

III

HIV-2/SIV Complete Genomes

Contents

III-1	Introduction	159
III-2	Annotated features	160
III-3	Sequences	162
III-4	Alignments	165

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	165
TCF-1 alpha	309-324	166
NF- κ -B-II	415-424	167
NF- κ -B-I	441-449	168
TATA Box	488-493	168
TAR element start	518	168
5' LTR U3 end	520	168
+1 mRNA start site	521	168
5' LTR R repeat begin	521	168
TAR element end	642	169
Poly-A signal	671-676	169
5' LTR R repeat end	694	169
5' LTR U5 start	695	169
5' LTR U5 end	818	170
Lys tRNA primer binding site	821-839	170
Gag and Gag-Pol start	1053	172
Gag p17 Matrix end	1457	174
Gag p24 Capsid start	1458	174
Gag p24 Capsid end	2144	178
Gag p2 Spacer start	2145	178
Gag p2 Spacer end	2195	178
Gag p8 Nucleocapsid start	2196	178
Gag p8 Nucleocapsid end	2351	179
Gag p1 Spacer start	2352	179
Gag-Pol -1 ribosomal slip site	2354	179
Pol start	2354	179
Gag p1 spacer end	2393	180
Gag p6 start	2394	180
Pol Protease start	2555	181
Gag p6 end	2585	181
Gag end	2585	181
Pol Protease end	2851	183
Pol p66 and p51 RT start	2852	183
Pol RT end	4168	191
Pol p15 RNase H start	4169	191
Pol RNase H end	4528	193
Pol p31 Integrase start	4529	193
Vif start	5340	198
Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end	5410	198
Vpx start	5812	201
Vif end	5984	202
Vpx end	6150	203
Vpr start	6151	203
Tat exon 1 start	6302	204
Vpr end	6456	205
Rev exon 1 start	6528	205
Tat Rev exon 1 end	6597	205
Tat Rev intron start	6598	205

Feature	Location	Page
Env start	6604	205
Env signal peptide end	6669	206
Env gp120 start	6670	206
V1 loop start	6940	207
V1 loop end	7104	209
V2 loop start	7108	209
V2 loop end	7236	210
V3 loop start	7534	211
V3 loop end	7635	212
V4 loop start	7807	213
V4 loop end	7899	214
V5 start	8017	214
V5 end	8034	215
Rev Responsive Element (RRE) start	8123	215
Env gp120 end	8178	215
Env gp41 start	8179	215
RRE end	8479	217
Tat Rev intron end	8805	219
Tat Rev exon 2 start	8806	219
Tat end	8902	220
Rev end	9059	221
Nef start	9077	221
Env gp41, gp160 end	9243	222
Premature stop in SMM239	9355	223
3' LTR U3 start	9462	223
TCF-1 alpha binding	9770-9785	225
Nef end	9868	226
NF- κ -B-II	9876-9884	226
NF- κ -B-I	9891-9900	226
TATA box	9949-9955	227
TAR element start	9980	227
3' LTR U3 end	9978	227
3' LTR repeat start	9979	227
TAR element end	10103	227
Poly-A signal	10132-10137	228
3' LTR R repeat end	10155	228
3' LTR U5 start	10156	228
3' LTR U5 end	10279	229

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.JP.08.NMC786_clone_41	AB731742	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
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)
A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	Senegal	Kumar, P.	<i>J Virol</i> 64 (2):890-901 (1990)
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.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.NMC307_20	AB731738	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	AB731740	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	AB731744	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
U.CI.07.07IC_TNP3	KC693505	Cote D'Ivoire	Ayouba, A.	<i>AIDS</i> 27 (15):2488-2491 (2013)
U.FR.96.12034	AY530889	France	Damond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)

Name	Accession	Country	Author	Reference
MAC.US.x.17EC1	AY033233	United States	Anderson, M.G.	<i>Virology</i> 195 (2):616-626 (1993)
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)
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.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.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	Cote D'Ivoire	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	JX860431	Liberia	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	Sierra Leone	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.US.04.G078	JX860415	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.G932	JX860416	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M919	JX860417	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M922	JX860418	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M923	JX860419	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M926	JX860420	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M934	JX860421	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M935	JX860422	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M940	JX860423	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)

Name	Accession	Country	Author	Reference
SMM.US.04.M946	JX860424	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M947	JX860425	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M949	JX860426	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M950	JX860427	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M951	JX860428	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M952	JX860429	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.05.D215	JX860413	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.06.FTq	JX860414	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	JQ864084	United States	Wu, F.	<i>J Virol</i> 86 (16); 8835-47 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (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)
SMM.x.x.pE660.CG7G	JX648292		Lopker, M.J.	Unpublished
STM.US.89.STM_37_16	M83293	United States	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> 186 (2):783-787 (1992)

5' LTR U3 start

TGGAAGGGATTATTACAGTGCAAGAAG. ACATAGAATCTTAGACATATACCTAGAAAAGGAAGAGGCATACACAGATTGGCAGGATTACACCTCAGGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGTATGGAAATAGTCCCTGTAATGTATCAGATGA

MAC.US.x.239G-T.....AGGGAT.....C.....T-G-C.....G.....GG-A.....A.....T-TCAT-G.....G-G-G.....T-TGC-C-G.....G.....C-A-A.....CA-G-C-A	169
A.CI.88.UC2G-T.....AGGGAT.....C.....T-G-C.....G.....GG-A.....A.....T-TCAT-G.....G-G-G.....T-TGC-C-G.....G.....C-A-A.....CA-G-C-A	169
A.DE.x.BENG-T.....AGGGAT.....C.....T-G-C.....G.....GG-A.....A.....T-TCAT-G.....G-G-G.....T-TGC-C-G.....G.....C-A-A.....CA-G-C-A	169
A.DE.x.PET2_KR_KRCCT.....G.....AG.....G.....A.....G.....G.....A.....T.....A.....C.....T.....TCAT.....G.....G.....A.....G.....TTC.....G.....GC.....A.....A.....G.....C.....CC.....C.....A.....G	170
A.GH.x.GH1	0
A.GM.97.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-AGT-G.....G-A.....T-TTC.....G.....GC-A-A-G-ACC-C-A	169
A.GW.87.CAM2CGC-G-T.....A.....C-G-T.....A.....G-A-TG.....A-C-T-AGT-G.....G-A.....T-TTC.....G.....GC-A-A-G-ACC-C-A	169
A.GW.x.MDSG.....AG.....GAGA.....A.....TT.....G.....G-A-T.....C.....A-C-T-AGT-G.....A.....T.....T-TTCCA.....G.....GC-A-A-G-CC-C-A	169
A.IN.07.NNVAG-T.....A.....	24
A.IN.95.CRIK_147G-T.....A.....	168
A.JP.08.NMC786_clone_41G-T.....AG.....C.....T-G-C.....A-G.....G-A-T.....A-C-T-TCAT-G.....G-A-G.....TGC-C-G.....G.....GC-A-A-G-CA-CA-C-A	169
A.JT.x.ALTJG-T.....AG.....C.....T-G-C.....A-G.....G-A-T.....A-C-T-TCAT-G.....G-A-G.....TGC-C-G.....G.....GC-A-A-G-CC-C-A	169
A.SN.85.ROD	0
A.SN.86.ST_JSP4_27	0
B.CI.88.UC1C-T-AG.....-AC-C-T-C-T-G-T-G.....TG-T-T-GA-AA-C-T-A-AT-G.....G-A-G-T.....G-C-G.....G.....GC-G-A-G-A-C-G	169
B.CI.x.20_56C-T-AG.....-AC-C-T-C-T-G-T-G.....TG-T-T-GA-AA-C-T-A-AT-G.....G-A-G-T.....G-C-G.....G.....GC-G-A-G-A-C-G	168
B.CI.x.EHOTC-T-AG.....G-A-AC.....C.....T-G-T.....TG-GT-T-GA-AA-C-ACAT-G.....G-A-G-T.....C-TTC.....GC-G-AA-A-GAT-CA-C	169
B.GH.86.D205_ALTG-T.....AG.....C.....T-G-T.....TG-GT-T-GC-AA-C-T-TCAT-G.....G-A-GC-T-C-ATAC.....T.....G.....GC-G-A-A-G-G-GC-CA-C	169
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	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-CA-T	169
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20T-T-AG.....G-A-T-C-T-T-G-T-G.....T-AG-CT-T-GA-AA-C-ACAT-G.....GG-A.....T.....ATAT.....G.....C.....A-AA-G-A-GG-CA-C	169
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01T-T-AG.....G-A-T-C-T-T-G-T-G.....T-AG-CT-T-GA-AA-C-ACAT-G.....GG-A.....T.....TAT.....G.....C.....A-AA-G-A-GG-CA-C	169
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10T-T-AG.....G-A-T-C-T-T-G-T-G.....T-AG-CT-T-GA-AA-C-ACAT-G.....GG-A.....T.....TTC.....G.....C.....A-AA-G-A-GG-CA-C	169
U.CI.07.07IC_TNP3	0
U.FR.96.12034	0
MAC.US.x.17EC1	169
MAC.US.x.1937	0
MAC.US.x.2065	0
MAC.US.x.251_1A11T.....	169
MAC.US.x.251_32H_PJ5G.....G.....	169
MAC.US.x.251_BK28G.....G.....C.....	169
MAC.US.x.80035	169
MAC.US.x.81035	0
MAC.US.x.85013	0
MAC.US.x.87082	0
MAC.US.x.92060	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.r80025	0
MAC.US.x.r90131	0
MNE.US.82.MNE_8	0
MNE.US.x.MNE027	0
SMM.CI.79.SIVsmCI2	0
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	0
SMM.SL.92.SL92B	0
SMM.US.04.G078	0
SMM.US.04.G932	0
SMM.US.04.M919	0
SMM.US.04.M922	0
SMM.US.04.M923	0
SMM.US.04.M926	0
SMM.US.04.M934	0
SMM.US.04.M935	0
SMM.US.04.M940	0
SMM.US.04.M946	0
SMM.US.04.M947	0
SMM.US.04.M949	0
SMM.US.04.M950	0
SMM.US.04.M951	0
SMM.US.04.M952	0
SMM.US.05.D215	0
SMM.US.06.FTQ	0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10A-AG-A.....A-T-G-A-G.....A-A.....AA-A-G.....C.....T-T-TAC-A-G.....C.....A-G-C	169
SMM.US.86.CFU212A-AG.....A-T-G-G.....A-A.....AA-A-G.....C.....T-T-CAC-A-G.....C.....A-G-C	169
SMM.US.x.F236_H4	0
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	95
SMM.US.x.PGMS3AA-A-G.....C.....T-T-TTC.....A.....C.....G.....G-C	95
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	169
SMM.x.x.pE660.CG7GA-AG-A.....A-T-G-A-G.....A-A.....AA-A-T-G.....C.....T-T-TAC.....G.....C.....A-G-C	169
STM.US.89.STM_37_16AG.....G.....	30

Genome ID	Sequence	Position
MAC.US.x.239	GGCCACAG.....GAGGATGAGGAGCATTATTATTAATGCATCCAGCTCAAACTCCACAGTGGGATGACCTTGGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGT	327
A.CI.88.UC2	---G---T---ACCA-C-GC---C---A---AAG-AGA-AT---ATACAT-G-ACA---TG-CG---A-CT-C-TG---TGAG-CA---C-TCAC-CT---	327
A.DE.x.BEN	---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---	327
A.DE.x.PET2_KR_KRCG	T.....A---C-C-GC---C-A-C---A---AAG-GG-CT---CAT-G-AACAT-ATG---G---C-T-GG---TGAG-AC---T-T-AA-C---	319
A.GH.x.GH1		0
A.GW.87.D104		0
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85		0
A.GM.x.MCN13		0
A.GM.x.MCR35		0
A.GW.86.FGclone_NIHZ	---G-G---GACTGAGACT-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---	339
A.GW.87.CAM2CG		0
A.GW.x.MDS	---G-G-A---CAC---AACT-C-GC---C---A---AAAGTA---TT---AGACAT-G-ACA-T---GA---C-AT-A---TGA---TA---C-T-AGGCT-C---	327
A.IN.07.NNVA		73
A.IN.95.CRIK_147		326
A.JP.08.NM786clone_41	---G---C---ACCA-C-GCC-CA-C---A---AAG-AGA-AT---TGAGCAT-G-AACA-GATG---GA---CAT---C-TCAGATT-T---G-A---CA---	327
A.FT.x.ALT1	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---	327
A.SN.85.R0D		0
A.SN.86.ST_JSP4_27		0
B.CI.88.UC1	---A-AG---GA-CG-AACCAG-G-C-GG---C---A-G-TC-TTCA---ATCCAC-G-ACC-T-C---CG---C-CCTC---AC-TGAC---TA-C-TCAAC-G-G---	327
B.CI.x.20_56	A-A-G---AGA-CA-AA-CAG-G-C-GG---C---A-G-C-TCA---CCAC-G-AAACC-T-TC---C---C-CCTC---AC-TGAC-ATA-C-TCAAC-G-T---	326
B.CI.x.EHO	AC-G---C-G-AACC-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---	327
B.GH.86.D205_ALT	-A-C-GAGAG---G-AACC-GCC---C-G-A-G-TC-TCA---ATCCAT-G-AC-TATC---C---T-CCTC-A-TGA-T-T-TCAA-G-TT---C-GTA-C---	330
B.JP.01.IMCJ_KR020_1		0
G.CI.92.Abt96		0
AB.CM.03.03CM_510_03		0
H2_01_AB_C1_90_7312A	AA-C-G-GAG---A-G-ACC-G-C-G-G-C---A-G-CG-GCA---T-CCAT-G-AC-T-TC-C---C-T-CCTC-A-TT-AG---C-TCAAC-G-T---GTATC---	329
H2_01_AB_C1_90_7312A	AA-C-GAG---G-ACC-G-C-G-G-C---A-G-C-TGCA---CCAT-G-AC-T-TC-C---C-CTTC-A-TT-A---C-TCAAC-AG-T---GTATC---	330
H2_01_AB_C1_90_7312A	AA-C-GAG---G-ACC-G-C-G-G-C---A-G-C-TTCA---CCAT-G-AC-T-TC-C---C-T-CCTC-G-TT-A---C-TCAAC-G-T---GTATC---	330
H2_01_AB_C1_90_7312A		0
H2_01_AB_C1_90_7312A		0
U.CI.07.07IC_TNP3		0
U.FR.96.12034		0
MAC.US.x.17EC1		327
MAC.US.x.1937		0
MAC.US.x.2065		0
MAC.US.x.251_1A11		327
MAC.US.x.251_32H_PJ5	AG---G---A---C---C---A---	327
MAC.US.x.251_BK28	AG---G---A---G---A---	326
MAC.US.x.80035		0
MAC.US.x.81035		0
MAC.US.x.85013		0
MAC.US.x.87082		0
MAC.US.x.92060		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.r80025		0
MAC.US.x.r90131		0
MNE.US.82.MNE_8		0
MNE.US.x.MNE027		0
SMM.CI.79.SIVsmC12		0
SMM.LR.89.SIVsmLIB1		0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A		0
SMM.SL.92.SL92B		0
SMM.US.04.G078		0
SMM.US.04.G932		0
SMM.US.04.M919		0
SMM.US.04.M922		0
SMM.US.04.M923		0
SMM.US.04.M926		0
SMM.US.04.M934		0
SMM.US.04.M935		0
SMM.US.04.M940		0
SMM.US.04.M946		0
SMM.US.04.M947		0
SMM.US.04.M949		0
SMM.US.04.M950		0
SMM.US.04.M951		0
SMM.US.04.M952		0
SMM.US.05.D215		0
SMM.US.06.FTQ		0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	A-T---A-C-ACA---GCC-G---G-A-G---CAT---C---A-G---GAAT-A-T-T-GC-A---T-A-AG---T-T---	327
SMM.US.86.CFU212		0
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---	327
SMM.US.x.H9		0
SMM.US.x.PBJ14_15		82
SMM.US.x.PBJA		82
SMM.US.x.PBJ_143		0
SMM.US.x.PBJ_6P6	A-T---A-C-ACA---C-G---A---T---C---A-G---ACT-A-T-T-AC-A---T---GAGC---T-TC---	253
SMM.US.x.PGMS3	A-T-A---A-C-ACA---C-G---A---G-TA---T-C---A-G---ACT-A-T-T-AC-A---T-A-C---T-TC---	253
SMM.US.x.SMES43	A-C---A-C-ACA---GCC-GG---A-G-CAT---C---A-G---GAAT-A-T-T-GC-A---T-A-AG---T-T---	327
SMM.x.x.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---	327
STM.US.89.STM_37_16		30

MAC.US.x.239
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PET2 KR KRCC
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D14
A.GM.x.ISY SBL_6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG clone_NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 clone_41
A.MT.x.AL1
A.SN.85.R0D
A.SN.86.ST.JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ_KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM_510_03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.08.NMC307_20
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC.TMP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
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.92090
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.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE_8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCT2
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
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.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

GCCTGTGACAGGAAGAGGTT...AGAAGAAGGCTAACCCGAAGGCGCTTCTTAACATGGCTGACAAGAAGGAAACTCGCTGA...AACAGCAGGGACTTTCCACAA.GGGGAT
-AT-C---A---TGG...AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CAT-T-----G-GAA-A-----CAGGAACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTAAGAAATAGCTGAG-T-----G-----C-469
-AT-C---A---ATGG...AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CAT-T-----G-GAA-A-----CAGGAACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTAAGAAACAGCTGAGG-T-----G-----C-469
---C-A---TGG...AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CATTT-----A-T-A---AGA.CAGGAACAGTATATTTGGTCAGAACAGGAAGTAGATGA-----TGA-T-----G-----C-450
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D14
A.GM.x.ISY SBL_6669_85
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG clone_NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 clone_41
A.MT.x.AL1
A.SN.85.R0D
A.SN.86.ST.JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ_KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM_510_03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.08.NMC307_20
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC.TMP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
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.92090
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.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE_8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCT2
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.CFU212
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.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

NF-k-B-II

	NF-κ-B-1	TATA Box	5' LTR U3 end	5' LTR R repeat begin	TAR element start	+1 mRNA start site	
MAC.US.x.239	GTTAC . . . GGGGAGGTACTGGGGAGGAGCGGTGCGGAACGCCCACTTTCCTGATGTATAAATCACTGCAATTCGCTCTGATTTC . . . AGTCGCTCTGGCGAGAGCCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGAGCCCTGGGTGTTCCCTGCT						601
A.CI.88.UC2	-A - CAA - - - G - AT - - - T - G - - - - - T - A - A - - AC - - - - G - AC - C - T - CC - - A - - - T - C - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - -						638
A.DE.x.BEN	-A - CAA - - - G - AT - - - T - G - - - - - T - A - A - - AC - - - - G - AC - C - T - C - T - - AT - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - -						638
A.DE.x.PET2 KR KRCCG	-A - CA - - - G - GT - - - A - G - - - - - T - A - A - - C - - - - G - AC - C - T - GC - T - - AT - - - - - C - - - - - C - - - - -						618
A.GH.x.GH1							83
A.GM.87.D104							83
A.GM.x.ISY SBL_6669_85							83
A.GM.x.MCN13							83
A.GM.x.MCR35							83
A.GW.86.FG clone NIHZ	-AC - AG - - - G - TAT - - - T - G - - - - - T - A - A - C - TC - - - - TCAC - C - T - GC - T - - AT - - - C - TC - - - - C - - - - -						82
A.GW.87.CAM2CG							649
A.GW.x.MDS	-A - CA - - - G - AT - - - T - G - - - - - T - A - ATC - TC - - - - G - AC - C - T - GC - T - - AT - - - C - TC - - - - C - - - - -						83
A.IN.07.NNVA	-A - CA - - - G - AT - - - T - G - - - - - T - A - ATC - TC - - - - G - AC - C - T - GC - T - - AT - - - C - TC - - - - C - - - - -						632
A.IN.95.CR1K 147	-A - CAA - - - G - AT - - - T - G - - - - - T - A - A - - AC - - - - G - AC - C - T - C - T - - AT - - - - C - TC - - - - C - - - - -						384
A.JP.08.NMC786 clone 41	-A - CA - - - A - G - AT - - - T - G - - - - - T - A - A - - AC - - - - G - AC - C - T - C - T - - AT - - - - C - - - - -						636
A.FT.x.ALT							634
A.SN.85.R0D							83
A.SN.86.ST JSP4_27							83
B.CI.88.UC1	-A - AT - - - G - AT - - - TT - T - - - - - T - AAA - CTC - - - - G - AC - C - T - C - T - - AT - - - - C - - - - -						641
B.CI.x.20_56	-A - AA - - - A - AT - - - T - G - - - - - T - AAAAATC - - - - G - AC - C - T - CT - - AT - - - - AC - - - - -						639
B.CI.x.EH0	-A - AGT - - - G - AT - - - A - GA - - - - - TCAAGACTC - - - - G - AC - C - T - GT - - AT - - - - C - - - - -						641
B.GH.86.D205 ALT	-A - AT - - - AG - AA - - - G - TT - T - - - - - T - AAA - CTC - - - - G - AC - C - T - C - - AT - - - - C - - - - -						644
B.JP.01.IMCJ KR020_1							0
G.CI.92.Abt96							5
AB.CM.03.03CM_510_03							0
H2_01_AB.CI.90.7312A	-A - AGT - - - G - AT - - - TT - G - - - - - T - AAGCCTC - - - - G - AC - C - T - C - T - - AT - - - - C - - - - -						646
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-A - AGT - - - G - AT - - - TT - G - - - - - T - AAT - CTC - - - - G - AC - C - T - C - T - - AT - - - - C - - - - -						646
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-A - AGT - - - G - AT - - - TT - G - - - - - T - AAT - CTC - - - - G - AC - C - T - C - T - - AT - - - - C - - - - -						646
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-A - AGT - - - G - GT - - - TT - G - - - - - T - AAT - CTC - - - - G - AC - C - T - C - T - - AT - - - - C - - - - -						647
U.CI.07.071C TNP3							111
U.FR.96.12034							134
MAC.US.x.17EC1							601
MAC.US.x.1937							0
MAC.US.x.2065							0
MAC.US.x.251_1A11							0
MAC.US.x.251_32H_PJ5							600
MAC.US.x.251_BK28							601
MAC.US.x.80035							589
MAC.US.x.81035							0
MAC.US.x.85013							0
MAC.US.x.87082							0
MAC.US.x.92060							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							83
MAC.US.x.r80025							0
MAC.US.x.r90131							0
MNE.US.82.MNE_8							83
MNE.US.x.MNE027							83
SMM.CI.79.SIVsmCI2							0
SMM.LR.89.SIVsmLIB1							0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A							0
SMM.US.04.SL92B							82
SMM.US.04.G078							0
SMM.US.04.G932							0
SMM.US.04.M919							0
SMM.US.04.M922							0
SMM.US.04.M923							0
SMM.US.04.M926							0
SMM.US.04.M934							0
SMM.US.04.M935							0
SMM.US.04.M940							0
SMM.US.04.M946							0
SMM.US.04.M947							0
SMM.US.04.M949							0
SMM.US.04.M950							0
SMM.US.04.M951							0
SMM.US.04.M952							0
SMM.US.05.D215							0
SMM.US.06.FTQ							0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-C - T - - - T - CT - - - AT - CTC - - - A - - - - -						601
SMM.US.86.CFU212	-C - T - - - T - CT - - - AT - CTC - - - CA - - - - -						598
SMM.US.x.F236_H4							84
SMM.US.x.H9							378
SMM.US.x.PBJ14_15							378
SMM.US.x.PBJA							84
SMM.US.x.PBJ_143							571
SMM.US.x.PBJ_6P6							327
SMM.US.x.PGMS3							614
SMM.US.x.SME543							600
SMM.x.x.pE660.CG7G							274
STM.US.89.STM_37_16	-A - A - - - GA - GTACT - - - T - G - - - - - TT - A - - TC - - - CA - C - T - A - A - - - A - - - - -						274

	TAR element end	Poly-A signal 5' LTR R repeat end	5' LTR U5 start	
MAC.US.x.239	AGACTCTCACCAGCACTTGGCCGGTGGGACAGAGTGACTCCACGCTTGCTGCTT	.AAAGCCCTCTTCAATAAA	.GCTGCCATTTAGAGTAAGCTA	.GTGTGTGTTCCCATCTCTCAGCCGCCCTGGTCAACTCGGTA
A.CI.88.UC2	-----TG-C-----CA-----C-G-----A-----A-----C-T-A-----T-----T-----GT-TC-G-GT-C-----			
A.DE.x.BEN	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT-TC-G-GT-C-----			
A.DE.x.PE12 KR KRCCG	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT-CC-G-GT-C-----			
A.GH.x.GH1	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT-TC-G-GT-C-----			
A.GM.07.D104	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT-TC-G-GT-C-----			
A.GM.x.L5Y SBL_6669_85	G-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT-TCC-G-GT-C-----			
A.GM.x.MCN13	-----G-TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT-TC-G-GT-C-----			
A.GM.x.MCR35	-----G-TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT-TC-G-GT-C-----			
A.GW.86.FG clone NIHZ	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----C-----T-----TC-GT-CC-GTAT-C-----			
A.GW.87.CAM2CG	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----C-----T-----TC-GT-CC-GTAT-C-----			
A.GW.x.MDS	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----C-----T-----TC-GT-CC-GTAT-C-----			
A.IN.07.NNVA	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-TC-A-----T-----T-----G-GT-CC-G-GT-C-----			
A.IN.95.CRIK 147	G-----TG-----CA-----C-----A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT-TC-G-GT-C-----			
A.JP.08.NMC786 clone 41	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-T-A-----T-----T-----GT-TC-G-GT-C-----			
A.PT.x.ALT	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-G-T-A-AG-----T-----T-----GT-CC-G-GT-C-----			
A.SN.85.R0D	-----TG-----CA-----C-G-C-----A-----A-----G-----C-T-A-----C-----T-----GT-CC-G-GT-C-----			
A.SN.86.ST JSP4_27	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----T-----GT-TC--AGT-AC-A-----			
B.CI.88.UC1	-----C-G-----A-----A-----C-T-GA-----T-----T-----T-AA-G-----T-C-----AAT-A-----			
B.CI.x.20_56	-----C-G-----A-----A-----C-----C-T-GA-----T-----T-----T-A-G-----C-C-G-GTTCA-----			
B.CI.x.EH0	-----C-G-----A-----A-----A-----TA-----C-AC-A-----T-----T-----G-C-C-GA-----			
B.GH.86.D205 ALT	-----A-----A-----T-----C-G-----A-----A-----C-----C-----A-----T-----G-C-C-G-A-----			
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-----G-----Y-G-----AC-----A-----AA-----A-GT-----T-----C-----GT-GCG-GCA-----			
G.CI.92.Abt96	-----C-G-----A-----A-----C-TC-A-----T-----T-----GT-GC-G-AT-AG-----			
AB.CM.03.03CM_510_03	-----C-G-----A-----A-----TA-----C-TC-A-----T-----T-----GTC-GC-TTAG-----			
H2_01.AB.CI.90.7312A	-----C-G-----A-----A-----TA-----C-TC-A-----T-----T-----GTC-GC-TTAG-----			
H2_01.AB.JP.04.NMC307_20	G-----C-G-----A-----A-----TA-----C-TC-A-----T-----T-----GTC-GC-TAG-----			
H2_01.AB.JP.07.NMC716_01	-----G-----A-----C-G-----A-----A-----C-T-A-----T-----T-----GT-TC-GGCT-C-----			
H2_01.AB.JP.08.NMC842_10	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----T-----AGA-TC-CCTTAT-----			
U.CI.07.07IC TNP3				
U.FR.96.12034				
MAC.US.x.17EC1				
MAC.US.x.1937				
MAC.US.x.2065				
MAC.US.x.251_1A11				
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----A-----G-----A-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----			
MAC.US.x.251_BK28	-----A-----G-----A-----A-----C-----T-----T-----GG-----G-----			
MAC.US.x.80035				
MAC.US.x.81035				
MAC.US.x.85013				
MAC.US.x.87082				
MAC.US.x.92060				
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	-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----GG-----A-----GACCT-----			
MAC.US.x.r80025				
MAC.US.x.r90131				
MNE.US.82.MNE_8	-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----T-----T-----G-----			
MNE.US.x.MNE027	-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----T-----T-----G-----			
SMM.CI.79.SIVsmCI2				
SMM.LR.89.SIVsmLIB1				
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----A-----A-CAGCAACA-G-CA-TGCT-GTAGAC-G-----GA-----G-----A-C-----C-TC-A-A-----T-----T-----TTCG-GT-C-G-----CG-----			
SMM.US.04.G078				
SMM.US.04.G932				
SMM.US.04.M919				
SMM.US.04.M922				
SMM.US.04.M923				
SMM.US.04.M926				
SMM.US.04.M934				
SMM.US.04.M935				
SMM.US.04.M940				
SMM.US.04.M946				
SMM.US.04.M947				
SMM.US.04.M949				
SMM.US.04.M950				
SMM.US.04.M951				
SMM.US.04.M952				
SMM.US.05.D215				
SMM.US.06.FTq				
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----G-CAC-----A-----C-----T-----T-----G-CAC-----			
SMM.US.86.CFU212	-----G-----A-----A-----A-----G-----C-----M-----T-----T-----GCTA-CAG-----			
SMM.US.x.F236_H4	G-----RG-----A-----A-----G-----C-----M-----T-----T-----G-AC-----			
SMM.US.x.H9	-----G-----A-----A-----A-----C-----M-----Y-----T-----T-----G-AC-----			
SMM.US.x.PBJ14_15	-----G-----A-----A-----A-----C-----M-----Y-----T-----T-----G-AC-----			
SMM.US.x.PBJA	-----RG-----A-----A-----A-----C-----M-----Y-----T-----T-----G-AC-----			
SMM.US.x.PBJ_143	-----C-G-----A-----A-----GC-----A-----T-----T-----G-AC-----			
SMM.US.x.PBJ_6P6	-----C-G-----A-----A-----GC-----A-----T-----T-----G-AC-----			
SMM.US.x.PGMS3	-----C-G-----A-----A-----GC-----A-----T-----T-----G-AC-----			
SMM.US.x.SME543	-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----G-CAC-A-----			
SMM.x.x.pE660.CG7G	-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----G-CAC-A-----			
STM.US.89.STM_37_16	-----A-----T-----G-----T-----TAT-----A-----A-----T-----T-----G-CAC-----			

5' LTR U5 end Lys tRNA primer binding site

MAC.US.x.239GACCCTGGT.CTGTTAGGACCCCTTCTGCTTGGG.AAACCGAAGCA..GGAAAATCCCTAGCAGATTGGCGCCTGAACAGGGACTTG.AAGGAGAGTGAGAGACTCC.TGAGT.ACGGCTGAGTGAAGGCAGTAAGGCGGCAGGAACCAACCACGAC	910
A.CI.88.UC2C-C-T-T-A-G-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	946
A.DE.x.BENC-T-C-T-A-G-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC-T.....A-	947
A.DE.x.PE12_KR_KRCGC-T.....G-G.....A-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	915
A.GH.x.GH1C-C-T-A-G-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....T.....A-	387
A.GM.97.D104C-C-A-T-A-G-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	392
A.GM.x.LSY_SBL_6669_85C-T.....G-G.....G-A-C-A-AG-C-T-G-AC.....A-	392
A.GM.x.MCN13C-A-A-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	392
A.GM.x.MCR35A-A-A-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	392
A.GW.86.FG_clone_NIHZC-T.....A-G-GGC.....G-C-C-AG-C-T-G-ACA-G-G.....GC	393
A.GW.87_CAM2CGC-T.....A-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....G.....A-	957
A.GW.x.MDSC-T.....A-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	391
A.IN.07.NNVAC-T-A-G-T.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	941
A.IN.95.CR1K_147C-T-A-C-G-T.....T-G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	693
A.JP.08.NMC786_clone_41C-T.....G-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	944
A.SW.85.AL1C-T.....G-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	942
A.SW.85.R0DC-T.....A-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	391
A.SW.86.ST_JSP4_27C-T.....A-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	393
B.CI.88.UC1C-T.....A-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A-	947
B.CI.x.20_56C-T.....C-G-T-G-A.....A-C-C-AG-C-T-G-AC.....T.....A-	945
B.CI.x.EHOC-T.....C-G-A.....T-T-G-GAC.....A.....T.....A-	943
B.GH.86.D205_ALTC-T.....G-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A.....G.....A-	944
B.JP.01.IMCJ_KR020_1C-T.....G-G.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A.....G.....A-	89
G.CI.92.Abt96R-G-AG-G.....C-C-GAAG-T-CTT-AC-A.....T.....A-	315
AB.CM.03.03CM_510_03C-T.....G-C-G-A-T-T-AG-C-A.....T.....A-	83
H2_01_AB.CI.90.7312AC-T.....T.....G-C-C-AG-C-T-G-AC-A.....T.....A-	952
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20C-T.....T.....G-C-C-AG-C-T-G-AC-A.....C.....T.....A-	948
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01C-T.....T.....G-C-C-AG-C-T-G-AC-A.....C.....T.....A-	949
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10C-T.....T.....G-C-C-AG-C-T-G-AC-A.....C.....T.....A-	949
U.CI.07.07IC_TNP3A-A-T.....G-C-C-AG-C-T-G-AC.....A.....A.....A-	419
U.FR.96.12034C-T.....AG-A-G.....G-C-C-T-T-GA-AC-T.....G.....A-	438
MAC.US.x.17EC1	910
MAC.US.x.1937	16
MAC.US.x.2065	16
MAC.US.x.251_1A11	909
MAC.US.x.251_32H_PJ5	910
MAC.US.x.251_BK28	897
MAC.US.x.80035	16
MAC.US.x.81035	17
MAC.US.x.85013	0
MAC.US.x.87082	0
MAC.US.x.92060	10
MAC.US.x.92077	17
MAC.US.x.93057	15
MAC.US.x.93062	2
MAC.US.x.95058	4
MAC.US.x.95086	0
MAC.US.x.95112	6
MAC.US.x.96016	17
MAC.US.x.96020	9
MAC.US.x.96072	21
MAC.US.x.96081	19
MAC.US.x.96093	17
MAC.US.x.96114	12
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	GGTCTGTTAG.....C.....	407
MAC.US.x.r80025	0
MAC.US.x.r90131	16
MNE.US.82.MNE_8C.....	391
MNE.US.x.MNE027C.....	391
SMM.CI.79.SIVsmCI2	2
SMM.LR.89.SIVsmLRB1	2
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	2
SMM.SL.92.SL92B	AG-A-C-A-C-ActC.GGCAACTCCTGAGT-A-T-G-T.....AC.....GAC-T.....T-G	373
SMM.US.04.G078	177
SMM.US.04.G932	A.....	168
SMM.US.04.M919C-G.....	173
SMM.US.04.M922C-G.....	172
SMM.US.04.M923C-G.....	174
SMM.US.04.M926C-G.....	174
SMM.US.04.M934C-G.....	174
SMM.US.04.M935C-G.....	174
SMM.US.04.M940C-G.....	177
SMM.US.04.M946C-G.....	174
SMM.US.04.M947C-G.....	173
SMM.US.04.M949C-G.....	165
SMM.US.04.M950C-G.....	174
SMM.US.04.M951C-G.....	175
SMM.US.04.M952C-G.....	174
SMM.US.05.D215	A.....C-A-G-T.....A-A-G.....C.....G.....	171
SMM.US.06.FTqC-A-G-T.....A-A.....AA.....	172
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10C-G.....	909
SMM.US.86.CFU212C-G.....	173
SMM.US.x.F236_H4C-G.....	906
SMM.US.x.H9	S.....Y.....C.....C.....	392
SMM.US.x.PBJ14_15	S.....Y.....C.....C.....	685
SMM.US.x.PBJA	S.....Y.....C.....C.....	685
SMM.US.x.PBJ_143	S.....Y.....C.....C.....	392
SMM.US.x.PBJ_6P6	S.....Y.....C.....C.....	877
SMM.US.x.PGMS3C.....	835
SMM.US.x.SME543C.....	922
SMM.x.x.pE660.CG7GC.....	908
STM.US.89.STM_37_16C-T-T-G-A.....A.....	574

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, AB.CI.03.93CM.510.03) and their corresponding nucleotide alignments. The alignments are shown as rows of letters (A, C, G, T) with dashes indicating gaps or missing data. The table is organized into several sections, with the first section containing sequences from MAC.US.x.239 to U.FR.96.12034, and the second section containing sequences from MAC.US.x.17EC1 to STM.US.89.STM_37_16.

