

# III

## HIV-2/SIV Complete Genomes

### Contents

---

III-1	Introduction . . . . .	155
III-2	Annotated features . . . . .	156
III-3	Sequences . . . . .	158
III-4	Alignments . . . . .	160

---

### III-1 Introduction

The HIV-2/SIVsmm alignment contains HIV-2 genomes, plus examples from related species SIVmne, SIVstm, and SIVmac. Compared to HIV-1, fewer HIV-2 genomes have been sequenced, so we are able to include all available HIV-2 genomes, removing only problematic sequences and multiples from the same patient. We have removed some redundant SIVsmm sequences from the alignment.

The HIV-2/SIVsmm 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. In the downloadable version of this alignment, 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	160
TCF-1 alpha	309-324	161
NF- $\kappa$ -B-II	415-424	162
NF- $\kappa$ -B-I	441-449	163
TATA Box	488-493	163
TAR element start	518	163
5' LTR U3 end	520	163
+1 mRNA start site	521	163
5' LTR R repeat begin	521	163
TAR element end	642	164
Poly-A signal	671-676	164
5' LTR R repeat end	694	164
5' LTR U5 start	695	164
5' LTR U5 end	818	165
Lys tRNA primer binding site	821-839	165
Gag and Gag-Pol start	1053	167
Gag p17 Matrix end	1457	169
Gag p24 Capsid start	1458	169
Gag p24 Capsid end	2144	173
Gag p2 Spacer start	2145	173
Gag p2 Spacer end	2195	173
Gag p8 Nucleocapsid start	2196	173
Gag p8 Nucleocapsid end	2351	174
Gag p1 Spacer start	2352	174
Gag-Pol -1 ribosomal slip site	2354	174
Pol start	2354	174
Gag p1 spacer end	2393	175
Gag p6 start	2394	175
Pol Protease start	2555	176
Gag p6 end	2585	176
Gag end	2585	176
Pol Protease end	2851	178
Pol p66 and p51 RT start	2852	178
Pol RT end	4168	186
Pol p15 RNase H start	4169	186
Pol RNase H end	4528	188
Pol p31 Integrase start	4529	188
Vif start	5340	193
Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end	5410	193
Vpx start	5812	196
Vif end	5984	197
Vpx end	6150	198
Vpr start	6151	198
Tat exon 1 start	6302	199
Vpr end	6456	199
Rev exon 1 start	6528	200
Tat Rev exon 1 end	6597	200
Tat Rev intron start	6598	200

<b>Feature</b>	<b>Location</b>	<b>Page</b>
Env start	6604	200
Env signal peptide end	6669	201
Env gp120 start	6670	201
V1 loop start	6940	202
V1 loop end	7104	204
V2 loop start	7108	204
V2 loop end	7236	204
V3 loop start	7534	206
V3 loop end	7635	207
V4 loop start	7807	208
V4 loop end	7899	209
V5 start	8017	209
V5 end	8034	209
Rev Responsive Element (RRE) start	8123	210
Env gp120 end	8178	210
Env gp41 start	8179	210
RRE end	8479	212
Tat Rev intron end	8805	214
Tat Rev exon 2 start	8806	214
Tat end	8902	215
Rev end	9059	216
Nef start	9077	216
Env gp41, gp160 end	9243	217
Premature stop in SMM239	9355	217
3' LTR U3 start	9462	218
TCF-1 alpha binding	9770-9785	220
Nef end	9868	221
NF- $\kappa$ -B-II	9876-9884	221
NF- $\kappa$ -B-I	9891-9900	221
TATA box	9949-9955	221
TAR element start	9980	222
3' LTR U3 end	9978	222
3' LTR repeat start	9979	222
TAR element end	10103	222
Poly-A signal	10132-10137	223
3' LTR R repeat end	10155	223
3' LTR U5 start	10156	223
3' LTR U5 end	10279	223

## 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> <b>248</b> (4959):1109-1112 (1990)
A.CI.88.UC2	U38293	Cote D'Ivoire	Barnett, S.W.	<i>Virology</i> <b>222</b> (1); 257-61 (1996)
A.DE.x.BEN	M30502	Germany	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> <b>177</b> (1):305-311 (1990)
A.DE.x.PEI2_KR_KRCG	U22047	Germany	Kraus, G.	<i>ARHR</i> <b>14</b> (1); 65-77 (1998)
A.GH.x.GH1	M30895	Ghana	Hasegawa, A.	<i>ARHR</i> <b>5</b> (6):593-604 (1989)
A.GM.87.D194	J04542	Gambia	Kuehnel, H.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> <b>86</b> (7):2383-2387 (1989)
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	J04498	Gambia	Franchini, G.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> <b>86</b> (7):2433-2437 (1989)
A.GM.x.MCN13	AY509259	Gambia	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> <b>78</b> (4):2006-2016 (2004)
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	J03654	Guinea-Bissau	Zagury, J.F.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> <b>85</b> (16):5941-5945 (1988)
A.GW.87.CAM2CG	D00835	Guinea-Bissau	Tristem, M.	<i>J Gen Virol</i> <b>72</b> (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> <b>52</b> (3); 329-35 (2009)
A.IN.95.CRIK_147	DQ307022	India	Santhosh, C.V.	<i>ARHR</i> <b>24</b> (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> <b>73</b> (9); 7795-804 (1999)
A.SN.85.ROD	M15390	Senegal	Clavel, F.	<i>Nature</i> <b>324</b> (6098):691-695 (1986)
A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	Senegal	Kumar, P.	<i>J Virol</i> <b>64</b> (2):890-901 (1990)
B.CI.88.UC1	L07625	Cote D'Ivoire	Barnett, S.W.	<i>J Virol</i> <b>67</b> (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> <b>202</b> (1):471-476 (1994)
B.GH.86.D205_ALT	X61240	Ghana	Dietrich, U.	<i>Nature</i> <b>342</b> (6252):948-950 (1989)
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	AB100245	Japan	Kusagawa, S.	<i>ARHR</i> <b>19</b> (11):1045-1049 (2003)
G.CI.92.Abt96	AF208027	Cote D'Ivoire	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> <b>13</b> (5):401-404 (1997)
AB.CM.03.03CM_510_03	EU028345	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>24</b> (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> <b>27</b> (15):2488-2491 (2013)
U.FR.96.12034	AY530889	France	Damond, F.	<i>ARHR</i> <b>20</b> (6):666-672 (2004)
U.US.08.NWK08	KP890355	United States	Bond, N.G.	Unpublished

Name	Accession	Country	Author	Reference
MAC.US.x.17EC1	AY033233	United States	Anderson, M.G.	<i>Virology</i> <b>195</b> (2):616-626 (1993)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	United States	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> <b>18</b> (3-4):311-9 (1989)
MAC.US.x.251_32H_PJ5	D01065	United States	Rud, E.W.	(in) <i>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)</i>
MAC.US.x.251_BK28	M19499	United States	Hirsch, V.	<i>Cell</i> <b>49</b> (3):307-319 (1987)
MAC.US.x.MM142_IVMXX	Y00277	United States	Chakrabarti, L.	<i>Nature</i> <b>328</b> (6130):543-547 (1987)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> <b>72</b> (1):245-256 (1998)
MNE.US.x.MNE027	U79412	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> <b>72</b> (1):245-256 (1998)
SMM.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	Cote D'Ivoire	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	JX860431	Liberia	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	Sierra Leone	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z.	<i>J Virol</i> <b>70</b> (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.04.G078	JX860415	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.G932	JX860416	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M919	JX860417	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M922	JX860418	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M923	JX860419	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M926	JX860420	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M934	JX860421	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M935	JX860422	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M940	JX860423	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M946	JX860424	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M947	JX860425	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M949	JX860426	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M950	JX860427	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M951	JX860428	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M952	JX860429	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.05.D215	JX860413	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.06.FTq	JX860414	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	JQ864084	United States	Wu, F.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (16); 8835-47 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.x.F236_H4	X14307	United States	Hirsch, V.M.	<i>Nature</i> <b>339</b> (6223); 389-92 (1989)
SMM.US.x.H9	M80194	United States	Cournaud, V.	<i>J Virol</i> <b>66</b> (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PBJA	M31325	United States	Dewhurst, S.	<i>Nature</i> <b>345</b> (6276):636-640 (1990)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	United States	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> <b>72</b> (11):8841-8851 (1998)
SMM.US.x.SME543	U72748	United States	Hirsch, V.	<i>J Virol</i> <b>71</b> (2):1608-1620 (1997)
SMM.US.x.pE660.CG7G	JX648292	United States	Lopker, M.J.	Unpublished
STM.US.89.STM_37_16	M83293	United States	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> <b>186</b> (2):783-787 (1992)

