A	A	A	T
A.DE.x.PET2_KR_KRCG	A	A	A	T
A.GH.x.GH1				
A.GM.87.D14				
A.GM.x.LSY_SBL_6669_85	C	C	G	T
A.GM.x.MCN13	CA	A	A	T
A.GM.x.MCR35	CA	A	A	T
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	C	A	A	T
A.GW.87_CAM2CG	CA	A	A	T
A.GW.x.MDS				
A.IN.07.NNVA	C	C	G	T
A.IN.95.CR1K_147	CA	A	A	T
A.PT.x.ALI	CA	A	A	T
A.SN.85.ROD	CA	A	A	T
B.CI.88.UC1	A	A	A	T
B.CI.x.20_56	A	A	A	T
B.CI.x.EHD	A	A	A	T
B.GH.86.D205_ALT	A	A	A	T
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1	A	A	A	T
G.CI.92.Abt96	CA	A	A	T
AB.CM.03.03CM_510_03				
H2_01_AB.CI.90.7312A	C	A	A	T
H2_01_AB.JP.04.04JP_NMC307	C	A	A	T
H2_01_AB.JP.07.07JP_NMC716	C	A	A	T
H2_01_AB.JP.08.08JP_NMC842	C	A	A	T
U.FR.96.12034				
MAC.US.x.17EC1				
MAC.US.x.17EFR				
MAC.US.x.1937				
MAC.US.x.2065				
MAC.US.x.251_1A11				
MAC.US.x.251_32H_PJ5				
MAC.US.x.251_BK28	A	A	A	T
MAC.US.x.80035				
MAC.US.x.81035				
MAC.US.x.85013				
MAC.US.x.87082				
MAC.US.x.92050				
MAC.US.x.92077				
MAC.US.x.93057				
MAC.US.x.93062				
MAC.US.x.95058				
MAC.US.x.95086				
MAC.US.x.95112				
MAC.US.x.96016				
MAC.US.x.96020				
MAC.US.x.96072				
MAC.US.x.96081				
MAC.US.x.96093				
MAC.US.x.96114				
MAC.US.x.96123				
MAC.US.x.96135				
MAC.US.x.97009				
MAC.US.x.97074				
MAC.US.x.MM142_IVMXX				
MAC.US.x.SM142_patent				
MAC.US.x.r80025				
MAC.US.x.r90131				
MNE.US.82.MNE_8				
MNE.US.x.MNE027				
SMM.-.pE660_CG7G				
SMM.CI.SIVsmCI2				
SMM.LR.SIVsmL1B1				
SMM.SL.SIVsmSL92A				
SMM.US.CFU212				
SMM.US.D215				
SMM.US.FTg				
SMM.US.G078				
SMM.US.G939				
SMM.US.M919				
SMM.US.M922				
SMM.US.M923				
SMM.US.M926				
SMM.US.M934				
SMM.US.M935				
SMM.US.M940				
SMM.US.M946				
SMM.US.M947				
SMM.US.M949				
SMM.US.M950				
SMM.US.M951				
SMM.US.M952				
SMM.US.SIVsmE660-FL10				
SMM.US.x.F236_H4				
SMM.US.x.H9				
SMM.US.x.PBJ14_15				
SMM.US.x.PBJA				
SMM.US.x.PBJ_143				
SMM.US.x.PBJ_6P6				
SMM.US.x.PGMS3				
SMM.US.x.SMES43				
STM.US.89.STM_37_16				

10240 10280 10320 10172 9480 9472 9636 9713 9588 9431 9350 9525 10304 9818 10321 9671 10239 10203 10210 10237 9339 9599 9089 10250 10223 10223 10218 9607 10247 10247 9055 9054 10242 10245 10217 9054 9055 8987 9028 9048 9055 9052 9021 9042 8910 9044 9054 9047 9057 9045 9054 9049 8944 9039 8867 8859 9646 9600 8910 9053 9628 9664 10251 9147 9274 9613 9086 9130 9128 9149 9157 9121 9159 9138 9146 9155 9131 9138 9202 9159 9143 9143 9153 9146 9155 9135 9146 9155 9135 10255 10209 9638 9996 9996 9675 10246 10184 10283 9892

```

3' LTR US end
MAC.US.x.239      TTTGGGAA.ACCGAAGCAGGAAATCCCTAGCA.
A.CI.88.UC2      -----T-A---G-----
A.DE.x.BEN       -----T-A-G-----
A.DE.x.PE12_KR_KRCG
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.LSY_SBL_6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG_c1one_NIHZ
A.GW.87_CAM2CG      -----A--A-G-----
A.GW.x.MDS          -----AT--A-G--T-----
A.IN.07.NNVA       -----AC--G-----T
A.IN.95.CR1K_147   -----A--G-G-----
A.PT.x.ALI         -----A--G-G-----
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1        -----A--A-G-----
B.CI.x.20_56       --C---GA--T--G-----
B.CI.x.EHD         -----A--A-G-----
B.GH.86.D205_ALT
B.JP.01.KR020_IMCJ_KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM_510_03
H2_01_AB.CI.90.7312A
H2_01_AB.JP.04.04JP_NMC307
H2_01_AB.JP.07.07JP_NMC716
H2_01_AB.JP.08.08JP_NMC842
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1     -----A-----
MAC.US.x.17EFR     -----A-----
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_32H_PJ5
MAC.US.x.251_BK28     -----A--A-----
MAC.US.x.80835
MAC.US.x.81035
MAC.US.x.85013
MAC.US.x.87082
MAC.US.x.92050
MAC.US.x.92077
MAC.US.x.93057
MAC.US.x.93062
MAC.US.x.95058
MAC.US.x.95086
MAC.US.x.95112
MAC.US.x.96016
MAC.US.x.96020
MAC.US.x.96072
MAC.US.x.96081
MAC.US.x.96093
MAC.US.x.96114
MAC.US.x.96123
MAC.US.x.96135
MAC.US.x.97009
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MM142_IVMXX
MAC.US.x.SMM142_patent
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE_8
MNE.US.x.MNE027
SMM.-.pE660.CG7G
SMM.CI.SIVsmCI2
SMM.LR.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SL92B
SMM.SL.SIVsmSL92A
SMM.US.CFU212
SMM.US.D215
SMM.US.FTg
SMM.US.G078
SMM.US.G979
SMM.US.M919
SMM.US.M922
SMM.US.M923
SMM.US.M926
SMM.US.M934
SMM.US.M935
SMM.US.M940
SMM.US.M946
SMM.US.M947
SMM.US.M949
SMM.US.M950
SMM.US.M951
SMM.US.M952
SMM.US.SIVsmE660-FL10
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14_15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ_143
SMM.US.x.PBJ_6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.89.STM_37_16

```

10279
10312
10359
10172
9480
9472
9636
9713
9588
9431
10372
9525
10336
9851
10353
9671
10271
10235
10242
10269
9339
9599
9089
10282
10255
10255
10250
9607
10279
10279
9055
9054
10274
10277
10249
9054
9055
9052
9021
9042
8910
9044
9054
9047
9057
9045
9054
9049
8944
9039
8867
8859
9646
9600
8910
9053
9628
9664
10283
9147
9224
9613
9086
9130
9128
9149
9157
9121
9159
9138
9146
9155
9131
9138
9202
9159
9143
9133
9146
9155
9135
10287
10241
9638
9996
9996
9675
10246
10184
10315
9892