Gag and Gag-Pol start		AGAGTGGGAGATGGGCGTGAGAAACTCCGTCTTGTTCAGGGAAGAAAGCAGATGAATAGAAAAAATAGGCTACGACCCAAACGGAAAGAAAAGTACATGTTGAAGCATGTAGTATGGGCAGCAAATGAATAGATAGATTGGATTAGCAGAAAGCCTGTTGGAGAAC 1212	
	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 S L L E N		
MAC.US.x.239			
Gag			
A.CI.88.UC2	-TT-----C-AG- A-G- C- T- G-GG- G-A-A- A-T-G- G-C- G-C- CA- A- TCA- 1262		
A.DE.x.BEN	-TT-----C-AG- A-A- C- G- T- G-GG- G-A-A- A-T-G- G-C- G-A- C- G- G- TCA- 1262		
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-TT-----G-AG- A-T- C- G- T- G-GG- G- A- T-GAC- A- A-T-G- G-C- G-GC- A- C- G- G- TCA- 1230		
A.GH.x.GH1	-TT-----C-AG- A- T- G- T- G-GG- G- G-C-A- A- A-T-G- G-C- G-C- A- C- G- G- TCA- 703		
A.GM.87.D194	-TT-----C-AG- A- C- G- T- G-GG- G- GA- G- A- A- T-G- G-C- C- C- G- G- ATCA- 706		
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-TT-----C-A-AG- A-G- C- T- G-GG- G- A- GA- A- A- T-G- G-C- C- C- A- G- TCA- 706		
A.GM.x.MCN13	-TT-----C-AA- A- C- C- T- G-GG- G- A- G-C-A- A-T-G- G-C- C- C- A- G- TCA- 707		
A.GM.x.MCR35	-TT-----C-AA- A- C- C- T- G-GG- G- A- G-C-A- A-T-G- G-C- C- C- G- G- TCA- 707		
A.GW.86.F6 clone NIHZ	-TT-----C-AG- A- C- G- T- G-GG- G- A- A- A- A-T-G- G-C- G-C- C- G- G- TCA- 706		
A.GW.87.CAN2CG	-TT-----C-AG- A- C- G- T- G-GG- G- A- A- A- A-T-G- G-C- G-C- C- G- G- ATCA- 1271		
A.GW.x.MDS	-TT-----C-G-AG- A- C- G- T- G-GG- G- A- G- A- A- T-G- G-C- C- C- G- G- ATCA- 706		
A.IN.07.NNVA	-TT-----C-AG- C-AG- A- T- G- T- G-GG- G- A- GAG- A- A- T-G- G-C- G-C- C- A- ATCA- 1256		
A.IN.95.CR1K_147	-TT-----C-AG-G- C-AG- A- T- G- T- G-GG- G- A- GAC- A- A- T-G- G-C- G-C- A- A- TCA- 1007		
A.JP.08.NMC786 clone 41	-TT-----C-CG- A- C- G- T- G-GG- G- A- A- A- A-T-G- G-C- G-C- C- G- G- TCA- 1258		
A.PT.x.ALI	-TT-----C-AG- GA- C- G- T- G-GG- G- A- TCA- C- A- A-T-G- G-C- G-C- C- G- G- TCA- 1255		
A.SN.85.ROD	-TT-----C-AG- A- C- G- C- T- G-GG- G- A- G-C-A- A- T-G- G-A- G-C- C- G- G- TCA- 705		
A.SN.86.ST_JSP4_27	-TT-----C-AG- A- C- G- T- G-GG- G- A- T-G-C-A- A- T-G- G-A- G-C- C- G- G- TCA- 707		
B.CI.88.UC1	TA-----C-G- A- A- G- T- G-GG- G- TTGTC- A- A- A- TG- C- G- C- G- G- ATCA- 1243		
B.CI.x.20_56	TA-----C-GG- A- A- G- T- G-GG- G- TTGTC- A- A- A- TG- C- G- C- G- G- ATCA- 1241		
B.CI.x.EH0	TA-----C-GG- GA- A- G- T- G-GG- G- GA- T- C- A- A- A- TG- C- G- G- G- G- GATCA- 1239		
B.GH.86.D205 ALT	TA-----C-GG- C- A- A- G- T- G-GG- G- T- C- A- A- A- TG- C- G- C- A- G- ATCA- 1238		
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	TA-----C-GG- A- A- G- T- G-GG- G- A- TTGTC- A- A- A- TG- C- G- C- A- G- ATCA- 384		
G.CI.92.Abt96	-T-----C-G- C- A- T- G- T- G-GG- G- A- T- A- A- T- G- G-C- G- C- C- ATCA- 625		
AB.CH.03.03CM_510_03	TA-----C-G- C- A- A- G- T- G-GG- G- T- A- A- A- TG- C- G- C- G- C- ATCA- 377		
H2_01_AB.CI.90.7312A	TA-----C-GG- C- A- GA- G- T- G-GG- G- A- A- A- A- C- C- G- A- ATCA- 1244		
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	TA-----C-GG- C- GA- G- T- G-GG- G- A- A- A- A- C- C- G- A- ATCA- 1244		
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	TA-----C-G- C- G- A- G- T- G-GG- G- G- A- A- A- A- C- C- G- G- ATCA- 1243		
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	TA-----C-GG- A- GA- G- T- G-GG- G- G- A- A- A- A- C- C- G- C- ATCA- 1243		
U.CI.07.07IC_TNP3	-TT-----C-C- C- A-T- GG- T- G-G- G- G- C- A- A- T-R- G-C- G- G- ATCA- 730		
U.FR.96.12034	-TT-----C-C- T- G- T- G- G- A- A- A- T-G- G-C- G- C- GC- 741		
MAC.US.x.17EC1			1212
MAC.US.x.1937			318
MAC.US.x.2065			318
MAC.US.x.251_1A11			1211
MAC.US.x.251_32H_PJ5			1213
MAC.US.x.251_BK28		GG	1200
MAC.US.x.80035		GG	318
MAC.US.x.81035			319
MAC.US.x.85013			292
MAC.US.x.87082			289
MAC.US.x.92050		G	312
MAC.US.x.92077			319
MAC.US.x.93057			317
MAC.US.x.93062			304
MAC.US.x.95058			306
MAC.US.x.95086			175
MAC.US.x.95112			308
MAC.US.x.96016			319
MAC.US.x.96020			311
MAC.US.x.96072			323
MAC.US.x.96081			321
MAC.US.x.96093			319
MAC.US.x.96114			314
MAC.US.x.96123			208
MAC.US.x.96135			304
MAC.US.x.97009		A	187
MAC.US.x.97074			187
MAC.US.x.MM142_IVMXX		A	GG
MAC.US.x.r80025			710
MAC.US.x.r90131			175
MNE.US.82.MNE_8			318
MNE.US.x.MNE027		GG	692
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-T-----C-G- G- T- G-GG- A-G- A-A- C-T- G- G-C- G- C- T- TCA- 308		
SMM.LR.89.SIVsmLIR1	TTT-----A-C-G- G- T- G-GG- G- G- T- A- A- GA-T- G- G-C- G-C- C- ATCA- 305		
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-A-C-----C-GG- A- C- G- T- G-GG- G- G- C- T- A- A-TA- C-GA- C- CG- A-G- 652		
SMM.US.04.G078	-AG-----C-G- A- C- G- T- G-GG- G- A-G-GA-T- A- A- G- G- G- T- 478		
SMM.US.04.G932	-C-----C- A- G- G- T- G-G- GA- G-GA- A- A- G- G- G- C- A-C- 470		
SMM.US.04.M919	-C-----C- G- G- T- G- A- T- GA- G-GA- A- A- G- G- C- C- C- 475		
SMM.US.04.M922	-C-----C- G- T- G-GG- G- T- C- A- G- G- C- G- C- C- 476		
SMM.US.04.M923	-C-----C- G- T- G-GG- G- T- C- A- G- G- C- G- C- C- 475		
SMM.US.04.M926	-C-----C- G- T- G-GG- G- G- T- C- A- G- G- C- G- C- G- A-GT- 475		
SMM.US.04.M934	-C-----C- G- T- G-GG- G- G- T- C- A- G- G- C- G- C- G- G- 473		
SMM.US.04.M935	-C-----C- G- T- G-GG- G- G- T- C- A- G- G- C- G- C- C- 476		
SMM.US.04.M940	-AG-----C-G- A- G- T- G-GG- GA- G- A- T- G- G- C- G- C- 478		
SMM.US.04.M946	-C-----C- G- G- T- G-GG- G- G- T- C- A- G- G- C- G- C- T- 474		
SMM.US.04.M947	-C-----C- A- G- T- G-GG- GA- G- T- C- A- G- G- C- G- C- C- 475		
SMM.US.04.M949	-AG-----C-G- A- G- T- G-GG- GA- G- T- C- A- G- G- C- G- C- C- 466		
SMM.US.04.M950	-C-----C- A- A- G- T- G-GG- GA- G- T- C- A- G- G- C- G- C- C- 474		
SMM.US.04.M951	-AG-----C-G- A- A- G- T- G-GG- GA- G- T- C- A- G- G- C- G- C- C- 475		
SMM.US.04.M952	-C-----C- A- A- G- T- G-GG- A- G- A- T- C- A- G- G- G- G- A-T- 474		
SMM.US.05.D215	-C-----C- GTG- A- GA- GG- T- G-GG- A- G- A- T- C- A- G- G- G- G- A-T- 472		
SMM.US.06.FTQ	-C-----C- G- A- GA- GG- T- G-GG- T- G- G- G- C- G- C- G- G- 485		
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-A-----A- G- G- T- G-GG- T- G- G- G- C- G- C- C- G- G- T- 1211		
SMM.US.06.GE13212	-C-----C- G- G- T- G-GG- T- G- G- G- C- G- C- C- G- G- A-R- 464		
SMM.US.x.F250_H4	-C-----C- G- G- T- G-GG- T- G- G- G- C- G- C- C- G- G- T- 1208		
SMM.US.x.H9	-T-----C- G- G- T- G-GG- T- G- G- G- C- G- C- C- G- G- 694		
SMM.US.x.PBJ14_15	-C-----C- C- G- G- T- G-GG- G- A- C- A- A- G- C- C- 988		
SMM.US.x.PBJA	-T-----C- G- G- T- G-GG- G- CA- C- A- A- G- C- C- 987		
SMM.US.x.PBJ_143	-T-----C- G- G- T- G-GG- G- C- C- A- A- G- C- C- 694		
SMM.US.x.PBJ_6P6	-C-----C- G- G- T- G-GG- G- A- C- A- A- G- C- C- 1180		
SMM.US.x.PGM53	-C-----C- G- G- T- G-GG- G- A- C- A- A- G- C- C- C- 1138		
SMM.US.x.SME543	-C-----C- G- G- T- G-GG- T- G- G- G- C- G- C- T- 1224		
SMM.x.x.pE660.CG7G	-C-----C- G- G- T- G-GG- T- G- G- G- C- G- C- T- 1210		
STM.US.89.STM_37_16	-AG-----C-G- A- G- T- G-GG- G- A- G- G- C- G- C- G- G- TCA- 868		

Gag p17 Matrix end, Gag p24 Capsid start

MAC_US_x_239
Gag
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.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20_56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMC1_KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CH.03.03CM_510_03
H2_01_AB.CI.90_7312A
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20
H2_01_AB.JP.07.NMC176_01
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC_TNP3
U.FR.96.12034
MAC_US_x_17EC1
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_MM142_IVMXX
MAC_US_x_r80025
MAC_US_x_r90131
MNE_US_82.MNE_8
MNE_US_x.MNE027
SMM_CI_79.SIVsmC12
SMM_LR_89.SIVsmLIB1
SMM_SL_92.SIVsmSL92A
SMM_SL_92.SL92B
SMM_US_04.G078
SMM_US_04.G932
SMM_US_04.M919
SMM_US_04.M922
SMM_US_04.M923
SMM_US_04.M926
SMM_US_04.M934
SMM_US_04.M935
SMM_US_04.M940
SMM_US_04.M946
SMM_US_04.M947
SMM_US_04.M949
SMM_US_04.M950
SMM_US_04.M951
SMM_US_04.M952
SMM_US_05.D215
SMM_US_06.FTQ
SMM_US_11.SIVsmE660_FL10
SMM_US_86.G3212
SMM_US_x.F258_H4
SMM_US_x.H9
SMM_US_x.PBJ14_15
SMM_US_x.PBJA
SMM_US_x.PB05_143
SMM_US_x.PBJ_6P6
SMM_US_x.PGM53
SMM_US_x.SME543
SMM_x_x.pE660.CG7G
STM_US_89.STM_37_16

GAACAGGAACACAGAAACTGCCAAAACAGTAGACCAACAGCACCATCTAGCGGGCAGAGGAGAAATACCCAGTACAACAATA...GGTGGTAACTATGTCCACCTGCCATTAAGCCCGAGAACAATTAATAGCTGGGTAATTTGATAGAGGAAAAAATTT 1549

E T G T T E T M P K T S R P T A P S S G R G G N Y P V Q Q I G G N Y V H L P L S P R T L N A W V K L I E E K K F

1599
1599
1567
1043
1043
1044
1044
1047
1608
1043
1593
1344
1593
1592
1042
1044
1565
1563
1561
1560
706
962
696
1566
1568
1565
1571
1067
1078
1549
655
655
1548
1550
1537
655
656
589
626
649
656
654
641
643
512
645
656
648
660
658
656
651
545
641
641
524
524
1047
512
655
1029
1029
645
634
642
983
815
807
812
813
812
812
810
813
813
811
812
803
811
812
811
809
822
1548
803
1545
1031
1325
1324
1031
1517
1475
1561
1547
1205

MAC.US.x.239
Gag
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.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205 ALT
B.JC.01.IMCJ KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CH.03.03CM 510_03
H2_01_AB.CI.90.7312A
H7_01_AB.JP.04.NNC307_20
H7_01_AB.JP.07.NMC716_01
H7_01_AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
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.MM142 IVMXX
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.GAT12
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB114_15
SMM.US.x.PB1A
SMM.US.x.PB1B
SMM.US.x.PB1C 6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

```

CAGCTCCA...CAACAAGGCAACTTAGGGAGCCGTGAGGATCAGATATTTGACGAGAACCAACTAGTTTCAGTAGATGAACAAATCCAGTGGATGTACAGACAGACAAGAACCCATACACAGTAGGCAACATTTTCAGGAGATGGATCCAACTGGGGTTCACAAAATGTGCGA
P A P Q Q G Q L R E P S G S D I A G T T S S V D E O I Q W M Y R Q O N P I P V G N I Y R R W I O L G L Q K C V R
--GC-CTTA-C-GC--G-G--A-C-AAGG-G-T-C-A--A-CA-----G-G-----T-G-G-A-T-G-G-G--G-C-A-----GA-A-C--G--G--1933
--GC-CTTA-C-GC--G-C-A-AAG--G-T-C-A--A-CA-----G-G-----T-G-C-A-T-G--G--G-C-A-----A-A-C--G--G--1933
--GC-CTTG-C-GCG--G-G--A-A-AAG--G-T-C-A--G-----A-CA-----A--G-----TT--GC-A-T-T--G--G--C-T-A-----GA-A-AC--G--G--1901
--GC-CTTA-C-GC--G-G--A-C-AAG--G-T-C-A--G-----A-CA-----A--G-----T-G-C-A-T-G--G--G-C-A-----T-A-C-A-G--G--1377
--GC-CTTA-C-GC--G-G--A-C-AAGG--G-T-C-A--G-----A-CA-----A--G-----T-G-CA-T-G--G--G-C-A-----GA-A-C-A-G--G--1377
--GC-CTTA-C-GCG--G-G-C-A-T-ACG--T-C-A--G--A--G--A--CA--G--G-G-A--T--G--G-A-T-TG--G--A-C-T-----GA-A-AC--G--G--1377
--GC-CTTA-C-GCG--G-G--A-A-AAG--G-T-C-A--G--A--G--A--CA--G--G-G-A--T--G--G-C-A-T-G--G--G-A-C-T-----GA-A-AC--G--G--1378
--GC-CTTA-C-GCG--G-G--A-A-AAG--G-T-C-A--G--A--G--A--CA--G--G-G-A--T--G--G-C-A-T-G--G--G-A-C-T-----GA-A-AC--G--G--1378
--GC-CTTA-C-GCG--G-G--A-A-AAG--G-T-C-A--G--A--G--A--CA--G--G-G-A--T--G--G-C-A-T-TG--G--G-A-C-T-----T--GA-AC--G--G--1371
--GC-CTTA-C-GCG--G-G-C-A-C-AAG--G-T-C-A--G--A--G--A--CA--A--G--G--A--T--GGC-A-T-G--G--G-C-T-A-----GA-A-C-G--G--1942
--GC-CTTA-C-GCG--G-G--A-A-AAG--G-T-C-A--G--A--G--A--CA--A--G--G--A--T--GGC--T-TG--G--G-A-C-T-A-----GA-A-C-G--G--1377
--GC-CTTA-C-GC--G-G-C-A-A-AAG--G-T-C-A--G--A--G--A--CA--A--G--G--T--GC-A-T-TG--G--G-A-C-T-A-----GA-A-C--G--G--1927
--GC-CTTA-C-GC--G-G--A-A-AAG--G-T-C-A--G--A--G--A--CA--A--G--G--T--GC-A-T-TG--G--G-A-C-T-A-----GA-A-AC--G--G--1678
--GC-CTTA-C-GC--G-G-C-A-C-AAGG--G-T-C-A--G--A--G--A--CA--A--GC--T--G-C-A-T-TG--G--G--G-C-T-A-----A--GA-A-C-A--G--1929
--GC-CTTA-C-GC--G-G--A-A-AAG--G-T-C-A--G--A--G--A--CA--A--G--G--T--G-C-G-T-TG--G--G--G-C-T-A-----GA-A-C-A-G--G--1926
--GC-CTTA-C-GCG--G-G-C-A-A-AAGG--T-C-A--G--A--G--A--CA--A--G--G--T--G-C-A-T-TG--G--G--G-C-T-A-----GA-A-A--G--G--1376
--GC-CTTA-C-GCG--G-G-C--A--AAGG--T-C-A--G--A--G--A--CA--A--G--G--T--GC-A-T-TG--G--G--G-C-T-A-----GA-A-C-A-G--G--1378
--G--CTG-C-GC-----C-CAG--G--A--C-C-CA--G--G--A--GGC-A-T-TG-T-G--G--G--A-----T-A-A-C--G--G--C-G-1899
--G--CTG-C-GC-----C-CAG--G--A--C-C-CA--G--G--A--GGC-A-T-TG-T-G--G--G--A-----T-A-A-C--G--G--C-G-1897
--GC-ATG-C-GC--G--C--A-AAG--G--C-A-G--C-C-CA--A--G--A--CC-A-T-TG-C--G--A-C-T-A-G--T--GT-A-C-A--G--C--G-1895
--GC-ATG-C-GC-----C-AAG--G--C-A--G--C-CA--G--G--G--GGC-A-T-TG-C--G--A-C-T-A-----T--T-A-A--G--C--G-1040
--GC-ATG-C-GC-----C-AAG--G--C-A--G--C-CA--G--G--G--GGC-A-T-TG-C--G--A-C-T-A-----T--GT-A-C--G--C--G-1040
A--GG--GCCG-C-GC-----M-C--A--A--G--C--A--A--A--G--C--A--A--A--CAC--G-G-A-A-T--T-----A-C-T-Y-T-A-----RT-A-AC-T--G-1296
--GC-CTG-C-GCG-----G--A-C--AAGG--A--G--C-C-CA--G--G--A--GGGC-A-T-T-C--G--A--T-A-----T-A-A--G--G--C-G-1030
--GC-CTG-C-GC-----C--CAG--G--A--G--C-C-CA--G--G--A--GGGT-A-G-T-T-C--G--G--T-A-----T--G-A-A--G--G--C-G-1900
--GC-CTG-C-GC-----C-A-CAG--A--G--C-C-CA--G--G--A--GGT-A-T-T-G--G--G--T-A-----T--T-A-A--G--G--C-G-1900
--GC-CTG-C-GC-----A-A-CAG--A--G--C-C-CA--G--G--A--GGT-A-TT-G--C--G--G--T-A-----T--T-A-A--G--G--C-G-1899
--GC-CTG-C-GC-----A-A-CAG--A--G--C-C-CA--G--G--A--GGT-A-TT-G--C--G--G--T-A-----T--T-A-A--G--G--C-G-1905
-T-GC-CTA-C-GC--G-G--A-A-TAGG--G--C-A--G--C-CA-G-A--G--A--A--T--G--G-A--T--G--G--A-C-----T--T-A-AC-C--G-1401
A--GC-CCA-C-GC--G--A--AAG--T-T--CA--G-A-G-G-A--A--G-CG-A-T-A--G-G-T--C-TC-----T--CC-A--G--T--1412
.....A-----R-----1880
.....A-----R-----986
.....A-----R-----986
.....A-----R-----986
.....A-----R-----1879
.....A-----R-----1881
.....A-----R-----1868
.....A-----R-----986
.....A-----R-----987
.....A-----R-----970
.....A-----R-----957
.....A-----R-----980
.....A-----R-----987
.....A-----R-----985
.....A-----R-----972
.....A-----R-----974
.....A-----R-----843
.....A-----R-----976
.....A-----R-----987
.....A-----R-----979
.....A-----R-----991
.....A-----R-----989
.....A-----R-----987
.....A-----R-----982
.....A-----R-----876
.....A-----R-----972
.....A-----R-----855
.....A-----R-----855
.....A-----R-----1378
.....A-----R-----843
.....A-----R-----986
.....A-----R-----1360
.....A-----R-----1360
T--GG--TTG-CGGC--G-GT-G-A-A--AGT--C--C--A--T--C--C--A--G--G--A--A--G--A--A--G--A--G--A--G--A--T--G--C--T-----T--C-A--G--G--979
--AGC-ATA-C-GC--G--G--A--AAG--T--C--A--T--C--C--A--G--G--A--G--A--A--GGCTGCC--C-G-G--G--C--C--C-----T--A-C--G--G--968
--G--CTC-C-GC--G--C--A--AAG--T--C--A--T--C--C--A--G--G--A--A--GGCTGCC--C-G-G--G--C--C--C-----T--A-C--G--G--976
AGC-GG-CAA-CGGCT--GGG-A-A-A--AAG--C-T--A--G--C--CA--CCC-AG--G--AG-A--T--GGC-A--AG-C--G--AG--C--T-A-G--G--AC-C--C--G--1323
--GC-CTA-C-GC--G--C--A-A--AAGG--C-T--A--G--C--CA--G--A--G--A--G--A--G--T--G--G--A--G--T-A--G-----T--AC--G--G--1149
--GC-ATA-C-GC--G--C--A--AAG--G--G--C--A--G--A--G--A--T--G--G--T--G--G--A--T--C--A-----T--A--G--G--T--1141
--GC-ATA-C-GC--G--C--A--AAG--G--G--C--A--G--A--G--A--T--G--G--T--G--G--A--T--C--A-----T--A--G--G--T--1146
--GC-CTA-C-GC--G--C--A--AAG--G--T--A--G--A--G--T--T--G--G--T--G--G--A--T--C--A-----T--A--G--G--T--1147
--GC-GCTA-C-GC--G-G-G-A--AAG--C--C--CA--A--G--A--T--T--G--G--A--T--C--A--G--G--GT-A-C--G--G--A--G--1146
--GC-TTG-C-GC--G-G-C-A-A--AAG--C--C--CA--A--G--A--T--T--G--G--A--T--C--A--G--G--T--C--G--G--G--1146
--GC-TTA-C-GC--G--C--A--AAG--G--C--A--G--A--G--A--T--T--G--G--T--T--G--A--T--C--A-----G--T--C-A--G--G--1144
--GC-ATA-C-GC--G--C--A--AAG--G--T--A--G--A--G--A--T--T--G--G--T--T--G--A--T--C--A-----G--T--C-A--G--G--1147
A--GC-GTTA-C-GC--G-C--A--AAGG--C-T-C-A--C--C--A--G--A--G--A--T--T--G--G--A--T--G--A--T--G--G--T-A-----T--A-C--G--G--1149
--GC-TTG-C-GC--G--C--A--AAG--G--C--A--G--A--G--A--T--T--G--G--A--T--G--A--T--G--G--T-A-----T--A-C--G--G--1145
--GC-ATA-C-GC--G--A-T-AAG--C--C--A--T--CA--A--G--A--G--T--A--T--G--G--A--T--T--A--G--T--A--C--G--G--A--1146
--GC-CTA-C-GC--G-G-C-A-A--AAGG--C-T-C-A--C--C--A--G--A--A--T--G--G--A--T--G--T--G--T--A--G--T--C--G--G--T--1137
--GC-TTG-C-GC--G-G-C-A-A--AAG--C-T-C-A--C--C--A--G--A--G--A--T--T--G--G--A--T--G--T--G--T--A--G--T--C--G--G--1145
T--GC-CTA-C-GC--G-G-C-A-A--AAG--C-T-C-A--C--C--A--G--A--G--A--T--T--G--G--A--T--G--T--G--T--A--G--T--AC-G--G--1146
--GC-TTG-C-GC--G-G-C-A-A--AAG--G--T--C--A--G--A--G--A--T--T--G--G--A--T--G--T--G--G--T--A--G--T--A--G--1145
--GC-GCTA-C-GC--G-G-C-A-A--AGG--G--T--C--C--A--G--G--A--A--T--G--G--A--T--G--A--G--A--G--T--A--G--T--1143
TG-GC-ATA-C-GC--G-G-C-A-C--AGG--C--C--T--CA--G--G--G--AG-A--T--G--G--A--T--T--C--A--G--G--T--C--A-----1159
--GC-CCA-C-GC--G--G--A--AAG--C--C--A--G--A--G--A--T--T--G--G--A--T--G--G--A--T--A--G--T--A--C--G--G--A--1882
--GC-ATA-C-GC--G--G--A--AAG--R--C--A--T--C--CA--G--A--T--T--G--G--A--T--G--G--A--C--T-A--G--T--A--C--G--G--1879
--GC-CTA-C-GC--G--A--AAG--C--C--A--T--CA--S--C--T--A--Y--G--G--A--T--T--C--R--G--G--T--A--C--G--G--A--1365
--GC-ATA-C-GC--G--A--AAGR--C--C--T--CA--S--C--T--A--Y--G--G--A--T--T--C--R--G--G--T--A--C--G--G--A--1365
--GC-GATA-C-C--G--A--AAG--C--C--T--CA--S--C--T--A--Y--G--G--A--T--T--C--R--G--G--T--A--C--G--G--A--1659
--GC-GATA-C-C--G--A--AAG--C--C--T--CA--S--C--T--A--Y--G--G--A--T--T--C--R--G--G--T--A--C--G--G--A--1658
--GC-ATA-C-GC--G--A--AAGR--C--C--T--CA--S--C--T--A--Y--G--G--A--T--T--C--R--G--G--T--A--C--G--G--A--1365
--GC-GATA-C-C--G--A--AAG--C--C--T--CA--S--C--T--A--Y--G--G--A--T--T--C--R--G--G--T--A--C--G--G--A--1365
--GC-ATA-C-GC--C-A-T-AAG--C--C--T--A--G--A--G--T--T--G--A--T--G--G--A--T--C--A-----T--C-A--G--G--1809
--GC-CTA-C-GC--G--A--AAG--C--C--T--A--G--A--G--T--T--G--A--T--G--G--A--T--C--A-----T--C-A--G--G--1895
--GC-CTA-C-GT--G--A--AAG--C--C--T--A--G--A--G--T--T--G--A--T--G--G--A--T--A--G--T--A--C--G--G--A--1881
--G--GCTG-C-GC--G--A--A-AAGC--G--A--G--T--C-CC--G--T--A--A--C-G-G-A-T-T--G--A--C--T-A--G--T--A--C-A--1542

```

MAC.US.x.239
Gag
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.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20_56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ_KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CH.03.03CM_510_03
H2_01.AB.CI.90_7312A
H2_01.AB.JP.04.NMC307_20
H2_01.AB.JP.07.NMC716_01
H2_01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC_TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
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.MM142_IVMXX
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE_8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.G3212
SMM.US.x.F250_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14_15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PB05_143
SMM.US.x.PBJ_6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

ATGTATAACCCACAAACATTCTAGATGTA...
M Y N P T N I L D V K O G P K E P F Q S Y V D R F Y K S L R A E Q T D A A V K N W M T Q T L L I Q N A N P D C K L
C - - - - - G - - - - - A - - - - - T - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - 2103
A - - - - - C - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - T - - - - - 2103
C - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - 2071
C - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - 1547
C - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - 1547
A - - - - - G - - - - - A - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - 1548
C - - - - - G - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - 1548
C - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - 1541
C - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - 2112
C - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - 1547
C - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - AA - 2097
C - - - - - T - - - - - G - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - 1848
C - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - 2099
C - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - 2096
C - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - 1546
C - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - 1548
C - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - AT - 2069
C - - - - - T - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - AT - 2067
C - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - 2065
C - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - AT - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - AT - 2064
C - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - AT - 1210
Y - - - - - T - - - - - C - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - R - - - - - A - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - AT - 1466
C - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - AT - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - 1200
C - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - 2070
C - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - 1070
C - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - 2069
C - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - 2075
C - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - 1571
C - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - CT - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - A - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - 1582
2050
MAC.US.x.17EC1 R C 1156
MAC.US.x.1937 C 1156
MAC.US.x.2065 C 1156
MAC.US.x.251_1A11 2049
MAC.US.x.251_32H_PJ5 A C 2051
MAC.US.x.251_BK28 C A 2038
MAC.US.x.80035 C 1156
MAC.US.x.81035 C 1157
MAC.US.x.85013 C 1090
MAC.US.x.87082 C 1127
MAC.US.x.92050 C 1150
MAC.US.x.92077 C 1157
MAC.US.x.93057 C 1155
MAC.US.x.93062 C 1142
MAC.US.x.95058 C 1144
MAC.US.x.95086 Y 1013
MAC.US.x.95112 C 1146
MAC.US.x.96016 C 1157
MAC.US.x.96020 C 1149
MAC.US.x.96072 C 1161
MAC.US.x.96081 C 1159
MAC.US.x.96093 C 1157
MAC.US.x.96114 C 1152
MAC.US.x.96123 C 1046
MAC.US.x.96135 C 1142
MAC.US.x.97009 T 1025
MAC.US.x.97074 C 1025
MAC.US.x.MM142_IVMXX A C 1548
MAC.US.x.r80025 C 1013
MAC.US.x.r90131 C 1156
MNE.US.82.MNE_8 G C A C 1530
MNE.US.x.MNE027 A G C C 1530
SMM.CI.79.SIVsmCI2 T C C G G C C G T G A C G G A C G G G A A G C T C T 1149
SMM.LR.89.SIVsmLIB1 T T C C G G G C C G T G A C G G A C G G G A A G C T C T 1138
SMM.SL.92.SIVsmSL92A C T GT C C G A C G G C T T A G C G G A C G G A A G G C C T T 1146
SMM.SL.92.SL92B T TG C C G T G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1493
SMM.US.04.G078 T TG C C G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1319
SMM.US.04.G932 C T GT C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1311
SMM.US.04.M919 C T GT C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1316
SMM.US.04.M922 C T GT C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1317
SMM.US.04.M923 C T GT C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1316
SMM.US.04.M926 C T GT C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1316
SMM.US.04.M934 T T C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1314
SMM.US.04.M935 C T GT C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1317
SMM.US.04.M940 T T C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1319
SMM.US.04.M946 T T C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1315
SMM.US.04.M947 T T C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1316
SMM.US.04.M949 T T C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1307
SMM.US.04.M950 T T C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1315
SMM.US.04.M951 T T C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1315
SMM.US.04.M952 T T C C G G G C A T C T A G G G A C C G G A A G C C T 1315
SMM.US.05.D215 T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 1313
SMM.US.06.FTq T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 1329
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10 T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 1329
SMM.US.86.G3212 T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 1305
SMM.US.x.F250_H4 T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 2049
SMM.US.x.H9 T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 1535
SMM.US.x.PBJ14_15 T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 1829
SMM.US.x.PBJA T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 1828
SMM.US.x.PB05_143 T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 1535
SMM.US.x.PBJ_6P6 T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 2021
SMM.US.x.PGMS3 C T T C C G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 1979
SMM.US.x.SME543 T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 2065
SMM.x.x.pE660.CG7G T T C C G G G A T A T A G G G A C C G G A A G C C T 2051
STM.US.89.STM_37_16 C T GTT T C G AA G C A T T A G G G A G C T G A GG A T C AT 1712

MAC.US.x.239
Pol
Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE1Z 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.c1one_NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786.c1one_41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST.J5P4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GI.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ.KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM.510.03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307.20
H2.01.AB.JP.07.NMC716.01
H2.01.AB.JP.08.NMC842.10
U.CI.07.07IC.TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
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.MM142.IVMXX
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.6078
SMM.US.04.6932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.F1Q
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB114.15
SMM.US.x.PB1A
SMM.US.x.PB1.143
SMM.US.x.PB1.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM.37.16

Sequence alignment table with columns for sequence identifiers, nucleotide sequences (AG...), and alignment positions (K...M). Includes headers for Gag p8 Nucleocapsid end, Gag p1 Spacer start, and Gag Pol start.

	Gag p1 spacer end_Gag p6 start																														
MAC.US.x.239	AAGAAGCCCGCAATTTCCCATGGCTCAAGTGCATCAGGGGCTGATGCCAACTGTCCCCCA	GAGGACCCAGCTGTGGATGCTGTAAGAAGTACTATGCAGTTGGCAAGCAGCA	2491																											
Pol	G K K P R N F P M A Q V H Q G L M P T A P P	P R G P S C G S A K E L H A V G Q A																												
Gag	K K P R N F P M A Q V H Q G L M P T A P P	E D P A V D L L K N Y M Q L G K Q Q																												
A.CI.88.UC2	2535																											
A.DE.x.BEN	2535																											
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	2503																											
A.GH.x.GH1	1979																											
A.GM.87.D194	1979																											
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	1976																											
A.GM.x.MCN13	1980																											
A.GM.x.MCR35	1980																											
A.GW.86.FG_c1one_NIHZ	2531																											
A.GW.87.CAM2CG	2544																											
A.GW.x.MDS	1979																											
A.IN.07.NNVA	2529																											
A.IN.95.CR1K_147	2528																											
A.JP.08.NMC786_c1one_41	2531																											
A.PT.x.ALI	2528																											
A.SN.85.ROD	1978																											
A.SN.86.ST_JSP4_27	1980																											
B.CI.88.UC1	2567																											
B.CI.x.20_56	2562																											
B.CI.x.EHO	2557																											
B.GH.86.D205_ALT	2562																											
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	1708																											
G.CI.92.Abt96	1913																											
AB.CM.03.03CM_510_03	1698																											
H2_01_AB.CI.90.7312A	2568																											
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	2568																											
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	2567																											
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	2573																											
U.CI.07.07IC_TNP3	2018																											
U.FR.96.12034	2068																											
MAC.US.x.17EC1	2491																											
MAC.US.x.1937	1597																											
MAC.US.x.2065	1597																											
MAC.US.x.251_1A11	2490																											
MAC.US.x.251_32H_PJ5	2492																											
MAC.US.x.251_BK28	2479																											
MAC.US.x.80035	1597																											
MAC.US.x.81035	1598																											
MAC.US.x.85013	1531																											
MAC.US.x.87082	1568																											
MAC.US.x.92050	1591																											
MAC.US.x.92077	1598																											
MAC.US.x.93057	1596																											
MAC.US.x.93062	1583																											
MAC.US.x.95058	1585																											
MAC.US.x.95086	1454																											
MAC.US.x.95112	1587																											
MAC.US.x.96016	1598																											
MAC.US.x.96020	1590																											
MAC.US.x.96072	1602																											
MAC.US.x.96081	1600																											
MAC.US.x.96093	1598																											
MAC.US.x.96114	1593																											
MAC.US.x.96123	1487																											
MAC.US.x.96135	1583																											
MAC.US.x.97009	1466																											
MAC.US.x.97074	1466																											
MAC.US.x.MM142_IVMXX	1989																											
MAC.US.x.r80025	1454																											
MAC.US.x.r90131	1597																											
MNE.US.82.MNE_8	1971																											
MNE.US.x.MNE027	1971																											
SMM.CI.79.SIVsmCI2	1623																											
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	1582																											
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	1584																											
SMM.SL.92.SL92B	1934																											
SMM.US.04.G078	1763																											
SMM.US.04.G932	1752																											
SMM.US.04.M919	1757																											
SMM.US.04.M922	1758																											
SMM.US.04.M923	1757																											
SMM.US.04.M926	1757																											
SMM.US.04.M934	1758																											
SMM.US.04.M935	1758																											
SMM.US.04.M940	1763																											
SMM.US.04.M946	1756																											
SMM.US.04.M947	1757																											
SMM.US.04.M949	1751																											
SMM.US.04.M950	1756																											
SMM.US.04.M951	1760																											
SMM.US.04.M952	1756																											
SMM.US.05.D215	1757																											
SMM.US.06.FT0	1785																											
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	2493																											
SMM.US.86.FU212	1749																											
SMM.US.x.F236_H4	2490																											
SMM.US.x.H9	1976																											
SMM.US.x.PB114_15	2270																											
SMM.US.x.PB1A	2269																											
SMM.US.x.PB1_143	1976																											
SMM.US.x.PB1_6P6	2462																											
SMM.US.x.PGM53	2420																											
SMM.US.x.SME543	2506																											
SMM.x.x.pE660_C67G	2492																											
STM.US.89.STM_37_16	2150																											