	5' LTR U3 start	
MAC.US.x.239	TGGAAGGGATTATTACAGTCAAGAAG.ACATAGAATCTTAGACATATACCTTAGAAAAGGAAGAAGGCATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCAGGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAATAGTCCCTGTAATGTATCAGATGA	169
A.CI.88.UC2	-----G-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.BEN	---C-----G-T-----AGG-G-----C-----A-G-G-A-----A---T-TCAT-G-----G-A-G-----T-TAC-C-G-----G-----GC-AT-A--G-AC-C--C-A--	169
A.DE.x.PET2_KR_KRCG	---T-----G-----AG-----G-----A-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.87.D194	.....	0
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	.....	0
A.GM.x.MCN13	.....	0
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	.....	0
A.GW.87_CAM2CG	-----C-G-T-----A-----C-G-T-----A-----G-A-TG-----A-C-T-TAGT-G-----G-A-----T-TTC-----G-----GC-A-A--G-ACC-C-A--	169
A.GW.x.MDS	.....	0
A.IN.07.NVVA	-----G-----AG-----GAGA-----A-----TT-----G-G-A-T-----C-----A-C-T-AGT-G-----A-----T-----T-TTCCA-----G-----GC-A-A-----CC-C-A--	169
A.IN.95.CR1K_147	-----G-T-----A-----	24
A.JP.08.NMC786_clone_41	-----G-T-----AG-----C-----T-G-C-----A-G-----G-A-----A---T-TCAT-G-----G-A-G-----TGC-C-G-----G-----GC-A-A--G-CA-CA-C-A--	168
A.PT.x.ALI	-----G-T-----AG-----A-C-T-TCAT-G-----A-G-----G-T-TTC-----G-----GC-A-A--G-CC-C-A--	169
A.SN.85.ROD	.....	0
A.SN.86.ST_JSP4_27	.....	0
B.CI.88.UC1	-----C-T-AG-----AC-----C-----TC-----G-----T-G-----TG-T-T-GA-----AA-C-T-A-AT-G-----G-A-G-T-----G-----C-----G-----GC-G-A--G-A-C-G--	169
B.CI.x.20_56	-----C-T-AG-----AC-----T-C-----TC-----G-----T-G-----G-TG-T-T-GA-----AA-C-T-ACAT-G-----G-A-G-T-----C-----G-----G-----GC-G-A--A-C-G--	168
B.CI.x.EHO	-----TC-T-AG-----G-A-A-AC-----C-----T-----T-----TG-GT-T-GA-----A-C-----ACAT-G-----G-A-----T-C-----TTC-----G-AA--A-GAT-CA--	169
B.GH.86.D205_ALT	-----G-----T-----AG-----C-----A-----C-----T-----T-G-T-----TG-GT-T-GC-----AA-C-T-TCAT-G-----G-A-GC-T-C-ATAC-----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.90.7312A	-----T-----T-----A-----G-A-----T-C-----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_20	-----T-----T-----AG-----G-A-----T-C-----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_01	-----T-----T-----AG-----A-----A-----T-C-----T-----G-----T-----G-----T-AG-CT-T-GA-----A-C-----ACAT-G-----GG-A-----T-----TAT-----G-----C-----A-AA--G-A-GG-CA-C	169
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-----T-----T-----AG-----G-A-----T-C-----T-----G-----T-----G-----T-AG-CT-T-GA-----A-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
U.US.08.NWK08	.....	0
MAC.US.x.17EC1	.....	169
MAC.US.x.251_1A11	-----T-----	169
MAC.US.x.251_32H_PJ5	.....	0
MAC.US.x.251_BK28	-----G-----G-----	169
MAC.US.x.HMI42_IVMXX	-----C-----	169
MNE.US.02.MNE_8	.....	0
MNE.US.x.MNE627	.....	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.F10	-----A-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.11.SIVsmE660_FL10	-----A-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.FU212	.....	0
SMM.US.x.F236_H4	-----A-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.x.H9	.....	0
SMM.US.x.PBJA	.....	0
SMM.US.x.PGMS3	-----A-AG-A-----A-----T-G-A-G-----A-A-----AA-----A-----G-----C-----T-T-TTC-----G-----A-----G-----C-----	95
SMM.US.x.SME543	-----A-AG-A-----A-----T-G-A-G-----A-A-----AA-----A-----G-----C-----T-T-TAC-----G-----C-----A-----G-----C-----	169
SMM.US.x.pE660.CG7G	-----A-AG-A-----A-----T-G-A-G-----A-A-----AA-----A-----G-----C-----T-T-TAC-A-G-----C-----A-----G-----C-----	169
STM.US.89.STM_37_16	-----AG-----G-----	30

		TCF-1 alpha	
MAC.US.x.239	GGCACAG.....GAGGATGAGGAGCATTATTTAATGCATCCAGCTCAAACCTCCAGTGGGATGACCCCTGGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGATCCAACCTCGGCCACACTTATGAGGCATATGTAGATACCCAGAAGAGTTTGGGAAGCAAGTCAG	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-----A---GCA-----	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-----GCA-----	327	
A.DE.x.PE21_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-----A---GTAT-----	319	
A.GH.x.GH1	.....	0	
A.GM.87.D194	.....	0	
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	.....	0	
A.GM.x.MCN13	.....	0	
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	.....	0	
A.GW.87.CAM2CG	---G-G--GACACTGAGACT--CAC--ACT--C-GC--T-A-C---A---AAG-AG-CAT---ATGCAT--G--ACA--G-TC-----CT-C-TG-----CTT-AG-----C-T-AC-C-----A---GCA-----	339	
A.GW.x.MDS	.....	0	
A.IN.07.NVVA	---G-G-A-----CAC--AACT--C-GC-----C---A---AAGTA--TT---AGACAT--G--ACA--T---GA---C--AT-A---TGA--TA--C-T-AGGCT-C---G-A---GCA-----	327	
A.IN.95.NRIK_147	.....	73	
A.JP.08.NMC786_clone_41	---G-.....-C---ACCA-C-GCC--CA-C---A---AAG-AGA-AT---TGAGCAT--G--AACA--GATG-----GA---C-T-T-G-A---T-AC-CAT--C-TCA--AGC-T---G-A---GTA-C-----	326	
A.PT.x.ALI	A-GGG-----CAC--ACT--C-GCC-GC-A-C---TA---AAG-AG-CAT---A-GCAT--G--ACAT--TT---GA---C--T-AG---TC-TGA--CA-A-C-T-A--CT-C---G-A---GTA-----	327	
A.SN.85.R0D	.....	0	
A.SN.86.ST_JSP4_27	.....	0	
B.CI.88.UC1	---A-AG-----GA-CG--AACAG--G-C-GG--C---A--G-TC--TTCA---ATCCAC--G--ACC--T--C--CG---C--CCTC--AC-TGAC--TA--C-TCAAC--G-----GTATC-----	327	
B.CI.x.20_56	A-A-G-----AGA-CA--AA-CAG--G-C-GG--C---A--G-C--TCA---CCAC--G--AACC--T-TC--C---C--CCTC--AC-TGAC--ATA--C-TCAAC--G-T-----GTATC-----	326	
B.CI.x.EH0	AC-G-----C--G--AACG--G-C-GG--C---A--G-C--GCA---CCAC-A--ACC--T-TC--C---C--CTCCTC--A-A-TGAC--T--C-TCAGC--G-T---G-----GTATC-----	327	
B.GH.86.D205_ALT	-A-C-GAGAG-----G--AACG--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.CI.90.7312A	AA-C-G-GAG-----A--G--ACC--G-C-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.JP.04.NMC307_20	AA-C-GAG-----G--ACC--G-C-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.JP.07.NMC716_01	AA-C-AGAG-----G--ACA--G-C-G--C---A--G--C--GCA---CCAT--G--AC--T-TC--C---C--CTTC--A--TT-A-----C-TCAAC--AG-T-----GTATC-----	327	
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	AA-C--GAG-----G--ACC--G-C-G--C---A--G--C--TTCA---CCAT--G--AC--T-TC--C---T--CCTC--G--TT-A-----C-TCAAC--G-----GTATC-----	330	
U.CI.07.07IC_TNP3	.....	0	
U.FR.96.12034	.....	0	
U.US.08.NWK08	.....	0	
MAC.US.x.17EC1	.....	327	
MAC.US.x.251_1A11	.....	327	
MAC.US.x.251_32H_PJ5	.....	327	
MAC.US.x.251_BK28	.....AG-----G-----A-----G-----A-----C-----	326	
MAC.US.x.MM142_IVMXX	.....	0	
MNE.US.02.MNE_8	.....	0	
MNE.US.x.MNE627	.....	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.FT0	.....	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.FU212	.....	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.PBJA	.....	82	
SMM.US.x.PGM53	A-T-A-----A-C--ACA--C--G-----G-TA-----T-C-----G-----AGT-A--T-T-AC--A-----T--GAGC-----T-T-C-----	253	
SMM.US.x.SME543	A-C-----A-C--ACA--GCC-GG-----A-G--CAT-----C-----A-G-----GAAT--T-T-GC--A-----T-A--AG-----T-T-----	327	
SMM.US.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	