Pol Protease end_Pol p66 and p51 RT start

MAC. US. x. 239	ATCATGACAGGGGACCCCGATTAACATTTTGGTAGAAAATTTGCTAACAGCTCTGGGGATGCTCTCTAAATTTCCATAGCTAAAGTAGAGCGCTGTAAGGTCGCCTAAAGCCAGGAAAGGATGGACAAAATTGAAGCAGTGGCCATTATCAAAGAAAAAGATAGT	2946
Pol	T I M T G D T P I N I F G R N L L T A L G M S L N F P I A K V E P V K V A L K P G K D G P K L K Q W P L S K E K I	
A.CI.88.UC2	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -A- -TT- G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -GGA- -AA- -A- AA- A- -G- -A- -C- -GGC- -A- -A- -CC- A- -AG- A- 3029	
A.DE.x.BEN	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -A- -T- -G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- T- -C- GA- -AA- -A- A- -G- -A- -G- -GGC- -A- -A- -CC- A- -G- A- 3029	
A.GH.x.GH1	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -C- A- -T- -G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -G- -AA- -AA- -A- -G- -A- -G- -G- -A- -GA- -A- -TC- A- -G- A- 2997	
A.GM.87.D194	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -A- -T- -G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -G- -AA- -AA- -A- -G- -A- -G- -GGC- -A- -A- -CC- A- -G- A- 2473	
A.GM.x.ISY.SBL.6669_85	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -C- A- -C- -G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -A- -A- -AA- -A- -G- -A- -G- -CAA- -GA- -A- -C- A- -G- A- 2470	
A.GM.x.MCN13	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -A- -T- -G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -A- -A- -AA- -A- A- -A- -A- -A- -A- -C- -G- -A- -C- A- -G- A- 2474	
A.GM.x.MCR35	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -A- -T- -G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -A- -A- -AA- -A- A- -A- -A- -A- -A- -C- -G- -A- -C- A- -G- A- 2474	
A.GW.86.F6.c1one.NIHZ	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -G- -T- -G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -GA- -A- -AA- -A- A- -A- -A- -A- -A- -G- -C- -A- -A- -T- A- -A- 2467	
A.GW.87.CM2CG	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -A- -T- -G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -GA- -A- -AA- -A- A- -A- -A- -A- -A- -G- -C- -GA- -A- -C- A- -G- A- 3038	
A.GW.x.MDS	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -A- -TT- G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -GA- -A- -AA- -A- A- -A- -A- -A- -A- -G- -C- -GA- -A- -T- A- -A- 2473	
A.IN.07.NNVA	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -C- A- -TT- G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -GA- -A- -AA- -A- A- -A- -A- -A- -A- -G- -C- -GA- -A- -A- A- 3023	
A.IN.95.CR1K.147	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -C- A- -TT- G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -GA- -A- -AA- -A- A- -A- -A- -A- -A- -G- -C- -GA- -A- -C- A- -A- 2774	
A.JP.08.NMC786.c1one.41	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -A- -C- -GG- G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -GA- -A- -AA- C- -AA- -A- -G- -A- -G- -T- -GGC- -A- -A- -CC- A- -A- 3025	
A.PT.x.ALI	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -C- A- -TT- G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -GA- -A- -AA- -G- -G- -A- -G- -A- -C- -G- -A- -GA- -A- -C- A- 3022	
A.SN.85.ROD	-A- -A- -C- -A- -C- -C- -C- -C- A- -T- -G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -GA- -A- -AA- -A- A- -A- -A- -A- -A- -G- -C- -GA- -A- -C- A- 2475	
A.SN.86.ST.JSP4_27	-A- -A- -T- -A- -C- -C- -C- -C- A- -T- -G- -CT- A- -C- -AT- -A- -AG- C- -GA- -A- -AA- -A- A- -A- -A- -A- -A- -G- -C- -GA- -A- -C- A- 2474	
B.CI.88.UC1	-A- -A- -A- -A- -A- -A- -C- -A- -TT- -ATA- -AT- -A- -C- -A- -C- -AG- -A- -GA- -A- -A- -A- -A- -AA- -C- -G- -T- -G- -A- -A- -C- -GA- -A- -TC- -C- 3010	
B.CI.x.20.56	-A- -A- -A- -A- -A- -A- -C- -A- -CT- -ATA- -CT- -C- -A- -C- -AG- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -AA- -C- -G- -T- -G- -A- -A- -C- -GA- -A- -CC- C- 3005	
B.CI.x.EHO	G- A- -T- -A- -A- -A- -C- -A- -T- -ATAGCT- -A- -C- -A- -T- -C- -AG- -A- -GGA- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -G- -A- -C- -GA- -A- -CC- C- -GG- -A- -C- 3000	
B.GH.86.D205.ALT	-A- -A- -A- -T- -A- -A- -C- -A- -TT- -ATA- -CT- -C- -A- -T- -C- -AG- -G- -A- -G- -A- -A- -A- -G- -T- -AG- -A- -T- -A- -G- -A- -C- -GA- -A- -TC- -C- 3005	
B.JP.01.MCJ.RR020_1	-A- -A- -A- -T- -A- -A- -C- -C- -A- -T- -ATA- -CT- -C- -A- -T- -C- -AG- -A- -A- -A- -A- -A- -G- -AA- -AC- -A- -T- -A- -G- -A- -C- -GA- -A- -TC- -T- 2151	
G.CI.92.Abt96	G- T- -T- -T- -A- -T- -C- -A- -G- -CA- -TT- -GT- -TAAG- -A- -C- -A- -T- -A- -G- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- 2356	
AB.CH.03.03CM.510.03	-A- -A- -A- -A- -A- -A- -C- -A- -TT- -ATA- -T- -R- -C- -A- -C- -AG- -G- -A- -RGR- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- 2141	
H2.01.AB.CI.90.7312A	-A- -A- -A- -A- -A- -A- -C- -A- -CT- -ACA- -CT- -A- -C- -A- -C- -AG- -G- -A- -A- -A- -A- -G- -G- -CAG- -T- -G- -A- -A- -C- -GA- -A- -TC- -T- 3011	
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20	-A- -A- -A- -A- -A- -A- -C- -A- -CT- -GC- -CT- A- -C- -AG- -T- -C- -AG- -G- -A- -T- -A- -G- -G- -CAG- -T- -A- -A- -A- -C- -GA- -A- -TC- -T- 3010	
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01	-A- -A- -A- -A- -A- -A- -C- -A- -CT- -GC- -CT- A- -C- -AG- -T- -C- -AG- -G- -A- -T- -A- -G- -G- -CAA- -T- -A- -A- -A- -C- -GA- -A- -TC- -T- 3016	
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10	-A- -A- -A- -A- -A- -A- -C- -A- -T- -GGTCAAA- -A- -A- -C- -AG- -G- -A- -G- -AA- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- -A- 2461	
U.CI.07.07IC.TNP3	-A- -A- -A- -A- -C- -T- -A- -G- -C- -TT- G- -AA- -C- -C- -A- -GA- -A- -CA- -TA- -C- -TT- GG- GAC- -A- -C- -A- -GA- -T- -T- -G- -AT- -A- 2511	
U.FR.96.12034		
MAC. US. x. 17EC1		2946
MAC. US. x. 1937		2052
MAC. US. x. 2065		2052
MAC. US. x. 251.1A11		2045
MAC. US. x. 251.32H.PJ5		2947
MAC. US. x. 251.BK28		2922
MAC. US. x. 80035		2052
MAC. US. x. 81035		2053
MAC. US. x. 85013		1986
MAC. US. x. 87082		2023
MAC. US. x. 92050		2046
MAC. US. x. 92077		2053
MAC. US. x. 93057		2051
MAC. US. x. 93062		2038
MAC. US. x. 95058		2040
MAC. US. x. 95086		1909
MAC. US. x. 95112		2042
MAC. US. x. 96016		2053
MAC. US. x. 96020		2045
MAC. US. x. 96072		2057
MAC. US. x. 96081		2055
MAC. US. x. 96093		2053
MAC. US. x. 96114		2048
MAC. US. x. 96123		1942
MAC. US. x. 96135		2038
MAC. US. x. 97009		1921
MAC. US. x. 97074		1921
MAC. US. x. MM142.IVXX		2432
MAC. US. x. r80025		1909
MAC. US. x. r90131		2052
MNE. US. 82.MNE.8		2414
MNE. US. x. MNE027		2414
SMM. CI. 79.SIVsmC12		A 2066
SMM. LR. 89.SIVsmL1B1		A 3025
SMM. SL. 92.SIVsmSL92A		A 2027
SMM. SL. 92.SL92B		A 2377
SMM. US. 04.G078		A 2206
SMM. US. 04.G932		A 2195
SMM. US. 04.M919		A 2200
SMM. US. 04.M922		A 2201
SMM. US. 04.M923		A 2200
SMM. US. 04.M926		A 2200
SMM. US. 04.M934		A 2198
SMM. US. 04.M935		A 2201
SMM. US. 04.M940		A 2206
SMM. US. 04.M946		A 2199
SMM. US. 04.M947		A 2200
SMM. US. 04.M949		A 2194
SMM. US. 04.M950		A 2199
SMM. US. 04.M951		A 2203
SMM. US. 04.M952		A 2199
SMM. US. 05.D215		A 2200
SMM. US. 06.FTq		A 2228
SMM. US. 11.SIVsmE660.FL10		A 2936
SMM. US. 06.G1212		A 2932
SMM. US. x.F236.H4		A 2933
SMM. US. x.H9		A 2419
SMM. US. x.PB114.15		A 2713
SMM. US. x.PB1A		A 2419
SMM. US. x.PB15.143		A 2905
SMM. US. x.PB1.6P6		A 2863
SMM. US. x.PGM53		A 2949
SMM. US. x.SME543		A 2935
SMM. x.x.pE660.CG7G		A 2935
STM. US. 89. STM_37_16		A 2593

Table listing HIV-2/SIV Complete Genomes with columns for accession number, sequence, and position. The table contains entries for various HIV-2 and SIV strains, including MAC.US.x.239, MAC.US.x.17EC1, and others. Each row shows the specific nucleotide sequence at a given position across multiple strains, with gaps represented by dashes.

MAC.US.x.239	ATTTATAAGGTTCTGCCTCAGGATGGAAAGGGTCCACGACCATCTTCCAATACACTATGAGACATGGTCTAGAACCTTCAGGAAGGCAATCCAGATGTACCTTAGTCAGTATATGGATGACATCTTAAATAGCTAGTGACAGGACAGACCTCGGAACATGACAGGTT	3453
Pol	Y I Y K V L P Q G W K G S P A I F Q 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 L E H D R	
A.CI.88.UC2	-A-CT-A-A-A-G-A-A-T-T-T-A-G-GA-CT-T-A-A-C-C-T-T-C-CA-T-C	3536
A.DE.x.BEN	-A-A-CT-A-A-A-A-A-A-T-T-T-A-G-A-A-CT-A-A-A-C-T-T-C-CA-T-C	3536
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-A-A-A-CT-A-A-A-A-A-G-A-T-T-T-A-G-A-G-CT-G-A-A-A-C-C-T-T-C-CA-T-C	3534
A.GH.x.GH1	-A-A-CT-A-A-A-A-A-A-T-T-T-A-G-A-G-CT-G-A-A-A-C-C-T-T-C-CA-T-C	2980
A.GM.87.D194	G-A-CT-A-A-A-A-A-A-T-T-TG-G-A-CT-T-A-A-A-C-C-T-T-C-CA-T-C	2980
A.GM.x.ISY_SBL 6669_85	-A-C-A-CT-A-A-A-A-A-T-T-T-A-G-A-CT-T-A-A-A-C-C-T-TA-C-T-C	2977
A.GM.x.MCN13	-A-C-CT-A-A-A-A-A-T-T-T-A-G-G-CT-T-A-A-A-C-T-TA-CA-T-C	2981
A.GM.x.MCR35	-A-A-C-A-A-A-A-A-A-T-T-T-A-G-G-CT-T-A-A-A-C-T-TA-CA-T-C	2981
A.GW.86.F6 clone NIHZ	-A-C-A-CT-A-G-G-A-A-T-T-T-A-G-G-CT-T-A-A-A-CGAG-C-TT-CA-T-C	3529
A.GW.87.CAN26G	-A-A-CT-A-G-G-A-A-T-T-T-A-G-G-CT-T-A-A-A-C-T-TA-CA-T-C	3545
A.GW.x.MDS	-A-A-CT-A-A-A-A-A-T-T-T-A-G-G-CT-T-A-A-A-C-AG-C-TT-CA-T-C	2980
A.IN.07.NNVA	-A-C-CT-A-A-A-A-A-T-T-T-A-GA-GA-CT-G-A-A-A-C-AG-C-TT-CA-T-A-C	3530
A.IN.95.CR1K 147	-A-A-CT-A-A-A-A-A-T-T-T-A-G-GA-CT-G-A-A-A-C-AG-C-TT-CA-T-C	3281
A.JP.08.NMC786 clone 41	-A-A-CT-A-A-A-A-A-T-T-T-A-G-A-CT-G-A-A-A-C-AG-C-TT-CA-T-C	3532
A.PT.x.ALT	-A-A-CT-A-A-A-A-A-T-T-T-A-G-A-CT-G-A-A-A-C-AG-C-TT-CA-T-C	3529
A.SN.85.RDD	-A-A-CT-A-A-A-A-A-T-T-T-C-A-G-A-T-T-A-A-A-CAAG-C-TT-CA-T-C	2982
A.SN.86.ST JSP4_27	-A-A-CTCA-A-A-A-A-A-T-T-T-A-G-G-CT-T-A-A-A-C-G-A-C-TT-CA-T-C	2981
B.CI.88.UC1	-A-A-A-A-A-A-A-C-A-T-T-T-C-GA-G-AT-T-T-A-A-C-CAGC-C-TT-A-T-C	3517
B.CI.x.20_56	-C-C-A-A-A-A-T-A-C-A-T-T-T-C-G-GA-G-A-C-C-A-A-C-CGAT-C-A-T-C	3512
B.CI.x.EHO	C-C-A-A-A-A-A-A-C-A-T-T-G-T-C-G-A-G-A-C-CT-A-A-C-CAAT-C-TA-T-C	3507
B.GB.86.D205 ALT	-C-A-A-A-A-G-G-A-C-AGT-A-T-G-T-C-A-G-AT-T-T-T-A-C-CAGC-C-TT-A-T-C	3509
B.JP.01.MC3 KR020_1	-C-C-A-A-A-A-G-A-C-AGT-A-T-G-T-C-G-A-G-A-A-C-GAT-C-TT-A-T-C	2659
G.CI.92.Abt96	-C-C-A-A-G-A-A-C-T-T-T-C-T-A-G-A-A-C-A-A-C-GAG-R-A-TT-A-YA-A	2863
AB.CH.03.03CM 510_03	-A-A-A-R-R-C-A-T-T-T-C-GA-G-AT-T-T-A-A-C-CAGC-C-TA-T-C	2648
H2_01_AB.CI.90_7312A	-A-C-A-A-A-A-A-C-A-T-T-T-C-A-G-A-C-C-A-A-C-CAAT-C-A-T-C	3518
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-C-A-A-A-A-A-A-C-A-T-T-T-GA-G-A-C-C-A-A-C-CAAT-C-A-T-C	3517
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-C-C-A-A-A-A-A-C-A-T-T-T-C-A-G-A-C-C-A-A-C-CAAT-C-A-T-C	3523
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-C-C-A-A-A-A-A-C-A-T-T-T-C-A-G-A-C-C-A-A-C-CAAT-C-A-T-C	3523
U.CI.07.07IC TNP3	-C-C-A-G-A-A-A-A-T-T-G-T-A-A-A-C-T-T-A-C-CGAG-A-T-CA-CA	2968
U.FR.96.12034	-C-C-GT-A-C-A-A-A-A-T-T-G-T-A-GA-CC-A-G-G-A-T-T-A-GA-CTGT-A-T	3018
MAC.US.x.17EC1		3453
MAC.US.x.1937		2559
MAC.US.x.2065		2559
MAC.US.x.251_Ia11		3452
MAC.US.x.251_32H_PJ5		3454
MAC.US.x.251_BK28		3429
MAC.US.x.80035		2559
MAC.US.x.81035		2560
MAC.US.x.85013		2493
MAC.US.x.87082		2530
MAC.US.x.92050		2553
MAC.US.x.92077		2560
MAC.US.x.93057		2558
MAC.US.x.93062		2545
MAC.US.x.95058		2547
MAC.US.x.95086		2416
MAC.US.x.95112		2549
MAC.US.x.96016		2560
MAC.US.x.96020		2552
MAC.US.x.96072		2564
MAC.US.x.96081		2562
MAC.US.x.96093		2560
MAC.US.x.96114		2555
MAC.US.x.96123		2449
MAC.US.x.96135		2545
MAC.US.x.97009		2428
MAC.US.x.97074		2428
MAC.US.x.MM142_IVMXX		2939
MAC.US.x.r80025		2416
MAC.US.x.r90131		2559
MNE.US.82.MNE_8		2921
MNE.US.x.MNE027		2921
SMM.CI.79_SIVsmCI2	-G-C-C-A-A-A-A-A-A-T-T-T-A-T-T-G-T-T-A-GA-G-T-T-T-A-A-T-GAG-CT-TA-CA-C-A-T-C-C-A-T-AT-TT-T-G-CAAC	2573
SMM.LR.89_SIVsmL1B1	G-G-C-C-A-A-A-A-A-C-T-A-T-T-GC-T-C-A-CT-G-T-T-A-AA-C-CT-A-T-A-C-A-T-C-C-A-T-A-G-T-A-G-T-A-A	2534
SMM.SL.92_SIVsmSL92A	-C-C-A-A-A-A-A-T-T-A-T-GGCA-C-G-G-AT-G-A-CT-T-T-A-A-T-C-CTTC-C-A-TT-AC-T-GC-A-AGGCTTAACA-G-AAA	2884
SMM.SL.92_S192B	G-G-C-A-A-A-A-A-A-T-T-T-GC-T-A-G-AT-G-C-A-A-CC-A-T-GA-T-A-C-T-T-AC-T-GC-A-AA	2713
SMM.US.04.G078	-C-C-CT-A-A-A-A-A-A-T-T-T-G-T-C-A-A-A-G-T-A-A-C-A-T-GA-T-A-C-T-T-A-G-T-A-G-T	2702
SMM.US.04.G932	-C-AT-A-A-A-G-A-A-T-T-T-GC-T-A-CT-T-T-A-A-C-C-A-A-C-C-T-T-T-T-T-T-T-A-G	2707
SMM.US.04.M922	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-A-CT-T-T-A-A-C-C-A-A-C-C-T-T-T-T-T-T-T-A-G	2708
SMM.US.04.M923	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-A-CT-T-T-A-A-C-C-A-A-C-C-T-T-T-T-T-T-T-A-G	2707
SMM.US.04.M926	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-A-CT-T-T-A-A-C-C-A-A-C-C-T-T-T-T-T-T-T-A-G	2707
SMM.US.04.M934	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-A-CT-T-T-A-A-C-C-A-A-C-C-T-T-T-T-T-T-T-A-G	2705
SMM.US.04.M935	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-A-CT-T-T-A-A-C-C-A-A-C-C-T-T-T-T-T-T-T-A-G	2708
SMM.US.04.M940	G-G-C-A-A-A-A-A-A-A-T-T-T-GC-T-A-G-AT-G-C-T-A-AA-TC-C-C-A-G-T-A-C-T-C-G-C-T-T-A-TT-A-G-T-AA	2713
SMM.US.04.M946	G-G-C-A-A-A-A-A-A-A-T-T-T-GC-T-A-AT-G-C-T-T-A-AA-TC-A-A-C-T-C-G-C-T-T-A-TT-A-G-T-AA	2706
SMM.US.04.M947	C-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-A-CT-T-T-A-A-C-C-A-A-C-C-A-GA-T-A-C-T-C-GG-C-T-T-A-G-T-AA	2707
SMM.US.04.M949	G-G-C-A-A-A-A-A-T-A-G-A-T-T-C-T-A-G-A-AT-G-C-T-T-A-AA-CC-C-A-A-GA-T-A-C-T-C-GG-C-T-T-A-G-T-AA	2701
SMM.US.04.M950	G-G-C-A-T-A-A-A-T-A-A-T-T-T-GC-T-A-AT-G-C-T-T-A-AA-CC-C-A-TC-GA-T-A-C-T-G-C-T-T-A-G-T-AA	2710
SMM.US.04.M951	G-G-C-A-T-A-A-A-T-A-A-T-T-T-GC-T-A-AT-G-C-T-T-A-AA-CC-C-A-TC-A-A-A-C-T-G-C-T-T-A-G-T-AA	2706
SMM.US.04.M952	-C-C-A-T-A-G-T-A-A-A-T-T-G-C-A-A-A-G-A-T-A-A-C-TC-A-A-C-T-T-T-A-G-T-A	2707
SMM.US.05.D215	-C-C-CT-A-A-A-A-A-A-T-T-T-G-T-T-A-A-A-AT-G-G-T-T-A-A-C-A-A-T-T-C-G-T-T-A-G-T-T	2735
SMM.US.06.FTq	-C-C-CT-A-A-A-A-G-A-A-T-T-T-G-T-T-A-A-A-AT-G-G-T-T-A-A-C-GA-T-T-C-G-T-T-A-TT-A-G	3443
SMM.US.11_SIVsmE660 FL10	-C-C-CT-A-A-A-G-A-A-T-T-T-G-T-T-A-A-A-AT-G-G-A-T-T-A-GG-AT-G-A-T-T-A-A-C-GA-T-T-C-G-C-T-T-A-TT-A-G	3440
SMM.US.86.GA212	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-G-T	2926
SMM.US.x.F258_H4	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-R-A-AT-T-T-T-A-A-C-GA-A-C-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T	2926
SMM.US.x.H9	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-R-A-CT-T-T-T-A-A-C-GA-A-C-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T	3220
SMM.US.x.PB114_15	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-R-A-CT-T-T-T-A-A-C-GA-A-C-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T-T	3219
SMM.US.x.PBJA	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-R-A-CT-T	2926
SMM.US.x.PB05_143	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-R-A-CT-T	3412
SMM.US.x.PBJ_6P6	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-R-A-CT-T	3370
SMM.US.x.PGMS3	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-R-A-CT-T	3456
SMM.US.x.SME543	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-G-T	3456
SMM.x.x.pE660.CG7G	-C-AT-A-A-G-A-A-A-T-T-T-G-T	3442
STM.US.89.STM_37_16	-C-C-AT-A-A-A-G-A-A-A-T	3100

MAC.US.x.239
Pol
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.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.MCJ_KR020_1
G.CI.92.Ab196
AB.CH.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1a11
MAC.US.x.251.32H P35
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.MM142_IVMXX
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.x.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmLTB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.06.G3212
SMM.US.x.F258_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14_15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PB_143
SMM.US.x.PB_J_6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

AGTTTTCACAGTCAAAGGAACCTTGAATAGCATAGGGTTTTCACCCAGAAGAAATCCAAAAGATCCCCATTTCATGATGGATGGGTCAGCAATTTGGCCCAACAAATGGAAGTTGCAAAAAGATAGAGTTCACAAAAGAGACCTGGACAGTGAATGATATAC 3623
V V L Q S K E L L N S I G F S T P E E K F Q K D P P F Q W M G Y E L W P T K W K L Q K I E L P Q R E T W T V N D
G-CC-G-CT-A-C-A-G-C-T-G-G-T-G-C-T-C-G-A-C-AC-C-G-A-A-A-C-C-C-C-3706
G-CC-G-CT-A-T-C-A-G-C-T-T-T-G-C-T-G-C-T-G-C-A-T-T-G-C-G-AC-C-AC-C-G-A-A-C-TA-C-C-C-C-3706
G-CC-G-CT-A-T-A-G-C-A-C-C-T-T-G-C-T-G-C-T-G-C-A-T-T-G-C-G-AT-C-A-C-G-A-A-AGTA-C-C-C-C-3674
G-CC-G-CT-A-T-C-A-G-C-C-C-T-T-G-C-T-G-C-T-G-C-A-T-T-G-C-G-AT-C-A-C-G-A-A-TA-C-C-C-C-3150
G-CC-G-ACT-A-T-C-G-C-C-T-T-G-G-C-T-G-T-G-C-T-G-C-A-G-A-A-T-G-A-A-TA-C-C-C-C-3150
G-CC-G-CT-A-T-C-A-G-C-G-A-C-A-G-G-C-T-AC-C-T-C-T-G-A-A-C-A-C-AG-AGTA-T-C-C-C-3147
G-CC-G-CT-T-C-A-A-C-A-A-T-T-G-G-G-C-T-AC-C-T-C-T-G-C-G-C-C-A-TGTA-A-C-C-C-3151
G-CC-G-CT-A-T-C-A-A-C-A-A-T-T-G-G-G-C-T-AC-C-T-C-T-G-C-G-C-C-A-TGTA-A-C-C-C-3151
G-CC-G-CT-A-T-C-A-G-AC-A-C-C-T-T-G-G-G-C-T-AC-C-T-A-T-T-G-C-G-A-C-A-C-AG-GTG-C-C-C-3715
G-CC-G-CT-A-T-C-A-A-C-G-A-C-T-T-A-G-G-C-T-AC-GC-C-T-C-T-T-G-G-A-C-A-C-A-AGTA-C-C-C-C-3150
G-CC-G-CT-T-C-A-G-C-C-T-T-G-G-T-ACT-C-T-A-A-T-T-G-G-A-C-C-C-G-AG-GTA-C-C-C-C-3700
G-CC-G-CT-A-G-T-G-C-C-C-C-T-T-A-G-G-C-T-G-C-A-T-T-G-C-A-AT-T-G-A-G-A-C-A-T-G-A-AGTA-C-C-T-3702
G-CC-G-CT-A-G-T-G-C-A-C-C-C-T-T-A-G-G-C-T-G-C-A-T-T-G-C-A-AGTA-C-C-C-3699
G-CC-G-CTC-T-C-A-G-C-A-C-T-T-G-G-C-T-AC-C-T-G-C-A-T-T-G-G-A-C-A-C-A-AGTA-C-C-C-C-3152
G-CC-G-CT-T-C-A-G-C-G-A-C-T-T-G-G-C-T-C-T-C-T-T-G-G-A-C-A-C-A-AG-AGTA-C-C-C-C-3151
G-CC-G-ACT-A-G-A-A-GA-G-A-C-A-G-A-G-T-T-GC-C-A-GG-AC-A-C-AC-G-AG-AGTT-C-T-3687
G-CT-ACT-A-G-A-A-GA-G-A-C-T-T-G-G-C-T-CA-A-G-G-AC-A-C-C-A-G-A-AGT-A-C-T-3682
G-CC-CT-A-G-A-A-A-G-A-C-T-T-A-G-G-C-T-CA-A-G-T-GC-C-AG-AC-A-C-C-A-G-A-GTT-A-C-T-3677
G-CC-CT-A-GT-A-A-GA-G-A-C-T-T-A-G-G-C-T-G-C-A-T-T-GC-C-A-G-AC-A-C-G-A-AGTT-CA-T-3679
G-CT-ACTG-A-G-A-A-GA-G-A-C-T-T-A-G-G-C-T-G-C-A-T-T-GC-C-A-G-AC-A-C-C-G-AG-A-GA-A-T-2829
G-CT-A-A-CR-C-T-T-A-G-G-C-T-A-A-T-R-A-G-AC-A-TA-CC-MG-A-A-T-3033
G-CC-ACT-A-G-A-A-A-G-A-C-A-R-R-R-C-T-G-C-G-T-T-GC-Y-A-G-AC-A-C-AC-G-AG-AGTT-C-T-2818
G-CT-ACT-A-G-AC-A-GA-G-A-C-T-T-G-G-C-T-G-C-A-T-T-GC-C-AG-G-C-A-C-AA-A-G-G-GTT-A-C-T-3688
G-CT-ACT-A-GT-AC-A-GAT-G-A-C-T-T-A-G-G-C-T-G-C-A-T-T-GC-C-A-G-AC-A-C-AA-A-G-G-GTT-A-C-T-3687
A-CT-ACT-A-GT-AC-A-GA-G-A-C-T-T-A-G-G-C-T-G-C-A-T-T-GC-C-A-G-A-C-AA-A-G-G-GTT-A-C-T-3693
G-C-T-T-T-C-A-CAGC-G-C-T-T-G-G-C-A-T-T-A-C-AG-G-C-CA-T-G-A-GTA-T-C-T-3138
G-CTC-G-AC-AG-C-A-AGC-C-A-T-G-C-A-CACA-C-T-C-A-T-A-G-A-G-A-T-C-C-G-TGTT-A-C-T-3188
3623
T R 2729
T Y 2729
T A 3622
T A 3624
CT A C 3599
T G 2729
T R Y 2730
T 2743
T 2700
T 2723
T 2730
T 2728
T 2715
T 2717
T 2586
T 2719
T 2730
T 2722
T 2734
T 2732
T 2730
Y 2725
T 2619
T 2715
T 2598
R Y T A A AT G 2598
T A A 3109
Y Y 2586
T Y 2729
T A 3091
MNE.US.x.MNE027 A 3091
G-GGC-CTC-GT-G-A-GAT-G-A-CAGC-A-T-T-C-G-T-G-C-A-CCA-A-C-T-A-AG-G-A-A-G-A-CA-A-G-G-C-GA-A-C-T-2743
C-CT-T-A-T-A-GAT-G-A-C-A-T-T-A-G-T-G-C-A-TA-G-A-A-G-A-G-A-G-A-G-A-G-A-GA-A-GA-A-C-T-2702
AAC-CT-A-T-G-A-GATT-G-C-C-T-T-A-T-G-T-G-A-T-G-C-A-AT-T-A-ACCC-G-A-AGT-A-T-2704
G-AAC-T-GA-CA-GC-C-ATC-G-CAG-T-T-G-T-GA-A-T-A-G-A-TTG-AC-AC-C-AG-G-A-A-G-A-AC-C-TG-AG-CGA-A-C-T-3054
G-CC-G-ACT-T-C-A-G-GC-A-C-T-T-G-G-G-C-A-G-A-T-GC-C-A-G-A-A-AT-A-C-T-2883
G-C-G-A-T-T-A-C-T-A-C-C-T-T-A-G-G-G-C-A-T-G-C-A-G-A-A-T-G-C-A-G-A-C-A-A-T-A-C-T-2872
G-CT-G-T-C-T-G-A-C-C-T-T-G-G-G-C-G-A-T-G-C-A-G-A-C-A-G-A-C-A-T-A-C-T-2877
CT-G-T-C-T-G-A-C-T-T-G-G-G-C-G-A-T-G-C-A-G-A-C-A-G-A-C-A-T-A-C-T-2878
A-T-T-C-A-C-T-T-T-G-G-G-C-G-A-T-G-C-A-G-A-C-A-G-A-C-A-T-A-C-T-2877
GC-G-T-T-C-A-C-C-A-C-T-T-T-G-G-T-G-A-C-CA-C-T-G-C-A-G-A-A-C-A-A-T-A-C-T-2877
G-CT-T-C-A-C-T-A-C-T-T-T-G-G-T-G-A-C-CA-C-A-T-G-C-A-G-A-A-A-A-A-A-C-T-2875
CC-G-ACT-T-C-A-C-T-CG-GC-A-C-T-T-G-G-G-C-A-G-A-T-GC-C-G-A-G-A-AC-A-A-AT-A-C-T-2883
G-CT-T-C-A-C-A-G-A-T-T-T-G-G-A-CA-C-A-T-G-C-A-G-A-A-A-A-A-A-C-T-2876
G-T-T-T-C-A-C-A-C-T-T-T-G-T-G-C-CA-T-A-T-G-A-T-T-G-C-C-G-G-C-A-A-AC-T-A-A-G-A-C-T-2871
G-C-A-T-T-C-A-G-GC-A-C-T-T-T-G-T-G-CA-T-T-GC-C-G-G-C-A-G-A-A-A-A-G-A-A-C-T-2876
G-CT-T-C-A-C-C-A-T-T-T-T-G-T-G-C-CA-T-A-T-G-A-T-T-G-C-A-A-A-A-G-G-A-C-T-2877
G-CC-G-T-A-A-C-G-C-C-C-T-T-T-G-T-G-C-T-A-T-A-T-G-A-T-T-G-C-A-G-A-C-A-A-G-A-C-T-2905
GC-G-T-A-T-A-CG-A-G-C-C-T-T-T-G-G-G-C-T-A-T-G-A-T-T-G-C-A-G-A-A-T-G-A-C-AT-A-C-T-3613
SMM.US.06.G3212 A 3610
A-T-T-C-T-A-C-T-T-G-G-G-C-G-A-T-T-G-C-A-G-A-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-3096
T-T-C-T-A-C-G-G-G-G-G-C-G-A-T-T-G-C-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-3390
TG-T-C-T-A-C-C-C-G-G-G-C-G-A-T-T-G-C-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-3389
T-T-C-T-A-C-C-C-G-G-G-C-G-A-T-T-G-C-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-3096
T-T-C-T-A-C-C-C-G-G-G-C-G-A-T-T-G-C-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-3582
T-T-C-T-A-C-C-C-G-G-G-C-G-A-T-T-G-C-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-3540
T-T-CG-A-C-C-C-G-G-G-C-G-A-T-T-G-C-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-3626
T-T-C-A-C-C-C-G-G-G-C-G-A-T-T-G-C-A-G-A-A-A-A-A-A-A-A-A-3612
TG-T-C-A-ATT-A-C-T-T-T-G-G-T-T-G-A-G-G-AC-A-A-A-T-G-CGTT-A-C-3270



MAC.US.x.239
 Po1
 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.NVVA
 A.IN.95.CRIK 147
 A.JP.08.NMC786 clone 41
 A.PT.x.ALT
 A.SN.85.ROD
 A.SN.86.ST.JSP4_27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.x.20.56
 B.CI.x.EH0
 B.GH.86.D205 ALT
 B.JP.01.IBCJ.RR020_1
 G.CI.92.Ab196
 AB.CH.03.03CM_510_03
 H2_01.AB.CI.90.7312A
 H2_01.AB.JP.04.NMC307_20
 H2_01.AB.JP.07.NMC716_01
 H2_01.AB.JP.08.NMC842_10
 U.CI.07.071C.TNP3
 U.FR.96.12034

MAC.US.x.17EC1
 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.MM142.IVMAX
 MAC.US.x.r80025
 MAC.US.x.r90131

MNE.US.82.MNE.8
 MNE.US.x.MNE027
 SMM.CI.79.SIVsmCI2
 SMM.LR.89.SIVsmL1B1
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.04.G078
 SMM.US.04.G932
 SMM.US.04.M919
 SMM.US.04.M922
 SMM.US.04.M923
 SMM.US.04.M926
 SMM.US.04.M934
 SMM.US.04.M935
 SMM.US.04.M940
 SMM.US.04.M946
 SMM.US.04.M947
 SMM.US.04.M949
 SMM.US.04.M950
 SMM.US.04.M951
 SMM.US.04.M952
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.FTQ
 SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
 SMM.US.06.GE3212
 SMM.US.x.F258_H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PB114_15
 SMM.US.x.PB1A
 SMM.US.x.PB1_143
 SMM.US.x.PB1_6P6
 SMM.US.x.PGMS3
 SMM.US.x.SME543
 SMM.x.x.pE660.CG7G
 STM.US.89.STM_37_16

AGAAGTTAGTAGGAGTATTAATAATGGCCAGCTCAAATTTATCCAGGTATAAAAAACAACATCTCTAGGTAAATTAGAGAAAAGTCTCAACAGAGGAAGTTCAGTGACCTGAGATGGCAGAGAATATGAGGAAAAATAAATTTCTCAGTCAGGAACAA 3793
 I Q K L V G C V L N W A A Q O I Y P G I K T K H L C R L I R G K M T L T E E V Q W T E M A E A E Y E E N K I I L S Q E
 -A -AC -G -A -C -G -A -C -T -A -G -G -A -G -G -T -A -C -A -G -A -T -A -GCTA -A -G -C -G -T -C -AGAC -G 3876
 -A -C -G -G -G -G -A -C -C -T -A -A -C -C -T -A -AC -G -A -A -G -A -AC -A -GCTA -A -G -C -T -C -G -C -G 3876
 -A -C -G -T -CC -G -A -C -C -G -G -G -CT -A -G -G -A -G -A -G -A -A -G -A -AC -A -GCTA -A -G -C -T -C -G -C -G 3844
 -A -C -G -G -C -G -A -C -C -G -G -G -T -A -G -G -A -G -G -A -A -T -A -G -GCTA -A -G -C -T -C -T -A -C -G 3320
 -A -AC -G -T -CC -C -G -A -C -C -A -G -G -G -T -A -AA -G -G -A -C -G -A -A -A -T -A -G -GCTA -A -G -C -T -C -T -A -C -G 3320
 -A -C -G -T -C -C -G -A -C -C -G -G -G -CT -A -A -C -G -A -A -A -CC -G -A -A -A -A -T -A -G -GCTG -A -C -T -C -T -A -C -G 3321
 -A -C -G -T -C -C -G -A -C -C -G -G -G -CT -A -A -C -G -A -A -A -C -A -A -A -A -AC -A -G -G -G -GCTA -A -G -C -G -T -C -T -A -C -G 3321
 -A -C -G -T -CC -G -A -C -C -G -G -G -CT -A -A -C -G -A -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -G -GCTA -A -G -C -G -T -C -T -A -C -A 3314
 -A -C -G -T -CC -G -A -C -C -G -G -G -CT -G -A -C -G -A -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -GCTA -A -G -C -G -T -C -T -A -C -A 3385
 -A -AC -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -A -T -A -G -G -A -C -G -A -A -A -T -G -CTA -A -C -G -G -T -C -G -T -C -G -C 3320
 -A -C -G -C -CC -G -A -C -C -A -G -A -CT -A -C -G -T -A -C -A -G -A -T -A -G -GCTA -A -C -G -C -AT -A -C 3870
 -A -C -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -A -G -CT -A -C -G -T -A -C -A -G -A -A -T -A -G -GCTA -A -C -G -C -CT -A -C 3621
 -A -C -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -T -A -AC -C -G -T -A -C -A -G -A -A -T -A -G -GCTA -A -C -G -T -CT -A -C 3877
 -A -ACAT -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -CT -A -AC -C -G -A -C -A -G -A -A -A -A -GCTA -A -G -C -G -T -CT -A -C 3869
 -A -C -G -T -CC -G -A -C -C -G -G -G -CT -A -C -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -GCTA -A -C -G -T -C -A -C 3322
 -A -AC -G -T -CC -G -A -C -C -G -G -G -G -A -CT -A -C -C -A -G -A -A -A -A -A -A -A -GCTA -A -C -G -T -C -A -C 3321
 -A -AC -G -G -T -CC -G -A -C -C -G -G -G -G -A -CT -A -C -G -G -A -A -A -A -A -A -A -G -G -TAC -G -C -T -AGAA -G 3857
 -A -C -G -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -G -G -G -G -G -C -A -A -A -A -A -A -A -AC -G -T -C -C -AGAG -G 3852
 -A -C -G -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -G -G -G -G -G -C -A -A -A -A -A -A -A -AC -G -T -TCC -C -C -AGAA -A -G -G 3847
 -A -AC -G -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -G -G -G -G -G -C -A -A -A -A -A -A -A -AC -G -T -GCTAC -G -C -C -AGAA -G 2999
 -A -AC -G -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -G -G -G -G -G -C -T -G -A -A -A -A -A -A -A -AC -G -T -CT -AGAA -A -G 2999
 -A -AC -G -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -G -G -G -G -G -C -T -G -A -A -A -A -A -A -A -AC -G -T -T -AGAA -R -G 3203
 -A -AC -G -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -G -G -G -G -G -C -R -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -G -TAC -G -Y -C -CT -AGAA -G 2988
 -A -AC -G -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -G -G -G -G -G -C -R -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -G -TAC -G -Y -C -CT -AGAA -G 2988
 -A -C -G -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -G -G -G -G -G -C -AG -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -TAC -G -Y -C -CT -AGAA -G 3358
 -A -C -G -G -T -CC -G -A -C -C -A -G -G -G -G -G -G -G -C -AG -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -G -TAC -G -Y -C -CT -AGAA -G 3358

MAC.US.x.239
Pol
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.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.P.01.IVCJ.RR020_1
B.CI.92.Abt96
AB.CH.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1a11
MAC.US.x.251.32H P35
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.MM142.IVMXX
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.06.G3212
SMM.US.x.F250_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.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

GAAGGATGTTTATACCAAGAGGCGAAGCCATTAGAAGCCAGGTAATAAGAGTTCAGGACAATCAGTGGTCTTATAAAAATCCCAAGAGACAAAATA...CTGAAAGTAGGAAAATTTGCAAGATAAAGAATACACATACCAATGGAGTGAGACATTAGCATGT 3960
Q E G C Y Y Q E G K P L E A T V I K S Q D N Q W S Y K I H Q E D K . I L K V G K F A K I K N T H T N G V R L L A H
CAC AGA AGA G A A CCA A A A A A A G G G C A A A C C G T C G 4043
A AA AGA G A AA CCA A C A GAC A A A C A A G G C A A A C C G T C G 4043
G AC AA GA A AA CCA GA A A A A A G G G C A A A C C G T C G 4041
G AC AA AGA G A AA CCA A A A A A A G G G C A A A C C G T C G 4047
G CC C T G AAG AGA C G A A C C A C A G A C A G G G T A A G A G A A T G C C G 4048
G CAC G AA AGAG A A TCA GA A A A G A G G A T A A A C C G C G T G G G 4044
G CAC AA AGAG A A CCA GA A A A G A G G G T A A G A A A C C G T G G 4048
G CAC AA AGGG A A CCA GA A A A G A G G G T A A G A A A C C G T G G 4048
G CAC AA AAAG A A CAG AGA A A A G G A G G G T C T C A G G A A C C G T G G 4048
G CAC G AA GAG A A TCA GA A A A G A G G A T A A A A C C G T G G 4036
G CAC G AA AGA G A A CCA AGAC A A A C G G A T G G A C A A G A G A C C C G T G 4037
G CAC G AA GAGC A A CCA AGAC A A A G A G G A C A A G A G A G C G C T G C G 3788
G C AA AGA G A A CCA A A A A A C A G G C A A G A G A C C C G T C G 4039
G GCAC AA GAG A A CCA AGA A A A A C A G G C A A G A G A C C C G T G G 4036
G CAC AA AGAGC A A CCA AGA A G A A A A G A T A A G A G A C C C G T G G 3489
G CAC G AA GAGC A A CCA AGA A A A G A G A T A A A G A C C C C C C G A 3488
CC C A G GGTA C A A CAG A AC TA CA A A C T G G A T G T T A A G T A C C C G A 4024
G CC C A AGTA TC G A A GCAG A A TA CA C A A C T G G G A T G G C C A A G T A C C C G G 4019
CC A GGTA T A A GCAG A A TA CA A A C G T G G T G C A A A G T A C C C G A 4014
G C C A G A GGTA GC A A CAG A AC TA CA A A C C T G G A T G C A G G T A C C G A 4016
G C C TA G A TA TC A A CAG A AC TA CA A A C C T G G G G C A G G T A C C G A 3160
CGCC A RAG T R T CAG A A TTA A A C G T G A G C A A T A A C C A A T G T 3370
CC C A G GGTA A A CAG A AC TA CA A A C G T G G A Y G G T A A A G T A C C C G A RA RC G 3155
C C A GGTA TC A A GCAG A AC TA CA C A A C T G G A T G C C A A G T A C C C G A A C 405
CC C A GGTA TC A A GCAG A AC TA CA C A A C T G G A T G C C A A G T A C C C G A A C 4025
G C C A AGTA TC A A CAG A AC TA CA C A A C T G G A T G C C A A G T A C C C G A A C 4024
CC C A GGTA TC A A GCAG A AC TA CA C A A C T G G G T G C C A G A G T A C C C G A 4030
CACA C AG GG A T A A GCAG A TA C A A A G C T G GCA T C T A C C A G A GT G T 3475
G GGC AGG AAG AAATC A A GC T A A A T A A C C G C T G GT GG C T A C G T A TC C GC 3525

MAC.US.x.239
Pol
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.CAN26
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
G.BJ.86.D205 ALT
B.A.01.TMCJ.RR020_1
G.CI.92.Ab196
AB.CH.03.03CM 510 03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
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.MM142.IVMXX
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.06.GT3212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14 15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PB3 143
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

Pol RT end_Pol p15 RNase H start
ATCTAGTGAAGGACCCATAGAGGAGAACTATTAACAGATGGATCATGTAATAACAGTCAAAGAAGGGAAGCAGGATATATCACAGATTAGGGCAAAGCAAAAGTAAAGTTAGAACAGCTACTAATCAACAGCAAAATGGAAAGCATTTCATCG 4300
F N L V K D P I E G E E T Y Y T D G S C N K Q S K E G K A G Y I T D R G K D K V K V L E Q T T N Q Q A E L E A F L
... (sequence alignment) ...