		NF-κ-B-II	
MAC.US.x.239	GCCTGT CAGAGGAAGAGGTT .AGAAGAAGGCTAACCGCAAGAGCCCTTTAACTGGCTGACAAGAAGAAACTCGCTGA . . . . .	AACAGCAGGGACTTTCCAAA .GGGATGT	436
A.CI.88.UC2	-AT -C - - - - -TGG .AGGC -AA -G-AA - - - - -GA -A -CAT -T . . . . .G -GAA -A . . . . .CAGGAACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTAAGAAATAGCTGAG -T - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	471
A.DE.x.BEN	-AT -C - - - - -ATGG .AGGC -AA -G-AA - - - - -GA -A -CAT -T . . . . .G -GAA -A . . . . .CAGGAACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTAAGAAACAGCTGAGG -T - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	471
A.DE.x.PET2_KR_KRCG	- - - - -C - - - - -TGG .AGGC -AA -G-AA - - - - -GA -A -CATTT . . . . .A -T -A . . . . .AGA.CAGGAACAGCTATATTTGGTCAGAACAGGAAGTAGATGA . . . . .TGA - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	452
A.GH.x.GH1	.....	.....	0
A.GM.87.D194	.....	.....	0
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	.....	.....	0
A.GM.x.MCN13	.....	.....	0
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	.....	.....	0
A.GW.87_CAM2CG	-AC -A -T -TGG .AGGCG -AA -G-AA - - - - -GA -A -CATTT . . . . .A -T -A . . . . .GGGCAGGAACAACCATACATGCCAGGGCAGGAAGTAGCTACT .GAAAAACAGCTGAG -T - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	482
A.GW.x.MDS	.....	.....	0
A.IN.07.NNVA	-AC - - - - -TGG .AGGCG -AT -AG -G -A -A -CATTT . . . . .AAT -A .AGGAGACAGGAACAACCTACTTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTATT .GAAAAACAGCTGAG -T - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	473
A.IN.95.CR1K_147	-T -AC - - - - -TGG .AGGCG -A -G-AA - - - - -G -AA -A -CCTTT . . . . .A - - - - .GAGACAGGAACAACCTACTTGGTCAGAACAGGAAGTAGCTACT .GAAAAACAGTTGAG -T - - - - -G -T - - - - -C - - - - -	-G -T - - - - -C - - - - -	217
A.JP.08.NMC786_clone_41	-AT -C - - - - -ATGG . -GC -A -G-AA - - - - -GA -A -CAC -T . . . . .A - - - - .CAACAGGAACAACCATACTTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTACTGCA .AACAGCTGAG -T - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	469
A.PT.x.ALI	- - - - -C - - - - -TGG .AGGC -A -G-AA - - - - -GA -A -CATTT . . . . .AGT -CAGG -ACA . . . . .TTTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTACT .GAAAAACAGCTGAG -T - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	468
A.SN.85.R0D	.....	.....	0
A.SN.86_ST_JSP4_27	.....	.....	0
B.CI.88.UC1	-AT -AC - - - - -A -G -TGA .AGGCT -A - -AA - - - - -GA -A -C -CA -GACTA -G - - - - -G -AC -G -AGCA -A -A . . . . .CAGGAACTAGCTGACACTGCACAAG .AGGAAACT . . . . .AGCTGAC -C - - - - -A - - - - -A -C - - - - -	-A - - - - -A -C - - - - -	475
B.CI.x.20_56	-G -AC - - - - -A - - - - -TGG .AGGCT -A - -AA - - - - -AA -A -C -CA -GACTA -G -G - - - - -AC -G -AGCT -A -A . . . . .GAGGAACTAGCTGACAGTGCATAA .ACAGGAACT . . . . .AGCTGAC -T - - - - -AT - - - - -CA - - - - -	-AT - - - - -CA - - - - -	473
B.CI.x.EH0	-AA -C - - - - -A - - - - -TGG .AGGCT -AA -G-AA - - - - -AA -A -C -CA .GA -TA - - - - -G -AT - - - - -AGCACA -A . . . . .GAGGAACTAGCTAACACTGCATAGAGAAGGAAACT . . . . .AGCTGAT -T - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	475
B.GH.86.D205_ALT	-G -AC - - - - -G - - - - -TGG .AGGCT -A - -AA - - - - -GA -A -C -CA .GATTA -G - - - - -G -AC -G -AGCA -A -A . . . . .CAGGAACTAGCTGACACTGCACAAG .AAGGAACT . . . . .AGCAGAC -T - - - - -A - - - - -A -C - - - - -	-A - - - - -A -C - - - - -	478
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	.....	.....	0
G.CI.92.Abt96	.....	.....	0
AB.CM.03.03CM_510_03	.....	.....	0
H2_01_AB.CI.90.7312A	-AT -AC - - - - -A -G -ATGG .AGGCT -A - -AA - - - - -A -A -C -CA .GA -TA - - - - -G -A -C -G -AGCA -A -A . . . . .GAGGAACTAGCTGACGCTGCATAAAGAAAGGAAACTGGCT . . . . .GAC -T - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	479
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-AT -AC - - - - -A -G -ATGG .AGGCG -A -G-AA - - - - -A -A -C -CA .GA -TA - - - - -G -AAC - - - - -AGCA -A -A . . . . .GGGAACTAGCTGACGCTGCATAAGAAAGGAAACT . . . . .GGCTGAC -T - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	479
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-AT -AC - - - - -A -G -ATGG .AGGCG -A - -AA - - - - -A -A -C -CA .GA -TA - - - - -G -AAC - - - - -AGCA -A -A . . . . .GGGAACTAGCTGACGCTGCATAAGAAAGGAAACT . . . . .GGCTGAC -T - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	479
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-AA -C - - - - -AA -G -ATGG .AGGCT -A -G-AA - - - - -A -A -C -CA .GA -TA - - - - -G -AC -G -AGCA -A -A . . . . .GGGAACTAGCTGACACTGCATAAGAAAGGAAACT . . . . .GGCTGAC -T - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	480
U.CI.07.07IC_TNP3	.....	.....	0
U.FR.96.12034	.....	.....	0
U.US.08.NWK08	.....	.....	0
MAC.US.x.17EC1	.....	.....	436
MAC.US.x.251_Ia11	.....	A -A	435
MAC.US.x.251_32H_PJ5	.....	C	436
MAC.US.x.251_BK28	.....	G	436
MAC.US.x.HM142_IVMXX	.....	G	435
MNE.US.02.MNE_8	.....	G -T	435
MNE.US.x.MNE627	.....	.....	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.FT0	.....	.....	0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-T - - - - -AA -AG - - - - -A - - - - -A - - - - -AA - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	437
SMM.US.86.FU212	.....	.....	0
SMM.US.x.F236_H4	-T - - - - -A - -AG - - - - -A - - - - -A - - - - -AA - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	435
SMM.US.x.H9	.....	.....	0
SMM.US.x.PBJA	-T - - - - -A - -G -CAG - - - - -T -A - -A - - - - -A - - - - -A - - - - -GACAGCAGGGACTTTCC .ACAAA . . . . .G - - - - -A - - - - -	-G - - - - -A - - - - -	214
SMM.US.x.PGMS	-T - - - - -G - - - - -A -AG - - - - -A -TA - -A - - - - -G - - - - -AA - - - - -GACAGCAGGGACTTTCC .ACAA . . . . .G - - - - -A - - - - -	-G - - - - -A - - - - -	363
SMM.US.x.SME543	.....	.....	450
SMM.US.x.pE660_CG7G	A -T - - - - -A -AG - - - - -A - - - - -A - - - - -AA - - - - -G - - - - -C - - - - -	-G - - - - -C - - - - -	436
STM.US.89.STM_37_16	.....	.....	109



	NF-κ-B-1	TATA Box	5' LTR U3'end	TAR element start	5' LTR R repeat begin	+1 mRNA start site	
MAC.US.x.239	TAC..GGGGAGTACTGGGGAGGAGCGGTGGGAAACGCCCACTTTCTTGATGTATAAATATCACTGCATTTTCGCTCTGATTTC.AGTCGCTCTGGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAG						603
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-----						640
A.DE.x.BEN	A--CAA-----G--AT-----T--G-----T--A--A--AC-----G--AC--C--T--C--T--AT-----C-----A-----C-----A-----G-----						640
A.DE.x.PE12_KR_KRCC	A--CA-----G--GT-----A--G-----T--A--A--C-----G--AC--C--TGC--T--AT-----C-----C-----A-----C-----						620
A.GH.x.GH1	.....						85
A.GM.87.D194	.....						85
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	.....						85
A.GM.x.MCN13	.....						85
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	.....						84
A.GW.87.CAM2CG	AC--AG-----G--TAT-----T--G-----T--A--A--C--TC-----TCAC--C--TGC--T--AT--C--TC-----C-----						651
A.GW.x.MDS	.....						85
A.IN.07.NVVA	A--CA-----G--AT-----T--G-----T--A--ATC--TC-----G--AC--C--TGC--T--AT--C--TC-----C-----AG--C-----T-----A-----						634
A.IN.95.CR1K_147	A--CA-----G--AT-----T--G-----T--A--ATC--TC-----G--AC--C--T-----AT--C--TC-----C-----						386
A.JP.08.NMC786_clone_41	A--CAA-----G--AT-----T--G-----T--A--A--AC-----G--AC--C--T--C--T-----C-----A-----						638
A.PT.x.ALI	A--CA-----A--G--AT-----T--G-----T--A--A--C--CC-----G--AC--C--TGC--T--AT-----G-----						636
A.SN.85.RDD	.....						85
A.SN.86.ST_JSP4_27	.....						85
B.CI.88.UC1	A--AT-----G--AT-----TT--T-----T--AAA--CTC-----G--AC--C--T--C--T--AT-----C-----						643
B.CI.x.20_56	A--AA-----A--AT-----T--G-----T--AAAAATC-----G--AC--C--T--CT--AT--AC-----C-----						641
B.CI.x.EH0	A--AGT-----G--AT-----A--GA-----T--CAAGACTC-----G--AC--C--T--GT--AT-----C-----						643
B.GH.86.D205_ALT	A--AT-----AG--AA-----G--TT--T-----T--AAA--CTC-----G--AC--C--T--C--AT-----C-----						646
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	.....						0
G.CI.92.Abt96	.....						7
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-----						648
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	A--AGT-----G--AT-----TT--G-----T--AAT--CTC-----G--AC--C--T--C--T--AT-----						648
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	A--AGT-----G--AT-----TT--G-----T--AAT--CTC-----G--AC--C--T--C--T--AT-----						648
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	A--AGT-----G--GT-----TT--G-----T--AAT--CTC-----G--AC--C--T--C--T--AT-----						649
U.CI.07.07IC_TNP3	.....						113
U.FR.96.12034	.....T--AAATGATC-----G--AC--C--TC--T--AT-----G-----						136
U.US.08.NWK08	.....AC--G--A-----C--A--T--A--C--GGTAGCACTAGCA--GT-----T-----						68
MAC.US.x.17EC1	.....						603
MAC.US.x.251_1A11	.....A-----T--A--G-----						602
MAC.US.x.251_32H_PJ5	.....A-----						603
MAC.US.x.251_BK28	.....A-----						591
MAC.US.x.MM142_IVMXX	.....						85
MNE.US.02.MNE_8	.....						85
MNE.US.x.MNE627	.....						85
SMM.CI.79.SIVsmCI2	.....						0
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	.....						0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	.....						0
SMM.SL.92.SL92B	.....A-----C-----A-----C--A-----G-----TAGTA--GT-----T--A--A						84
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.F10	.....						0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	C--T-----T--CT-----AT--CTC-----A-----						603
SMM.US.86.FU212	.....						0
SMM.US.x.F236_H4	C--T-----T--CT-----AT--CTC-----CA-----						600
SMM.US.x.H9	.....C-----A-----						86
SMM.US.x.PBJA	.....C-----A-----G-----A-----G--C-----C-----						380
SMM.US.x.PGM53	.....T-----A--T--T-----C-----AT--TC-----CA-----G-----						529
SMM.US.x.SME543	C--T-----T--CT-----AT--CTC-----CA-----						616
SMM.US.x.pE660_CG7G	C--T-----T--CT-----AT--CTC-----A-----						602
STM.US.89.STM_37_16	A--A-----GA--GTACT-----T--G-----TT--A--TC-----CA--C--T--A--A-----A-----						276

	TAR element end	Poly-A signal	5' LTR R repeat end	5' LTR U5 start	
MAC.US.x.239	ACTCTCACCAGCACTTGGCCGGTGGTGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTTGCTT	.AAAGCCCTCTCAATAAA	.GCTGCCATTTAGAAGTAAGCTA	.GTGTGTGTTCCCATCTCTCTAGCCGCCCTGGTCAACTCGGTACTCAA	TAAT.AAGAA
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_KRCG	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C--T-A-----T-----T-----GT--CC--GTG-C-----				
A.GH.x.GH1	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C--T-A-----T-----T-----GT--TC-G-AT--C-----				
A.GW.87.D194	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C--T-A-----T-----T-----GT--TC-G-GT--C-----				
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-----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-AT--C-----				
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-----TG-----C-----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-----T-----T-----GT--CC-G-AT--C-----				
A.GW.x.MDS	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C--T-A-----T-----T-----GT--CC-G-AT--C-----				
A.IN.87.NNVA	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C--T-A-----T-----T-----GT--CC-G-GT--C-----				
A.IN.95.CR1K_147	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C--T-A-----T-----T-----GT--TC-G-AT--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.ALI	-----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-----AA-----G-----C--T-A-----C-----T-----T-----GT--CC-G-GT--C-----				
A.SN.86.ST_JSP4_27	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C--T-A-----C-----T-----T-----GT--TC--AGT-AC-A-----				
B.CI.88.UC1	-----C-G-----A-----A-----C--T-GA-----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-----A-----C--A-----T-----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					
AB.CM.03.03CM_510_03					
H2_01_AB.CI.90.7312A	-----C-G-----A-----A-----C--TC-A-----T-----T-----GT--GC-G-AT--AG-----				
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-----C-G-----A-----A-----TA-----GTC--GC--TTAG-----T-----T-----GTC--GC--TTAG-----				
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-----C-G-----A-----A-----TA-----C--TC-A-----T-----T-----GTC--GC--TTAG-----				
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-----C-G-----A-----A-----TA-----C--TC-A-----T-----T-----GTC--GC--TAG-----				
U.CI.07.07IC_TNP3	-----G-----A-----C-G-----A-----A-----C--T-A-----T-----T-----TC--GCCT--C-----				
U.FR.96.12034	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C--A-----T-----T-----TTCG-AG-T--CC-T-A-----				
U.US.08.NWK08	-----TG-T-----A-A-CA-----C-G-----GA-----C-AG-CA--C-----T-----T-----TTCG-TGT-CTGGC-CGAGGTCTCGGTATCAA				
MAC.US.x.17EC1					
MAC.US.x.251_1A11					
MAC.US.x.251_32H_PJ5					
MAC.US.x.251_BK28					
MAC.US.x.MM142_IVMXX					
MNE.US.02.MNE_8					
MNE.US.x.MNE027					
SMM.CI.79.SIVsmCI2					
SMM.LR.89.SIVsmLIB1					
SMM.SL.92.SIVsmSL92A					
SMM.SL.92.SL92B	-----A-CAGCAACA-G-CA-TGCT--GTAGAC--G-----GA-----G--A-C--C--TC-A-A-----T-----T-----TTCG--GT-C-G--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.F10					
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10					
SMM.US.86.CFU212					
SMM.US.x.F236_H4					
SMM.US.x.H9					
SMM.US.x.PBJA					
SMM.US.x.PGMS3					
SMM.US.x.SME543					
SMM.US.x.pE660.CG7G					
STM.US.89.STM_37_16	-----A-----T-----G-----T-TAT-----A-----A-----T-----T-----				

758  
794  
795  
774  
239  
239  
240  
240  
238  
805  
239  
789  
540  
792  
790  
239  
241  
795  
793  
791  
792  
0  
163  
0  
801  
797  
797  
798  
267  
287  
226  
758  
757  
758  
746  
247  
239  
0  
0  
0  
232  
25  
16  
22  
23  
22  
22  
22  
22  
23  
25  
22  
22  
22  
23  
23  
20  
19  
758  
21  
755  
241  
534  
684  
772  
757  
422

	5' LTR U5 end Lys tRNA primer binding site										
MAC.US.x.239	.....GACCTGGT.CTGTTAGGACCTTCTGCTTGGG.AAACCGAAGCA...GGAAAAATCCCTAGCAGATTGGCGCTGAACAGGACTTG.AAGGAGAGTGAGAGACTCC.TGAGT.ACGGCTGAGTGAAGGCAGTAAGGGCGCGAGGAACCAACCACGACGG	912									
A.CI.88.UC2	.....C-C-----T-A-G-----G-----G-----C-----AG-C-----AG-C-T-G--AC-----A-----	948									
A.DE.x.BEN	.....CTC-----T-A-G-----G-----C-----AG-C-----AG-C-T-G--AC.T-----A-----	949									
A.DE.x.PE12_KR_KRCC	.....CT-----G-----G-----A-----C-----C-----G--AC-----A-----	917									
A.GH.x.GH1	.....C-C-----T-A-G-----G-----C-----A-A-G-----AG-C-T-G--AC-----T-----	389									
A.GM.87.D194	.....C-C-----T-A-G-----G-----C-----G-A-C-----AG-C-T-G--AC-----A-----	394									
A.GM.x.LSY_SBL_6669_85	.....CT-----G-----G-----C-----G-----C-----AG-C-T-G--AC-----A-----	394									
A.GM.x.MCN13	.....C-C-----T-A-G-----G-----C-----A-G-A-C-A-AG-C-TT-G--AC-----A-----	394									
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	.....CT-----G-----GGC-----G-----C-----A-A-C-----AG-C-TT-G--ACA-G-----G-----GC-----	395									
A.GW.87.CAM2CG	.....CT-----A-G-----G-----G-----C-----A-AG-C-----A-AG-C-TT-G--AC-----G-----	959									
A.GW.x.MDS	.....CT-----T-A-G-----G-----C-----A-C-----AGTCTT-GA-AC-----A-----	393									
A.IN.87.NNVA	.....CT-----T-A-G-----G-----C-----A-GC-----AG-C-T-G--AC-----A-----	943									
A.IN.95.CR1K_147	.....CT-----A-C-G-----T-----T-----AGTCTT-G-AC-----A-----	695									
A.JP.08.NMC786_clone_41	.....CT-----G-----G-----G-----C-----AG-C-----AG-C-T-G--AC-----A-----	946									
A.PT.x.ALI	.....G-----G-----G-----C-----A-C-----AGTCTA-G-AC-----A-----	944									
A.SN.85.ROD	.....CT-----G-----G-----G-----C-----A-C-----AGTCTT-G-AC-----A-----	393									
A.SN.86.ST_JSP4_27	.....A-----C-----A-G-----G-----C-----A-AG-C-----AG-C-TT-G--AC-----A-----	395									
B.CI.88.UC1	.....C-----G-T-G-----A-----C-----A-A-A-----T-T-G--C-----T-----	949									
B.CI.x.20_56	.....A-----C-----A-G-----G-----C-----C-G-A-----T-T-G-GAC-----T-----	947									
B.CI.x.EH0	.....CT-----G-----G-----C-----C-G-A-----T-T-AA--C-A-----G-----	945									
B.GH.86.D205_ALT	.....CT-----G-----G-----C-----G-A-----T-T-G--C-----A-----	946									
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	.....R.G--AG--G-----G-----C-----GAAG-----T-CTT--AC-----A-----T-----	91									
G.CI.92.Abt96	.....C-----G-A-----T-T-AG--C-A-----A-----	317									
AB.CM.03.03CM_510_03	.....CT-----T-----G-----C-----CC--A-----T-T-G--AC-A-----A-----T-----	85									
H2_01_AB.CI.90.7312A	.....CT-----T-----G-----C-----CC--A-----T-T-G-GAC-A-----A-----T-----	954									
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	.....CT-----T-----G-----C-----CC--A-----T-T-G-GAC-A-----C-----T-----	950									
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	.....CT-----T-----G-----C-----CC--A-----T-T-AG-GAC-A-----A-----T-----	951									
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	.....CT-----T-----A-G-----G-----C-----CC--A-----T-T-G-GAC-A-----C-----T-----	951									
U.CI.07.07IC_TNP3	.....A-----A-----CT-----AG-----G-----C-----G-----G-----AC-----A-----	421									
U.FR.96.L2034	.....T-----A.ACTG-CA-A-C-CTCA-AA--GC-A-CCT-AGT--A-----T-G--T-----C-----CC-GA--CCTGAGA-A-----CAC-----G-----AG--A-----G-----	440									
U.US.08.NWK08	.....T-----A.ACTG-CA-A-C-CTCA-AA--GC-A-CCT-AGT--A-----T-G--T-----C-----CC-GA--CCTGAGA-A-----CAC-----G-----AG--A-----G-----	375									
MAC.US.x.17EC1	.....A-----A-----	912									
MAC.US.x.251_1A11	.....A-----A-----	911									
MAC.US.x.251_32H_PJ5	.....A-----A-----	912									
MAC.US.x.251_BK28	.....A-----A-----	899									
MAC.US.x.MM142_IVMXX	.....A-----A-----	409									
MNE.US.02.MNE_8	.....TCTGTTAG-----	393									
MNE.US.x.MNE627	.....TCTGTTAG-----	393									
SMM.CI.79.SIVsmCI2	.....AG-----A-----C-A-----C-CTCA-AA--GC-A-CCT-AGT--A-----T-G--T-----C-----G-----AC-----GAC.T-----T-----G-----	4									
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	.....AG-----A-----C-A-----C-CTCA-AA--GC-A-CCT-AGT--A-----T-G--T-----C-----G-----AC-----GAC.T-----T-----G-----	4									
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	.....AG-----A-----C-A-----C-CTCA-AA--GC-A-CCT-AGT--A-----T-G--T-----C-----G-----AC-----GAC.T-----T-----G-----	4									
SMM.SL.92.SL92B	.....AG-----A-----C-A-----C-CTCA-AA--GC-A-CCT-AGT--A-----T-G--T-----C-----G-----AC-----GAC.T-----T-----G-----	375									
SMM.US.04.G078	.....A-----C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	179									
SMM.US.04.G932	.....A-----C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	170									
SMM.US.04.M919	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	175									
SMM.US.04.M922	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	176									
SMM.US.04.M923	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	174									
SMM.US.04.M926	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	176									
SMM.US.04.M934	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	176									
SMM.US.04.M935	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	176									
SMM.US.04.M940	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	179									
SMM.US.04.M946	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	176									
SMM.US.04.M947	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	175									
SMM.US.04.M949	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	167									
SMM.US.04.M950	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	176									
SMM.US.04.M951	.....AG-----G-----A-----T-----C-----A-----A-G-----C-----A-----G-----	177									
SMM.US.04.M952	.....AG-----G-----A-----T-----C-----A-----A-G-----C-----A-----G-----	176									
SMM.US.05.D215	.....A-----C-----A-----T-----A-----C-----CC-----AA-----A-----	173									
SMM.US.06.FT0	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	174									
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	911									
SMM.US.86.CFU212	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	175									
SMM.US.x.F236_H4	.....A-----C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	908									
SMM.US.x.H9	.....S-----Y-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	394									
SMM.US.x.PBJA	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	687									
SMM.US.x.PGMS3	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	837									
SMM.US.x.SME543	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	924									
SMM.US.x.pE660_CG7G	.....C-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	910									
STM.US.89.STM_37_16	.....CT-T-G-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----	576									