MAC.US.x.239
 Pol
 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.JP.08.NMC786 clone 41
 A.PT.x.ALT
 A.SN.85.RDD
 A.SN.86.ST JSP4_27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.x.20.56
 B.CI.x.EHO
 B.GH.86.D205 ALT
 B.JP.01.IKCJ KR020_1
 B.CI.92.Ab196
 AB.CH.03.03CM 510 03
 H2.01.AB.CI.90.7312A
 H2.01.AB.JP.04.NMC307_20
 H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
 H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
 U.CI.07.07IC TNP3
 U.FR.96.12034
 MAC.US.x.17EC1
 MAC.US.x.1937
 MAC.US.x.2065
 MAC.US.x.251.1a11
 MAC.US.x.251.32H P35
 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.MM142 IVMXX
 MAC.US.x.r80025
 MAC.US.x.r90131
 MNE.US.82.MNE.8
 MNE.US.x.MNE027
 SMM.CI.79.SIVsmC12
 SMM.LR.89.SIVsmLIB1
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A
 SMM.SL.92.SI92B
 SMM.US.04.G078
 SMM.US.04.G932
 SMM.US.04.M919
 SMM.US.04.M922
 SMM.US.04.M923
 SMM.US.04.M926
 SMM.US.04.M934
 SMM.US.04.M935
 SMM.US.04.M940
 SMM.US.04.M946
 SMM.US.04.M947
 SMM.US.04.M949
 SMM.US.04.M950
 SMM.US.04.M951
 SMM.US.04.M952
 SMM.US.05.D215
 SMM.US.06.FTq
 SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
 SMM.US.06.G03212
 SMM.US.x.F258_H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PBJ14_15
 SMM.US.x.PBJA
 SMM.US.x.PB_143
 SMM.US.x.PBJ_6P6
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.SME543
 SMM.x.x.pE660.CG7G
 STM.US.89.STM_37_16

```

GCATTGACAGACTCAGGCGCCAAAGGCAAAATATATAGTAGATTACAATATGTTATGGAATAAACAGGATGCCCTACAGAATCAGAGAGCAGGCTAGTAAATCAAATAATAGAAGAAATGATTAAGTCCAGAAATTTATGTAGCATGGGTACCGACACACAAAGG 4470
M A L T D S G P K A N I V D S Q Y V M G I T T G C P T E S E S R L V N Q I I E E M I K K S E I Y V A W V P A H K
- C - G - - - - T - - - - T T - C - - - - C - G - A - - - - G - G - A - C C A A - A - G - T - A A - A - C - C - T - - - - C - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - A - C - - - - C - T - - - - 4553
- C - G - - - - C - - - - T T - C - - - - C - G - A - - - - G - G - G - C C A G - A - G - A - A T - A A - G - C - G - C - - - - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - C - - - - C - T - - - - 4553
A - C - A - - - - G - - - - A - T T - C - - - - C - G - A - - - - G - G - G - C C A G - A - G - T - A A - A - C - C - G - C - - - - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - C - - - - C - T - - - - 4521
- C - G - - - - T - C - - - - T T - C - - - - C - G - A - - - - G - G - G - C C A A - A - G - A - A T - A A - A - C - C - T - G - C - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - C - G - - - - C - T - - - - 3997
- G - A - - - - T - A - T C - G - - - - C - G - A - - - - G - G - C C A A - G G - T - - - - T - A A - A - A - T - - - - G - C - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - C - G - C - - - - 3994
- C - A - - - - T - A - C - - - - C - G - A - - - - G - G - G - C C A G - A - G - T - A A - A - C - C - G - G - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - C - - - - C - T - - - - 3998
- C - A - - - - T - A - T - - - - C - G - A - - - - G - G - G - C C A A - A - G - A - A T - A A - A - G - C - G - G - A - G - A G A - C - G - C - T - G - - - - C - - - - C - T - - - - 3998
- C - A - - - - T - A - T - - - - C - G - A - - - - G - G - G - C C A A - A - G - A - A T - A A - A - C - C - T - G - C - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - C - - - - C - T - - - - 4562
- C - A - - - - C - A - T - - - - C - G - A - - - - G - G G T - C C A A - A - G - A - A T - A - A - G - C - G - - - - G - - - - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - C - - - - C - T - - - - 3997
- C - A - - - - T - A - T C - - - - C - G - A - - - - G - G G - C C A A - A - G - A - A T - A - A - G - C - C - - - - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - C - - - - C - T - - - - 4547
- C - A - - - - T - A - C - - - - G - - - - G - G - G - C C A A - A - G - A - A T - A - A - G - G - C - - - - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - C - - - - C - T - - - - 4298
- G - - - - G - - - - T A - - - - T T - - - - C - - - - G - - - - G - G - A - C C A A - A - G - A - A T - A A - A - C - C - T - G - C - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - C - - - - C - T - - - - 4549
- G - A - - - - G - T - A - T T - - - - C - G - A - - - - G - C - G T G - A - C C A A - A - G - A - T - A A A - G - C - G - C - - - - A - G - A G A - C - G - C - T - G - - - - C - - - - C - T - - - - 3999
- G - A - - - - T - - - - C - C - - - - C - - - - G - - - - G - G - C C A A - A - G - T - A A A - A - A - C - - - - A - G - A G A - C - G - C - T - - - - C - - - - C - T - - - - 3998
- C - A C A G - T - - - - A - C - A - T C - C - - - - C - - - - G - G - T - C A G - A - A - G - T C A C C A - - - - A - A - G - T - - - - C - A G A - C - A - - - - G - G - T - - - - G - - - - 4534
- C - A C A G - T - - - - A - C - A - T C - C - - - - C - - - - G - G - T - C A A - A - A - C T C A C C A A - - - - A - A - G - T - - - - C - G A - C - A - - - - G - G - T - - - - G - - - - 4529
- C - A C A G - - - - A - C - T C - - - - C - - - - C - - - - G - G - T - C A A - A - A - A T C A C C - A - A - A - G A G - - - - T - - - - C - G A - A - - - - A - G - - - - T - - - - G - - - - 4524
- A - - - - A A - C - A - T T - C - - - - G - C - - - - C - - - - G - T - C A G - A - A - A - A T C A C A A - A - A - A G C A - - - - A - G - A G A - C - G - A - - - - G - - - - T - - - - G - - - - 4526
- A C A G - T - - - - A - C - T C - - - - C - - - - G - C - - - - C - - - - G - T - C A G - A - A - A - A T C A C A A - A - A - G A C - G - T - - - - C - - - - A G A - C - G - A - C - - - - G - - - - T - - - - G - - - - 4526
- C - - - - C A G - - - - T - - - - A - T C - - - - C - - - - R - - - - C - G - - - - R - C A A - A - G - A - A T C - C - T - A - A - A - T - - - - R - - - - A G A - R C T C - A - - - - T - - - - T - - - - 3880
- - - - R C A G - T - R - A - C - A - T T - C - - - - C - - - - G - G - T - C A R - A - A - A - T C A C C A A - - - - R - C A A R - - - - T - - - - C - R G A G - C - A - - - - G - - - - C - - - - G - - - - 3665
- C - A C A G - T - - - - A - C - A - T C - C - - - - C - - - - G - G - T - C A G - A - A - T C A C C - A - A - A - A - G - T - - - - C - - - - A G A - C - A - - - - G - - - - G - - - - T - - - - G - - - - 4533
- C - A C A G - T - - - - A - C - A - T C - - - - C - - - - G - - - - G - G - T - C A G - A - A - T C A T C A A - A - A - C A G G - T - - - - C - - - - A G A - C - G - A - - - - G - G - - - - G - - - - C - - - - 4534
- C - A C A G - T - - - - A - C G A - T C - - - - G - C - - - - C - - - - G - G - T - C A A - A - A - T C A T C A G - A - A - A G G - T - - - - C - - - - G A - C - G - A - - - - G - G - - - - G - - - - C - - - - 4540
- C - C A G - - - - T T - C - A - T - - - - C - - - - C - - - - G - C A G - C - A - A - A T C A C C A - G - A - C A - C - T - - - - C - T G - G A - C T T - A - - - - R - G C - - - - T - - - - T - - - - G - - - - 3985
- C - A G A - T - - - - A - - - - A - T - C - G - A C - - - - A - A - - - - G - C A G - A - A - T C - C C A - - - - A - G - A - C - - - - C - T - A - G G - A G A - C - G - G - - - - T - G C - - - - T - - - - T - - - - G - - - - 4032

```

Pol RNase H end_Pol p31 Integrase start

MAC_US_x_239
 Pol
 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.JP.08.NMC786 clone 41
 A.PT.x.ALI
 A.SN.85.RDD
 A.SN.86.ST JSP4_27
 B.CI.88.UC1
 B.CI.x.20 56
 B.CI.x.EH0
 B.GH.86.D205 ALT
 B.JP.01.IMCJ KR020_1
 B.CI.92.Ab196
 AB.CH.03.03CM 510 03
 H2 01 AB.CI.90.7312A
 H2 01 AB.JP.04.NMC307_20
 H2 01 AB.JP.07.NMC716_01
 H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
 U.CI.07.07IC TNP3
 U.FR.96.12034
 MAC_US_x_17EC1
 MAC_US_x_1937
 MAC_US_x_2065
 MAC_US_x_251_1A11
 MAC_US_x_251_32H P35
 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.MM142 IVMXX
 MAC_US_x.r80025
 MAC_US_x.r90131
 MNE_US_x.82.MNE 8
 MNE_US_x.MNE027
 SMM_CI_79_SIVsmCI2
 SMM_LR_89_SIVsmLIB1
 SMM_SL_92_SIVsmSL92A
 SMM_SL_92_SL92B
 SMM_US_04.G078
 SMM_US_04.G932
 SMM_US_04.M919
 SMM_US_04.M922
 SMM_US_04.M923
 SMM_US_04.M926
 SMM_US_04.M934
 SMM_US_04.M935
 SMM_US_04.M940
 SMM_US_04.M946
 SMM_US_04.M947
 SMM_US_04.M949
 SMM_US_04.M950
 SMM_US_04.M951
 SMM_US_04.M952
 SMM_US_05.D215
 SMM_US_06.FTq
 SMM_US_11_SIVsmE660 FL10
 SMM_US_06.G13212
 SMM_US_x.F258_H4
 SMM_US_x.H9
 SMM_US_x.PB114_15
 SMM_US_x.PB3A
 SMM_US_x.PB3C_143
 SMM_US_x.PB3_6P6
 SMM_US_x.PGM53
 SMM_US_x.SME543
 SMM_x.x.pE660.CG7G
 STM_US_89.STM_37_16

TATAGGAGGAACCAAGAAATAGACCACCTAGTTAGTCAAGGGATTAGACAAGTTCTCTTC...TTGGAAAGATAGAGCCAGCACAAGAACAATGATAAATACCATAGTAATGTA AAAAGAATTGGTATTCAAATTTGGATTACCCGAATAGTGGCCAGACAGATAG 4637

G I G G N Q E I D H L V S Q G G I R Q V L F L E K I E P A Q E E H D K Y H S N V K E L V F K F G L P R I V A R Q

CG.....G.....TT.....A.....G.....C.....A.....T.....C.....G.....A.....T.....C.....A.....GC.....A.....CCAT.....A.....CA.....C.....A.....A..... 4720
 CG.....G.....TT.....A.....G.....C.....C.....AT.....A.....C.....A.....A.....C.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....T.....A.....C.....AACCCAT.....A.....CTTC.....A.....A..... 4720
 CT.....G.....G.....TT.....A.....G.....C.....C.....AT.....A.....C.....A.....A.....C.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....A.....G.....A.....ATCCAT.....C.....G.....A.....A.....A..... 4688
 CG.....G.....G.....TT.....A.....G.....C.....C.....AT.....A.....C.....A.....G.....C.....C.....C.....A.....G.....A.....T.....C.....A.....G.....A.....ATCCAT.....C.....CA.....C.....A.....A..... 4164
 CG.....G.....G.....TT.....A.....G.....C.....C.....AT.....A.....C.....A.....G.....GA.....C.....T.....G.....G.....GA.....T.....C.....C.....A.....AACCCAT.....G.....ACC.....G.....A.....A..... 4161
 CG.....T.....G.....GG.....T.....GT.....A.....G.....C.....C.....GT.....G.....C.....A.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....C.....A.....ATCCAT.....G.....A.....T.....A.....A..... 4165
 CG.....T.....G.....GG.....T.....GT.....A.....G.....C.....C.....GT.....G.....C.....A.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....C.....A.....ATCCAT.....G.....A.....T.....A.....A..... 4165
 CG.....G.....G.....G.....TT.....A.....G.....C.....C.....AT.....A.....C.....A.....G.....A.....A.....C.....G.....G.....A.....T.....C.....C.....A.....C.....ATCCAT.....A.....AGC.....A.....A..... 4158
 CG.....T.....G.....G.....TT.....A.....G.....C.....C.....AT.....A.....C.....A.....A.....C.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....C.....G.....GC.....ATCCAT.....ATA.....CA.....C.....A.....A..... 4729
 CT.....G.....G.....TT.....A.....G.....C.....C.....AT.....A.....C.....A.....A.....C.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....C.....A.....C.....ATCCAT.....A.....CA.....C.....A.....A..... 4164
 CT.....G.....GG.....T.....TT.....A.....G.....C.....C.....AT.....G.....C.....A.....A.....C.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....AC.....G.....C.....ATCCCA.....A.....A.....C.....A..... 4714
 CT.....G.....GG.....T.....TT.....A.....G.....C.....C.....AT.....G.....C.....A.....A.....C.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....AC.....G.....C.....ATCCCA.....A.....A.....C.....A..... 4465
 CG.....T.....G.....G.....TT.....A.....G.....C.....C.....GA.....AT.....A.....A.....A.....G.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....CA.....C.....ATCCAT.....A.....CAGC.....A.....A..... 4716
 CG.....T.....G.....G.....TT.....A.....G.....C.....C.....AT.....G.....T.....C.....A.....A.....C.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....G.....C.....ATCCAT.....A.....ATC.....G.....A.....A..... 4713
 CG.....T.....G.....G.....TT.....A.....G.....C.....C.....AT.....G.....T.....C.....A.....A.....C.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....G.....C.....ATCCAT.....A.....ATT.....A.....G.....A..... 4166
 CT.....G.....GG.....T.....T.....A.....G.....C.....C.....AT.....A.....C.....A.....G.....A.....A.....C.....T.....G.....G.....A.....T.....C.....C.....A.....ATCCAT.....C.....G.....A.....T.....A..... 4165
 AC.....T.....T.....T.....G.....G.....A.....A.....G.....G.....A.....A.....C.....A.....A.....A.....A.....G.....G.....C.....A.....TCAT.....C.....C.....ACAGT.....A.....A.....A.....A..... 4701
 AC.....T.....T.....T.....G.....G.....A.....A.....G.....G.....A.....A.....C.....A.....A.....A.....A.....A.....G.....C.....A.....TCAT.....C.....C.....ACAGT.....A.....A.....A.....A..... 4696
 AC.....G.....T.....T.....G.....G.....G.....C.....A.....A.....C.....A.....A.....T.....C.....A.....A.....A.....T.....A.....T.....A.....G.....C.....A.....TCAT.....GA.....T.....ACA.....T.....A.....A..... 4691
 AC.....G.....T.....T.....G.....G.....G.....C.....A.....A.....C.....G.....CT.....G.....C.....A.....A.....A.....C.....G.....G.....A.....T.....G.....C.....C.....CA.....T.....ACA.....T.....A.....A..... 4693
 AC.....G.....T.....T.....G.....G.....G.....C.....CA.....C.....G.....T.....C.....A.....T.....A.....C.....G.....G.....A.....T.....G.....C.....A.....TCAT.....A.....T.....ACA.....T.....A.....A..... 3843
 A.....T.....T.....GG.....RT.....A.....C.....G.....A.....A.....A.....A.....R.....A.....A.....T.....T.....G.....A.....R.....TT.....G.....AACTCAT.....G.....CA.....T.....TCA.....T.....A.....A..... 4047
 AC.....T.....T.....G.....G.....A.....A.....C.....G.....CT.....G.....C.....A.....A.....A.....A.....T.....G.....G.....R.....T.....G.....C.....MC.....CCAT.....Y.....M.....C.....ACA.....T.....R.....A.....A..... 3832
 AC.....T.....T.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....G.....G.....A.....A.....C.....A.....A.....A.....C.....G.....G.....A.....T.....G.....C.....GC.....TCAT.....A.....T.....ACA.....C.....A.....A.....A..... 4702
 AC.....T.....T.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....G.....G.....A.....A.....T.....C.....A.....A.....A.....A.....C.....G.....T.....G.....C.....GC.....TCAT.....A.....T.....ACA.....C.....A.....A.....A..... 4701
 AC.....T.....T.....T.....G.....G.....G.....C.....A.....A.....G.....G.....A.....A.....T.....C.....A.....A.....A.....A.....A.....G.....C.....T.....G.....C.....GC.....TCAT.....C.....T.....ACACC.....A.....A.....A..... 4707
 A.....C.....ITTT.....GG.....T.....TT.....G.....G.....A.....C.....G.....T.....A.....C.....A.....A.....A.....T.....G.....C.....TT.....GC.....A.....C.....CA.....A.....T.....A.....A.....A..... 4152
 T.....T.....C.....T.....G.....T.....TT.....G.....G.....A.....A.....G.....A.....G.....T.....C.....A.....A.....A.....T.....G.....G.....C.....T.....GC.....ACAGCAT.....TA.....ACA.....T.....A.....A.....A..... 4199

.....R..... 4637
 3743
 3743
G..... 4656
G.....G..... 4638
 4613
 3743
 3744
 3677
 3714
 3737
 3744
 3742
 3729
Y..... 3731
 3600
 3733
 3744
 3736
 3748
 3746
 3744
G..... 3739
 3612
AG.....CA.....C.....A..... 4123
 3600
 3743
C.....A..... 4105
C.....A..... 4105
 T.....C.....G.....G.....T.....T.....G.....A.....A.....G.....C.....G.....T.....C.....T.....C.....A.....A.....G.....G.....A.....G.....T.....C.....C.....GC.....G.....A.....GCA.....CA.....CA.....T.....A.....A..... 3757
 A.....T.....GG.....G.....T.....T.....G.....A.....A.....A.....C.....G.....A.....A.....A.....C.....A.....C.....G.....G.....T.....C.....A.....A.....G.....T.....A.....CA.....A.....T.....G.....A.....A..... 3715
 AT.....G.....G.....G.....T.....T.....C.....A.....C.....G.....A.....A.....A.....C.....A.....C.....A.....G.....G.....T.....C.....A.....C.....AT.....TA.....C.....T.....T.....A.....T.....A.....A..... 3717
 C.....G.....A.....T.....GG.....GTT.....A.....A.....G.....C.....G.....C.....A.....GT.....C.....C.....T.....C.....C.....G.....G.....A.....CTCG.....A.....AACAC.....ACA.....T.....A.....T.....A..... 4068
 CC.....T.....G.....T.....G.....C.....A.....G.....CT.....G.....C.....A.....A.....T.....G.....A.....T.....C.....C.....CT.....G.....C.....T.....G.....A.....A.....A..... 3897
 C.....T.....G.....T.....G.....C.....A.....C.....A.....A.....A.....A.....G.....A.....G.....C.....A.....T.....C.....T.....C.....A.....T.....A.....A.....A..... 3886
 A.....T.....G.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....G.....C.....A.....G.....C.....A.....A.....T.....G.....A.....A.....A..... 3891
 A.....T.....G.....T.....G.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....G.....G.....A.....G.....C.....A.....A.....T.....G.....A.....A.....A..... 3892
 A.....T.....G.....T.....G.....T.....G.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....G.....G.....A.....G.....C.....A.....A.....T.....G.....A.....A.....A..... 3891
 A.....T.....G.....T.....G.....T.....G.....G.....A.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....G.....G.....A.....G.....C.....A.....A.....T.....G.....A.....A.....A..... 3891
 A.....T.....G.....T.....G.....T.....G.....G.....A.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....G.....G.....A.....G.....C.....A.....A.....T.....G.....A.....A.....A..... 3889
 G.....T.....G.....T.....G.....G.....C.....A.....G.....CT.....G.....C.....A.....A.....A.....T.....G.....A.....G.....C.....C.....A.....A.....T.....G.....A.....A.....A..... 3892
 C.....G.....T.....G.....T.....G.....C.....A.....G.....CT.....G.....C.....A.....G.....A.....T.....G.....G.....T.....A.....G.....C.....G.....GC.....A.....G.....T.....A.....CA.....A.....C.....A.....AG.....A..... 3897
 A.....T.....G.....T.....G.....T.....G.....A.....G.....A.....A.....A.....A.....A.....G.....G.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....A.....T.....A.....A.....A..... 3890
 A.....T.....G.....T.....G.....T.....G.....G.....A.....G.....CT.....G.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....G.....C.....C.....A.....A.....G.....A.....T.....A.....A.....A..... 3890
 A.....G.....T.....G.....T.....G.....G.....A.....G.....CT.....G.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....G.....C.....C.....A.....A.....G.....A.....T.....A.....A.....A..... 3890
 A.....T.....G.....T.....G.....T.....G.....G.....A.....G.....CT.....G.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....G.....C.....C.....A.....A.....G.....A.....T.....A.....A.....A..... 3891
 C.....G.....T.....G.....T.....G.....C.....A.....C.....A.....T.....C.....A.....A.....A.....T.....G.....G.....T.....A.....G.....C.....G.....GC.....G.....T.....A.....CA.....A.....C.....A.....AG.....A..... 3891
 C.....T.....G.....T.....T.....A.....C.....C.....G.....T.....C.....A.....G.....A.....A.....A.....G.....G.....G.....C.....G.....G.....A.....A.....T.....T.....GC.....A.....A.....A..... 3919
 A.....T.....G.....T.....G.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....G.....A.....A.....A.....T.....G.....A.....G.....C.....C.....A.....CA.....T.....G.....A.....A.....A..... 4627
 GC.....C.....T.....G.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....AT.....G.....T.....C.....A.....A.....A.....A.....G.....G.....A.....G.....C.....G.....A.....T.....GC.....A.....A.....A..... 3883
 SMM_US_x.F258_H4
 SMM_US_x.H9
 SMM_US_x.PB114_15
 SMM_US_x.PB3A
 SMM_US_x.PB3C_143
 SMM_US_x.PB3_6P6
 SMM_US_x.PGM53
 SMM_US_x.SME543
 SMM_x.x.pE660.CG7G
 STM_US_89.STM_37_16

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.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST.JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMC1.KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CH.03.03CM 510 03
H2_01.AB.CI.90.7312A
H2_01.AB.JP.04.NMC307_20
H2_01.AB.JP.07.NMC716_01
H2_01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
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.MM142.IVMXX
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.06.G03212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14_15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PB_143
SMM.US.x.PBJ_6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

GGAAAGACAGACGACTATTCTGTAAAATGGCAGGCAGATGGCCATTACACATCTACACACAGATAATGGTGTAACTTGTCTCGCAAGAAGTAAAGATGGTTCATGGTGGGCGAGGATAGACACACTTTGGGGTACCATACAATCCACAGAGTCAGGGAGT 4977
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 P O S Q G
... (sequence alignment) ...

MAC.US.x.239

```
AAACAAGAGATACAATTCAACAATCAAAAACTCAAAAATTTAAAAATTTTCGGGTCTATTACAGAGAAGGCAGAGATCAACTGTGGAAGGCCCGGGTGAGCTATTGTGAAAGGGGAAGGCAGTCACTCTTAAGGTAGGCAGACATTAAAGGTAGTACCCAGAAGA 5317
T E Q E I Q F Q Q S K N S K F K N F R V Y Y R E G R D Q L W K G P G E L L W K G E G A V I L K V G T D I K V V P R
A A C I 88 UC2 A C TC AG T T C A C A G A C T A A C G A A G C A A A A G G A A G A A G C A A A A G 5400
A D E x BEN A C TC AG T T C A C A G A C T A A C G A A G C A A A A G G A A G A A A G C A A A A G 5400
A D E x PEI2 KR KRCC A C TC CG T T A C C A T T G A A C G A A T A G C A A A A G A A G A A G C A A A A G 5368
A G H x GH1 A C TC AG T T C A C A T T G A A C G A A T A G C A A A A G A A G A A A G C A A A A G 4844
A G M 87 D194 A C TC AG T T A C A A T T G A A C G A A T A G C A A A A G A A G A A A G C A A A A G 4844
A G M x ISY SBL 6669 85 A C TC G T T A A T T G A A C C A A T G C A A C A A A G C A A A A G T A A A A A G 4841
A G M x MCN13 A C TC CG C T A A T T G A A C G A A C G A A C A G C A A A A G A G G A A G 4845
A G M x MCR35 A C TC CG C T A A T T G A A C G A A C G A A C A G C A A A A G A G G A A G 4845
A G W 86 FG clone NIHZ A C TC CG C T A A T T G A A C G A A C G A A C A G C A A A A G A G G A A G 4838
A G W 87 CAN2CG A C TC G C T A A T T G T A T G A C G A A C G A A C A G C A A A A G A G G A A G 5409
A G W x MDS A C TC G C T A A T T G T A T G A C G A A C G A A C A G C A A A A G A G G A A G 4844
A I N 07 NNVA A C TC G C T A A T T G T A T G A C G A A C G A A C G A A C A G C A A A A G A G G A A G 5394
A I N 95 CRIK 147 A C TC G C T A A T T G T A T G A C G A A C G A A C A G C A A A A G A G G A A G 5145
A J P 08 NMC786 clone 41 A C TC AG T T T C C A T T G C G A A T A C G A A C G A A C A G C A A A A G A G G A A G 5396
A P T x ALI A C TC A A T T G A G C C C T T G A A T G A C G A A C G A A C A G C A A A A G A G G A A G 5393
A S N 85 ROD A C TC G C T A A G A G C C C T T G A A T G A C G A A C G A A C C A G C A A A A G A G G A A G 4846
A S N 86 ST JSP4 27 G A C TC G C T A A C A C T T G A A T G A C G A A C G A A C A G C A A A A G A G G A A G 4845
B C I 88 UC1 A G C TTC G T T C C A C A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 5381
B C I x 20 56 A C TTC G T T C C A C A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 5376
B C I x EHO A C TC A A T T C C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 5371
B G H 86 D205 ALT G A G C TTC G T T C C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 5373
B J P 01 IMJ KR020 1 G A C TC A A T T C C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 4323
G C I 92 Abt96 A A C T C A A T T C C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 4727
A B C H 03 03CH 510 03 G A G C TTC G T T C C A A Y T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 4512
H 2 01 AB CI 90 7312A A A C TTC G T T C C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 5382
H 2 01 AB JP 04 NMC307 20 A A C TTC G T T C C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 5382
H 2 01 AB JP 07 NMC716 01 A A C TTC G T T C C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 5381
H 2 01 AB JP 08 NMC842 10 A A ACTTC A A T T C C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 5387
U C I 07 07IC TNP3 A C C T C A A T T C C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 4832
U F R 96 12034 A C TC A A T T C C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T C A A T T 4879
MAC.US.x.17EC1 ..... G ..... 5317
MAC.US.x.1937 ..... R ..... 4423
MAC.US.x.2065 ..... C ..... 4423
MAC.US.x.251 IA11 ..... A ..... 5316
MAC.US.x.251 32H P35 ..... A ..... 5318
MAC.US.x.251 BK28 ..... A ..... 5293
MAC.US.x.80035 ..... 4423
MAC.US.x.81035 ..... 4424
MAC.US.x.85013 ..... 4357
MAC.US.x.87082 ..... 4394
MAC.US.x.92050 ..... 4417
MAC.US.x.92077 ..... 4424
MAC.US.x.93057 ..... 4422
MAC.US.x.93067 ..... 4409
MAC.US.x.95058 ..... 4411
MAC.US.x.95086 ..... 4280
MAC.US.x.95112 ..... 4413
MAC.US.x.96016 ..... 4424
MAC.US.x.96020 ..... 4416
MAC.US.x.96072 ..... 4428
MAC.US.x.96081 ..... 4426
MAC.US.x.96093 ..... 4424
MAC.US.x.96114 ..... 4419
MAC.US.x.96123 ..... 4313
MAC.US.x.96135 ..... 4409
MAC.US.x.97009 ..... 4292
MAC.US.x.97074 ..... 4292
MAC.US.x.MM142 IVMXX ..... A ..... G ..... 4803
MAC.US.x.r80025 ..... 4280
MAC.US.x.r90131 ..... 4423
MNE.US.82.MNE 8 ..... A ..... C ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4785
MNE.US.x.MNE027 ..... A ..... C ..... T ..... G ..... 4785
SMM.CI.79.SIVsmC12 ..... A ..... C ..... TC ..... A ..... C ..... TC ..... T ..... A ..... TA ..... T ..... A ..... T ..... G ..... 4437
SMM.LR.89.SIVsmLIB1 ..... A ..... C ..... TC ..... A ..... C ..... T ..... A ..... C ..... G ..... C ..... A ..... C ..... TC ..... T ..... A ..... TA ..... T ..... A ..... T ..... G ..... 4395
SMM.SL.92.SIVsmSL92A ..... A ..... AC ..... T ..... A ..... C ..... A ..... C ..... C ..... A ..... C ..... C ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... A ..... T ..... G ..... 4397
SMM.SL.92.SL92B ..... T ..... A ..... CC ..... ACTT ..... A ..... T ..... C ..... T ..... C ..... A ..... T ..... A ..... C ..... C ..... A ..... C ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4748
SMM.US.04.G078 ..... A ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4577
SMM.US.04.G932 ..... A ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4566
SMM.US.04.M919 ..... A ..... C ..... T ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4571
SMM.US.04.M922 ..... A ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4572
SMM.US.04.M923 ..... A ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4571
SMM.US.04.M926 ..... A ..... C ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4571
SMM.US.04.M934 ..... A ..... C ..... A ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4569
SMM.US.04.M935 ..... A ..... C ..... T ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4572
SMM.US.04.M940 ..... A ..... C ..... T ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4577
SMM.US.04.M946 ..... A ..... C ..... A ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4570
SMM.US.04.M947 ..... A ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4571
SMM.US.04.M949 ..... A ..... C ..... T ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4565
SMM.US.04.M950 ..... A ..... C ..... T ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4570
SMM.US.04.M951 ..... A ..... C ..... T ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4570
SMM.US.04.M952 ..... A ..... C ..... T ..... C ..... G ..... A ..... A ..... C ..... C ..... A ..... A ..... G ..... T ..... TG ..... AA ..... T ..... A ..... A ..... G ..... A ..... T ..... G ..... 4570
SMM.US.05.D215 ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 4571
SMM.US.06.FTQ ..... A ..... C ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 4599
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10 ..... A ..... C ..... G ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 5307
SMM.US.06.G13212 ..... A ..... C ..... G ..... C ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 4563
SMM.US.x.F236_H4 ..... A ..... C ..... G ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 5305
SMM.US.x.H9 ..... A ..... C ..... G ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 4790
SMM.US.x.PBJ14_15 ..... A ..... C ..... G ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 5084
SMM.US.x.PBJA ..... A ..... C ..... G ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 5083
SMM.US.x.PB_143 ..... A ..... C ..... G ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 4790
SMM.US.x.PBJ_6P6 ..... A ..... C ..... G ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 5276
SMM.US.x.PGM53 ..... A ..... C ..... G ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 5234
SMM.US.x.SME543 ..... A ..... C ..... G ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 5320
SMM.x.x.pE660.CG7G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... G ..... A ..... C ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... G ..... T ..... 5306
STM.US.89.STM_37_16 ..... A ..... T ..... C ..... G ..... A ..... A ..... G ..... G ..... A ..... A ..... G ..... G ..... A ..... A ..... G ..... G ..... A ..... A ..... G ..... 4964
```

Table with columns for sequence identifiers, Vif start, Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end, and sequence alignments. Includes entries like MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2, and SMM.CI.79.SIVsmCI2.

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.CAN26G
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20_56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ_KR020_1
G.CI.92.Ab196
AB.CH.03.03CM_510_03
H2_01_AB.CI.90.7312A
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.071C_TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
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.MM142_IVMXX
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.GA3212
SMM.US.x.F258_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.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

Table with 20 columns representing nucleotide positions (Y, V, P, H, F, K, V, G, W, A, W, W, T, C, S, R, V, I, F, P, L, Q, E, G, S, H, L, E, V, Q, G, Y, W, H, L, T, P, E, K, G, W, L, S, T, Y, A, V, R, I, T, W, Y, S, K, N, F) and 1000 rows of sequence data for various HIV-2/SIV strains.

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.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K_147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALT1
A.SN.85.R0D
A.SN.86.ST_JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GB.86.D205 ALT
B.JP.01.TMCJ_KR020_1
G.CI.92.Ab196
AB.CH.03.03CM_510_03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
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.MM142_IVMXX
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10
SMM.US.86.G3212
SMM.US.x.F258_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14_15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PB5_143
SMM.US.x.PBJ_6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

GGACAGATGTAACCAAACTAGCAGACATTTTACTGCATAGCACTATTTCCTTCTTACAGCGGAGAAAGTGAGAAGGGCCATCAGGGGAGAAACAACCTGCTGTCTTGTCTCAGGTTCCCGAGACTCATAAGTACCAGGTACCAAGCCTACAGTACTTACTGACTG
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 O L L S C C R F P R A H K Y Q V P S L Q Y L A L
T-C-G-G-G-CC-A-A-CC-A-A-C-TG-G-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AC-AT-CCA-AGCA-T-A-C-C-A-5881
T-C-G-G-G-CCC-A-A-CC-A-A-C-TG-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AC-AT-CCA-AGCA-T-A-C-C-A-5881
T-C-G-G-G-TCCC-A-A-T-T-G-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-A-C-AT-AT-CCA-C-GA-CTA-GTTA-C-A-TTC-G-CT-A-5849
T-C-G-G-G-CC-A-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AC-AT-CCA-AGCA-T-A-C-C-A-5825
T-C-G-G-G-TCCC-A-A-C-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AC-AT-CCA-AGCA-T-A-C-C-A-5325
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85 T-C-G-G-G-CCC-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AC-AT-CCA-C-C-A-GTCA-C-A-TTC-G-CT-A-5322
A.GM.x.MCN13 T-C-G-G-G-TCCC-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AT-AT-CCA-C-GAGC-GTCA-C-A-TT-G-CT-A-5326
A.GM.x.MCR35 T-C-G-G-G-TCCC-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AT-AT-CCA-C-GAGC-GTCA-C-A-TT-G-CT-A-5326
A.GW.86.F6 clone NIHZ T-C-G-G-G-TCCC-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AA-A-CC-G-GA-C-GTCA-T-A-TTC-G-CT-A-5319
A.GW.87.CAM2CG T-C-G-G-G-TCCC-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AA-AT-CC-G-GA-C-TCA-T-A-TTC-G-CT-A-3890
A.GW.x.MDS T-C-G-G-G-TCCC-A-A-A-T-T-G-A-T-CA-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AT-AT-CCAG-C-A-CT-G-CA-T-A-TTC-G-CT-A-5325
A.IN.07.NNVA T-C-G-G-G-TCCC-A-A-G-G-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AT-AT-CCAG-C-A-C-G-CA-T-A-TT-G-CT-A-5875
A.IN.95.CR1K_147 T-C-G-G-G-A-TCCC-A-A-G-G-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AT-AT-CCAG-C-GAAC-G-CA-T-A-TT-G-CT-A-5626
A.JP.08.NMC786 clone 41 T-C-G-G-G-TCCC-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AC-AT-CCA-AGTA-TCA-C-A-C-CT-A-5877
A.PT.x.ALT1 T-C-G-G-G-TCCC-A-A-G-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AC-AT-CCAG-C-CA-GTCA-C-A-TTC-G-CT-A-5874
A.SN.85.R0D T-C-G-G-G-TG-CC-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AT-AT-CC-AGC-GTCA-T-A-TTC-G-CT-A-5327
A.SN.86.ST_JSP4_27 T-C-G-G-G-TCCC-A-A-A-T-T-G-A-C-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AC-AT-CCA-C-GTCA-C-A-TTC-G-CT-A-5326
AT-G-TG-GTG-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-G-A-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-T-TTC-C-A-5862
AC-TG-TGTG-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-G-A-AT-C-A-AC-AT-ATC-C-G-CAGG-TT-TTC-CT-A-5857
B.CI.x.EHO AT-TG-TGTA-CGA-G-GT-T-TAAT-A-G-A-A-G-A-AT-CCA-A-ATC-CAGG-TT-TTC-CT-A-5852
B.GB.86.D205 ALT AT-G-TGTG-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-G-A-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-TT-TTC-CT-A-5854
B.JP.01.TMCJ_KR020_1 AT-G-TGTGTA-CAGC-T-G-GT-T-TAAT-A-G-A-A-G-A-AT-C-A-AC-AT-ATC-C-GAGGA-TT-TTC-CT-A-3004
G.CI.92.Ab196 AT-G-G-GACA-TCAA-T-G-GT-TGA-T-T-A-A-A-G-GA-AT-C-AC-AT-A-C-AAGG-G-T-T-G-A-TTC-CT-A-5208
AB.CH.03.03CM_510_03 AT-G-TG-TGTG-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-G-A-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-T-TTC-CT-A-4993
H2.01.AB.CI.90.7312A AC-TG-TGTG-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-G-A-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-TT-TTC-CT-A-5863
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20 AC-TG-TGTG-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-G-A-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-TT-TTC-CT-A-5862
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01 AC-TG-TGTG-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-G-A-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-TT-TTC-CT-A-5868
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10 AC-TG-TGTG-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-G-A-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-TT-TTC-CT-A-5868
U.CI.07.07IC TNP3 -T-G-C-G-TG-TG-TCAA-T-A-G-G-T-AC-A-G-G-A-A-A-GT-AT-A-C-AC-AT-ATCG-AGGG-A-T-T-C-G-T-A-5313
U.FR.96.12034 -T-G-C-G-TG-TG-TCAA-T-A-G-G-T-AC-A-G-G-A-A-A-GT-AT-A-C-AC-AT-ATCG-GAC-G-TCTT-A-TTC-C-5359
MAC.US.x.17EC1 T 5798
MAC.US.x.1937 R RY 4904
MAC.US.x.2065 4904
MAC.US.x.251_1a11 M 5797
MAC.US.x.251_32H_PJ5 G T C A G T 5799
MAC.US.x.251_BK28 G A 5774
MAC.US.x.80035 Y 4904
MAC.US.x.81035 M 4905
MAC.US.x.85013 4838
MAC.US.x.87082 4875
MAC.US.x.92050 4898
MAC.US.x.92077 G Y A 4905
MAC.US.x.93057 G R N 4903
MAC.US.x.93062 M Y 4890
MAC.US.x.95058 G 4892
MAC.US.x.95086 M Y 4761
MAC.US.x.95112 M 4894
MAC.US.x.96016 G 4905
MAC.US.x.96020 4897
MAC.US.x.96072 4909
MAC.US.x.96081 4907
MAC.US.x.96093 4905
MAC.US.x.96114 Y 4900
MAC.US.x.96123 G 4794
MAC.US.x.96135 Y 4890
MAC.US.x.97009 G 4773
MAC.US.x.97074 4773
MAC.US.x.MM142_IVMXX G A T G A A C T 5284
MAC.US.x.r80025 M Y 4761
MAC.US.x.r90131 G G G 4904
MNE.US.82.MNE.8 G G G T 5266
MNE.US.x.MNE027 G G G T 5266
SMM.CI.79.SIVsmC12 C-G-TGTG-TCAA-A-A-C-T-C-T-T-A-CA-A-A-A-G-GA-AT-C-A-AT-ATCG-C-AGG-T-G-A-TTC-G-T-C-4918
SMM.LR.89.SIVsmLIB1 C-G-TG-TGTG-TG-G-T-G-A-T-A-T-A-A-T-A-A-TT-G-T-T-A-4876
SMM.SL.92.SIVsmSL92A C-G-TGTA-TGAC-GCA-T-T-AC-GCA-A-A-A-G-G-A-AT-A-C-AC-ATCT-C-A-TA-T-TT-A-T-G-TT-A-4878
SMM.US.04.G078 C-G-TGTG-TGAC-GCA-T-T-AC-GCA-A-A-A-G-G-G-T-A-C-A-TG-C-A-G-GT-C-C-CTAGT-C-A-CTG-G-C-A-5232
SMM.US.04.G932 G-T-G-CC-A-T-TA-T-A-C-A-C-AA-T-T-G-T-T-A-5058
SMM.US.04.M919 G-G-T-C-G-T-T-A-AC-T-A-G-T-A-C-A-T-A-C-A-5047
SMM.US.04.M922 G-T-T-C-G-T-T-A-AC-T-A-G-T-A-C-A-T-A-C-A-5052
SMM.US.04.M923 G-T-T-C-G-T-T-A-AC-T-A-G-T-A-C-A-T-A-C-A-5053
SMM.US.04.M926 G-G-T-T-CC-C-G-T-T-A-AC-T-A-G-T-A-C-A-T-T-T-T-T-T-A-5052
SMM.US.04.M934 G-G-T-T-CC-C-G-T-T-A-AC-T-A-G-T-A-C-A-T-T-T-T-A-5052
SMM.US.04.M935 G-G-T-T-CC-C-G-T-T-A-AC-T-A-G-T-A-C-A-T-T-T-T-A-5050
SMM.US.04.M940 G-G-T-T-TG-CC-G-TA-T-A-C-A-GT-A-A-C-AA-T-T-G-T-T-T-A-5058
SMM.US.04.M946 G-G-T-T-CC-C-G-T-T-A-AC-T-A-G-T-A-C-A-T-T-T-T-A-5051
SMM.US.04.M947 G-G-T-T-TG-CC-G-TA-T-A-C-A-GT-A-A-A-T-A-C-A-T-T-T-T-A-5052
SMM.US.04.M949 G-G-T-T-TG-CC-G-TA-T-A-C-A-GT-A-A-A-T-T-T-T-T-T-A-5046
SMM.US.04.M950 G-G-T-T-TG-CC-G-TA-T-A-C-A-GT-A-A-A-T-T-T-T-T-T-A-5050
SMM.US.04.M951 G-G-T-T-TG-CC-G-TA-T-A-C-A-GT-A-A-A-T-T-T-T-T-T-A-5051
SMM.US.04.M952 G-G-T-T-TG-CC-G-TA-T-A-C-A-GT-A-A-A-T-T-T-T-T-T-A-5051
SMM.US.05.D215 G-G-T-G-TG-AC-T-C-AT-A-T-T-G-A-C-A-A-A-GT-AT-T-A-A-T-T-G-T-T-A-5052
SMM.US.06.FTQ T-G-G-TG-CC-G-T-T-T-A-A-AC-T-A-C-AC-T-C-A-A-A-AA-T-T-T-T-T-A-5080
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10 G-G-T-T-CA-G-AT-T-T-T-A-AC-T-A-GA-T-A-A-A-A-AA-T-T-T-T-A-5788
SMM.US.86.G3212 G-G-T-T-CA-G-AT-T-T-T-A-AC-T-A-GA-T-A-A-A-A-AA-T-T-T-T-T-A-5788
SMM.US.x.F258_H4 G-G-T-T-CA-G-AT-T-T-T-A-AC-T-A-GA-T-A-A-A-A-AA-T-T-T-T-T-A-5786
SMM.US.x.H9 C-G-T-T-C-G-T-T-T-A-AC-G-A-GA-T-A-A-A-A-AA-T-T-T-T-T-A-5271
SMM.US.x.PBJ14_15 G-G-T-T-C-G-T-T-T-A-AC-T-A-GA-T-A-A-A-A-AA-T-T-T-T-T-A-5271
SMM.US.x.PBJA C-G-T-T-C-G-T-T-T-A-AC-T-A-GA-T-A-A-A-A-AA-T-T-T-T-T-A-5564
SMM.US.x.PB5_143 G-G-T-T-C-G-T-T-T-A-AC-T-A-GA-T-A-A-A-A-AA-T-T-T-T-T-A-5271
SMM.US.x.PBJ_6P6 C-G-T-T-C-G-T-T-T-A-AC-T-A-GA-T-A-A-A-A-AA-T-T-T-T-T-A-5271
SMM.US.x.PGM53 G-G-T-T-C-G-T-T-T-A-AC-T-A-GA-T-A-A-A-A-AA-T-T-T-T-T-A-5715
SMM.US.x.SME543 G-G-T-T-C-G-T-T-T-A-ACA-A-GA-T-A-A-A-AA-T-T-T-T-T-A-5801
SMM.x.x.pE660.CG7G G-G-T-T-C-G-T-T-T-A-AC-T-A-GA-T-A-A-A-AA-T-T-T-T-T-A-5787
STM.US.89.STM_37_16 T-G-G-TGACG-G-T-T-A-A-A-A-GT-A-A-A-A-A-T-T-TT-A-5445

Accession	Vif end	Sequence	Position
MAC.US.x.239		GGCTCTGGGAATACTGGCATGA...TGAACAAGGGATGTCACCAAGCTATGTAAAATACAGATACTGTGTTTAAATACAAAAGGCTTTATTTATGCATTTGCAAGAAAGGCTGTAGATGTCTAGGGGAAGGCATGGGGCAGGGGGATGGAGA...CCAGGACCTCTCCTC 6127	
Vpx		R S W E Y W H D## E Q G M S P S Y V K Y R Y L C L I Q K A L F M H C K K G C R C L G E G H G A G G W R . P G P P P	
Vif		V L G I L A *	
A.CI.88.UC2		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	6213
A.DE.x.BEN		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	6216
A.DE.x.PE12 KR KRCC		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	6178
A.GH.x.GH1		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	5657
A.GM.87.D194		C T CAC G T T CA G G A A T G G C CT C G G C G A C	5657
A.GM.x.ISY SBL 6669 85		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	5654
A.GM.x.MCN13		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	5658
A.GM.x.MCR35		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	5658
A.GW.86.FG c1one NIHZ		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	5653
A.GW.87.CAM2CG		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	6222
A.GW.x.MDS		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	5657
A.IN.07.NNVA		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	6207
A.IN.95.CRIK 147		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	5958
A.JP.08.NMC786 c1one 41		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	6209
A.PT.x.ALI		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	6206
A.SN.85.RDD		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	5659
A.SN.86.ST J5P4_27		C AG T CAC G T T CC G A G A CT G C CT C G G C G A C	5658
B.CI.88.UC1		G C T G G G C AGT T ACC T TGC G G A AA G G C AT CA G C GCA G C C T A	6197
B.CI.x.20 56		C T G G G C CATT CACC T T G CT C G G A AA G A A ATTGA G C C G C G C C A	6192
B.CI.x.EHO		C T G G G C ATT T ACC T T G CT C G G A AA G A A ATTGA G C C G C G C C A	6187
B.GH.86.D205 ALT		C T G G G C ATT T ACC T T G CT C G G A AA G A A ATTGA G C C G C G C C A	6189
B.JP.01.IMCJ KR020_1		C T G G G C A ATT CACC G T TGC G G A AA G G A CCTTGA GG A GC CT GC G T C	5339
G.CI.92.Abt96		C T G G G C G T T CACT G T T TGC G G A AA G G A T A C C CT GCA A G C C T A	5540
AB.CM.03.03CM 510 03		C T G G G C AGT T CACC T T T TGC G G A AA G G C AT CA G C CAGGCA G C C R A	5328
H2 01 AB.CI.90.7312A		C T G G G C ATT CACC G T T CT C G G A AA G G A T T TGA G C C C G C G C C	6198
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20		C T G G G C AGT ACC G T T G ACT C G G A AA G G A T T TGA G C C C G C G C C	6198
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01		C T G G G C AGT CACC G T T G ACT C G G A AA G G A T T TGA G C C C G C G C C	6197
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10		C T G G G C A T CC G T G ACT C G G A AA G G A T T TGA G C C C G C G C C	6203
U.CI.07.07IC TNP3		C G G G C A T CACT T T C A C G G A A A A G G CCA GA A G C A A	5642
U.FR.96.12034		C G G G C A T ACT G T T C C C G G A A A A G A CA CT G C AC A T G	5688
MAC.US.x.17EC1			6127
MAC.US.x.1937			5233
MAC.US.x.2065			5233
MAC.US.x.251 1A11			6126
MAC.US.x.251 32H PJ5			6128
MAC.US.x.251 BK28			6103
MAC.US.x.80035			5233
MAC.US.x.81033			5234
MAC.US.x.85133			5167
MAC.US.x.87082			5204
MAC.US.x.92050			5227
MAC.US.x.92077			5234
MAC.US.x.93057			5232
MAC.US.x.93062			5219
MAC.US.x.95058			5221
MAC.US.x.95086			5090
MAC.US.x.95112			5223
MAC.US.x.96016			5234
MAC.US.x.96020			5236
MAC.US.x.96072			5238
MAC.US.x.96081			5236
MAC.US.x.96093			5234
MAC.US.x.96114			5229
MAC.US.x.96123			5123
MAC.US.x.96133			5219
MAC.US.x.97009			5102
MAC.US.x.97074			5102
MAC.US.x.MM142 IVMXX			5613
MAC.US.x.r80025			5090
MAC.US.x.r90131			5233
MNE.US.82.MNE 8			5595
MNE.US.x.MNE027			5595
SMM.CI.79.SIVsmCI2			5253
SMM.LR.89.SIVsmLIB1			5202
SMM.SL.92.SIVsmSL92A			5201
SMM.SL.92.SL92B			5564
SMM.US.04.6078			5387
SMM.US.04.6932			5376
SMM.US.04.M919			5381
SMM.US.04.M922			5382
SMM.US.04.M923			5381
SMM.US.04.M926			5381
SMM.US.04.M934			5379
SMM.US.04.M935			5382
SMM.US.04.M940			5387
SMM.US.04.M946			5380
SMM.US.04.M947			5381
SMM.US.04.M949			5377
SMM.US.04.M950			5379
SMM.US.04.M951			5384
SMM.US.04.M952			5380
SMM.US.05.D215			5381
SMM.US.06.FTQ			5409
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10			5377
SMM.US.86.FU212			5373
SMM.US.x.F236_H4			5373
SMM.US.x.H9			5600
SMM.US.x.PBJ114 15			5894
SMM.US.x.PBJ3A			5893
SMM.US.x.PBJ 143			5600
SMM.US.x.PBJ 6P6			6086
SMM.US.x.PGM53			6044
SMM.US.x.SME543			6130
SMM.x.x.pE660_C67G			6116
STM.US.89.STM 37_16			5774

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2), Vpx end, Vpr start, and sequence alignment characters (P, P, P, P, G, L, A, *). The table contains multiple rows of sequence data and alignment markers.

Tat exon 1 start

MAC.US.x.239	AATCATATCTATAATAGACATGGAGACACCTTGGAGGAGCAGGAGAACTCATTAGAACTCTCCAACGAGCGCTTTCATGCATTTAGAGGCGGATGCATCCACTCCAGAATCGGCCAACCTGGGGAGGAAATCCTCTCTAGCTATACCCGCCCTCTAGAAGCATGCT	6452
Vpr	N H I Y N R H G D T L E G A G E L I R I L O R A L F S M H F R G G C I S E A D A S T P E S A N L G E E I L S Q L Y R P L R S M L	
Tat exon 1	M E T P L R E Q E N S L E S S N E R L S S C I S E A D A S T P E S A N L G E E I L S Q L Y R P L R S M L	
A.CI.88.UC2	..CT.....A.....A-C-CA-G-A-A.....C-C-CC-TG-G-T-G-G-A-T-T-A-AA-A-A-C-TG-C.....C-A-C.....G-A	6491
A.DE.x.BEN	-T-CT-C.....A-C-CA-G-A-C-A.....C-G-C-CA-T-A-G-A-T-T-A-AA-A-A-C-TG-C.....GC-A-C.....GC-A	6552
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-CT-C-G-G.....C-AA-C-CA-G-ATG-G.....C-G-C-CA-T-AAAT-A-T-T-A-AA-A-A-AG-C-T-C.....GC-AA-C.....A	6514
A.GH.x.GH	-CT-C-G.....A-C-A-C-CA-G.....C-G-CC-CA-G-T-A-G-A-TA-A-AA-A-A-C-T-C.....GC-A-C.....G-TA	5993
A.GM.87.D194	-CT-C.....A-C-CA-G-G-A.....C-G-CA-CG-TGA-G-A-AG-A-AA-A-A-GC-TG-C.....GC-A-C.....G-A	5993
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-T-CT-C.....A-C-CA-G-GG-A.....C-C-CA-CA-TGG-A-T-T-AA-A-A-C-T-C.....A-C-A.....A	5990
A.GM.x.MCN13	-CT-C.....A-C-CA-G-ATG-A.....C-C-CA-TGG-T-A-T-A-A-A-A-C-T-C.....C-T-A-C.....A	5994
A.GM.x.MCR35	-CT-C.....A-C-CA-G-ATG-A.....C-C-CA-TGG-T-A-T-A-A-A-A-C-T-C.....C-T-A-C.....A	5994
A.GW.86.FG_c1one_NIHZ	-GAT-C-G.....A-C-CA-G.....C-GC-CA-TGG-A-T-T-GA-AA-A-C-T-C.....C-T-A-C.....G-A	5987
A.GW.87.CAM2CG	GGA-GC.....AA-CA-G-GG-G.....C-C-C-G-CA-CA-TGG-A-T-T-AA-A-A-AA-C.....AA-C.....TG	6558
A.GW.x.MDS	-GA-C.....A-C-CA-G-T-A.....C-C-CA-CA-TGG-A-T-T-GA-AA-A-C.....A-C.....A	5993
A.IN.07.NNVA	-GAT-C-C-T.....C-A-T-CA-G-G-T-G.....C-T-T-CA-CA-CA-TGG-A-T-T-AA-A.....T-AA-A.....G	5544
A.IN.95.CRIK_147	-TAT-C-G-T.....A-C-CA-G-G-T-G.....C-T-T-CA-CA-CA-TGG-A-T-T-AA-A.....T-AA-A.....G	6294
A.JP.08.NMC786_c1one_41	-CT-GC.....G-A-C-A-G-G-GAT-T-A-G-T-C.....C-C-A-CA-TGG-GAC-A-AGG-TAAT-GA-AA.....A-T-GC.....A	6294
A.PT.x.ALI	GGCT-C.....AA-CA-G-G-ATGC-A.....C-C-CA-TGG-GT-A-G-T-AA-AA-A-C-T-T-AC.....T-GC.....A	6542
A.SN.85.R0D	-AT-C.....A-C-CA-G-A-G-G.....C-T-C-CA-CA-TGG-A-T-T-GA-AA-A-C.....A-C.....A	5995
A.SN.86.ST_J5P4_27	-CT-GC.....A-C-CA-GG-G.....C-T-C-CA-CA-TGG-G-A-G-T-T-G-CA-C.....T-A-AA-C.....G	5994
B.CI.88.UC1	..TT-C-G-G.....T-CA-G.....G-A-G.....C-C-C-C-T-T-TCAA-A-G-A-A.....T.....G	6533
B.CI.x.20_56	..TT-C-G-G.....T-CA-G.....AG-T.....G-A-G.....C-C-C-C-G-A-G-CAG-A-G-T-A-A.....T-G.....G	6528
B.CI.x.EH0	-CT-C-G-G.....A-T-CA-G.....A-C-G.....G-A.....C-C-C-C-G-T-TCAA-A-G-T-A-G.....TA-G.....A	6523
B.GH.86.D205_ALT	-CT-C-G-G.....T-CA-G.....A-C-G.....C-C-C-C-T-TCAA-A-G-T-A-T.....A.....C-TA-G.....A	6525
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	..TT-CGG-G-G-T-A-CA.....T-G.....C-C-C-A-G-CAA-G-G-T-A-A.....T.....T.....A	5675
G.CI.92.Abt96	-CT-G-G-G.....C.....A-G-G-A-T-G-GA-T-C-C-TC-A-AC-T-GATG-G-T-AGGGAAC-CA-C.....A-A.....G-G-T	5868
AB.CM.03.03CM_510_03	-CTT-C-G-GT-T-CA-G-G-G-A-G.....C-C-C-C-T-TCGA-A-G-A-G-A.....R.....C-TA-G.....A	6664
H2_01_AB.CI.90.7312A	-CTT-T-C-G-G-T-CA-G-G-AG-T-G.....C-C-C-T-TCAA-A-G-T-A-A.....C.....GAGG.....A	6534
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-CTT-C-G-G-T-CA-G-A-G-C-A-T-A-A.....C-C-C-T-TCAA-A-G-T-A-A.....C-G-GG.....TA	6534
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-CTT-C-G-G-T-CA-G-C-A-T-A-A.....C-C-C-T-TCAA-A-G-T-A-A.....C-G-GG.....TA	6533
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-CTT-C-G-GT-CA-G-G-C-A-T-A-A.....C-C-C-T-TCAA-A-G-T-A-A.....C-G-GG.....TA	6539
U.CI.07.07IC_TNP3	-CT-G-GT.....A-G-T-C-A-G-A-C-TG-C-C-A-TCCG-T-A-G-GGG-AAA-A.....G-G.....A-G-T	5967
U.FR.96.12034	-CT-G.....T-A-G-T-A-G-A-AA-C-C-G-G-TCCG-A-G-AGCAGCA.....A-A-G.....T-G-G	6012
MAC.US.x.17EC1	6452
MAC.US.x.1937	5558
MAC.US.x.2065	5558
MAC.US.x.251_1A11G-G-A.....C.....C.....T.....A.....	6451
MAC.US.x.251_32H_PJ5	6453
MAC.US.x.251_BK28T.....A.....C.....A.....A.....T-G-G.....	6428
MAC.US.x.80035	5558
MAC.US.x.81035G.....	5559
MAC.US.x.85133	5492
MAC.US.x.87082	5529
MAC.US.x.92050	5552
MAC.US.x.92077	5559
MAC.US.x.93057Y.....T.....	5557
MAC.US.x.93062C.....	5944
MAC.US.x.95058Y-C.....R.....R.....	5546
MAC.US.x.95086C.....C.....	5415
MAC.US.x.95112Y.....Y.....	5548
MAC.US.x.96016R.....T.....	5559
MAC.US.x.96020	5561
MAC.US.x.96072	5563
MAC.US.x.96081	5561
MAC.US.x.96093T.....M.....	5559
MAC.US.x.96114C.....T.....R-K.....	5554
MAC.US.x.96123C.....	5448
MAC.US.x.96133	5544
MAC.US.x.97009	5427
MAC.US.x.97074	5427
MAC.US.x.MM142_IVMXXA.....A-C-G-T.....C.....A.....	5938
MAC.US.x.r80025	5415
MAC.US.x.r90131	5558
MNE.US.82.MNE_8	..T-G.....A.....G.....C.....C-C-A-T.....T-A.....A.....A	5920
MNE.US.x.MNE027	..T-G.....A.....G.....C.....C-A-T.....T-A.....A.....A	5920
SMM.CI.79.SIVsmCI2	..T-G-G.....A.....G-T-C-AG-G.....A-T-C-CA-TC-T.....T-G-CAG.....A-G.....C-G-AG	5578
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	..T-G-GT.....C-A-G-G-T-AG-G.....A-C-T-CA-A-T-T-GG.....GT-A-A-A.....GG-A.....G-AG	5526
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-CT-G-G.....G-T-A-A-A-G.....G-A-A-AG-AT-A-AG-AT-G-T-A-C-T-GCAT-C-T-A-G-T-A-G-AA-CC-C-GGG-T.....T-G.....GA-G-T	5885
SMM.SL.92.SL92B	-T-CG-A-CTT-C-G-T-AA-A-A-G.....G-A-A-AG-AT-A-AG-AT-G-T-A-C-T-GCAT-C-T-A-G-T-A-G-AA-CC-C-GGG-T.....T-G.....GA-G-T	5712
SMM.US.04.G078	..T-T-G.....G-A-A-G.....C.....AAAT-TG.....C-T-AGC-A.....T-GG-A.....GAAG	5701
SMM.US.04.G932	..T-G-T.....A.....G.....C.....CT-C.....AAT-TG.....C-T-AGC-A.....T-GG-A.....GAAG	5701
SMM.US.04.M919	-CT-G.....A.....G.....C-A-C-A-A-T-CT.....AG-A.....G-A.....G-G	5705
SMM.US.04.M922	-CT-G.....A.....G.....C-A-C-A-A-TG-T.....G-AG-A.....GG-A.....G-G	5708
SMM.US.04.M923	-CT-G.....A.....G.....C-A-C-A-A-TG-T.....G-AG-A.....GG-A.....G-G	5707
SMM.US.04.M926	..T-G-T.....A.....G.....AG.....A-C-A-C-T-CT.....AG-A.....G-A.....G-G	5707
SMM.US.04.M934	..T-G-T.....A.....G.....AG.....A-C-A-C-T-CT.....AG-A.....G-A.....G-G	5704
SMM.US.04.M935	-CT-G.....T.....G-A.....G.....C-A-C-A-TG-T.....AG-A.....GG-A.....G-G	3708
SMM.US.04.M940	..T-T-G.....G-T-A-G-GA-C.....AA-C.....G-CA-A.....T-GG-A.....GAGG	5712
SMM.US.04.M946	..T-G-T.....A.....G.....AG-A.....A-C-A-C-T-CT.....AG-A.....G-A.....G-G	5705
SMM.US.04.M947	-CT-G.....A.....G.....AG-A.....A-C-A-C-T-CT.....AG-A.....G-A.....G-G	5707
SMM.US.04.M949	..T-T-G.....T.....A.....G.....AG-G-A-T.....C.....TGC.....G-CA.....T-GG.....G-AG	5700
SMM.US.04.M950	..T-T-G.....T.....A.....G.....AG-G-A-T.....C.....TGC.....G-CA.....T-GG.....G-AG	5704
SMM.US.04.M951	..T-T-G.....T.....A.....G.....AG-G-A-T.....C.....TGC.....G-CA.....T-GG.....G-AG	5709
SMM.US.04.M952	..T-T-G.....T.....A.....G.....AG-G-A-T.....C.....TGC.....G-CA.....T-GG.....G-AG	5705
SMM.US.05.D215	..T-T-G.....T.....A.....G.....AG-G-A-T.....C.....TGC.....G-CA.....T-GG.....G-AG	5706
SMM.US.06.FT0	..T-T-G.....T.....A.....G.....AG-G-A-T.....C.....TGC.....G-CA.....T-GG.....G-AG	5734
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-CT-T-G-G.....G-A-A-G.....A-C-C-A-C-T-A-AC-AA-A-A.....T-A-G-AA.....A-G.....A	6403
SMM.US.86.FU212	-CT-C-T-G-G.....G-A-A-G.....A-C-C-A-C-T-A-AC-AA-A-A.....T-A-G-AA.....A-G.....A	5701
SMM.US.x.F236_H4	-CT-T-G-G.....G-A-A-G.....A-C-C-A-C-T-A-AC-AA-A-A.....T-A-G-AA.....A-G.....A	6405
SMM.US.x.H9	-CT-G.....A.....G.....G-A.....C.....A-T-TGC.....A.....T-C-AA-A.....T-GG-A.....A-GATG-T	5701
SMM.US.x.PBJ14_15	-CT-G.....A.....G.....G-A.....C.....A-T-TGC.....A.....T-C-AA-A.....T-GG-A.....A-GATG-T	5926
SMM.US.x.PBJA	-CT-G.....A.....G.....G-A.....C.....A-T-TGC.....A.....T-C-AA-A.....T-GG-A.....A-GATG-T	6220
SMM.US.x.PBJA_143	-CT-G.....A.....G.....G-A.....C.....A-T-TGC.....A.....T-C-AA-A.....T-GG-A.....A-GATG-T	6219
SMM.US.x.PBJ_6P6	-CT-G.....A.....G.....G-A.....C.....A-T-TGC.....A.....T-C-AA-A.....T-GG-A.....A-GATG-T	5926
SMM.US.x.PGM53	-CT-G.....A.....G.....G-A.....C.....A-T-TGC.....A.....T-C-AA-A.....T-GG-A.....A-GATG-T	6412
SMM.US.x.SME543	-CT-T-G.....A.....G.....G-A.....C.....A-T-TGC.....A.....T-C-AA-A.....T-GG-A.....A-GATG-T	6371
SMM.x.x.pE660_C67G	-CT-T-G.....A.....G.....G-A.....C.....A-T-TGC.....A.....T-C-AA-A.....T-GG-A.....A-GATG-T	6456
STM.US.89.STM_37_16	-CT-T-G.....A.....G.....G-A.....C.....A-T-TGC.....A.....T-C-AA-A.....T-GG-A.....A-GATG-T	6442

	Vpr end	Rev exon 1 start	Tat Rev exon 1 end	Tat Rev exon 1 start	id:hm000001
MAC.US.x.239	ATAA...CACATGCTATTGTA	AAAAAGTGTGCTACCA	TTCCTGATATGTTAG	GAGCAATCA...CGAAAGAGAAGAAGAACTCCG	AAAAAGGCTAAGGCTAATACATCTTCTGCATCAAACAAGTAA.GTATGGGATGCTTG 6616
Vpr	-----*				
Env	-----*				
Rev exon 1	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 O S	R K R R R R T P K K A K A N T S S A S N K	M G C L	
A.CI.88.UC2	C	---	C	---	AGCC
A.DE.BEN	C	---	C	---	AGCC
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	C	---	C	---	AATGGA
A.GH.x.GH1	C	---	C	---	AATG
A.GM.87.D194	C	---	C	---	AGCC
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	C	---	C	---	CAATGA
A.GM.x.MCN13	C	---	C	---	ATGG
A.GM.x.MCR35	C	---	C	---	ATGG
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	C	---	C	---	AAGG
A.GW.87_CAM2CG	C	---	C	---	AGC
A.GW.x.MDS	C	---	C	---	ACGC
A.IN.07.NNVA	C	---	C	---	AC
A.IN.95.CR1K_147	C	---	C	---	CGCA
A.JP.08.NMC786_clone_41	C	---	C	---	AAATG
A.PT.x.ALI	C	---	C	---	ATG
A.SN.85.R0D	C	---	C	---	ATG
A.SN.86.ST_JSP4_27	C	---	C	---	AATG
B.CI.88.UC1	C	---	C	---	CACAC
B.CI.x.20_56	C	---	C	---	CACAC
B.CI.x.EHO	C	---	C	---	CA
B.GH.86.D205_ALT	C	---	C	---	CA
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	C	---	C	---	CA
G.CI.92.Abt96	C	---	C	---	CA
AB.CM.03.03CM_510_03	C	---	C	---	CA
H2_01_AB.CI.90.7312A	C	---	C	---	CA
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	C	---	C	---	CA
H2_01_AB.JP.07.NMC3716_01	C	---	C	---	CA
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	C	---	C	---	CA
U.FR.96.12034	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.17EC1	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.1937	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.2065	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.251_1A11	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.251_32H_PJ5	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.251_BK28	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.80835	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.81035	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.85013	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.87082	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.92050	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.92077	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.93057	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.93062	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.95058	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.95086	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.95112	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.96016	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.96020	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.96072	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.96081	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.96093	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.96114	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.96123	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.96135	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.97009	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.97074	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.MM142_IVMXX	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.r80025	C	---	C	---	CA
MAC.US.x.r90131	C	---	C	---	CA
MNE.US.82.MNE_8	C	---	C	---	CA
MNE.US.x.MNE027	C	---	C	---	CA
SMM.CI.79.SIVsmCI2	C	---	C	---	CA
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	C	---	C	---	CA
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	C	---	C	---	CA
SMM.SL.92.SL92B	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.G078	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.G932	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M919	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M922	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M923	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M926	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M934	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M935	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M940	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M946	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M947	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M949	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M950	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M951	C	---	C	---	CA
SMM.US.04.M952	C	---	C	---	CA
SMM.US.05.D215	C	---	C	---	CA
SMM.US.06.T0	C	---	C	---	CA
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	C	---	C	---	CA
SMM.US.86.CFU212	C	---	C	---	CA
SMM.US.x.F236_H4	C	---	C	---	CA
SMM.US.x.H9	C	---	C	---	CA
SMM.US.x.PBJ14_15	C	---	C	---	CA
SMM.US.x.PBJA	C	---	C	---	CA
SMM.US.x.PBJ_143	C	---	C	---	CA
SMM.US.x.PBJ_6P6	C	---	C	---	CA
SMM.US.x.PGM53	C	---	C	---	CA
SMM.US.x.SME53	C	---	C	---	CA
SMM.US.x.pe660.CG7G	C	---	C	---	CA
STM.US.89.STM_37_16	C	---	C	---	CA

	Env signal peptide end	Env gp120 start	
MAC. US. x. 239	GGAATCAGCTGCTTACGCCATCTTGCCTTTAAAGTCTATGGGATCTATTGT	ACTCTATATGTACAGCTCTTTTATGGTGTTACCAAGCTGGGAAGATGCCAACATTC	CCCTCTTTGTGCAACGAAGTAGGGAAGTGGGGAAACAATCAGTGCCTACCA 6780
Env	G N Q L L L I A I L L L S V Y G I Y C	T L Y V T V F Y G V P A W R N A T I P L F C A T K N R D T W G T T Q C L P	
A.CI.88.UC2GCT-T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C.....	AA-A-G-T-C-C-TG-A-AT-T-C-A-A-.....	G-C-TA-T-G-6819
A.DE.x.BENT-G-T-T-A-AAC-CT-GCTTAG-A-C.....	GC-AG-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-T-A-.....	T-A-A-C-G-C-TA-T-G-6880
A.DE.x.PE12 KR KRCCA-AA-G-T-T-A-AACT-CT-GCTTA-A-C.....	G-C-A-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	GA-C-TA-T-G-6842
A.GH.x.GH1A-G-TA-ATG-G-T-G-AGCT-CT-CCTAG-A-C.....	C-A-G-T-T-C-C-G-C-TG-A-AT-C-.....	T-A-C-A-A-G-C-TA-T-G-6821
A.GM.87.D194G-T-T-AT-AACT-CT-GCTTA-A-C.....	AA-A-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-.....	A-A-AT-T-G-C-TA-T-G-6321
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	AA-T.....G-T-T-TC-AACT-CT-GCTTA-A-C.....	CAA-G-T-T-C-A-C-TG-AA-AT-C-.....	T-A-A-A-C-TA-T-G-6318
A.GM.x.MCN13A-G-T-T-AACT-CT-GCTT-A-C.....	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	C-TA-T-G-6322
A.GM.x.MCR35A-AA-G-T-T-AACT-CT-GCTT-A-C.....	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	C-TA-T-G-6322
A.GW.86.F6 clone NIHZA-AA-G-T-T-TG-A-AGCT-CT-GCTA-AC-C.....	AG-A-T-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	G-A-A-TA-T-6325
A.GW.87.CAN2CGT-C-T-T-TC-A-AGCT-CT-GCTTAG-A-C.....	CAGA-CAA-A-G-T-T-C-C-G-AA-AT-C-.....	T-A-A-A-TA-T-6319
A.GW.x.MDST-C-T-T-T-A-AACT-CT-GCTTA-A-C.....	CAAAACACAA-A-A-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	C-TA-T-G-6327
A.IN.07.NNVAG-C-T-T-AT-AACT-CT-GCTTA-A-C.....	CAA-CAA-A-A-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	C-TA-T-G-6875
A.IN.95.CR1K_147T-C-A-T-T-AT-AACT-CT-GCTTA-A-C.....	AA-AA-A-A-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	GA-C-TA-T-6622
A.JP.08.NMC786 clone 41	A-T TTAT-AA-G-T-T-G-AGCT-CT-GCTTAG-A-C.....	CAAAAAAA-A-G-T-T-C-C-G-TG-A-AT-C-.....	T-A-A-C-TA-T-6870
A.PT.x.ALIA-AA-G-T-T-A-AGCT-CT-GCTTAG-A-C.....	AA-A-G-T-T-C-C-G-AA-AT-C-.....	C-TA-T-G-6870
A.SN.85.RODT-C-T-T-AT-AACT-CT-GCTTAG-A-C.....	C-A-A-T-T-T-C-C-CA-G-AA-A-C-.....	GA-C-TA-T-G-T-6314
A.SN.86.ST_JSP4_27A-AT-G-T-G-AGCT-CT-GCTTA-A-C.....	GTC-A-A-G-T-T-C-C-G-C-TG-A-AT-C-.....	T-A-A-C-TA-T-G-6322
B.CI.88.UC1C-T-T-TTTGC-C-A-A-.....	T-TCTGG-CATAAG-AAAAAC-T-C-CA-T-A-.....	C-A-GG-T-C-CA-C-C-TGTA-C-6861
B.CI.x.20.56	AC-G-C-T-TT-AC-C-A-.....	TGTATG-AA-A-T-T-C-CA-T-A-.....	C-A-GG-T-C-GCA-C-C-TGTA-C-6850
B.CI.x.EHO	AT-T-C-A-G-TA-AC-C-A-.....	TATATGG-C-AGAAC-T-T-C-CA-A-AA-AT-.....	T-GA-C-A-C-TGTA-A-C-6845
B.GH.86.D205 ALT	C-GC-GC-T-GC-C-A-A-G-A-AG-TATGTA-.....	AGAT-T-T-C-CA-C-A-C-A-G-.....	A-C-C-TGTA-T-C-6847
B.JP.01.IMC1 KR020_1	AT-GT-C-T-GCT-AC-C-A-.....	CT-TATGG-C-GAGAT-TC-T-T-C-CA-A-A-.....	A-G-C-TGTA-C-3997
G.CI.92.Abt96C-T-T-A-C-R-C-ACT-T-.....	CAA-T-T-T-CA-C-A-.....	GCC-A-T-C-A-C-T-A-T-6193
AB.CH.03.03CM_510_03C-GCTGC-C-A-GC-C-C-.....	A-G-T-TACA-Y-AA-A-Y-T-C-CA-C-G-RA-AT-Y-Y-G-Y-.....	T-A-A-A-G-C-TA-T-G-5980
H2_01.AB.CI.90.7312A	A-.....TA-AT-G-T-G-AGCT-CT-CCTTA-A-C.....	C-CAA-G-T-T-C-C-G-C-TG-A-AT-C-.....	T-C-A-C-TA-T-G-6865
H2_01.AB.JP.04.NMC387_20	A-.....TTA-AT-G-T-G-A-AGCT-CT-GCTTA-A-C.....	ACC-AAA-A-G-T-T-C-A-A-G-T-T-C-CA-C-G-RA-AT-Y-Y-G-Y-.....	T-A-A-A-G-C-TA-T-G-6859
H2_01.AB.JP.07.NMC716_01	A-.....TTA-AT-G-T-G-A-AGCT-CT-GCTTA-A-C.....	ACC-AAA-A-G-T-T-C-A-A-G-T-T-C-CA-C-G-RA-AT-Y-Y-G-Y-.....	T-A-A-A-G-C-TA-T-G-6858
H2_01.AB.JP.08.NMC842_10	A-.....TTA-AT-C-T-G-A-AGCT-CT-GCTTA-A-C.....	ACC-AAA-A-G-T-T-C-A-A-G-T-T-C-CA-C-G-RA-AT-Y-Y-G-Y-.....	T-A-A-A-G-C-TA-T-G-6864
U.CI.07.07IC TNP3C-A-T-TG-ATGC-A-CA-GC-T-A-.....	AG-T-T-C-CA-C-T-A-C-A-G-A-.....	C-A-C-A-G-T-A-A-T-C-6289
U.FR.96.12034C-A-T-TG-A-CA-GC-T-A-C-.....	AG-T-T-C-CA-T-A-C-A-G-A-.....	C-A-A-A-C-A-A-T-T-6334
MAC. US. x. 17EC1			T
MAC. US. x. 1937			R
MAC. US. x. 2065			Y
MAC. US. x. 251_1A11			Y
MAC. US. x. 251_32H_P35			C
MAC. US. x. 251_BK28			C
MAC. US. x. 80035			C
MAC. US. x. 81035			C
MAC. US. x. 85013			C
MAC. US. x. 87082			C
MAC. US. x. 92050			C
MAC. US. x. 92077			C
MAC. US. x. 93057			C
MAC. US. x. 93062			C
MAC. US. x. 95058			C
MAC. US. x. 95086			C
MAC. US. x. 95112			C
MAC. US. x. 96016			C
MAC. US. x. 96020			C
MAC. US. x. 96072			C
MAC. US. x. 96081			C
MAC. US. x. 96093			C
MAC. US. x. 96114			C
MAC. US. x. 96123			C
MAC. US. x. 96135			C
MAC. US. x. 97009			C
MAC. US. x. 97074			C
MAC. US. x. MM142_IVMXX			C
MAC. US. x. r80025			C
MAC. US. x. r90131			C
MNE. US. 82.MNE 8			C
MNE. US. x. MNE027			C
SMM. CI. 79. SIVsmC12			C
SMM. LR. 89. SIVsmL1B1			C
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A			C
SMM. SL. 92. SL92B			C
SMM. US. 04. G078			C
SMM. US. 04. G932			C
SMM. US. 04. M919			C
SMM. US. 04. M922			C
SMM. US. 04. M923			C
SMM. US. 04. M926			C
SMM. US. 04. M934			C
SMM. US. 04. M935			C
SMM. US. 04. M940			C
SMM. US. 04. M946			C
SMM. US. 04. M947			C
SMM. US. 04. M949			C
SMM. US. 04. M950			C
SMM. US. 04. M951			C
SMM. US. 04. M952			C
SMM. US. 05. D215			C
SMM. US. 06. FTQ			C
SMM. US. 11. SIVsmE660 FL10			C
SMM. US. 86. G13212			C
SMM. US. x. F258_H4			C
SMM. US. x. H9			C
SMM. US. x. PB114_15			C
SMM. US. x. PB1A			C
SMM. US. x. PB1_143			C
SMM. US. x. PB1_6P6			C
SMM. US. x. PGM53			C
SMM. US. x. SME543			C
SMM. x. x. pE660.CG7G			C
STM. US. 89. STM_37_16			C

MAC.US.x.239
Env
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.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IHCJ KR020_1
G.CI.92.Ab196
AB.CH.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NNC387 20
H2 01 AB.JP.07.NNC716 01
H2 01 AB.JP.08.NNC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H P35
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.MM142 IVMXX
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.G03212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14 15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PB5 143
SMM.US.x.PBJ 6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

Table with 20 columns representing amino acid positions (D, N, G, D, Y, S, E, V, A, L, N, V, T, E, S, F, D, A, W, N, N, T, V, T, E, Q, A, I, E, D, V, W, Q, L, F, E, T, S, I, K, P, C, V, K, L, S, P, L, C, I, T, M, R, C, N, K, S) and rows for various HIV-2/SIV sequences. Each cell contains a single-letter amino acid code or a dash (-) indicating a gap.