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.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.ALI1  
 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.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.07.071C TMP3  
 U.FR.96.12034  
 U.US.08.NWK08  
 MAC.US.x.17EC1  
 MAC.US.x.251.1A11  
 MAC.US.x.251.32H.PJ5  
 MAC.US.x.251.BK28  
 MAC.US.x.MM142.IVMXX  
 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.PBJA  
 SMM.US.x.PGMS3  
 SMM.US.x.SME543  
 SMM.US.x.pE660.CG7G  
 STM.US.89.STM\_37\_16

GAAGGATGTCAAAAAATACTTTCGGTCTAGCTCCATTAGTGCCAAACAGGCTCAGAAAATTTAAAAGCCTTTATAACTGTCTGCTGCATCTGGTGCATTCACGCAGAAGAGAAAGTGAACACACTGAGGAAGCAAAAACAGATAGTCGACAGACACCTAGTGGTGGAA 1384  
 E G C Q K I L S V L A P L V P T G S E N L K S L Y N T V C V I W C I H A E E K V K H T E E A K Q I V Q R H L V V E  
 T C G T CA A T A G T C T G A G A AC A A T CA 1434  
 T C G T CAGA T A A G T C T G A G A AC CA T CA 1434  
 T C G T TA A A T A A G T C T G A G A AC A A T CA 1402  
 T C G T CA A T A A G T C T G A G A AC A A T CA 875  
 T C G T AAA T AA A G T C T G A G A AC CA T CA 878  
 T C G T TA A T AA A G T C T G A G A AC AGG T CA 878  
 T C G T A A T G A G T T A G A A A T C CA 879  
 T C G T A A T A A G T T A G A A A T C CA 878  
 T C G T AAA T A A G T T A G A A A T C CA 1443  
 G T C T A A T A A G T T A G A A A T C CA 877  
 G T C T A A T A A G T T A G A A A T C CA 1428  
 G T C T A A T A A G T T A G A A A T C CA 1179  
 T C G T A A T AA A A G T T A G A A A T C CA 1430  
 T C G T AAA T AA A G A G T T A G A A A T C CA 1427  
 G T C T A A T A A G A G T T A G A A A T C CA 877  
 G T C T A A T A A G A G T T A G A A A T C CA 879  
 C T A A A G A A T T AC T G G T A CA C C 1415  
 C T A A A G A A T T AC T G G T A CA C C 1413  
 C GG T GGAAA GA A T T C T T C G G T A CA C C 1411  
 T C G T AAA T A A G T T T C T T C G G T A CA C C 1410  
 C T A A AA A A T T AC TC G T A T T A CA C C A 556  
 T C T T A A A T T T G C C A T A A AG T A 797  
 C T AAA A A A T T C C G G T A G A CA C C 546  
 G T A A G T T A A A C CA C T 1416  
 G T A C A G T C A T CA C T CA 1416  
 G T AAA C A G T T G G A A C CA C 1415  
 G T A C C A A G T T G G A A C CA C 1415  
 T T A T G G AC T T G AC A T A 902  
 U FR 96 12034 TT A G T T T T G G T A G A T C C 913  
 C G T AGAA T A C A T G T T G A G T G A T CA 838  
 MAC.US.x.17EC1 1384  
 MAC.US.x.251.1A11 1383  
 MAC.US.x.251.32H.PJ5 1385  
 MAC.US.x.251.BK28 1372  
 MAC.US.x.MM142.IVMXX A 882  
 MNE.US.82.MNE.8 G 864  
 MNE.US.x.MNE027 G 864  
 SMM.CI.79.SIVsmCI2 C TT G A T A G T T G T A T C A A 480  
 SMM.LR.89.SIVsmLIB1 T T T T T G T C T A A T A A 469  
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A T G TT G A G T C T G T A AT A T G A A A C A 477  
 SMM.SL.92.SL92B G T AG A AC A A G T G T G AG T TC G AT G A T GA A C A C T A 824  
 SMM.US.04.G078 C T C A G T T T C T A G G A A A T 650  
 SMM.US.04.G932 T A A T T TC T A G T A A A T 642  
 SMM.US.04.M919 C G TA A T A T G T G G C T A G T A A A T 647  
 SMM.US.04.M922 T TA A T T G T G T G C A A A T C 648  
 SMM.US.04.M923 T T A T T G T G T T G T C A A A T 647  
 SMM.US.04.M926 C T A A T T T G T G C T AG CT 647  
 SMM.US.04.M934 T C G T A T T T G T G C T AG T 645  
 SMM.US.04.M935 T TA G A T T G T G C T T G G T A T 648  
 SMM.US.04.M940 C T A G T C A G T T G T G C T G A A A T 650  
 SMM.US.04.M946 T C G T A A T AA T G T G T G C T TT G A G AG A T 646  
 SMM.US.04.M947 T G T C A T C A G T T G T G T G C T A A T 647  
 SMM.US.04.M949 T G T C A T C A G T T G T G C T A A T 638  
 SMM.US.04.M950 T G T C A T C G T G T G C T T G T A G T 646  
 SMM.US.04.M951 C T G T A T T G T G T G T T A A T 647  
 SMM.US.05.D215 C T G TA A T T G T G C T T G G T AG T 646  
 SMM.US.06.FTQ T T C T A T T G T G C T T A T A T 644  
 SMM.US.11.SIVsmE660\_FL10 T T T T T G T G T C C T A T 657  
 SMM.US.86.CFU212 T R T A T ACA G T G C C C T Y A A T 1383  
 SMM.US.x.F236.H4 T T A T T G T T C G C T A A T 1380  
 SMM.US.x.H9 T T A T T G T T C C C T T A A T 866  
 SMM.US.x.PBJA T T A T T G T T C C C T T A A T 1159  
 SMM.US.x.PGMS3 T TA A T T G T T G T A T T 1310  
 SMM.US.x.SME543 T T A T T G T T G T A T T 1396  
 SMM.US.x.pE660.CG7G T T A T T G T T G T A T T 1382  
 STM.US.89.STM\_37\_16 G TA AA AA T T T T T T T T C T G AG G AA T T A 1040







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.GW.86.FG 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.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.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 TMP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE827
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.PBJA
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM\_37\_16