V1 loop start 6950

```

MAC.US.x.239      TGAGACAGATAGTGGGATTGACAATCAATAACA.....ACAACAGCATCAACAACTCAAGCAGCATCAGCAAAAAGTAGACATGGTCAATGAGACATAGTCTTGTATAGCCGAGGATAATTGC...A 7075
Env      E T D R W G L T K S I T .....T T A S T T S T T A S A K V D M V N E T S S C I A Q D N C .....
A.CI.88.UC2     -ACAGGGA--ACACCAATGCC--GCCAA-CC--C    G-G-C-G-C-C-C-CAACC-TT-T-CC-TAC-AA-A--A-G-TC-A-C-G-G-G-GCA-C-       7105
A.DE.x.BEN      -C-AGGGA--CCAC-ACCC-ATCCAGG-CCT-G    AGT-C--C-G-GAC-C-CA-T-CGC-CCTC-AA-A--C-TC-AAC-C--AAA-CA-C-CA-    G 7169
A.GH.x.GHA      AAGT--G--CA-TAACAG--GTGAGGG-GG-C    A-GTCCC--G-AT-A-C-A-C-A--C--C-A-C--A-A-CA-C-GC-    T 7104
A.GM.87.D194    CACT-ACA-C-ACCAC-ACAGG-GCA--C-GGG    -GTTGTC-ATGTC-AG-TAA-TGAA-C--CCATC--T-TC-C-C-    6574
A.GM.x.ISY.SBL.6669.85  -TCAGGAC--CGG-ACC-C-GTCC-C-AC-T-    -TCAGGAC--CGG-ACC-C-GTCC-C-AC-T-    G-G-CA-C-C-    T 7157
A.GM.x.MCN13    A-ACAGAGCGG-GTT-C-ACT--GCC-TCTGG-    -ACAGAGCGG-GTT-C-ACT--GCC-TCTGG-    T-GA-C-A-C--CAATT-A-C-    T 6574
A.GM.x.MCR35    A-TG-AGG-ACACAACACAC-C-C-A-GC-T-C    -CGTA-AT-AA-CCC-GACAGA-A-A-G--A-TCC-A-C--CG-GCAA-C-C-    T 6596
A.GM.x.MCR35    A-TG-AGG-ACACAACACAC-C-C-A-GC-T-C    -CGTA-AT-AA-CCC-GACAGA-A-A-G--A-TCC-A-C--CG-GCAA-C-C-    T 6596
A.GW.86.F6.clone.NIHZ  CAT--CAT-GACA-GAG--G-C-CA-CA-AT-    CAT--CAT-GACA-GAG--G-C-CA-CA-AT-    C-G-GCAA-C-C-    T 6568
A.GW.87.CM2CG   -ACA-GT-C-C-ACTATGA-A-GG-C-A-C-C-I-    -ACA-GT-C-C-ACTATGA-A-GG-C-A-C-C-I-    C-G-AAA-C-C-    T 7138
A.GW.x.MDS      CAGTGACAGCG-A-CAC-AG-AC-C-A-C-C-AC-    GGCACCAGC-A-CA-TC-G-G-C-A-CA-T-G-C-    -GGAACACA-CCA-A-G--A-TC-C-A-C-    T 6631
A.IN.07.NNVA    A-----GG-ACGCAACCA-CGC-C--C-C-    -AC--AGATTAATG-GAC-ACTGA-A-A-G--AC-C-A-C-    T 7149
A.IN.95.CRIK.147  -ACA-CACA-CACAACCCGAC-C-C-AGC-C-GT    -ACA-CACA-CACAACCCGAC-C-C-AGC-C-GT    -AC-C-A-C-    T 6902
A.JP.08.NMC786.clone.41  CAGC-ACCCA-CACACC-AGCAG-C-A--AGT-G-    CAGC-ACCCA-CACACC-AGCAG-C-A--AGT-G-    TTCC-A-CC--G-GAATA-A-CCA-A--A-GA-A-A-C-    T 7153
A.PT.x.ALI      AAGC----G-CACAAACCAT-CCGAGCC-GGG-    AAGC----G-CACAAACCAT-CCGAGCC-GGG-    AGCA-C-CTCAA-CC-C-A-A--GCA-C-A-C-    T 7138
A.SN.x.R5.ROD   A---G-CAAG-C-G--AACAA-CC--AG-AG-C    A---G-CAAG-C-G--AACAA-CC--AG-AG-C    A-AGC-CA-C-C-C-AC-C-ACC-AGA-A-A-G-    T 6603
A.SN.86.ST.JSP4.27  AACTG-A-A-ACACAACC-CC--CC-A-CC-C-    AACTG-A-A-ACACAACC-CC--CC-A-CC-C-    A-A-GC-AACACA-CAA-AGGA--A-TC-    T 6587
B.CI.88.UC1     A-GA-CA--CTACTACTAATC-T-TTA-T-C-T-    A-GA-CA--CTACTACTAATC-T-TTA-T-C-T-    .ATT-T-TA-TAA-C-TC-A-A-T-AC--    T 7138
B.CI.x.20.56    -A-C--AGA-CTAACTACT-TGC--T-CT-C-    -A-C--AGA-CTAACTACT-TGC--T-CT-C-    -TGTAAT-TA-T-C-CC-ATAG-A--    T 7124
B.CI.x.EHO      GTG--GCTCAGCTA-CAA-GA--C-CTA-GTCT-    GTG--GCTCAGCTA-CAA-GA--C-CTA-GTCT-    -G-GT-CCTCAG--TT-T-CTCAGC-C-AC--    T 7122
C.GH.86.D205.ALT  C-A-A-CCC-G-AATGCG-GT-GTA-T-CC-C-    C-A-A-CCC-G-AATGCG-GT-GTA-T-CC-C-    -T-AGG-T-T-CA-C-TGTTGGG-GA-A-C-A-T-    T 7130
D.JP.01.MCJ.RR020.1  -A-C-CACAGCAACACCAC--GCCAAC-AC-TC-    -A-C-CACAGCAACACCAC--GCCAAC-AC-TC-    -T-AGG-T-T-CA-C-TGTTGGG-GA-A-C-A-T-    T 6268
G.CI.92.Ab196   -----A-C-A-----TC-A-----GGGA-C-CC-T-    -----A-C-A-----TC-A-----GGGA-C-CC-T-    -GT--CC-TG--GTTT-C-A-A-TAA-ATG-TG-C-CT-    T 6488
AB.CH.03.03CM.510.03  -G-AG-CACACCCCA-AATACC--C-CGG-A-T-C-    -G-AG-CACACCCCA-AATACC--C-CGG-A-T-C-    -CA--AGAGC-CA-A--GG-GGCAGA-A-A--    T 6233
H2.01.AB.CI.90.7312A  CACCC-CACC-CTACACC-CCA-GC-CCA-T-AC-AC    CACCC-CACC-CTACACC-CCA-GC-CCA-T-AC-AC    CA--AGAGC-CA-A--GG-GGCAGA-A-A--    T 7139
H2.01.AB.JP.04.NMC807.20  -G-GC-CAC-CA-ACC-ACCA-CCCT--AC-T-    -G-GC-CAC-CA-ACC-ACCA-CCCT--AC-T-    -A-GGG-CACAC-A-A--GCA-TC-A-C-    T 7121
H2.01.AB.JP.07.NMC716.01  CACT-GCA-C-C-AAAC-C-CA-CTCT-AC-C-    CACT-GCA-C-C-AAAC-C-CA-CTCT-AC-C-    -A-GGGCCACAC-A-A--TC-A-C-    T 7120
H2.01.AB.JP.08.NMC842.10  C-CT-GCA-C-C-AAAC-C-CA-CTCT-CCC-C-    C-CT-GCA-C-C-AAAC-C-CA-CTCT-CCC-C-    -T-C-A-C-C-A-GGC-A-A--TC-C-A-C-    T 7132
U.CI.07.07IC.TNP3  G-----C-A-----G-A--GG-A-G-G-    G-----C-A-----G-A--GG-A-G-G-    -ACAACA-GTC-A-AC-A-G-A-ACAT-A-    T 6920
U.FR.96.12034   -A-A-C-A-----G-A--GG-A-G-G-    -A-A-C-A-----G-A--GG-A-G-G-    -A-TAGCC-AG-ATGCA-A-TC-AGTA-AG-AA-A-    T 6620
MAC.US.x.17EC1  Y-----R-----R-----Y-----    Y-----R-----R-----Y-----    G-----R-----Y-----    T 6181
MAC.US.x.1937   Y-----R-----R-----Y-----    Y-----R-----R-----Y-----    Y-----R-----Y-----    T 6181
MAC.US.x.2065   A-C-A-G-G-C-A-G-ATG-A-A-A-A-A-    A-C-A-G-G-C-A-G-ATG-A-A-A-A-A-    TT-T-----    T 7131
MAC.US.x.25.1A11  A-----T-----T-----A-----    A-----T-----T-----A-----    A-C-A-G-G-C-A-G-ATG-A-A-A-A-A-    T 7073
MAC.US.x.251.32H.PJ5  -A-----T-----T-----A-----    -A-----T-----T-----A-----    A-----T-----T-----A-----    T 7057
MAC.US.x.251.BK28  -A-----T-----T-----A-----    -A-----T-----T-----A-----    A-----T-----T-----A-----    T 6181
MAC.US.x.80035  A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6182
MAC.US.x.81035  A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6115
MAC.US.x.85013   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6152
MAC.US.x.87082   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6175
MAC.US.x.92050   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6182
MAC.US.x.92077   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6182
MAC.US.x.93057   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6167
MAC.US.x.93062   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6169
MAC.US.x.95058   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6038
MAC.US.x.95086   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6171
MAC.US.x.95112   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6182
MAC.US.x.96016   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6174
MAC.US.x.96020   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6186
MAC.US.x.96072   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6184
MAC.US.x.96081   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6182
MAC.US.x.96093   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6177
MAC.US.x.96114   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6071
MAC.US.x.96123   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6167
MAC.US.x.96135   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6050
MAC.US.x.96979   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6050
MAC.US.x.97009   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6038
MAC.US.x.97074   A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----R-----Y-----    A-----R-----Y-----    T 6181
MAC.US.x.MM142.IVMXX  -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6570
MAC.US.x.r80025  -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6038
MAC.US.x.r90131  -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6181
MNE.US.82.MNE.8  -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6543
MNE.US.x.MNE027  -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6546
SMM.CI.79.SIVsmC12  -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6225
SMM.LR.89.SIVsmL1B1  -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6134
SMM.SL.92.SIVsmSL92A  -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6163
SMM.SL.92.SL92B    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6517
SMM.US.04.G078     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6359
SMM.US.04.G932     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6333
SMM.US.04.M919     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6334
SMM.US.04.M922     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6361
SMM.US.04.M923     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6342
SMM.US.04.M926     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6345
SMM.US.04.M934     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6318
SMM.US.04.M935     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6318
SMM.US.04.M940     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6377
SMM.US.04.M946     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6340
SMM.US.04.M947     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6348
SMM.US.04.M949     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6335
SMM.US.04.M950     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6330
SMM.US.04.M951     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6332
SMM.US.04.M952     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6331
SMM.US.05.D215     -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6332
SMM.US.06.FTQ      -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6332
SMM.US.11.SIVsmE660.FL10  -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6374
SMM.US.06.F0212    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    -A-----R-----TC-----ACAACAGCAT-    T 6327
SMM.US.x.F238.H4   -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -CCAACA-CA-A-T-    T 6549
SMM.US.x.H9        -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -CCAACA-CA-A-T-    T 6549
SMM.US.x.PB114.15  -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -CCAACA-CA-A-T-    T 6858
SMM.US.x.PB1A      -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -CCAACA-CA-A-T-    T 6857
SMM.US.x.PB1.143   -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -CCAACA-CA-A-T-    T 6564
SMM.US.x.PB1.6P6   -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -M-----C-----T-----A-----GG-SS-CC-G-    -CCAACA-CA-A-T-    T 7000
SMM.US.x.PGMS3     -A-----C-----T-----G-----GAATGA-T-    -A-----C-----T-----G-----GAATGA-T-    -CCAACA-CA-A-T-    T 7009
SMM.US.x.SME543    -G-----T-----GG-AG-GC-GAG-    -G-----T-----GG-AG-GC-GAG-    -ACAACAACAACAG-G-A-T-A-    T 7085
SMM.x.x.p6660.CG7G  -G-----T-----GG-AG-GC-GAG-    -G-----T-----GG-AG-GC-GAG-    -ACAACAACA-    T-A-A-    T 7068
STM.US.89.STM.37.16  -A-----C-A-----GGGAA-C-GT-----    -A-----C-A-----GGGAA-C-GT-----    -TGA-C--G-G-AG--G-A--GCC-GT-A-A-    T 6717

```

Sequence alignment table with columns for accession numbers, amino acid positions (V1 loop end, V2 loop start), and nucleotide sequences. The table lists various HIV-2/SIV genomes and their corresponding protein sequences, including Env and other viral proteins. The sequences are aligned to a reference sequence, with gaps indicated by dashes.

Table of HIV-2/SIV Complete Genomes alignments. Columns include sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, SMM.US.04.M919), nucleotide sequences (A, G, C, T, -, R, M, M, E, T, Q, T, S, T, W, F, G, F, N, G, G, T, R, A, E, N, R, T, Y, I, Y, W, H, G, R, D, N, R, T, I, I, S, L, N, K, Y, Y, N, L, T, M, K, C, R, R, P, G, N, K, T, V), and accession numbers (e.g., G 7591, G 7643, G 7584, G 7060, G 7051, G 7057, G 7073, G 7048, G 7046, G 7047, G 7116, G 7117, G 7624, G 7622, G 7625, G 7600, G 7630, G 7561, G 7103, G 6667, G 7557, G 7559, G 7543, G 6667, G 6668, G 6601, G 6638, G 6661, G 6668, G 6666, G 6653, G 6658, G 6524, G 6657, G 6668, G 6660, G 6672, G 6670, G 6668, G 6663, G 6557, G 6553, G 6536, G 6536, G 7056, G 6524, G 6667, G 7029, G 7032, G 6708, G 6617, G 6646, G 6997, G 6842, G 6819, G 6841, G 6844, G 6828, G 6837, G 6804, G 6817, G 6860, G 6835, G 6831, G 6818, G 6817, G 6838, G 6817, G 6818, G 6843, G 7555, G 6817, G 7511, G 7038, G 7341, G 7340, G 7053, G 7533, G 7495, G 7568, G 7551, G 7200).

V3 loop end

MAC. US. x. 239	TACCAGTCACCATTATGTCTGGATTGGTTTTCTCACTCACAAACA....ATCAATGATAGGCCAAAGCAGGCATGGTGTTGGTTGGAGGAAAATGGAAGATGCAATAAAAGAGGTGAAGCAGACATTGTCAAACATCCCGGATAT.....ACTGGA...ACT 7713
Env	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 T G G T
A.CI.88.UC2	---A-A-AC---A-CATAGG-T-T-T-GG-GTC---CA-AA-T-GA---C-AA-C-C-T-A-GA-C-GC-G---A-C-CAGG---C---AA---C 7746
A.DE.x.BEN	---A-A-AC---A-A-G-T---T-G---CACAA-T-G---CC---C-G---G-A-C-C-GC-G---A-C-AC---A-C---AA---TC 7795
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-G-A-A-AC-G-A-GAGA-G-T---C-G-GATC---A-A-C---C---C---TG-T---A-A-C-C-GC-G---A-A-C---G---GA---C 7739
A.GH.x.GH1	---A-A-AC-C---A-G-A-G-T---C-G---ATC---ACA-A-T-G-A---C-CAA-C-G---A-C-GC-G---A-A-C---A-A---AC 7212
A.GM.87.D194	---A-A-AC---A-GCGAAG-T-T-T-GG-GTC-TA-CA-AA-TGG---C-CAA-C-C---TA-A-C-GCGG---A-A-C---CA---C 7206
A.GM.x.ISY SBL 6669_85	---A-A-AC-C---ACCGAGA-T---C-GAAGATC---A-AA-C-G-A---CC-CAA-CG-G---G-A-C-GC-G---A-A-C---A-A---AA 7212
A.GM.x.MCN13	---A-A-AC---A-G-AAGG-T---C-G-GGTC---A-AA-C-GA-A---CAA-TG---GA-C-GC-G---G-A-C---CA---AA 7228
A.GM.x.MCR35	---A-A-AC---A-G-AAGG-T---C-G-GGTC---A-AA-C-GA-A---CAA-TG---GA-C-GC-G---G-A-C---CA---AA 7228
A.GW.86.F6 clone NIHZ	---A-A-AT---A-G-TAAG-T---C-G-GTC---A-AA-C-G-A---C-CAA-CG---G-A-C-GC-G---G-A-C---CG---A-A-G 7303
A.GW.87.CANZC6	-G-A-A-AC---A-GCAAGA-T---C-GG-ATC---T-A-A-C-G-A---C-CAA-C-C---CA-A-C-GC-G---A-A-C---CGG-G---AA 7301
A.GW.x.MDS	---A-A-AC---A-A-G-T-T-C-G-G---AGA-A-T-G-A---C-CAA-C-C---G-AGA-C-GC-G---A-G-A---A-A---C---AG 7269
A.IN.07.NNVA	-TA-A-ACA---C-A-C-A-G-T-T-C-G---ACC-A-T-GA-A---C-CAA-C-G---A-C-GC-G---A-A-C---CAG---C---GG 7790
A.IN.95.CR1K 147	C---A-A-AC---A-G-ATAAG-T---T-C-GG-GTA---ACA-A-T-A-A---C-CAA-CCGG---C-C-GC-G---A-A-A-G---CAG---C-G-T 7537
A.JP.08.NMC786 clone 41	-G-A-A-AC-CC-T-A-GGCAAG-T---C-G-GTA---T-ACA-AA-T---C-CAA-CG-G---AA-G-CT-GG-G---AG-A-C---AAAG---GA 7797
A.PT.x.ALI	---A-A-AC---A-G-AA-A-T---C-G---A-A-C-GA-A---CAA-CG---G-A-A-C-GC-G---A-A-C---CA---A 7776
A.SN.85.RDD	A-A-AA-TGC---A-CAT-G-T---C-CTACCAGCCG---A-AA-C-GA-A---C-CAA-C---A-C-GC-G---G-A-C---CA---GA 7244
A.SN.86.ST JSP4_27	---A-A-AC-C---A-G-A-G-T---C-G---AGA-A-C-G-A---C-CAA-CG-G---A-C-G-G---TA-C-CA---AA 7222
B.CI.88.UC1	---A-A-A-C---A-C-AA---T-G-G-T---C-ACC-A-C-GA---T-C---AAG-C-TA-A-C-GG---A-G---CA-A---AA 7767
B.CI.x.20.56	---A-A-A-C---A-GCGAAGA-T---G-GG-TGTT---G-A-C-GA---T-C---AG-C-CA-G-C-G-GG---G-G-GA-G---A 7744
B.CI.x.EHO	-G-A-A-GA-CCG---A-TA-TC-C-T---G-T---A-A-A-T-A-A-T-C---AA-C-CA-A-C-C-GG---AG---AAA-T---A 7754
B.GB.86.D205 ALT	---A-A-GA-CCG---A-C-AC---T---G-T---A-G-A-C-GA-A-T-C---AAG-C-CA-A-C---AAG---CA-A---AA 7765
B.JP.01.IHCJ KR020_1	-G---A-A---A-TC-AA-C-T---G-T---T-C-A-A-C-G-A---C-C-CAC-G-T---G---CA-G---A 6885
G.CI.92.Abt96	---A-T-T---A-GC-A-C---T---T---A-A-A-C-GA---T-C---C---A-C-GC-G---A-G-A-G-G-C---G-C---AA 7126
AB.CM.03.03CM 510 03	---A-A-AC---C-A-C-A-G-T---T-G---CCGC---T-GA---C---A-C-C-CA-A-C-G-G---A-A-C-A-G---A-C---AG 6874
H2 01 AB.CI.90.7312A	---A-A-AC-C---A-G-A-G---T-C-G-T---A-A-A-T-G-A---C---CAA-CG-G---G-A-C-GC-G---A-A-C-A-A---AA 7777
H2 01 AB.JP.04.NNC307_20	---A-A-AC-C---A-G-A-G-T---C-G-C---A-C-A-T-G-A---C---CAA-C-G-G---G-A-C-GC-G---A-C-A-A---T 7752
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01	---A-A-AC-C---A-G-A-G-T---C-G-C---A-C-T-GA-A---C---CAA-C-G-G---G-A-C-GC-G---A-C-A-A---AC 7782
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	---A-A-AC-C---A-G-A-G-T---C-G-C---A-C-T-GA-A---C---CAA-C-G-G---G-A-C-GC-G---A-C-A-A---AC 7782
U.CI.07.07IC TNP3	-G-A-A-AC---A-G-A-T---T-G-T---A-A-C-A-C---A-C-T-G-GT---A-G-C-CG-G---A-G-A-C-G-A---A 7231
U.FR.96.12034	---A---A-C-A-G---T-T-G-T---A-C-AT---A-A-T---T-T-A-GG---CC-G---G-C-C---C-C---CA-T---C 7255
MAC. US. x. 17EC1	-----G-----
MAC. US. x. 1937	-----W-----
MAC. US. x. 2065	-----C-----M-----G-----
MAC. US. x. 251 1A11	-----CA-----
MAC. US. x. 251 32H P35	-----A-----T-----
MAC. US. x. 251 BK28	-----A-----A-----
MAC. US. x. 80035	-----
MAC. US. x. 81035	-----
MAC. US. x. 85013	-----
MAC. US. x. 87082	-----
MAC. US. x. 92050	-----R-----R-----R-----
MAC. US. x. 92077	-----
MAC. US. x. 93057	-----R-----
MAC. US. x. 93062	-----
MAC. US. x. 95058	-----C-----A-----R-----
MAC. US. x. 95086	-----
MAC. US. x. 95112	-----
MAC. US. x. 96016	-----
MAC. US. x. 96020	-----
MAC. US. x. 96072	-----G-----
MAC. US. x. 96081	-----
MAC. US. x. 96093	-----A-----C-----G-----G-----
MAC. US. x. 96114	-----
MAC. US. x. 96123	-----R-----R-----
MAC. US. x. 96135	-----
MAC. US. x. 97009	-----
MAC. US. x. 97074	-----
MAC. US. x. MM142 IVMXX	-----C-----G-----G-----A-----T-----G-----
MAC. US. x. r80025	-----
MAC. US. x. r90131	-----
MNE. US. 82. MNE 8	-----C-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----
MNE. US. x. MNE027	-----
SMM. CI. 79. SIVsmCI2	-G-T-G---C---A-G-A---A-T-T---C-G-T---A-A---A-A-T---G-TG---G---A-G---C-G---G-A-C---C---AG-GGA-C 6863
SMM. LR. 89. SIVsmLIB1	-T-T-T-A---A-A---A-T---T---C-G---A-G-A---A-A-T---AA-GG-G---A-G-T---T-G---A-AG-A---C---A 6798
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	---A-T---C-T-T-G---C---A-G-A---GA-A---C---AA-GG-G---GA-A-T-GG-G---T-A-A---A---C---G 7149
SMM. SL. 92. SL92B	---A-G---C-T-T-G---C---A-G-A---A-C---C---GT---GT---A-G---C-CC-G---A-AG---A-G---A 6994
SMM. US. 04. G078	---A-G---C-T-T-G---C---A-G-A---A-A---C---AA-G-C---GA-GA---C-G-G---C-G---AA-T---A 6971
SMM. US. 04. G932	---A-G---C-T-T-G---C---A-G-A---A-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---G-A---AA-T---A 6993
SMM. US. 04. M919	---A-G---C-T-T-G---C---A-G-A---A-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---G-A---AA-T---A 6996
SMM. US. 04. M922	---A-G---C-T-T-G---C---A-G-A---A-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---G-A---AA-T---A 6996
SMM. US. 04. M923	---A-G---C-T-T-G---C---A-G-A---A-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---G-A---AA-T---A 6980
SMM. US. 04. M926	---A-G---C-T-T-G---C---A-G-A---GA-A---A---AA-GC---A-G---C-CC-G---A-G---C-T-G---A 6989
SMM. US. 04. M934	---A-G---C-T-T-G---G---C---A-G-A---GA-A---A---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---A-G---C-T-G---A 6962
SMM. US. 04. M935	---A-G---C-T-T-G---G---C---A-G-A---GA-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---A-G---C-T-G---A 6972
SMM. US. 04. M940	---A-G---C-T-T-G---G---C---A-G-A---GA-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---A-G---C-T-G---A 6970
SMM. US. 04. M946	---A-G---C-T-T-G---G---C---A-G-A---GA-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---A-G---C-T-G---A 6987
SMM. US. 04. M947	---A-G---C-T-T-G---G---C---A-G-A---GA-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---A-G---C-T-G---A 6983
SMM. US. 04. M949	---A-G---C-T-T-G---G---C---A-G-A---GA-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---A-G---C-T-G---A 6970
SMM. US. 04. M950	---A-G---C-T-T-G---G---C---A-G-A---GA-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---A-G---C-T-G---A 6977
SMM. US. 04. M951	---A-G---C-T-T-G---G---G---A-G-A---GA-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---A-G---C-T-G---A 6970
SMM. US. 04. M952	---A-G---C-T-T-G---G---G---A-G-A---GA-A---C---AA-GT---GT---A-G---C-CC-G---A-G---C-T-G---A 6969
SMM. US. 05. D215	---A-G---C-T-T-G---G---G---A-G-A---T-G-A---C---C-G---C-G---A-G---C-T-G---A 6970
SMM. US. 06. FTQ	-G-T-G-A-C---A-C---C-T-T-G---G---C---A-G-A---GA-A---C---T---GC---A-G---C-CC-G---A-G-A-T-G---G 6995
SMM. US. 11. SIVsmE660 FL10	---A-G---A---G---C---T-T-G---G---C---A-G-A---GA---C---C---GC---A-G---C-CC-G---A-G-A-T-G---G 7707
SMM. US. 86. G3212	---A-G---A---G---C---T-T-G---G---C---A-G-A---GA---C---C---GC---A-G---C-CC-G---A-G-A-T-G---G 6985
SMM. US. x. F250_H4	---A-G---C---T-T-G---G---C---A-G-A---A---C---C---A---GC---AA-G---C-CC-G---A-G-A-T-G---G 7663
SMM. US. x. H9	---A-G---C---T-T-G---G---C---A-G-A---A---C---C---A---GC---AA-G---C-CCG-G---A-G-A-T-G---G 7190
SMM. US. x. PB114_15	---A-G---C---T-T-G---G---C---A-G-A---A---C---C---A---GC---AA-G---C-CC-G---A-G-A-T-G---G 7493
SMM. US. x. PB1A	---A-G---C---T-T-G---G---C---A-G-A---A---C---C---G---AA-G---C-CC-G---A-G-A-T-G---G 7492
SMM. US. x. PB1_143	---A-G---C---T-T-G---G---C---A-G-A---A---C---C---G---AA-G---C-CCG-G---A-G-MAM-T-G---G 7205
SMM. US. x. PB1_6P6	---A-G---C---T-T-G---G---C---A-G-A---A---C---C---G---AA-G---C-CC-G---A-G-MAM-T-G---G 7685
SMM. US. x. PGM53	---A-G---A-C---T-T-G---G---C---A-G-A---A---C---C---GT---GA-G---C-CC-G---A-G-A---A 7647
SMM. US. x. SME543	---A-G---C---T-T-G---G---C---A-G-A---A---C---C---GC---GC---C-CC-G---A-G-A-T-G---G 7720
SMM. x. x. pE660.CG7G	---A-G---C---T-T-G---G---C---A-G-A---A---C---C---GC---A-G---C-CC-G---A-G-A-T-G---G 7703
STM. US. 89. STM_37_16	---A-C---C---T-G---C---T---G-A---A-A-T---C---G---GA-GA---C-CC-G---T-G-A-T-G---A 7352

MAC.US.x.239 Env
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 c1one NIHZ
A.GW.87.CAN2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.JP.08.NMC786 c1one 41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST JSP4_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.TMCJ KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CH.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC387 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10
U.CI.07.07IC TNP3
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H P35
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.81035
MAC.US.x.85013
MAC.US.x.87092
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.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.CT1212
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB114 15
SMM.US.x.PB1A
SMM.US.x.PB105 143
SMM.US.x.PB1 6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.x.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM_37_16

Table of HIV-2/SIV Complete Genomes alignments. Header: AAC...AATACTGATAAAAATCAATTTG...ACGGCTCTGGAGGA...GGAGATCCGGAGTACCTTCATGTGGACAAATGCAGAGGAGAGTTCTCTACTGATAAATGAATTTGGTTCTAAATGGGTAGAAAGATAGGAATACAGCTAACAGAAAG...7863. Rows list accession numbers and their corresponding nucleotide sequences aligned to the reference sequence.

	V5 end	Rev Responsive Element (RRE) start	Env gp120 end_Env gp41 start
MAC.US.x.239GGAACCAAACATAATACACCATGAGTGCAGAGGTGGCAGAAGTGTATCGATTGGAATGGGAGATTAAATAGTAGAGATCACTCCAATTGGCTTGGCCCCACAGATGTGAAGAGGTACACTACT...GGTGCACCTCAAGAAATAAAGAGGGGCTTT8187	
EnvG 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 K R G V F		
A.CI.88.UC2T-G-C-C-T-T-TC-A-T-AG-AA-A-A-TT-CTCG-C-C-AG-G-G-C-T-G-C 8196
A.DE.x.BENAATC-G-CT-T-C-C-T-T-TC-A-T-CA-GA-TT-CTCAACT-AGT-G-G-C-T-G-C 8242
A.GH.x.PE12 KR KRCCG-A-GC-T-T-TC-A-T-TCA-AA-A-A-TT-CTC-CTC-ACAG-G-G-C-T-G-C 8186
A.GH.x.GH1G-A-C-T-T-TC-A-T-GAGA-AA-A-A-TT-CTCG-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8212
A.GM.87.D194T-G-C-C-T-T-TC-A-T-A-A-A-A-TT-CTCG-CTC-AGTG-G-C-T-G-C 8256
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85AT-GG-A-C-T-T-TC-T-CA-AA-A-A-TT-CTC-CTC-AGGG-C-G-T-G-C 8256
A.GM.x.MCN13TA-T-A-T-T-TC-A-T-CA-AA-A-A-TT-CTC-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8256
A.GM.x.MCR35TA-T-AG-T-T-TC-A-T-CA-AA-A-A-TT-CTC-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8256
A.GW.86.F6 clone NIHZAATC-GAC-A-T-T-TC-A-T-TCACAA-A-A-TT-CTC-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8256
A.GW.87.CAN2CGT-G-A-T-T-TC-A-T-CCA-AA-AC-A-TT-CTC-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8256
A.GW.x.MDST-G-A-T-T-TC-A-T-CCA-AA-AC-A-TT-CTC-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8256
A.IN.07.NNVAATA-AT-A-GG-A-T-T-TC-A-T-CCA-AA-AC-A-TT-CTC-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8256
A.IN.95.CR1K 147TC-A-T-T-TC-A-T-CCA-AA-AC-A-TT-CTC-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8256
A.JP.08.NMC786 clone 41AAT-T-G-A-C-T-T-TC-A-T-CCA-AA-AC-A-TT-CTC-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8256
A.PT.x.ALIAAT-T-G-A-C-T-T-TC-A-T-CCA-AA-AC-A-TT-CTC-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8256
A.SN.85.RODGCAAT-AT-C-A-G-C-TT-A-T-GA-A-A-A-TT-CTCAACG-AC-G-G-G-T-AA-G 8229
A.SN.86.ST JSP4_27A-C-G-G-C-TT-A-T-GA-A-A-A-TT-CTCA-CA-AC-G-G-G-T-AA-G 8194
B.CI.88.UC1AAG-TT-TGT-A-T-AG-AA-A-A-TT-CTCA-TG-AC-G-G-G-T-AA-G 8204
B.CI.x.EHOAAC-GTAC-C-TT-TGC-A-T-A-GA-A-A-TT-CTCA-TA-AC-G-G-G-T-AA-G 8204
B.GH.86.D205 ALTAATAAT-TAGGC-A-T-AG-AA-A-A-TT-CTCA-G-AC-G-G-G-T-AA-G 8233
B.JP.01.IHCJ KR020_1TCTAAC-T-A-TTT-CT-A-T-A-A-A-A-TT-CTC-TG-AC-G-A-T-A-G 8233
G.CI.92.Ab196GGAAT-T-GG-A-C-T-T-TC-A-T-TCA-AA-A-A-TT-CTC-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8233
AB.CH.03.03CM 510 03AATA-T-G-G-A-C-T-T-CC-A-T-GA-AA-A-A-TT-CTCTC-AGGG-G-C-T-G-C 8205
H2_01 AB.CI.90.7312AAC-T-G-A-C-T-T-CC-A-T-AA-AA-A-A-TT-CTC-CTC-AGGG-G-C-T-G-C 8232
H2_01 AB.JP.07.NMC716 01AA-T-A-T-TC-A-T-CCA-AA-A-A-TT-CTCA-CA-AC-G-G-G-T-AA-G 8232
H2_01 AB.JP.08.NMC842_10AA-T-A-T-TC-A-T-CCA-AA-A-A-TT-CTCA-TG-AC-G-G-G-T-AA-G 8232
U.CI.07.07IC TNP3AA-T-A-T-TC-A-T-CCA-AA-A-A-TT-CTCA-TG-AC-G-G-G-T-AA-G 8232
U.FR.96.12034AA-T-A-T-TC-A-T-CCA-AA-A-A-TT-CTCA-TG-AC-G-G-G-T-AA-G 8232
MAC.US.x.17EC1			8187
MAC.US.x.1937			7295
MAC.US.x.2065			7293
MAC.US.x.251 1A11			8183
MAC.US.x.251 32H PJ5			8185
MAC.US.x.251 BK28			8169
MAC.US.x.80035			7293
MAC.US.x.81035			7294
MAC.US.x.85013			7297
MAC.US.x.87082			7264
MAC.US.x.92050			7287
MAC.US.x.92077			7294
MAC.US.x.93057			7292
MAC.US.x.93062			7261
MAC.US.x.95058			7281
MAC.US.x.95086			7150
MAC.US.x.95112			7283
MAC.US.x.96016			7294
MAC.US.x.96020			7286
MAC.US.x.96072			7298
MAC.US.x.96081			7296
MAC.US.x.96093			7294
MAC.US.x.96114			7289
MAC.US.x.96123			7183
MAC.US.x.96135			7279
MAC.US.x.97009			7162
MAC.US.x.97074			7156
MAC.US.x.MM142 IVMXX			7682
MAC.US.x.r80025			7150
MAC.US.x.r90131			7293
MNE.US.82.MNE 8			7661
MNE.US.x.MNE027			7664
SMM.CI.79.SIVsmC12AAT TGGC A T T C A T GT CA G G C C G A T A T A T A A A T CT G CAACGC TG C G CCA T A		7340
SMM.LR.89.SIVsmL1B1AAT TG G C C T A T A T A T A A T C ACCA T T A G CCA G		7284
SMM.SL.92.SIVsmSL92AAAC TG G C C T A T A T A T A A T C ACCA T T A G CCA G		7635
SMM.US.04.G078AAT TG G C C T A T A T A T A A T C ACC T T A G CCA G		7480
SMM.US.04.G932AAC TG G C C T A T A T A T A A T C AC CT T A G CCA G		7457
SMM.US.04.M919AAC TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7482
SMM.US.04.M922AC TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7469
SMM.US.04.M926AA TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7478
SMM.US.04.M934GAGAAG ACT T T T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7454
SMM.US.04.M935AC TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7461
SMM.US.04.M940AA TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7507
SMM.US.04.M946ATAAAAAAT AA CT C C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7482
SMM.US.04.M947AAC TGTG C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7466
SMM.US.04.M949AA T G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7441
SMM.US.04.M950AGCAA TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7469
SMM.US.04.M951AA TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7462
SMM.US.04.M952AA TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7458
SMM.US.05.D215AAC TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7456
SMM.US.06.FTQAAC TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7472
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10AAC TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		8196
SMM.US.06.CG3212AA TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7484
SMM.US.x.F258_H4C TA G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		8152
SMM.US.x.H9C TA G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7676
SMM.US.x.PBJ114_15C TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7979
SMM.US.x.PBJAC TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7978
SMM.US.x.PBJ_143C TA G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		7691
SMM.US.x.PBJ_6P6C TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		8171
SMM.US.x.PGM53C TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		8133
SMM.US.x.SME543AAC TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		8209
SMM.x.x.pE660.CG7GAAC TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		8192
STM.US.89.STM_37_16AAT TG G C C T A T A T A T A A T C AC T T A G CCA G		87838