GCTCCA...CAACAAGGACAACCTAGGAGCCGTCAGGATCAGATATTGACAGAAACCACTAGTTTCAGTAGTAGAACAAATCCAGTGGATGACAGACAAACAGAACCCATACCCAGTAGGCAACATTTACAGAGAGTGGTCCAACTGGGGTTGCAAAAATGTGCAGAAT 1882
A P . Q Q G 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 M
-GC-CTTA-C-GC-G-G-A-C-AAGG-G-T-C-A-A-CA-A-G-G-T-G-G-A-T-G-G-G-G-C-A-GA-A-C-G-G-1935
-GC-CTTA-C-GC-G-G-C-A-C-AAG-G-T-C-A-A-CA-A-G-G-T-G-C-A-T-G-G-G-G-C-A-A-A-C-G-G-A-1935
-GC-CTTG-C-GC-G-G-A-A-AAG-G-T-A-G-A-CA-A-A-G-TT-GC-A-T-G-G-G-G-C-T-A-GA-A-C-G-G-G-1903
-GC-CTTA-C-GC-G-G-A-C-AAGG-G-T-C-A-A-A-CA-A-A-G-T-G-C-A-T-G-G-G-G-C-A-A-GA-A-C-A-G-G-1379
-GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-C-AAGG-G-T-C-A-A-A-CA-A-A-G-T-G-CA-T-G-G-G-G-C-A-GA-A-C-A-G-G-1379
-GC-CTTA-C-GC-G-G-C-A-T-ACG-T-T-C-A-G-A-CA-A-G-G-G-A-T-G-G-A-T-TG-G-A-C-T-GA-A-C-G-G-1379
-GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-A-G-A-CA-A-G-G-TT-G-C-A-T-G-G-G-A-C-T-GA-A-C-G-G-1380
-GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-A-G-A-CA-A-A-G-TT-G-C-A-T-TG-G-G-A-C-T-T-GA-A-C-G-G-1373
-GC-CTTA-C-GC-G-G-G-C-A-AAG-G-T-C-A-A-G-A-CA-A-A-G-TT-GGG-A-T-TG-G-G-G-C-T-A-GA-A-C-G-G-1944
-GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-A-AAGG-G-T-C-A-A-G-A-CA-A-A-G-TT-GGG-A-T-TG-G-G-G-C-T-A-GA-A-C-G-G-1379
-GC-CTTA-C-GC-G-G-G-C-A-A-AAG-G-T-C-A-A-G-A-CA-A-A-G-G-TT-GC-A-T-TG-G-A-C-T-A-GA-A-C-G-G-1929
-GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-A-G-A-CA-A-A-G-TT-GC-A-T-TG-G-A-C-T-A-GA-A-C-G-G-1680
-GC-CTTA-C-GC-G-G-G-C-A-C-AAGG-G-T-C-A-A-G-A-CA-A-A-GC-TT-G-G-CA-T-G-G-G-G-C-A-GA-A-C-A-G-1931
-GC-CTTA-C-GC-G-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-A-G-A-CA-A-A-G-TT-G-C-G-T-TG-G-G-G-C-T-A-GA-A-C-A-G-1928
-GC-CTTA-C-GC-G-G-A-A-AAGG-G-T-C-A-A-G-A-CA-A-A-G-TT-G-C-A-T-TG-G-G-G-C-T-A-GA-A-A-G-G-1378
-GC-CTTA-C-GC-G-G-G-C-A-AAGG-G-T-C-A-A-G-A-CA-A-A-G-G-TT-G-C-A-T-TG-G-A-G-C-T-A-GA-A-C-A-G-G-1380
-G-CTG-C-GC-C-CAG-G-A-C-C-CA-G-A-GGC-A-T-TG-T-G-G-A-T-A-A-C-G-G-C-G-1901
-G-CTG-C-GC-C-CAG-G-A-C-C-CA-G-A-GGC-A-T-TG-T-G-G-A-T-A-A-C-G-G-C-G-1899
-GC-ATG-C-GC-G-C-A-AAG-G-C-A-G-C-C-CA-A-A-G-A-GC-A-T-TG-C-G-A-C-T-A-G-T-A-G-T-A-C-G-1897
-GC-ATG-CGGC-G-C-AAG-G-A-C-C-CA-G-G-G-A-GGGC-A-T-TG-C-G-A-T-A-G-T-T-A-A-G-1896
-GC-ATG-C-GC-G-C-AAG-G-C-A-C-CA-G-G-G-A-G-G-C-A-T-T-C-A-T-A-T-T-A-C-G-1042
-GG-GCCG-C-GC-M-C-A-A-A-A-G-C-A-A-A-T-CAC-G-G-A-T-T-A-T-Y-T-A-RT-A-AC-T-G-1298
-GC-CTG-CGGC-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-1032
-G-CTG-C-GC-C-CAG-A-G-C-C-CA-G-G-A-GGGT-A-GT-T-C-G-T-A-T-G-A-A-G-G-C-G-1902
-G-CTG-C-GC-A-C-CAG-A-G-C-C-CA-G-G-A-GGGT-A-TT-C-G-G-T-A-T-T-A-A-G-G-1902
-H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10-G-CTG-C-GC-C-A-CAG-G-A-C-C-CA-G-G-A-GGGT-A-TT-G-C-G-G-T-A-T-T-A-A-G-1901
-G-CTG-C-GC-C-A-CAG-G-A-C-C-CA-G-G-A-GGGT-A-TT-G-C-G-G-T-A-T-T-A-A-G-1907
-GC-CTA-C-GC-G-G-A-A-TAGG-G-C-A-C-C-CA-G-G-A-G-G-A-T-G-A-T-T-G-A-C-T-T-T-A-AC-C-G-1403
-GC-CCA-C-GC-G-G-A-AAG-T-T-A-G-A-G-G-A-TT-CC-A-G-G-T-C-TC-T-T-A-C-A-T-1414
CTA-G-GC-CTCCGGG-GC-C-C-AAG-G-A-C-C-A-T-A-A-G-AG-T-GGA-T-TG-C-AC-A-T-T-G-A-A-A-1330
1882
G
1881
G
1883
G
1870
G
1380
G
1362
G
1362
A
1362
G
981
AGC-ATA-C-GC-G-A-C-AAGG-T-C-A-T-C-C-A-A-G-G-A-G-A-G-A-T-G-A-T-T-A-T-AA-C-A-G-970
G-CTC-C-GC-G-C-AAG-T-A-T-C-CA-A-A-G-A-TT-GGCTGCC-C-G-G-C-C-C-T-A-T-A-978
C-GG-GCAA-CGGCT-GGG-A-A-A-AAG-C-T-A-A-G-CA-CCC-AG-G-AG-A-T-GGC-A-AG-C-G-AG-C-T-A-G-G-AC-C-G-1325
-GC-CTA-C-GC-G-G-C-A-AAGG-C-T-A-A-G-C-A-G-A-G-A-T-G-A-T-T-A-T-A-T-AC-G-1151
-G-ATA-C-GC-G-C-A-AAG-C-T-A-A-G-C-A-G-A-G-A-T-T-G-A-T-T-A-T-A-T-AC-G-1143
-G-ATA-C-GC-C-A-C-AAG-T-A-A-A-G-T-T-G-G-T-T-G-A-C-A-T-A-A-G-1148
-G-CTA-C-GC-T-A-A-AAG-T-A-G-A-G-T-T-T-G-A-C-A-G-T-T-A-G-1149
-G-GCTA-C-GC-G-G-G-A-AAG-C-C-CA-A-A-G-T-T-G-G-A-T-T-G-A-C-A-G-TT-A-C-G-1148
-GC-TTG-C-GC-G-G-C-A-AAG-C-C-CA-C-G-T-T-GGGT-A-TT-G-C-G-A-T-T-G-T-A-C-G-1148
-G-TTA-C-GC-G-G-C-A-AAG-G-A-G-T-A-T-T-GGGT-A-TT-G-C-G-A-T-T-G-T-A-C-G-1146
-G-ATA-C-GC-A-T-AAG-T-A-G-A-G-T-T-T-G-G-A-T-T-G-A-T-C-T-A-G-1149
-G-GTTA-C-GC-G-C-A-AAGG-C-T-C-A-C-C-A-A-T-T-G-G-A-T-T-G-T-G-T-A-T-T-C-G-G-1151
-G-TTG-C-GC-A-AAG-C-A-G-A-G-A-T-T-G-G-A-T-T-G-A-T-T-A-G-1147
-G-ATA-C-GC-A-T-AAG-C-T-C-A-T-CA-A-G-A-G-T-A-T-T-G-G-A-T-T-T-A-G-T-T-A-C-G-1148
-GC-CTA-C-GC-G-G-C-A-AAG-C-T-C-A-C-C-A-A-G-A-G-T-T-G-G-A-T-T-G-T-G-T-A-T-T-AC-G-G-1147
-G-TTG-C-GC-C-A-AAG-C-A-G-A-G-T-T-G-G-T-T-G-G-T-T-A-T-T-A-G-1147
-GC-GCTA-C-GC-G-C-A-AAG-G-T-C-C-C-A-G-G-A-T-T-G-G-A-T-T-G-A-G-T-T-A-G-1145
-GC-ATA-C-GC-G-G-C-A-C-AGG-T-T-CA-C-A-G-G-AG-A-T-T-G-G-A-T-T-T-C-A-G-T-T-A-1161
-G-CCA-C-GC-G-G-C-A-C-AGG-C-T-A-T-CA-C-A-G-G-A-T-T-G-G-A-T-T-T-C-T-A-G-T-T-A-G-1884
-G-ATA-C-GC-G-G-C-A-AAG-R-A-C-C-CA-G-A-G-G-T-T-G-G-T-T-G-G-A-C-T-T-T-T-A-G-1137
-G-CTA-C-GC-G-A-AAG-C-C-T-A-T-A-G-A-T-T-A-G-T-T-A-G-T-T-A-C-G-A-1881
-G-ATA-C-GC-A-AAGR-C-C-T-CA-S-C-T-A-Y-G-G-A-T-T-C-R-G-T-T-A-C-G-G-C-A-1367
-G-GATA-C-C-A-AAG-C-C-T-CA-C-C-T-A-Y-G-G-A-T-T-C-A-G-T-T-A-C-G-G-A-1660
-G-ATA-C-GC-C-A-T-AAG-T-T-A-G-A-G-T-T-G-G-A-T-T-G-A-T-T-A-C-G-G-A-1811
-G-CTA-C-GC-G-A-AAG-C-T-T-A-G-A-G-T-T-G-G-A-T-T-G-A-T-T-A-G-T-T-A-C-G-G-A-1897
-G-CTA-C-GT-G-A-AAG-C-T-T-A-G-A-G-T-T-A-G-T-T-A-G-T-T-A-G-T-T-A-C-G-G-A-1883
-G-GCTG-C-GC-G-A-A-AAGC-G-A-A-G-T-C-CC-G-G-T-A-C-G-G-A-T-T-T-G-A-C-T-T-A-C-A-1544

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.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
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.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.NNC716.01
H2.01.AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.07.07IC.TNP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NWK08
MAC\_US\_x.17EC1
MAC\_US\_x.251.1A11
MAC\_US\_x.251.32H.PJ5
MAC\_US\_x.251.BK28
MAC\_US\_x.MM142.IVMXX
MNE\_US\_82.MNE.8
MNE\_US\_x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL192A
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.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM\_37\_16

Genomic alignment table showing HIV-2 Genomes (Y N P T N I L D V K Q G P K E P F Q S Y V D R F Y K S L R A E Q T D A A V K N W M T Q T L L I Q N A N P D C K L) and their alignments with various reference sequences (e.g., MAC\_US\_x.239, AB.CM.03.03CM.510.03, SMM.US.04.M922, STM.US.89.STM\_37\_16) across a range of nucleotide positions (1468-1714).