MAC. US. x. 239	GTGCTAGGGTTCCTGGGTTTTCTCGCAACGGCAGGTTCTGCAATGGGCGGGCGTGTGACGCTGACCGCTCAGTCCCAGACTTTATGGCTGGGATAGTGACAGCAACAGCAGCTGTTGGACGGTCAAGAGACAACAAGAATTTGTCGACTGACCGTCTGGGG	8357
Env	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 R L T V W G	
A.CI.88.UC2	-C-	8366
A.DE.x.BEN	-G-A-	8412
A.GH.x.GH1	-G-A-	8356
A.GM.87.D194	-G-A-	8382
A.GM.x.ISY.SBL.6669.85	-G-A-	7826
A.GM.x.MCN13	-G-A-	7832
A.GM.x.MCR35	-G-A-	7839
A.GW.86.F6.clone.NIHZ	-G-A-	7839
A.GW.87.CAN2CG	-G-A-	8424
A.GW.x.MDS	-G-A-	7889
A.IN.07.NNVA	-G-A-	8404
A.IN.95.CR1K.147	-G-A-	8167
A.JP.08.NMC786.clone.41	-G-A-	8414
A.PT.x.ALT	-G-A-	8396
A.SN.85.RDD	-G-A-	7858
A.SN.86.ST.JSP4.27	-G-A-	7842
B.CI.88.UC1	-G-A-	8399
B.CI.x.20.56	-G-A-	8364
B.CI.x.EH0	-G-A-	8374
B.GB.86.D205.ALT	-G-A-	8388
B.JP.01.IMCJ.KR020.1	-G-A-	7505
G.CI.92.Abt96	-G-A-	7773
AB.CH.03.03CM.510.03	-G-A-	7491
H2.01.AB.CI.90.7312A	-G-A-	8403
H2.01.AB.JP.04.NMC307.20	-G-A-	8385
H2.01.AB.JP.07.NMC716.01	-G-A-	8375
H2.01.AB.JP.08.NMC842.10	-G-A-	8402
U.CI.07.07IC.TNP3	-G-A-	7881
U.FR.96.12034	-G-A-	7896
MAC.US.x.17EC1	-G-A-	8357
MAC.US.x.1937	-G-A-	7465
MAC.US.x.2065	-G-A-	7463
MAC.US.x.251.1A11	-G-A-	8353
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-G-A-	8355
MAC.US.x.251.BK28	-G-A-	8339
MAC.US.x.80035	-G-A-	7463
MAC.US.x.81035	-G-A-	7464
MAC.US.x.85013	-G-A-	7397
MAC.US.x.87082	-G-A-	7434
MAC.US.x.92050	-G-A-	7457
MAC.US.x.92077	-G-A-	7464
MAC.US.x.93057	-G-A-	7462
MAC.US.x.93062	-G-A-	7431
MAC.US.x.95058	-G-A-	7451
MAC.US.x.95086	-G-A-	7320
MAC.US.x.95112	-G-A-	7453
MAC.US.x.96016	-G-A-	7464
MAC.US.x.96020	-G-A-	7456
MAC.US.x.96072	-G-A-	7468
MAC.US.x.96081	-G-A-	7466
MAC.US.x.96093	-G-A-	7464
MAC.US.x.96114	-G-A-	7459
MAC.US.x.96123	-G-A-	7353
MAC.US.x.96135	-G-A-	7449
MAC.US.x.97009	-G-A-	7332
MAC.US.x.97074	-G-A-	7326
MAC.US.x.MM142.IVMXX	-G-A-	7852
MAC.US.x.r80025	-G-A-	7320
MAC.US.x.r90131	-G-A-	7463
MNE.US.82.MNE.8	-G-A-	7831
MNE.US.x.MNE027	-G-A-	7834
SMM.CI.79.SIVsmC12	-G-A-	7510
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	-G-A-	7419
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-G-A-	7454
SMM.SL.92.SL92B	-G-A-	7805
SMM.US.04.G078	-G-A-	7650
SMM.US.04.G932	-G-A-	7627
SMM.US.04.M919	-G-A-	7652
SMM.US.04.M922	-G-A-	7652
SMM.US.04.M923	-G-A-	7639
SMM.US.04.M926	-G-A-	7648
SMM.US.04.M934	-G-A-	7624
SMM.US.04.M935	-G-A-	7631
SMM.US.04.M940	-G-A-	7677
SMM.US.04.M946	-G-A-	7652
SMM.US.04.M947	-G-A-	7636
SMM.US.04.M949	-G-A-	7611
SMM.US.04.M950	-G-A-	7639
SMM.US.04.M951	-G-A-	7632
SMM.US.04.M952	-G-A-	7628
SMM.US.05.D215	-G-A-	7626
SMM.US.06.FTQ	-G-A-	7642
SMM.US.11.SIVsmE660.FL10	-G-A-	8366
SMM.US.06.GF3212	-G-A-	7624
SMM.US.x.F250.H4	-G-A-	8322
SMM.US.x.H9	-G-A-	7846
SMM.US.x.PB114.15	-G-A-	8149
SMM.US.x.PB1A	-G-A-	8148
SMM.US.x.PB1.143	-G-A-	7861
SMM.US.x.PB1.6P6	-G-A-	8341
SMM.US.x.PGM53	-G-A-	8303
SMM.US.x.SME543	-G-A-	8379
SMM.x.x.pE660.CG7G	-G-A-	8362
STM.US.89.STM.37.16	-G-A-	8008

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2), nucleotide sequences (A, C, G, T), and alignment scores/positions (e.g., 8524, 8570, 8514).

MAC. US. x. 239	AAGATGGGAGCGAAAGGTTGACTCTTGGAGAAAATAACACGCCCTCTAGAGGAGGCCAAATTAACAAGAAAGAACATGTGTAATTAACAAAAGTTGAATAGCTGGGATGTGTTGGCAATTGGTTGACCTGGCTTCTGGATAAAGTATATAACAATATGGA 8685
Env	Q E W E R K V D F L E E N I T A L L E E A Q I Q Q E K N M Y E L Q K L N S W D V F G N W F D L A S W I K Y I Q Y G
A.CI.88.UC2	-G-A-A-AAA-C-A-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAG-T-A--T--A--A--A--C--A--C--A--A--T--C--C--T--A--C--C--C--A--T--G 8694
A.DE.x.BEN	-G-A--AA-C-A-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGTT--A--A-C--A--T--A--T--A--C--C--T--A--C--C--C--C--A--T--T--G 8740
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-G-A--A-A-C-AAACCG-GA-C-A-G-C-C-GTGAATCGT--A--C--C--A--T--A--T--GC--A--A--A--T--C--C--T--AA-C-C--T--T--G 8684
A.GH.x.GH1	-G-A--AA-C-A-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGTT--A--C--C--A--T--A--T--GC--A--A--A--T--C--C--T--AA-C-C--C--T--G 8160
A.GM.87.D194	-G-A--AAA-CGA-CC--A-C-A-G-C-C-GTCAAAGTT--AC--C--G--A--T--C--C--AC--A--A--T--C--C--T--GA-C-C--C--A--T 8154
A.GM.x.ISY SBL 6669_85	-A-A-AC-AA-CCG--C-A-G-C-C-GT-AA-AGATT--AC--C--G--A--T--GC-G--C--A--A--T--T--C--T--AA-C-C--C--T--T 8160
A.GM.x.MCN13	-A--AG-C-AA-CCG-GA-C-G-C-C-GTCAA-AT--AC-A--G--A--T--C--A--A--T--T--C--T--AA-C-C--C--T--T 8167
A.GM.x.MCR35	-A--AG-C-AA-CCG-GA-C-G-C-C-GTCAA-AT--AC-A--G--A--T--C--A--A--T--T--A-T-C--T--AA-C-C--C--T--G 8167
A.GW.86.F6 c1one NIHZ	-G-A--A--A--CCG-A-C-G-C-C-GTCAAAGT--AC-A--G--A--T--GC--A--A--A--T--AC--C--C--T--CA-C-C--C--G--C--T 8151
A.GW.87.CAN2CG	-G-A--A--A--CCG-A-C-G-C-C-GTCAAAGT--AC--C--G--A--T--GC--A--A--A--T--AC--C--C--T--AA-C-C--C--G--C--T 8752
A.GW.x.MDS	-G-A--A--A--CCG-A-C-G-C-C-GTCAAAGT--AC--C--G--G--AC--GC--A--A--C--A--A--T--AC--C--T--AA-C-C--C--T 8217
A.IN.07.NVVA	-A--A--A--CCG-CA-C-G-C-C-GTCAAAGT--AC--C--G--G--A--T--C--A--A--A--T--C--C--T--AA-C-C--C--T--T 8732
A.IN.95.CRIK 147	-A--A--A--CCG-A-C-G-C-C-GTCAAAGTT--AC--C--G--A--G--GC-T--A--G--T--C--C--T--AA-C-C--C--T--G 8495
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-C-A--A--ACC-AA-CAGT--C-A-G-C-C-GT-AAAAAT--AC-A--C--T--G--A--T--C--A--A--T--C--C--T--AA-C-C--C--GA--T--G 8742
A.PT.x.ALT	-A-A-C-A-CCG-A-C-A-G-C-C-GT-AAA-AGT--ACG--G--A--T--C--C--A--A--T--C--A--C--C--T--AA-CG-C--G--C--T 8724
A.SN.85.RDD	-G-A--AAA-C-A-CCG-A-C-G-C-C-GTAAAAGTT--AC--C--G--A--T--C--C--A--A--A--T--AC--C--T--AA-C-C--C--G--C--T 8186
A.SN.86.ST.JSP4_27	-G-A--A--CGAA-CCG-AA-C-A-G-C-C-GT-AAAAGTT--AC--C--G--A--T--C--C--A--A--A--T--C--C--T--AA-C-C--C--A--T--G 8170
B.CI.88.UC1	-C--AAAGCGA-CA-T--T--C--GT--A--T--G--A--G--G--A--A--A--G--A--A--T--T--T--T--CA-C-C--GGCA-C--CAGG-TA-- 8727
B.CI.x.20.56	-GC-A--GAG--CC--A--T--C--CAAT-AT--A--G--A--G--G--A--T--GC--G--A--A--CAT--T--A--T--T--CA-C-C--GGCA-C--CAGG-TA-- 8692
B.CI.x.EHO	-C-A--A-GC-A-CCG--T--C--AAAT-A--A--G--A--A--G--A--G--A--A--T--GC--G--A--A--CAA--A--T--CA-T--T--CA-C-C--GGCA-C--CAGG-TA-- 8702
C.GP.86.D205 ALT	-C--AAAGC-A-C-T--T--C--GT--GT--A--A--T--G--A--G--A--G--A--A--T--G--G--A--A--A--T--C--T--T--CA-C-C--GGCA-C--CAGG-TA-- 8716
B.JP.01.IHCJ KR020_1	-GC--AAC--CCG--T--T--C--AAAT-AT--A--T--G--A--G--AG--CA-G--G--A--A--C--CA--T--A--T--T--CA-C-C--GGCA-C--CAGG-TA-- 8733
G.CI.92.Ab196	-A--AAAGC--A--CA--T--T--G--C--C--CGG--AT--A--A--G--A--A--T--G--G--A--A--T--G--G--A--A--A--T--T--A--T--T--CA-C-C--G--T--G--T--C--TA--C 8113
AB.CM.03.03CM 510 03	-GC-A--A--G--CCG-GA-C-A-G-C-C-GTCAAA-TT--AC--G--A--A--T--G--G--A--A--A--T--T--CA-C-C--GGCA-C--CAGG-TA-- 8719
H2_01_AB.CI.90.7312A	-C-A--AAA-C-AA-CCG-GA-C-G-C-C-GT-AAAAGT--AC--C--G--A--T--G--G--A--A--A--T--T--C--C--T--AA-C-C--C--G--C--T--G 8731
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-C-A--AA-C-AA-CCG-A-C-A-G-C-C-GTCAAAGTT--AC--C--G--A--T--G--G--A--A--A--T--T--C--C--T--AA-C-C--C--G--C--T--G 8733
H2_01_AB.JP.07.NMC176_01	-C-A--AA-C-AA-CCG-A-C-A-G-C-C-GTATAAGTT--AC--C--G--A--T--G--G--A--A--A--T--T--C--C--T--AA-C-C--C--G--C--T--G 8703
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-C-A--AAC-C-AA-CCG-A-C-A-G-C-C-GT-AAAAGT--AC--G--C--G--A--T--G--G--A--A--A--T--T--C--C--T--AA-G-C--C--A--T--G 8730
U.CI.07.07IC TNP3	-A--AGT--A-AA-AGA--G--T--T-T-AT-G--A--A--T--C--G--A--A--T--C--G--A--A--A--A--A--C--T--C--A--T--A-C-C--G--A--G--T--C--TA-- 8209
U.FR.96.12034	-A--GA--GA-A--C--CAG-AT--A-CA-T--A--A--A--A--T--G--A--A--A--A--A--C--T--C--T--CA-C-A--G--T--A--G--T--C--TA-- 8224
MAC.US.x.17EC1G.....A.....
MAC.US.x.1937G.....R.....
MAC.US.x.2065G.....A.....
MAC.US.x.251.1A11G.....
MAC.US.x.251.32H.P35G.....
MAC.US.x.251.BK28G.....
MAC.US.x.80035R.....
MAC.US.x.81035R.....
MAC.US.x.85013R.....
MAC.US.x.87082R.....
MAC.US.x.92050R.....
MAC.US.x.92077R.....
MAC.US.x.93057R.....
MAC.US.x.93062G.....
MAC.US.x.95058G.....
MAC.US.x.95086G.....
MAC.US.x.95112G.....
MAC.US.x.96016G.....
MAC.US.x.96020G.....
MAC.US.x.96072G.....
MAC.US.x.96081G.....
MAC.US.x.96093G.....
MAC.US.x.96114R.....
MAC.US.x.96123R.....
MAC.US.x.96135R.....
MAC.US.x.97009G.....
MAC.US.x.97074G.....
MAC.US.x.MM142.IVMXXG.....G.....G.....A.....
MAC.US.x.r80025G.....G.....G.....A.....
MAC.US.x.r90131G.....G.....G.....A.....
MNE.US.82.MNE.8G.....G.....TT--A--A--A--A--A--A--G.....G.....C.....
MNE.US.x.MNE027G.....G.....TT--A--A--A--A--A--A--G.....G.....C.....
SMM.CI.79.SIVsmC12	---A---AAT--A-CAGAGATC--G-C-CT--AATCAT-G--A--A--A--A--T--G-G--A-A--A--A--C--T-TATA--G-C-A---CT-TATA--G 7838
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	---A---AA-G--G--C-T-G-C-CA-AT--A-A--A--A--A--T--G-G--A-A--A--C--T-TATA--G-C-A---CT-TATA--G 7747
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	---A---AA-G--G--C-T-G-C-CTGA-GT--A-A-C--G-C-A-G--A--T--G-A-A--A--C--G-A-C--G-TG-- 7782
SMM.SL.92.SL92B	---A---AA--A--A-C-A-G-C-TCAA-GT-G--A--G-C-A-G--A--T--G-G--A-A--A--A--A--A--C-C-G-GA-C--G-- 8133
SMM.US.04.G078	---A---A--C--ATC-A-G-C-T-AGA-GT-G--A--A-G-C-A--A--T--G-G--A-A--AG-A--A--A--A--C-C-G-GA-C--G-- 7978
SMM.US.04.G932	---A---AAA--A--TC-A-G-C-T-CTAA-GT--A-A--G-C--A--T--G-G--A--A--A--A--T--T--C--C--GA--G-- 7955
SMM.US.04.M919	---A---AA--C--CA-C-A-G-C-TCAAT-AT-G--A--A--G--A--T--G-G--A--A--A--A--C--A--A--G--T-- 7980
SMM.US.04.M922	---A---AA--C--CA-C-A-G-C-TCAAT-AT-G--A--A--G--A--T--G-G--A--A--A--A--C--A--A--G--T-- 7980
SMM.US.04.M923	---A---AAA-C--GA--C-A-G-C-TCAAT-AT-G--A--A--G--A--T--G-G--A--A--A--A--T--AA--GA-- 7967
SMM.US.04.M926	---A---A--TC-A-G-C-TA-G--A--A--G--A--T--G-G--A--A--C--A--A--C--GA-- 7976
SMM.US.04.M934	---A---A--TC-T-G-C-TA-G--A--A--G--A--T--G-G--A--A--C--A--C--A--C--GA-- 7952
SMM.US.04.M935	---A---AA-GC--TC-A-G-C-TCAAT-AT-G--A--A-G-G-C--G--A--T--G-G--A--A--A--A--C--CA--G--GA--G-- 7959
SMM.US.04.M940	---A---A--TC-A-G-C-CITG-AT--A--G-GG-C--A--T--G-G--A--A--AG--A--C--A--C--A--C-- 8005
SMM.US.04.M946	---A---A--TC-T-G-C-TTGT-AT--A--G-GG-C--A--T--G-G--A--A--A--A--C--A--C--A--C-- 7980
SMM.US.04.M947	---A---AA-C--CA-C-A-G-C-TCAAT-GT-G--A--A--G--A--T--G-G--A--A--A--A--C--A--GA-- 7964
SMM.US.04.M949	-GC--A--C--TC-A-G-C-C-G-AT-G--A--A-G-G-C--A--TC--G-G--A--A--A--A--C--A--C--GA--G-- 7939
SMM.US.04.M950	---A---A--C--T-C-G-C-TA-GT--A--G-GG-C--A--T--G-G--A--A--A--A--C--A--C--GA--G-- 7967
SMM.US.04.M951	---A---A--C--TC-A-G-C-CITGT-AT--A--G-GG-C--A--T--G-G--A--A--A--A--C--A--C--GA--G-- 7960
SMM.US.04.M952	---A---A--C--TC-T-G-C-TTGT-AT--A--G-GG-C--A--T--G-G--A--A--A--A--C--A--C--GA--G-- 7956
SMM.US.05.D215	---A---AA-C--T-TC-A-G-C-T-CAAA-G--A--A--G--A--T--G-G--A--A--C--A--C--GA--C--G-- 7954
SMM.US.06.FTQ	---A---AA-C--A-CT-A-C-A-G-C-T-CAG-AT-G--A--A--A--T--T--G--A--A--T--C--CA-G-A--G--A--G--CT-T-TC-- 7970
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	---A---AA-C--TC-A-G-C-TCAAT-AT--A--A--G--A--T--G--G--A--A--A--C--A--C--T--CA-C--G--GA-- 8694
SMM.US.06.GJ3212	---A---AA-C--ATC-A-G-C-TCAAT-AT--A--A--G--A--T--G--G--A--A--A--C--A--C--T--CA-C--G--GA-- 7952
SMM.US.x.F256_H4	---A---AA-C--GA--C-A-G-C-TCAAT-AT--A--A--G--A--T--G--G--A--A--A--C--A--C--GA--G-- 8650
SMM.US.x.H9	---A---AAA-C--GA--C-A-G-C-TSAAATYAT-G--A--A--G--AM-T--G--A--A--SK-N-T-Y--K--A--Y--A--A-- 8174
SMM.US.x.PBJ14_15	---A---AAA-C--GA--C-A-G-C-TCAATCAT-G--A--A--G--A--T--C--G--A--A--A--T--A--A--A--A-- 8477
SMM.US.x.PBJA	---A---AAA-C--GA--C-A-G-C-TSAAATYAT-G--A--A--G--AM-T--C--G--A--A--SK-N-T-Y--K--A--Y--A--A-- 8476
SMM.US.x.PB05_143	---A---AAA-C--GA--C-A-G-C-TCAATCAT-G--A--A--G--A--T--C--G--A--A--SK-N-T-Y--K--A--Y--A--A-- 8189
SMM.US.x.PBJ_6P6	---A---AAA-C--GA--C-A-G-C-TCAATCAT-G--A--A--G--A--T--C--G--A--A--SK-N-T-Y--K--A--Y--A--A-- 8609
SMM.US.x.PGM53	---A---AA-C--GA-C-A-G-C-TCAGGCAT-G--A--A--G--A--T--G--A--A--T--A--A--G--T--A--A-- 8631
SMM.US.x.SME543	---AG--C--A-G-C-TCAAT-AT--A--A--G--A--T--G--A--A--A--C--A--C--A--GA--T-- 8707
SMM.x.x.pE660.CG7G	---AA-C--C-A-G-C-TCAAT-AT--A--A--G--A--T--G--A--A--A--C--A--C--A--GA--T-- 8690
STM.US.89.STM_37_16	-G-A--A--A--TC-T-G-C--CAA-GT--A-A-T--G--G--A--T--G-G--AC-A--A--A--A--C--G--GA-C-- 8336

Tat end

MAC.US.x.239	AGACGGTGGAGAGGGCGTGGCAACAGCTCTGGCTTGGCAGATAGATAATTCATTCTCGATCCGCAACTGATACGCCTTGGACTTGGCTATTGACGAACTCGACAACCTTGCTATCGAGATATACAGATCTCCAACCAACTCCAGAGGCTCTCGCA	9025
Env	D G G E G G G N S S W P W Q I E Y I H F L I R Q L I R L L T W L F S N C R T L L S R V Y Q I L L Q P I L Q P I L Q R L L S A	
Tat exon 2	E T V E R R A V A T A P G R * R	
Rev exon 2	R R W R R R W A Q L L A L A D R I Y S F P D P P T D T P L D L A I Q Q L N L A I E S I P D P P T N T P E A L C D	
A.CI.88.UC2	CC C C A A T GA T C A C C A GC A T G C T T G A A T GGA A C CGCGAAC C C C G G G TG CTC AT	9024
A.DE.x.BEN	TC GC A A TT GA TG CA A C G G A T CT TC TCG A A T GA A C AGAC C C C G G G TG CTC T	9070
A.GH.x.PE12_KR_KRCG	CC A CA AT AG G CA C A G A T G T CG A A GT AGGA A C C GAGC T C C G G T CTC T	9024
A.GH.x.GH1	ACA C A A TT GA TG A C A C A A A T T CT CG A AG T GA A C CGAAC C C C A G TG CTC AT	8490
A.GM.87.D194	CC C A A TTT G TG CAC A C C A A A T T CT CG A A G GGG A C CGAAC C C C G G G TG CTC T	8484
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	T GA C A T A G A C A C C A A T T G C A A A A G GGA A C C C T T C A A A G T T TCAGAC G	8478
A.GM.x.MCN13	T A CAA T AG G C AG A A A G T G C A A A T G A A C GA C C T C G G G T T TCAGAC G	8507
A.GM.x.MCR35	T A CAA T AG A TG A C AG A A A G T G C A A A T G A A C GA C C T C G G G T T TCAGAC G	8507
A.GW.86.FG_c1one_NIHZ	T AGCAA AG A T C C A A A T TG T CG A A T GGA A C C GA C C C C G G T T TCAGAG G	8491
A.GW.87.CAM2CG	T GCAA AG A T C C C A A A T G C C G A A A T G A A C GA C C T C C C C T AT	9082
A.GW.x.MDS	T GCAA AG A T C C C A A A T TG T G C A A G A A G GGA A C C GA C C T C C C T AT	8547
A.IN.07.NMVA	T CAA AT A T C C C C A A T TG T T G C A A A A G AGGA A C C GAGC T T C C C T AT	9062
A.IN.95.CR1K_147	T CAA TT A T A C C C C A A T TG A T G C A A A A G AGGA A C C GAGC T T C C C T AT	8825
A.JP.08.NMC786_c1one_41	T CAA T AG TG C AG A A A G T G C A A A GAG T G G A C C GA C C T C G G T T TCAGAG G	9063
A.PT.x.ALI	T CAA T GG A TG C C C C T A A T TG AGCT TCG G A T GGA A C C GA C C C C G G T T TCAGAG G	9064
A.SN.85.ROD	T AGCAA AG A A C C C C A A T G T C A A A T GGA A C C GAGC T T C T C T A T TCAGAG G	8516
A.SN.86.ST_JSP4_27	T A CA T AG AT GG C C AG A A A T G T A CA A A T GGA A C C GAGC T T C T C T C T TCAGAG G	8510
B.CI.88.UC1	C A A C C A A G CTT A T T C C C C C T T G GAA T G A A G G G A A G T AGACC C A A G C A	9054
B.CI.x.20_56	C A A G A G ATT A T T C C C C C T T G GAA T G A A G G G A A G T AGACC C A A G C A	9019
B.CI.x.EH0	A C A A AG T A T C C C C C C T T G GAA T G A A G G G A A G T AGACC C A A G C A	9029
B.GH.86.D205_ALT	G A C A G A T A C C C C C T AC G G G GAA A T A A G G A A G T AGACC T A A C A C TCAACC AT CAA	9052
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	G A C A AG A T A CAG C C C C T G G GAA A T A A G G A A G T AGACC T A A G A G T AGA C T ACC	8160
G.CI.92.Abt96	AA C A A A T A T M G AGGGAA A A G A C GA CYT CT G G T A AA CAG 8453	
AB.CM.03.03CM_510_03	G A C A G A T A T C C G T C G G GAA A T A A G G A A G T AGACC C A A G T A 8146	
H2_01_AB.CI.90_7312A	G A C A G G T A T C C C C C A T G G GAA T A GA GG A A G T AGACC T A C G C T A 9058	
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	G A AGC A AG T A T C C C C C A T G G GAA T G A G AAGG AGACC T A T G C T GA 9040	
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	G A AGC A AG T A T C C C C C A T G G GAA T G A G AAGG AGACC T A A G C T GA 9030	
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	G A AGC A AG T A T C C C C C A T G G GAA T G A G AAGG AGACC T A C C T GA 9057	
U.CI.07.071C_TNP3	C A A T T A T A A G C A C A A G T T G T G C A G A C T G G G G C T G A G 8540	
U.FR.96.12034	G C C A T T A T A T A G A A G T G G A G C A T G G G A T G G G T G T C 8554	
MAC.US.x.17EC1		9025
MAC.US.x.1937		9013
MAC.US.x.2065		8131
MAC.US.x.251_1A11		9021
MAC.US.x.251_32H_PJ5		9023
MAC.US.x.251_BK28		9007
MAC.US.x.80035		8131
MAC.US.x.81035		8132
MAC.US.x.85013		8065
MAC.US.x.87082		8102
MAC.US.x.92050		8125
MAC.US.x.92077		8132
MAC.US.x.93057		8130
MAC.US.x.93062		8099
MAC.US.x.95058		8119
MAC.US.x.95086		7988
MAC.US.x.95112		8121
MAC.US.x.96016		8132
MAC.US.x.96020		8124
MAC.US.x.96072		8136
MAC.US.x.96081		8134
MAC.US.x.96093		8132
MAC.US.x.96114		8127
MAC.US.x.96123		8021
MAC.US.x.96135		8117
MAC.US.x.97009		8000
MAC.US.x.97074		7994
MAC.US.x.MH142_IVMXX		8520
MAC.US.x.r80025		7988
MAC.US.x.r90131		8131
MNE.US.82.MNE_8		8499
MNE.US.x.MNE027		8502
SMM.CI.79.SIVsmCI2		G 8169
SMM.LR.89.SIVsmLIB1		A AAG 8087
SMM.SL.92.SIVsmSL92A		A TAAGCC 8122
SMM.SL.92.SL92B		A A 8473
SMM.US.04.G078		A A 8318
SMM.US.04.G932		A ACAAAG 8295
SMM.US.04.M919		A TCA 8320
SMM.US.04.M922		A CTT 8320
SMM.US.04.M923		A AAG 8307
SMM.US.04.M926		A TCA 8316
SMM.US.04.M934		A A G 8292
SMM.US.04.M935		A TCT 8299
SMM.US.04.M940		A A 8345
SMM.US.04.M946		A TC G 8320
SMM.US.04.M947		A TAA 8304
SMM.US.04.M949		A A G 8320
SMM.US.04.M950		A TC 8307
SMM.US.04.M951		A A 8300
SMM.US.04.M952		A T AG 8296
SMM.US.05.D215		A AAG 8294
SMM.US.06.FTg		A CAGAG 8310
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10		A AA 9034
SMM.US.86.CFU212		A CAGTG 8292
SMM.US.x.F236_H4		A AA 8990
SMM.US.x.H9		A 8514
SMM.US.x.PB114_15		A AAG 8817
SMM.US.x.PBJA		A AAG 8817
SMM.US.x.PBJ_143		A AAG 8529
SMM.US.x.PBJ_6P6		A AAG 9009
SMM.US.x.PGM53		A 8967
SMM.US.x.SME543		A AAG 9047
SMM.x.x.pE660.CG7G		A AA 9040
STM.US.89.STM_37_16		A CAG 8676

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, Env, Nef, Rev exon 2) and sequence alignments. The alignment is shown in a grid format with gaps represented by dashes. The table is divided into 'Rev end' and 'Nef start' regions. The rightmost column contains accession numbers ranging from 9189 to 8843.

MAC.US.x.239	Env	Env gp41, gp160 end	9354
Nef	L A I P R R I R O G L E L L L L *	S Q S P P G G L D K G L E 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 D D I D E *	
A.CI.88.UC2	-G--A--C--G--G--AGCA-AA--G-C--C--	..C-G--TCGG--G-T--C--C--C--	..AATG--AG--C--G--GAGT--AGC--G--G--TCTG--9351
A.DE.x.BEN	-G-T-A-A-A-C--G--G--AGCA-A--G-C--C--	..C-G--TC--G--G--T--C--C--GC--	..AAC--A--C--G--GATTTG--T--GC--G--G--TCTG--9397
A.DE.x.PE1Z KR KRCC	-T--G-T-A-A-C--G--G--GCA-A--TG-C--C--	..CGG--TC-A--G--T--C--C--C--	..A-C--GA--G--GG--AC--TTG--T--AGC--G--G--CAG--9353
A.GH.x.GH1	-G--A--A--C--G--G--GCA-AA--G-C--C--	..C-G--TCGG--G-T--TC--C--C--	..G--AAT--AG--C--G--AAGTT--AGC--G--G--TCTAG--8817
A.GM.87.D194	-G--A--A--C--G--G--AGCA-AA--G-C--C--	..C-G--TC--G--G--TC--C--C--	..A-C--ATAG--GC--G--AATT--T--AGC--G--G--TCTG--8811
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-G-T-AC-A-A-C--G--G--AGCA-AA--TG-C--C--	..AAC--A--AG--G--GA--T--G--GC--	..AAC--A--AG--G--GA--T--G--GC--G--TCAG--8796
A.GM.x.MCN13	-T--G--A--A--A--C--G--G--AGCA--A--G-C--C--A	..CGG--TC--G--G--C--T--C--C--A	..AA--A--G--G--GA--TTG--AGC--GA--G--TC--G--8836
A.GM.x.MCR35	-T--G--A--A--A--C--G--G--AGCA--A--G-C--C--A	..CGG--TC--G--G--C--T--G--A--C	..AA--A--G--G--GA--TTG--AGC--GA--G--TCAG--8836
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-T--G--AC-A--C--G--G--AGCA--A--G-C--C--	..CG--TC--G--G--G--T--G--A--C	..A-C--A--G--G--GA--TTG--A--C--G--G--CTAG--8820
A.GW.87.CAM2CG	-T--GG--A--A--C--G--G--AGCA--A--G-C--C--	..CG--TC--G--G--G--C--T--C--	..A-C--G--GA--G--AAT--T--GC--G--G--TCAG--9400
A.GW.x.MDS	-GG--A--A--C--G--G--GCA--A--G-C--C--	..C-G--TC-A--A--GG-C--TC--	..AAC--AG--G--G--GATT--T--C--G--G--TCAG--9865
A.IN.07.NNVA	-GG-T-A-A-A-C--G--G--GCA--A--G-C--C--	..G-C--GA--TC--C--G--CGC--G--CCGC	..G-T--CATCA--C--GAGAGACCG--CG--TTGGTAT--GGG--GC--G--ACAA--GG--G--TCAG--8880
A.IN.95.CRIK 147	-G--A--A--C--G--G--GCA--A--G-C--C--	..C--TC-A--A--GG-C--TC--	..AAC--A--A--GG--GACTT--AGC--G--G--TCAG--1443
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-T--G--A--A--C--G--G--GCA--A--G-C--C--	..CGG--TC--G--G--C--C--C--	..C--G--GATT--AGA--C--GG--AAG--AGC--G--G--CAG--9437
A.PT.x.ALI	-T--G--A--A--C--G--G--GCA-AA--TG-C--C--	..CGG--TC--G--G--T--T--C--	..AAC--A--G--GA--TTG--AGC--G--G--TTAG--9393
A.SN.85.RDD	-GG-T-A-A-A-C--G--G--AGCA-AA--G-C--C--	..G-C--G--TC--G--G--C--T--C--	..AGG--A--C--A--G--G--AATTTG--GC--G--TCAG--8834
A.SN.86.ST J5P4_27	-T--G--A--A--C--G--G--GCA-AA--G-C--C--	..G-CGG--TC-A--G--T--T--C--	..GC--A--G--GAGA--GGCT--G--AGC--G--TCAG--8836
B.CI.88.UC1	A--G--A--C--A--A--G-C--C--	..GC--	..ATGC--AGA--C--AG--G--G--G--GC--G--CA--GT--G--9315
B.CI.x.20 56	A--GG--A--C--A--A--G-C--C--A	..GC--	..TGCC--A--GAC--A--G--G--G--GC--G--AA--A--GT--G--9280
B.CI.x.EH0	A--T--A--C--A--C--A--G-C--C--	..A--	..AG--CTTTG--GA--C--AG--G--G--G--GC--G--TCA--GGAT--G--9290
B.GH.86.D205 ALT	A--G--A--C--A--C--A--G-C--C--	..GC--	..TGCT--GA--C--C--AG--G--G--G--GC--G--GGG--A--A--GT--AG--9313
B.JP.01.IMCJ KR020_1	G--G--G--C--A--A--G-C--C--	..GC--	..TGCT--GA--C--C--AG--G--G--G--GC--G--GGG--A--A--GT--AG--8421
G.CI.92.Abt96	A--G--A--A--C--G--	..A--G--AC--CG--T--A--T--C--	..AAC--A--C--G--G--GY--G--AT--G--AGTG--8782
AB.CM.03.03CM 510 03	-G--A--A--C--G--A--A--G-C--C--	..A--	..ATGC--TG--GG--C--AG--G--G--G--GC--G--GCA--A--GT--G--8404
H2 01 AB.CI.90.7312A	A--G--A--A--C--G--A--A--G-C--C--	..A--	..CCGC--GA--C--AG--G--G--G--GC--G--C--A--G--AGAT--G--9319
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	A--G--A--A--C--G--A--A--G-C--C--	..A--	..ACCG--GG--C--AG--G--G--G--GC--G--C--A--A--AGAT--G--9301
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	G--A--A--C--A--A--G-C--C--	..A--	..ACGCT--GG--C--AG--G--G--G--GC--G--C--A--A--AGAT--G--9291
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	A--A--A--C--A--A--G-C--C--	..A--	..ACCG--GG--C--AG--G--G--G--GC--G--C--A--A--AGATA--AG--9318
U.CI.07.07IC TNP3	-G--A--G--AT--A--TG-C--C--A	..GC--T-G-G-A--G--TC--C--G--	..A--G--AG--G--GC--AA--T--C--G--C--G--AGTG--8869
U.FR.96.12034	-GA--T--A--A--C--G--AT--G--T--	..A-CTCAGGGC--AGGC--T-G-G-A--G--TC--A--T--C--	..AAC--G--A--T--CA--T--AGC--G--AG--8878
MAC.US.x.17EC1			..9354
MAC.US.x.1937			..8462
MAC.US.x.2065			..8460
MAC.US.x.251 1A11			..9350
MAC.US.x.251 32H P35			..9352
MAC.US.x.251 BK28			..9336
MAC.US.x.80035			..8460
MAC.US.x.81033			..8461
MAC.US.x.85013			..8394
MAC.US.x.87082			..8431
MAC.US.x.92050			..8454
MAC.US.x.92077			..8461
MAC.US.x.93057			..8459
MAC.US.x.93062			..8428
MAC.US.x.95058			..8448
MAC.US.x.95086			..8317
MAC.US.x.95112			..8450
MAC.US.x.96016			..8461
MAC.US.x.96020			..8453
MAC.US.x.96072			..8463
MAC.US.x.96081			..8463
MAC.US.x.96093			..8461
MAC.US.x.96114			..8456
MAC.US.x.96123			..8350
MAC.US.x.96133			..8446
MAC.US.x.97009			..8329
MAC.US.x.97074			..8323
MAC.US.x.MM142 IVMXX			..8849
MAC.US.x.r80025			..8317
MAC.US.x.r90131			..8460
MNE.US.82.MNE 8			..8828
MNE.US.x.MNE027			..8831
SMM.CI.79.SIVsmCI2			..8498
SMM.LR.89.SIVsmLIB1			..8410
SMM.SL.92.SIVsmSL92A			..8434
SMM.SL.92.SL92B			..8805
SMM.US.04.6078			..8647
SMM.US.04.6932			..8624
SMM.US.04.M919			..8649
SMM.US.04.M922			..8635
SMM.US.04.M923			..8636
SMM.US.04.M926			..8645
SMM.US.04.M934			..8621
SMM.US.04.M935			..8638
SMM.US.04.M940			..8680
SMM.US.04.M946			..8649
SMM.US.04.M947			..8633
SMM.US.04.M949			..8614
SMM.US.04.M950			..8636
SMM.US.04.M951			..8635
SMM.US.04.M952			..8625
SMM.US.05.D215			..8620
SMM.US.06.FT0			..8639
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10			..9363
SMM.US.86.CFU212			..8621
SMM.US.x.F236_H4			..9319
SMM.US.x.H9			..8843
SMM.US.x.PBJ14 15			..8846
SMM.US.x.PBJA			..9146
SMM.US.x.PBJ 143			..9145
SMM.US.x.PBJ 6P6			..8838
SMM.US.x.PGM53			..9338
SMM.US.x.SME543			..9291
SMM.x.x.pE660.C67G			..9376
STM.US.89.STM 37_16			..9359