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2) and sequence alignments. The alignment is shown in a grid format with gaps represented by dashes. Headers indicate regions: Gag p24 Capsid end, Gag p2 Spacer start, Gag p2 Spacer end, Gag p8 Nucleocapsid start.



MAC\_US.x.239
Po1
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.MC113
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.ALI1
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.INCJ KR020 1
B.CI.92.Abt196
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
U.US.08.NWK08
MAC\_US.x.17EC1
MAC\_US.x.251 IA11
MAC\_US.x.251 32H PJ5
MAC\_US.x.251 BK28
MAC\_US.x.MM142 IVMXX
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.F10
SMM.US.11.SIVsmE660\_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM\_37\_16

Table with 5 columns: Accession ID, Sequence alignment (Gag p1 spacer end, Gag p6 start), and Position. The table lists various HIV-2 genome sequences and their corresponding amino acid positions from 1 to 2152.



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.GW.86.FG 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.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.IMC1 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.07.071C TMP3  
U.FR.96.12034  
U.US.08.NMK08  
MAC.US.x.17EC1  
MAC.US.x.251 1A11  
MAC.US.x.251 32H PJ5  
MAC.US.x.251 BK28  
MAC.US.x.MM142 IVMXX  
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.PBJA  
SMM.US.x.PGMS3  
SMM.US.x.SME543  
SMM.US.x.pE660.CG7G  
STM.US.89.STM\_37\_16

```
CTGTAGAAGTATTACTGGATACAGGGGCTGATGATTCTATTGTAACAGGAATAGAGTTAGGTCCACATTATACCCCAAAAATAGTAGGAGGAATAGGAGGTTTTTAAATACTAAAGAATACAAAAATGTAGAAATAGAAGTTTTAGGCAAAAGGATTAAGGGGCAATC 2779
Q P V E V L L D T G A D D S I V T G I E L G P H Y T P K I V G G I G G F I N T K E Y K N V E I E V L G K R I K G T
-----C-----A-----G-----GGACA-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A 2862
-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----GGACA-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----T-----A-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A 2860
-----C-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----GGACA-----C-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A 2830
-----G-----C-----A-----C-----A-----A-----GG-----C-----GGACA-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----GATT-----A-----A-----G-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A 2306
-----A-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----GGACA-----C-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----AG-----GC-----AAT-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----A 2303
-----A-----TC-----G-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----GGACA-----C-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----AG-----GC-----AAT-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----A 2307
-----A-----T-----GT-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----GGACA-----C-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----CC-----T-----G-----A-----G-----G-----CC-----C-----A 2858
-----A-----T-----GT-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----AAACA-----C-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----G-----CC-----T-----G-----A-----G-----G-----CC-----C-----A 2871
-----A-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----A-----AAACA-----C-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----G-----CC-----T-----G-----A-----G-----G-----CC-----C-----A 2306
-----A-----T-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AAGTG-----AT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----C-----CC-----T-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----A 2856
-----A-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AAGTA-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----C-----CC-----T-----A-----G-----A-----G-----CC-----C-----A 2607
-----A-----C-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----GAACA-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A 2855
-----A-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----GAACA-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----TG-----G-----A-----AC-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A 2308
-----A-----T-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----CG-----GGACA-----C-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----AG-----A-----AAT-----AG-----A-----G-----CC-----C-----A 2307
-----A-----G-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----AGCA-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----AG-----G-----A-----G-----A-----G-----CA-----T-----A 2843
-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----AGTA-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----C-----G-----AG-----G-----A-----G-----A-----G-----CA-----T-----A 2838
-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----A-----CAGCA-----C-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----AG-----A-----AG-----A-----G-----CA-----G-----A 2833
-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----A-----AGCA-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----CA-----T-----A 2838
-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----AGTG-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----G-----AG-----A-----A-----A-----G-----CA-----T-----A 1984
-----A-----C-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AAGTA-----GT-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----TA-----GG-----A-----A-----AC-----G-----CT-----TG-----T 2189
-----A-----A-----C-----R-----C-----A-----A-----G-----AY-----AGCA-----C-----C-----G-----R-----G-----A-----C-----C-----AG-----G-----A-----CAG-----A-----G-----CA-----T-----A 1974
-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AAGCA-----C-----C-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----CA-----AG-----A-----A-----G-----A-----G-----CA-----T-----A 2844
-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----AAGCA-----C-----C-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----CA-----AG-----A-----A-----G-----A-----G-----CA-----T-----A 2844
-----A-----G-----C-----A-----C-----C-----A-----A-----GG-----A-----AAACA-----C-----C-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----CA-----A-----AG-----A-----A-----G-----A-----G-----CA-----T-----A 2849
-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----GG-----A-----AGT-----A-----CA-----T-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----C-----AG-----G-----G-----A-----G-----G-----CC-----C-----A 2294
-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----TA-----AA-----T-----CT-----G-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----TTC-----C-----CA-----A-----G-----CA-----G-----T-----C-----A 2344
-----A-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----C-----A-----GG-----G-----A-----A-----TTA-----C-----AG-----G-----T-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----AC-----TAG-----A-----A-----GAA-----A-----CA-----T-----A 2215
-----A-----T-----A-----T-----A-----G-----A-----G-----2779
-----A-----G-----2778
-----A-----G-----2780
-----A-----G-----2755
-----A-----G-----2265
-----A-----G-----2247
-----A-----G-----2247
-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----1899
-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----A-----A-----GG-----G-----C-----A-----T-----AC-----CC-----T-----AG-----A-----G-----C-----T 1899
-----G-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----TG-----G-----G-----AC-----C-----G-----A-----GG-----A-----G-----C-----C-----G 1858
-----G-----G-----T-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----A-----ATT-----A-----AA-----G-----T-----G-----T-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----TA-----TC-----C-----G-----GAAG-----A-----G-----CC-----C-----G 1860
-----CC-----G-----TC-----C-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----GGG-----C-----A-----G-----T-----G-----G-----T-----A-----C-----A-----A-----TG-----G-----CA-----A-----GGTA-----A-----G-----AA-----C-----A 2210
-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----A-----GG-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----TC-----GG-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----A-----T 2039
-----C-----G-----T-----A-----C-----A-----GG-----G-----AC-----A-----A-----T-----T-----C-----AC-----C-----C-----G-----TC-----GG-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----A-----T 2028
-----C-----G-----T-----A-----C-----A-----GG-----G-----AC-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----GGTA-----G-----A-----T 2033
-----C-----C-----GT-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----GTA-----G-----A-----T 2034
-----C-----C-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----G-----GTA-----G-----A-----T 2033
-----C-----C-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----A-----T 2033
-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----T 2034
-----G-----G-----T-----C-----A-----C-----A-----GG-----G-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----TC-----G-----A-----G-----A-----G-----T-----A-----G-----A-----T 2039
-----C-----C-----A-----C-----C-----A-----GG-----G-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----GA-----A-----C-----GGT-----G-----A-----T 2032
-----G-----G-----T-----C-----A-----C-----A-----GG-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----A-----T 2027
-----C-----G-----A-----C-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----A-----TC-----GG-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----A-----T 2032
-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----C-----A-----GG-----G-----A-----A-----G-----C-----G-----TC-----GG-----G-----A-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----A-----G-----T 2036
-----C-----C-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----A-----C-----G-----A-----T 2032
-----A-----G-----C-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----ATT-----A-----T-----T-----A-----C-----C-----TC-----G-----G-----A-----GC-----A-----A-----T-----CA-----A-----T-----2033
-----A-----T-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----C-----C-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A-----T 2769
-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----AA-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----A-----AC-----G-----A-----G-----A-----C-----2025
-----C-----T-----A-----C-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----G-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A-----T 2766
-----CA-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----G-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----GTA-----G-----A-----T 2252
-----C-----T-----A-----C-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----GTA-----G-----A-----T 2545
-----C-----T-----A-----C-----A-----GG-----AC-----A-----T-----G-----C-----C-----C-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A-----T 2696
-----C-----T-----A-----C-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----G-----C-----C-----C-----T-----G-----GA-----A-----C-----GGTA-----G-----A-----T 2782
-----C-----T-----A-----C-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----G-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----GGTA-----G-----A-----T 2768
-----C-----T-----C-----C-----C-----A-----A-----GG-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----TT-----G-----A-----C-----G-----A-----G-----AA-----A-----A-----T-----T 2426
```





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.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.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.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.TMP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE827
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.CFU212
SMM.US.x.F236\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM\_37\_16

Table with 31 columns representing nucleotide positions and rows for various HIV-2 genome sequences. The header row shows the reference sequence: ATTAAGAGAAATCTGT...GAAAGATGGAAAAGGATGGTTCAGTGGGAAGACTCCCCGACCAATCCATCAACACCCCCACATTTGCTATAAAGAAAAAGGATAGAACAATGGGAATGCTAGATATTTAGGGAACATAAATAGGGTCACTCAGGACTTACGGAA 3118. The table contains alignment characters (A, C, G, T, -, #, .) for each sequence.