MAC. US. x.239 Nef	AGATGATGAC...TTGGTAGGGGTATCAGT...AGGCCAAAGTTCCTCAAGAACAATGAGTTACAATTGGCAATAGACATGCTCATTTTATAAAAAGAAAGGGGGGACTGGAAAGGATTTATTACAGTGCAGAAAGACATAGAATCTTAGACATATACTAGAAA 9158	3' LTR U3 start
D D D L V G V S V R P K V P L R T M S Y K L A I D M S H F I K E K G G L E G I Y Y S A R R R H R I L D I Y L E		
A.CI.88.UC2	T - A - CAA - G - A - T - T - T - CAT - G - A - A - C - CC - G - T - A - G - T - A - AGGGAT - C - T - G - C -	9515
A.DE.x.BEN	T - A - CAA - G - A - T - T - T - CAT - G - A - A - GG - GA - CC - T - G - T - A - A - C - T - A - AGG - G - C - T - G - C -	9561
A.DE.x.PE12 KR KRCC	TA - A - CAA - G - A - CC - T - C - CA - G - A - AT - GG - CA - T - G - G - T - A - A - C - T - A - AG - T - A - G -	9517
A.GH.x.GH1	T - A - CAA - G - A - T - T - T - CA - G - A - T - G - G - C - T - G - T - A - G - AA - T - G - T - G - T - AGGAT - C - T - G - C - T -	9458
A.GM.87.D194	T - A - CAA - G - A - TC - T - T - T - G - A - G - G - GA - CC - T - C - G - T - A - A - G - A - A - T - A - T - AGGGAG - C - T - G - T - C -	8975
A.GM.x.ISY SBL 6669_85	T - A - CAA - G - A - C - T - AC - T - G - A - A - AT - G - G - T - CA - T - G - A - G - T - AG - A - T - T - G - T - A - AG - C - T - G - T - C -	8960
A.GM.x.MCN13	T - A - CAA - C - T - C - CA - G - A - A - GA - T - CAC - T - G - A - TG - A - A - T - G - T - A - AG - C - T -	9000
A.GM.x.MCR35	T - A - CAA - AA - C - T - C - CA - G - A - A - GA - CAC - T - G - A - T - G - T - A - A - T - G - T - A - AG - C - TA -	9000
A.GW.86.F6 clone NIHZ	T - A - CAA - AT - CC - T - C - CA - G - A - AT - C - CA - T - G - T - A - G - T - A - C - G - T - T - CAG - C - T - C - C -	9383
A.GW.87.CAN2CG	T - A - CAA - G - A - C - T - C - CA - G - A - A - G - CA - T - G - T - A - A - A - C - G - T - A - C - G - T -	9564
A.GW.x.MDS	T - A - CAA - ATAC - T - C - CA - G - ACA - A - G - G - CA - T - G - T - A - A - A - T - G - T - A - AG - C - T -	9029
A.IN.07.NNVA	T - A - CAA - A - CC - T - C - CAT - GGACA - AA - G - GGA - CC - T - G - T - A - A - T - G - T - A - AG - GAGA - A - TT -	9544
A.IN.95.CR1K 147	T - A - CAA - A - T - T - C - CA - GG - A - A - G - CA - T - G - A - T - G - T - A - A - T - G - T - A - AG - C - T -	9274
A.JP.08.NMC786 clone 41	T - A - TAGCC - A - T - TC - T - T - CAA - G - A - AA - G - CA - T - G - T - G - T - A - A - A - T - G - T - A - AGGGAG - C - C - G - C -	9549
A.PT.x.ALI	T - A - TAGCC - A - C - T - C - CA - G - A - AAT - G - CA - T - G - T - A - A - A - G - T - A - A - T - G - T - A - AG - C - G -	9560
A.SN.85.RDD	T - A - CAA - A - A - T - T - C - CA - G - A - A - C - CAC - T - G - G - T - A - A - A - AC - G - G - T - A - A - G - A - T -	8998
A.SN.86.ST JSP4_27	T - A - CAA - C - T - C - CA - G - A - AT - GA - CA - T - GG - G - T - A - G - C - G - AT - G - G - G - C - A - T -	9000
B.CI.88.UC1	TA - A - G - C - AT - A - A - C - TAGG - A - G - T - CA - GA - C - T - AG - C - T - AG - AC - C - TC - G -	9473
B.CI.x.20 56	T - A - G - A - CC - AT - A - A - C - GTAAG - A - G - G - CA - T - G - G - T - T - A - C - TC - AG - AC - T - C - TC - G -	9438
B.CI.x.EH0	CA - A - G - CCGT - A - A - CGGG - C - A - G - GC - CA - T - C - A - G - T - T - A - A - TC - T - AG - G - A - AC - T - C - TC - G -	9448
B.GH.86.D205 ALT	CA - A - G - A - CCAT - TGTAAG - CC - T - A - G - C - CA - T - C - A - G - T - A - G - C - T - AG - C - T - G -	9474
B.JP.01.MCJ KR020_1	TA - A - G - A - C - AT - A - A - C - TAGG - A - G - C - CA - T - G - G - C - C - A - G - G - C - T - AG - C - T - AC - C - TC - G -	8379
G.CI.92.Abt96	T - A - A - A - C - AT - C - TAC - C - C - G - GT - C - C - G - A - A - A - A - C - C - C - C - T - G -	8946
AB.CH.03.03CM 510 03	C - A - G - A - CC - AT - A - A - C - GTAGG - A - G - C - CA - ACA - C - T - A - G - A - C - T - T - G -	8562
H2 01 AB.CI.90.7312A	CA - A - G - A - C - AT - C - CC - G - G - AT - G - C - CA - T - T - T - A - T - A - G - A - T - C - T - T - G -	9477
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	C - A - G - A - C - AT - C - C - TAG - A - G - C - CA - T - T - A - G - T - A - G - G - A - T - G - T - G -	9459
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	9449
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	CA - A - G - A - C - AT - C - C - TAAG - A - G - GA - CA - T - G - T - T - A - C - AG - G - A - T - C - T - G -	9476
U.CI.07.07IC TNP3	T - A - A - AAA - A - G - A - GG - AT - G - C - C - G - C - G - A - T - A - T - A - CA - A - T - G -	9033
U.FR.96.12034	T - A - T - A - A - G - A - A - G - AG - A - G - C - C - G - G - T - A - T - A - T - TTC - CAG - A - T - C -	9042
MAC.US.x.17EC1		9518
MAC.US.x.1937	Y	8626
MAC.US.x.2065		8624
MAC.US.x.251 1A11	T	9514
MAC.US.x.251 32H P35	C	9516
MAC.US.x.251 BK28	T - CG	9500
MAC.US.x.80035		8624
MAC.US.x.81035	A	8625
MAC.US.x.85013		8558
MAC.US.x.87082	G	8595
MAC.US.x.92050		8618
MAC.US.x.92077		8625
MAC.US.x.93057		8623
MAC.US.x.93062		8592
MAC.US.x.95058		8612
MAC.US.x.95086	G	8481
MAC.US.x.95112	R	8614
MAC.US.x.96016		8625
MAC.US.x.96020		8617
MAC.US.x.96072		8629
MAC.US.x.96081		8627
MAC.US.x.96093		8625
MAC.US.x.96114	A	8620
MAC.US.x.96123	R	8514
MAC.US.x.96135	R	8610
MAC.US.x.97009		8493
MAC.US.x.97074		8487
MAC.US.x.MM142 IVMXX	A - C - T - GA - G - C - G	9013
MAC.US.x.r80025		8481
MAC.US.x.r90131		8624
MNE.US.82.MNE 8	A - G - C - CG - T - T - G - A - C - G - T - A - A - G -	8997
MNE.US.x.MNE027	G - CG - T - G - A - G - T - A - A - G -	8995
SMM.CI.79.SIVsmC12	T - A - G - C - A - A - G - T - T - A - A - A - A - G - GGA - TC - T - A - A - C - G - T - G - G -	8661
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	T - A - G - C - AA - A - GG - C - T - AAT - G - A - C - T - G - G - C - T - A - C - C - A - T - C - G - T - G -	8574
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	T - A - G - C - T - A - G - A - T - GA - A - AT - GG - CA - C - T - A - A - G - TTC - T - T -	8589
SMM.SL.92.SL92B	T - A - G - C - CT - A - GTT - C - T - TAC - C - T - CC - T - GG - C - TCA - T - A - C - T - C -	8969
SMM.US.04.G078	T - A - G - C - T - C - A - TAC - C - T - CC - T - GG - C - TCA - TG - CAG - G - A - C - T - C -	8811
SMM.US.04.G932	T - A - G - C - AA - A - A - T - G - AC - T - G - C - C - CA - T - G - A - A - C - C -	8788
SMM.US.04.M919	T - A - G - C - AA - A - G - A - TAC - G - AT - G - C - TCA - G - A - AAC - C -	8813
SMM.US.04.M922	T - A - G - C - A - G - A - TAC - G - AT - G - C - TCA - G - A - AAC - C -	8792
SMM.US.04.M923	T - A - AA - TTGTC - A - G - T - C - CA - AC - G - A - A - TC - G -	8800
SMM.US.04.M926	T - A - C - A - A - A - TAC - A - AT - C - C - TCA - G - AC -	8809
SMM.US.04.M934	T - A - C - A - G - A - A - T - G - G - T - G - C - TCA - G - CAG -	8785
SMM.US.04.M935	T - A - G - CA - C - G - AA - C - A - C - GG - G - AT - G - C - CA - T - G -	8792
SMM.US.04.M940	T - G - AA - T - GAA - A - C - CAT - GG - G - AT - G - C - CA - T - A - G -	8844
SMM.US.04.M946	T - A - G - C - A - G - A - A - T - G - GG - G - T - G - C - TCA - A - G - CA -	8813
SMM.US.04.M947	T - A - G - GCA - TT - TC - CG - G - CC - T - GG - T - CA - A - G - AC - G - A - G - TC -	8797
SMM.US.04.M949	T - A - AA - T - GAA - A - C - CAT - G - A - AT - G - C - T - A - G - A - G - A - TT - C - G -	8778
SMM.US.04.M950	T - A - C - A - G - A - A - CAC - G - A - TT - G - G - C - TCA - G - GA - AG - G - A - TT - C -	8800
SMM.US.04.M951	T - G - AA - T - GAAA - A - C - CAT - G - AAT - G - G - C - T - A - G - A - G - G - C - A - T - C -	8790
SMM.US.04.M952	T - G - AA - T - GAAA - A - C - CAT - G - AAT - G - G - C - T - A - G - A - G - G - C - A - T - C -	8789
SMM.US.05.D215	SMM.US.05.D215	8784
SMM.US.06.FTq	TA - A - T - AA - A - C - A - CACT - C - T - TGC - CA - A - G - A - CAG - AC - T - G - A - G -	8803
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	T - A - T - C - A - CAC - G - C - T - GG - C - CA - A - AG - A - A - T - G - A - G -	9527
SMM.US.86.G3212	G - A - A - G - A - CAT - G - C - AT - G - TCA - A - A - AG - G - TC - G - C -	8785
SMM.US.x.F258_H4	T - AA - T - C - CAC - G - C - AT - G - CA - T - A - AG - G - TC - T - G - G -	9483
SMM.US.x.H9	T - AA - TTGTC - C - G - C - G - TC - CA - T - G - A - ATT - A - A - TC - R - G -	9001
SMM.US.x.PB114 15	T - AA - TTGTC - C - G - C - G - TC - CA - T - G - A - ATT - A - A - TC - G -	9304
SMM.US.x.PB1A	T - AA - TTGTC - C - G - C - G - TC - CA - T - G - A - ATT - A - A - TC - G -	9303
SMM.US.x.PB15 143	T - AA - TTGTC - C - G - C - G - TC - CA - T - G - A - ATT - A - A - TC - R -	9036
SMM.US.x.PB1 6P6	T - AA - TTGTC - C - G - C - G - TC - CA - T - G - A - ATT - A - A - TC - G -	9096
SMM.US.x.PGM53	T - G - C - A - A - A - CAC - G - G - AT - G - C - TCA - G - AG -	9455
SMM.US.x.SME543	T - A - T - C - CAC - C - T - GG - C - CA - A - AG - A - A - T - G - A - G -	9540
SMM.x.x.pE660.CG7G	T - A - T - C - CAC - G - C - T - GG - C - CA - A - AG - A - A - T - G - A - G -	9523
STM.US.89.STM_37_16	A - T - C - A - G - A - CAT - G - C - A - T - GGA - C - G - C - A - AGC - A - G - G -	9169

MAC.US.x.239 Nef A.CI.88.UC2 A.DE.x.BEN A.DE.x.PE12 KR.KRCG 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.CAM2CG A.GW.x.MDS A.IN.07.NNVA A.IN.95.CR1K.147 A.JP.08.NMC786.clone.41 A.PT.x.ALI A.SN.85.RDD A.SN.86.ST.JSP4.27 B.CI.88.UC1 B.CI.x.20.56 B.CI.x.EHO B.GH.86.D205.ALT B.JP.01.TCJ.RR020.1 G.CI.92.Abt96 AB.CH.03.03CM.510.03 H2.01.AB.CI.90.7312A H2.01.AB.JP.04.NMC307.20 H2.01.AB.JP.07.NMC716.01 H2.01.AB.JP.08.NMC842.10 U.CI.07.07IC.TNP3 U.FR.96.12034 MAC.US.x.17EC1 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.MM142.IVMXX MAC.US.x.r80025 MAC.US.x.r90131 MNE.US.82.MNE.8 MNE.US.x.MNE027 SMM.CI.79.SIVsmC12 SMM.LR.89.SIVsmL1B1 SMM.SL.92.SIVsmSL92A SMM.US.04.G078 SMM.US.04.G932 SMM.US.04.M919 SMM.US.04.M922 SMM.US.04.M923 SMM.US.04.M926 SMM.US.04.M934 SMM.US.04.M935 SMM.US.04.M940 SMM.US.04.M946 SMM.US.04.M947 SMM.US.04.M949 SMM.US.04.M950 SMM.US.04.M951 SMM.US.04.M952 SMM.US.05.D215 SMM.US.06.FTQ SMM.US.11.SIVsmE660.FL10 SMM.US.86.CT3212 SMM.US.x.F258.H4 SMM.US.x.H9 SMM.US.x.PBJ14.15 SMM.US.x.PBJA SMM.US.x.PB.143 SMM.US.x.PBJ.6P6 SMM.US.x.PGM53 SMM.US.x.SME543 SMM.x.x.pE660.CG7G STM.US.89.STM.37.16

Table with 10 columns representing sequence alignments. The first column contains the reference sequence (MAC.US.x.239 Nef). The second column is the TCF-1 alpha binding site sequence. The remaining columns show alignments for various HIV-2/SIV strains, with gaps represented by dots. The table ends with a column of accession numbers ranging from 9840 to 9494.

	Nef end	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	
MAC.US.x.239	CATGGCTGACAAGAAGAACTCGCTGAAACA..CGAGGACTTTCCACAGGGG..ATGTTACG..GGGAGTACTGGGAGGAGCCGCTGGGAACGCC..ACTTT 9941		
Nef	M A D K K E T R *			
A.CI.88.UC2	T-GT.....GAA-A.....CAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....AAGAAATAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAA---G---AT---T---G---T---A---A 9975			
A.DE.x.BEN	T-GT.....GAA-A.....CAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....AAGAAACAGCTG-GGCT.....G---C---A---CAA---G---AT---T---G---T---A---A 10021			
A.DE.x.PE12 KR KRCC	T.....A-T-A.....AGACAGGAACAGCTATAATTGGTCAAGAACAGGAAGTAGATGAT.....GAA.....G---C---A---CAG---G---GT---A---G---T---A---A 9957			
A.GH.x.GH1	T.....A-T-A.....CAACAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....GAGAAACAGCTGAGGCTGCAGCT.....G---C---A---CAA---G---AT---T---G---T---A---A 9443			
A.GM.87.D194	T.....G-GAA-A.....CAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....AAGAA CAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAA---G---AT---T---G---T---A---A 9434			
A.GM.x.ISY SBL 6669_85	T.....A-T-A.....AAACAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....GAAAAACAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAG---G---AT---T---G---T---A---A 9419			
A.GM.x.MCN13	T.....A-T-AG.....AGACAGGAACAACCACTATAATTGGCCAGGGCAGGAATAAATACT.....GAAAAACAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAG---G---AT---T---G---T---A---A 9458			
A.GM.x.MCR35	T.....A-T-AG.....AGACAGGAACAACCACTATAATTGGCCAGGGCAGGAATAAATACT.....GAAAAACAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAG---G---AT---T---G---T---A---A 9333			
A.GW.86.F6 c1one NIHZ	T-GT.....A-A.....AAACAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....GAGAACAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAG---A---G---AT---T---G---T---A---A 9216			
A.GW.87.CM2CG	T.....T-A.....GGGAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....GAAAAACAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAG---G---AT---T---G---T---A---A 10034			
A.GW.x.MDS	T.....AA-A.....GAGACAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....GAAAAACAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAA---G---AT---T---G---T---A---A 9486			
A.IN.07.NNVA	T.....AAT-A.....AGGACAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....GAAAAACAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAG---G---AT---T---G---T---A---A 10006			
A.IN.95.CRIK 147	T.....A-A.....GAGACAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....GAAAAACAGCTG-G-CT.....G-T---C---A---CAG---G---AT---T---G---T---A---A 9513			
A.JP.08.NMC786 c1one 41	T-AC.....A-A.....CAACAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....GCAAAACAGCTG-G-CT.....G-T---C---A---CAA---A---AT---T---G---T---A---A 10001			
A.PT.x.ALI	T-GTAAAG G-C-A.....TTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....GAAAAACAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAG---A---G---AT---T---G---T---A---A 10017			
A.SN.85.RDD	T.....A-T-A.....AGACAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....GAAAAACAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAA---G---AT---T---G---T---A---A 9457			
A.SN.86.ST JSP4_27	T.....GCTAAAA.....CAGGAACAACCACTACTGGTCAAGGCAGGAAGTAGCTACT.....GAAAAACAGCTG-G-CT.....G---C---A---CAG---G---AT---T---G---T---A---A 9460			
B.CI.88.UC1	A.....GA-AG.....GCAGGAGACAGCAGCATAAACAGGAAGTAGCTGACACTGCACAAAGAGGGA..AACTAGCTG---CC---A---A---C---A---A---T---G---AT---TT---T---T---AA 9936			
B.CI.x.20 56	A.....GAT-AG.....GCAGGAAACAGCAGCTAAAGAGGAAGTAGCTGACACTGCATAAACAGG..AACTAGCTG---CT---AT---CA---A---A---A---A---AT---T---G---T---AA 9900			
B.CI.x.EH0	A.....GAG-AG.....ACAGGAAATAACAGCACAAGAGGAAGTAGCTAACACTGCATAGAGAAGGAAGTAGCTG-T-CT.....G---C---A---AGT---G---AT---A---GA---TCAA 9911			
B.GH.86.D205 ALT	A.....GAT-AG.....GCAGGAGACAGCAGCATAAACAGGAAGTAGCTGACACTGCACAAAGAGGA..AACTAGCAG-CT---A---A---C---A---A---T---AG-AA---G-TT---T---T---AA 9940			
B.JP.01.TMCJ KR020_1	A.....GAT-AG.....GCAGGAAATAACAGCTTAAGAGGAAGTAGCTGACACTGCATAGAGAAGG..AACTAGCTG---CT---GAG---CA---A---A---A---A---AT---T---G---T---AA 9041			
G.CI.92.Ab196	A.....GAA-A.....CGAGAAAGAGGACAAGCTGA.....C.....GT-T---C---A---AGG-AG-TACTAT---GA-T---T---T---AAA 9369			
AB.CH.03.03CM 510 03	A.....GAT-AG.....ACAGGAGACAGCAGCATAAACAGGAAGTAGCTGACACTGCACAAAGAGGGA..AACTAGCTG---CT---AG-A---C---A---A---T---G---AT---A---G-TT---T---AA 9028			
H2 01 AB.CI.90.7312A	A.....GAG-AG.....ACAGGAAAGCAGCAGCATAAACAGGAAGTAGCTGACACTGCATAGAGAAGGAAGTAGCTG-CT.....G---C---A---AGT---G---AT---TT---G---T---AA 9946			
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	AGA.....A-AG.....ACAGGAAACAGCAGCATAAACAGGAAGTAGCTGACACTGCATAGAGAAGGAAGTAGCTG-CT.....G---C---A---AGT---G---AT---TT---G---T---AA 9927			
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	AGA.....AG.....ACAGGAAACAGCAGCATAAACAGGAAGTAGCTGACACTGCATAGAGAAGGAAGTAGCTG-CT.....G---C---A---AGT---G---AT---TT---G---T---AA 9918			
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	AGA.....AG.....ACAGGAAACAGCAGCATAAACAGGAAGTAGCTGACACTGCATAGAGAAGGAAGTAGCTG-CT.....G---C---A---AGT---G---AT---TT---G---T---AA 9945			
U.CI.07.07IC TNP3	A.....GAACATGGCTGACAAGAGGAAGTAGCTGA..GCTGAC..AGAAGAAACTAGCTG-GCTGA			
U.FR.96.12034	A-A-AA.....T.....CAGAAAGGAAACAGCTGA.....G.....C-A---GA-G-AC-CA-GA-G-GCAA-GA-GAG-CA-G.....T-AAA 9470			
MAC.US.x.17EC1				9941
MAC.US.x.1937				9049
MAC.US.x.2065				9047
MAC.US.x.251 1A11				9946
MAC.US.x.251 32H P35				9939
MAC.US.x.251 BK28				9911
MAC.US.x.80035				9047
MAC.US.x.81035				9048
MAC.US.x.85013				9081
MAC.US.x.87082				9018
MAC.US.x.92050				9041
MAC.US.x.92077				9048
MAC.US.x.93057				9046
MAC.US.x.93062				9015
MAC.US.x.95058				9035
MAC.US.x.95086				8904
MAC.US.x.95112				9037
MAC.US.x.96016				9048
MAC.US.x.96020				9040
MAC.US.x.96072				9052
MAC.US.x.96081				9045
MAC.US.x.96093				9048
MAC.US.x.96114				9043
MAC.US.x.96123				8937
MAC.US.x.96135				9033
MAC.US.x.97009				8867
MAC.US.x.97074				8859
MAC.US.x.MM142 IVMXX				9433
MAC.US.x.r80025				8904
MAC.US.x.r90131				9047
MNE.US.82.MNE 8				9415
MNE.US.x.MNE027				9418
SMM.CI.79.SIVsmC12				9085
SMM.LR.89.SIVsmLIB1				8998
SMM.SL.92.SIVsmSL92A				9025
SMM.SL.92.SL92B				9399
SMM.US.04.G078				9157
SMM.US.04.G932				9121
SMM.US.04.M919				9159
SMM.US.04.M922				9138
SMM.US.04.M923				9146
SMM.US.04.M926				9155
SMM.US.04.M934				9131
SMM.US.04.M935				9138
SMM.US.04.M940				9202
SMM.US.04.M946				9159
SMM.US.04.M947				9143
SMM.US.04.M949				9135
SMM.US.04.M950				9146
SMM.US.04.M951				9155
SMM.US.04.M952				9135
SMM.US.05.D215				9128
SMM.US.06.FTQ				9149
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10				9949
SMM.US.86.G312				9130
SMM.US.x.F250_H4				9903
SMM.US.x.H9				9424
SMM.US.x.PB114_15				9749
SMM.US.x.PB1A				9486
SMM.US.x.PB1_143				9461
SMM.US.x.PB1_6P6				9941
SMM.US.x.PGM53				9878
SMM.US.x.SME543				9976
SMM.x.x.pE660.CG7G				9945
STM.US.89.STM_37_16				9595

	TATA box	3' LTR U3 end	TAR element start	3' LTR repeat start	TAR element end	
MAC.US.x.239	CTTGATGTATAAATATC	ACTGCATTTTCGCTCTGTA	TTTCAGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGACCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCTCA	CCAGCACTTGGCCGGTGTGGGCAGAGTGA	CTCCACG10108	
A.CI.88.UC2	---AC---	G-ACC-GCT-CC-A	---T-C---	C-A	---C-C---	TG-C-CA-C-G-10141
A.DE.x.BEN	---AC---	G-ACC-GCT-C-T-AT		C-A	---C-G---	T-A-C-G-10187
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	---C---	G-ACC-GCT-GC-T-AT		C	---C-G---	T-A-C-G-10122
A.GH.x.GH1	---AC---	G-ACC-GCT-C-TA-AT				9480
A.GW.87.D104	T-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT				9472
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	---TC---	G-ACC-GCT-GC-T-AT			G	9585
A.GM.x.MCN13	---TC---	G-ACC-GCT-GC-T-AT	C			TG-C-CA-C-G-9625
A.GM.x.MCR35	---TC---	G-ACC-GCT-GC-T-AT	A-C			TG-C-CA-C-G-9500
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	---TC---	G-ACC-GCT-GC-T-AT		C		TG-C-CA-C-G-9381
A.GW.87_CAM2CG	---TC---	TCACC-GCT-GC-T-AT				TG-C-CA-C-G-9291
A.GW.x.MDS	T-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT				9525
A.IN.07.NNVA	TC-TC	G-ACC-GCT-GC-T-AT		C	AG-CT-T	TG-C-CA-C-G-10164
A.IN.95.CRIK_147	TC-TC	G-ACC-GCT-T-AT	C			TG-C-CA-C-G-9679
A.JP.08.NMC786_clone_41	---AC---	G-ACC-GCT-C-T-AT		C	A	TG-C-CA-C-G-10167
A.SN.85.ROD	---C-C---	G-ACC-GCT-GC-T-AT				TG-C-CA-C-G-10182
A.SN.86.ST_JSP4_27	T-CTC	G-ACC-GCT-GC-T-AT	C-G		G	TG-C-CA-C-G-9625
B.CI.88.UC1	A-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT		C		TG-C-CA-CG-CTC-ACGC-9627
B.CI.x.20_56	AACTC	G-ACC-GCT-CT-AT	AC			C-G-10102
B.CI.x.EHO	GACTC	G-ACC-GCT-GT-AT		C		C-G-10066
B.GH.86.D205_ALT	A-CTC	G-ACC-GCT-C-AT		C		C-G-10077
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	ACCTC	G-ACC-GCT-CTA-AT	AC			A-A-T-C-G-10106
G.CI.92.Abt96	A-CTC	AGTGCA		C		C-G-9536
AB.CM.03.03CM_510_03	A-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT	AC			C-G-9089
H2_01_AB.CI.90_7312A	GCCTC	G-ACC-GCT-C-T-AT				C-G-10112
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	T-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT				C-G-10093
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	T-CTC	G-ACC-GCT-C-AT			G	C-G-10084
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	T-CTC	G-ACC-GCT-C-T-AT			G	C-G-10111
U.CI.07.07IC_TNP3	AACTC	CAAC-GCT-C-T-AT				C-G-9540
U.FR.96.12034	TGATC	G-ACC-GCT-C-T-AT			AA-G	C-G-9607
MAC.US.x.17EC1		ACTGCA				10108
MAC.US.x.1937						9055
MAC.US.x.2065						9054
MAC.US.x.251_1A11		ACTGCA	T-A	G		10103
MAC.US.x.251_32H_PJ5		ACTGCA				10106
MAC.US.x.251_BK28		ACTGCA				A-G-10078
MAC.US.x.80035						9054
MAC.US.x.81035						9055
MAC.US.x.85013						8987
MAC.US.x.87082						9028
MAC.US.x.92050						9048
MAC.US.x.92077						9055
MAC.US.x.93057						9052
MAC.US.x.93062						9021
MAC.US.x.95058						9042
MAC.US.x.95086						8910
MAC.US.x.95112						9044
MAC.US.x.96016						9054
MAC.US.x.96020						9047
MAC.US.x.96072						9057
MAC.US.x.96081						9045
MAC.US.x.96093						9054
MAC.US.x.96114						9049
MAC.US.x.96123						8944
MAC.US.x.96135						9039
MAC.US.x.97009						8867
MAC.US.x.97074						8859
MAC.US.x.MM142_IVMXX						G-9600
MAC.US.x.r80025						8910
MAC.US.x.r90131						9053
MNE.US.82.MNE_8						T-G-9582
MNE.US.x.MNE027						G-9585
SMM.CI.79.SIVsmCI2	A-CTC	AAGC-T-G-A-G-A-T-C		A-T	G	G-G-9147
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	T-CTC	AACC-GCT-ACT				G-G-9165
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	A-CTC	A-C-A-T-GCACTGTAT	A	C-A	C-A	G-TAGTA-GT-T-A-A-A-ACA-AT-T-C-G-9086
SMM.SL.92.SL92B	TC-TA	ACC-GCTT-GC				9567
SMM.US.04.G078						9157
SMM.US.04.G932						9121
SMM.US.04.M919						9159
SMM.US.04.M922						9138
SMM.US.04.M923						9146
SMM.US.04.M926						9155
SMM.US.04.M934						9131
SMM.US.04.M935						9138
SMM.US.04.M940						9202
SMM.US.04.M946						9159
SMM.US.04.M947						9143
SMM.US.04.M949						9135
SMM.US.04.M950						9146
SMM.US.04.M951						9155
SMM.US.04.M952						9135
SMM.US.05.D215						9128
SMM.US.06.FTq						9149
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	T-CTC	A				G-10116
SMM.US.86.CFU212	T-CTC	CA				9130
SMM.US.x.F236_H4	T-CTC	CA	A			G-10120
SMM.US.x.H9	T-CTC	CA	A		G	RG-9591
SMM.US.x.PBJ14_15	T-CTC	CA	A			G-9916
SMM.US.x.PBJA	T-CTC	CA	A			G-9915
SMM.US.x.PBJ_143	T-CTC	CA	A			RG-9628
SMM.US.x.PBJ_6P6	T-CTC	CA	A	A		G-G-10108
SMM.US.x.PGMS3	T-CTC	CA				G-G-10043
SMM.US.x.SME543	T-CTC	CA	G			G-10143
SMM.x.x.pE660.CG7G	T-CTC	A				G-10112
STM.US.89.STM_37_16	---TC---	CA-C-T-A-A	A			A-T-G-9762

	Poly-A signal	3' LTR R repeat	end	3' LTR U5 start	
MAC.US.x.239	CTTGCTTGCTTA	.AAGCCCTCTTCAATAAA	.GCTGCATTTTAGAAGTAAGCT	.AGTGTGTGTTCCCATCTCTCTAGCCGCCGCTGGTCAACTCGGTA	CTACTAATAA . TAAGAAGACCTGGTCTGTTAGGACCTTTTCTGCTTTGGGAAA . CCGAAGCAGGAAAAAT10271
A.CI.88.UC2	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----C-----T-----A-----G-----10304
A.DE.x.BEN	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----10351
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----10172
A.GH.x.GH1	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----9480
A.GM.87.D104	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----9472
A.GM.x.LS1_SBL_6669_85	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----9636
A.GM.x.MCN13	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----9713
A.GM.x.MCR35	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----9588
A.GW.86.FG_c1one_NIHZ	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----9431
A.GW.87_CAM2CG	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----9364
A.GW.x.MDS	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----9575
A.IN.07.NNVA	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----10328
A.IN.95.CR1K_147	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----9843
A.JP.08.NMC786_c1one_41	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----10301
A.FT.x.AL1	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----10345
A.SN.85.R0D	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----9671
A.SN.86.ST_JSP4_27	T-GCT-GCT-A-----	-----G-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----CTC-----T-----A-----G-----9672
B.CI.88.UC1	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----AA-G-----T-----CT-AAA.TA-----A-----G-----10263
B.CI.x.20_56	-----A-----	-----C-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----A-----G-----C-----CTGAG-----TC-----C-----G-----T-----G-----10227
B.CI.x.EH0	-----A-----	-----A-----	-----TA-----	-----C-----	-----ACA-----T-----T-----G-----C-----CT-G-----A-----C-----A-----G-----10234
B.GH.86.D205_ALT	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----G-----C-----CTG-----T-----A-----CT-----G-----10261
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-----A-----	-----TA-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----G-----C-----CTGAG-----TA-----CT-----G-----9339
G.CI.92.Abt96	-----CA-----C-----A-----	-----AA-----	-----AA-----	-----GT-----	-----9599
AB.CM.03.03CM_510_03	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9089
H2_01_AB.CI.90.7312A	-----A-----	-----TA-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GTC-----GCTTT-----G-----9027
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-----A-----	-----TA-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GTC-----GCTTT-----G-----10213
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-----A-----	-----TA-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GTC-----GCT-T-----G-----10240
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-----A-----	-----TA-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GTC-----GCT-T-----G-----10240
U.CI.07.07IC_TNP3	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9540
U.FR.96.12034	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9607
MAC.US.x.17EC1	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----10271
MAC.US.x.1937	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9055
MAC.US.x.2065	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9054
MAC.US.x.251_1A11	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----10266
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----10269
MAC.US.x.251_BK28	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----10241
MAC.US.x.80035	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9054
MAC.US.x.81035	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9055
MAC.US.x.85013	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----8987
MAC.US.x.87082	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9028
MAC.US.x.92050	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9048
MAC.US.x.92077	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9055
MAC.US.x.93057	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9052
MAC.US.x.93062	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9021
MAC.US.x.95058	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9042
MAC.US.x.95086	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----8910
MAC.US.x.95112	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9044
MAC.US.x.96016	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9054
MAC.US.x.96020	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9047
MAC.US.x.96072	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9057
MAC.US.x.96081	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9045
MAC.US.x.96093	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9054
MAC.US.x.96114	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9049
MAC.US.x.96123	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----8944
MAC.US.x.96135	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9039
MAC.US.x.97009	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----8867
MAC.US.x.97074	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----8859
MAC.US.x.MM142_IVMXX	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9646
MAC.US.x.r80025	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----8910
MAC.US.x.r90131	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9053
MNE.US.82.MNE_8	-----A-----	-----T-----	-----C-----	-----C-----	-----T-----9628
MNE.US.x.MNE027	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----C-----	-----T-----9664
SMM.CI.79.SIVsmCT2	-----A-----	-----T-----	-----GA-----	-----C-----	-----A-----9147
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	-----A-----	-----A-----	-----G-----	-----C-----	-----A-----9224
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----G-----	-----A-----	-----C-----	-----G-----	-----A-----C-----TC-----9086
SMM.US.04.G078	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9613
SMM.US.04.G932	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9157
SMM.US.04.M919	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9121
SMM.US.04.M922	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9159
SMM.US.04.M923	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9138
SMM.US.04.M926	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9146
SMM.US.04.M934	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9155
SMM.US.04.M935	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9131
SMM.US.04.M940	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9138
SMM.US.04.M946	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9202
SMM.US.04.M947	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9159
SMM.US.04.M949	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9143
SMM.US.04.M950	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9135
SMM.US.04.M951	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9146
SMM.US.04.M952	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9155
SMM.US.05.D215	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9135
SMM.US.06.FTq	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9128
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9149
SMM.US.86.CFU212	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----10279
SMM.US.x.F236_H4	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9130
SMM.US.x.H9	-----A-----	-----G-----	-----G-----	-----A-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9033
SMM.US.x.PBJ14_15	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9638
SMM.US.x.PBJA	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9996
SMM.US.x.PBJ_143	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9996
SMM.US.x.PBJ_6P6	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----9675
SMM.US.x.PGMS3	-----A-----	-----GC-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----10246
SMM.US.x.SME543	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----10184
SMM.x.x.pE660.CG7G	-----A-----	-----A-----	-----C-----	-----T-----	-----T-----GT-----GCTGAA-----A-----G-----CT-----T-----10307
STM.US.89.STM_37_16	T-TAT-----	-----A-----	-----A-----	-----G-----	-----T-----90275

	3' LTR U5 end_
MAC.US.x.239	CCCTAGCA
A.CI.88.UC2	-----
A.DE.x.BEN	-----
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_clone_NIHZ	-----
A.GW.87.CAM2CG	-----
A.GW.x.MDS	-----
A.IN.07.NNVA	-----
A.IN.95.CRIK_147	-----T--
A.JP.08.NMC786_clone_41	-----
A.FT.x.ALI	-----
A.SW.95.R0D	-----
A.SN.86.ST_JSP4_27	-----
B.CI.88.UC1	-----
B.CI.x.20_56	-----
B.CI.x.EHO	-----
B.GH.86.D205_ALT	-----
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-----
G.CI.92.Abt96	-----
AB.CM.03.03CM_510_03	-----
H2_01_AB.CI.90.7312A	-----
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-----
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-----
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-----
U.CI.07.07IC_TNP3	-----
U.FR.96.12034	-----
MAC.US.x.17EC1	-----
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.MM142_IVMXX	-----
MAC.US.x.r80025	-----
MAC.US.x.r90131	-----
MNE.US.82.MNE_8	-----
MNE.US.x.MNE027	-----
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-----
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-----
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----
SMM.SL.92.SL92B	-----
SMM.US.04.G078	-----
SMM.US.04.G932	-----
SMM.US.04.M919	-----
SMM.US.04.M922	-----
SMM.US.04.M923	-----
SMM.US.04.M926	-----
SMM.US.04.M934	-----
SMM.US.04.M935	-----
SMM.US.04.M940	-----
SMM.US.04.M946	-----
SMM.US.04.M947	-----
SMM.US.04.M949	-----
SMM.US.04.M950	-----
SMM.US.04.M951	-----
SMM.US.04.M952	-----
SMM.US.05.D215	-----
SMM.US.06.FTq	-----
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-----
SMM.US.86.CFU212	-----
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.SME543	-----
SMM.x.x.pE660.CG7G	-----
STM.US.89.STM_37_16	-----

10279
10312
10359
10172
9480
9472
9636
9713
9588
9431
10372
9525
10336
9851
10301
10353
9671
9672
10271
10235
10242
10269
9339
9599
9089
10282
10223
10213
10240
9540
9607
10279
9055
9054
10274
10277
10249
9054
9055
8987
9028
9048
9055
9052
9021
9042
8910
9044
9054
9047
9057
9045
9054
9049
8944
9039
8867
8859
9646
8910
9053
9628
9664
9147
9224
9086
9613
9157
9121
9159
9138
9146
9155
9131
9138
9202
9159
9143
9135
9146
9155
9135
9128
9149
10287
9130
10241
9638
9996
9996
9675
10246
10184
10315
10283
9892