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.GW.86.FG c1one NIHZ  
 A.GW.87.GAM2CG  
 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.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.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  
 U.US.08.NWK08  
 MAC.US.x.17EC1  
 MAC.US.x.251.1A11  
 MAC.US.x.251.32H PJ5  
 MAC.US.x.251.BK28  
 MAC.US.x.MM142.IVMXX  
 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.CFU212  
 SMM.US.x.F236.H4  
 SMM.US.x.H9  
 SMM.US.x.PBJA  
 SMM.US.x.PGMS3  
 SMM.US.x.SME543  
 SMM.US.x.pE660.CG76  
 STM.US.89.STM\_37\_16

GTCCAATTAGGAATACCACCCCTGCAGGACTAGCAAAAAGAAAAAATACAGCTAGTGGATATAGGTGATGCATATTTCCATACCTCTAGATGAAGAATTAGGCAGTACACTGCCTTTACTTTACCATCAGTAAATAATGCAGAGCCAGGAAAACGATACATTTA 3288  
 E V Q L G I P H P A G L A K R K R I T V L D I G D A Y F S I P L D E E F R Q Y T A F T L P S V N N A E P G K R Y I  
 A-T-GC--T-----A-----T-----C-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----C-----C-----T-----A-----T-----T-----C-----T-----A-----CC-----T-----A----- 3371  
 A-T-GC--T-----G-----T-----C-----A-----G-----CT-----TA-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----A-----CC-----G-----C-----ATG-----A-----T-----A----- 3371  
 A-T-GC--T-----T-----G-----T-----C-----G-----AA-----G-----T-----A-----G-----G-----C-----C-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----A-----CC-----A-----G-----C----- 3371  
 A-T-GC--T-----G-----T-----C-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----C-----C-----T-----A-----C-----T-----A-----T-----A-----CC-----C-----A-----A----- 2815  
 -T-G--T-----A-----T-----C-----G-----AA-----G-----T-----GT-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----G-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----A----- 2815  
 A-T-G--T-----A-----T-----G-----C-----G-----AA-----T-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----C-----A-----T-----A-----C-----A-----C-----A----- 2816  
 A-T-G--T-----A-----T-----G-----C-----A-----GG-----T-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----T-----A-----C-----C-----C-----A----- 2809  
 A-T-G--T-----A-----T-----C-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----AT-----C-----A-----T-----A-----C-----C-----G-----C-----A----- 3380  
 A-T-G--T-----A-----G-----T-----C-----G-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----AG-----C-----A-----T-----A-----CC-----G-----C-----A----- 2815  
 A-T-GC--T-----G-----T-----G-----C-----G-----AA-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----AG-----G-----C-----A-----T-----A-----C-----G-----G----- 3365  
 A-T-G--C-----A-----T-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----AG-----C-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----C----- 3116  
 A-T-GC--T-----G-----GT-----C-----A-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----AG-----T-----A-----T-----A-----CC-----AC-----C-----A-----T-----A----- 3367  
 A-T-G--G-----T-----A-----T-----C-----G-----AA-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----AG-----GAGC-----A-----T-----A-----C-----C-----G----- 3364  
 A-T-G--T-----T-----A-----GT-----C-----G-----A-----G-----T-----C-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----CA-----T-----A-----C----- 2817  
 A--G--T-----T-----A-----C-----G-----A-----C-----T-----C-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----G-----T-----C-----A-----T-----A-----C-----A-----C----- 2816  
 -----C-G--T-----C-----G-----GT-----G-----G-----AA-----GG-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----AGT-----C-----A-----CC-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----A-----C----- 3352  
 -----GC-G--T-----C-----G-----T-----G-----G-----G-----AA-----G-----A-----T-----A-----G-----A-----C-----C-----AGTG-----C-----A-----CCC-----T-----C-----A-----A-----C-----G-----C-----T-----GA-----A----- 3347  
 -----GC-G--T-----T-----A-----G-----TC-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----AGTG-----C-----A-----CC-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----GA-----TC----- 3342  
 -----C-G--T-----T-----G-----G-----G-----AA-----GG-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----AGT-----C-----A-----CC-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----C----- 3344  
 -----GC-G--C-----T-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----AGT-----C-----A-----CC-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----G----- 2494  
 -----G-G--C-----T-----TT-----G-----G-----AA-----GG-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----C-----AGT-----T-----T-----T-----C-----A-----T-----C-----C-----A-----A----- 2698  
 -----R-G--T-----C-----G-----GT-----G-----G-----AA-----GG-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----AGT-----C-----A-----CC-----R-----Y-----C-----A-----T-----A-----A-----C-----CY-----G-----AC-----C-----YA-----GA----- 2483  
 -----C--T-----T-----G-----G-----G-----AA-----GG-----A-----GA-----A-----G-----A-----C-----C-----AGTG-----C-----A-----CCC-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----G----- 3353  
 -----C--T-----T-----A-----T-----G-----G-----AA-----GG-----AT-----A-----G-----A-----C-----C-----AGTG-----C-----A-----CC-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----A----- 3352  
 -----GC--T-----T-----G-----G-----G-----A-----GG-----AT-----A-----G-----A-----C-----C-----AGTG-----C-----A-----CCC-----C-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----A----- 3358  
 -----G--T-----T-----G-----G-----AA-----G-----A-----CG-----A-----C-----AG-----T-----C-----C-----CA-----A-----T-----C-----C-----C-----A-----GA-----C----- 2803  
 -----G--T-----C-----A-----TG-----GA-----G-----G-----A-----T-----A-----G-----G-----C-----C-----AG-----C-----G-----GTG-----C-----C-----A-----T-----A-----CA-----T-----A-----C----- 2853  
 -----A--G--G-----T-----G-----A-----C-----TC-----G-----AA-----C-----C-----T-----C-----G-----C-----C-----T-----AG-----CT-----GT-----G-----C-----A-----T-----C-----G-----G-----C-----CATGAG-----T-----A-----G-----TG----- 2724  
 -----G-----C-----C----- 3288  
 -----G-----C----- 3287  
 -----G-----C----- 3289  
 -----G-----C----- 3264  
 -----G-----C-----T----- 2774  
 -----G-----G-----C-----G-----C-----T----- 2756  
 -----G-----G-----C-----G-----C-----T----- 2756  
 -----T-----GC-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----C-----A-----C-----TAGT-----T-----AT-----TGG-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----CG-----C-----C-----T-----C-----C-----A-----T-----A-----G-----T----- 2408  
 A-T-G-G--C-----T-----A-----G-----CAGC-----GG-----C-----GT-----A-----G-----G-----A-----T-----T-----C-----AT-----G-----CCG-----C-----A-----T-----A-----T-----C-----G-----G-----C-----A-----T-----GA-----TG-----C----- 2367  
 A-T-G-G--T-----G-----C-----T-----AAGG-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----C-----T-----AG-----C-----CCCG-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----CCA-----A-----GA-----G-----T----- 2719  
 A-T-G-G--T-----G-----C-----T-----A-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----C-----A-----AT-----G-----GC-----G-----C-----A-----A-----A-----CC-----T-----C-----C-----A-----GA-----G-----TG----- 2548  
 -----A-----G-----G-----T-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----T-----G-----C-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 2542  
 -----A-----G-----G-----T-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 2540  
 -----A-----G-----G-----T-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 2543  
 -----A-----G-----G-----T-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 2542  
 -----A-----G-----G-----T-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 2540  
 A-T-G-G--T-----G-----C-----T-----A-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----C-----CC-----T-----C-----A-----GA-----G-----TG-----C----- 2548  
 -----A-----G-----G-----T-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----C----- 2541  
 A-T-G-G--T-----G-----C-----T-----A-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 2542  
 -----A-----G-----G-----T-----G-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 2536  
 A-T-G-G--T-----G-----C-----CT-----A-----G-----C-----A-----G-----G-----C-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----C-----CC-----T-----C-----A-----GA-----G-----TG-----C----- 2541  
 -----G-----G-----T-----A-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----AT-----G-----GA-----C-----A-----T-----T-----CC-----G-----C-----A-----A----- 2541  
 -----T-----C-----A-----G-----G-----C-----T-----G-----C-----T-----A-----G-----C-----C-----T-----A-----G-----CCC-----C-----A-----T-----T-----CC-----A-----T-----C----- 2570  
 -----A-----G-----G-----T-----A-----T-----G-----G-----A-----GG-----G-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----C-----CC-----G-----G-----T-----A-----A-----C----- 3278  
 -----A-----G-----G-----T-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----T-----CT-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----C-----CC-----G-----G-----A-----T-----C----- 2534  
 -----A-----G-----G-----T-----A-----T-----G-----G-----A-----GG-----G-----C-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 3275  
 -----A-----G-----G-----R-----G-----A-----GG-----G-----C-----GT-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 2761  
 -----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----GT-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 3054  
 -----A-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----GT-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 3205  
 -----A-----G-----G-----G-----A-----GG-----G-----C-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 3291  
 -----A-----G-----G-----G-----A-----GG-----G-----C-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C----- 3277  
 A-T-GC--T-----G-----G-----C-----T-----G-----G-----T-----C-----G-----GC-----T-----T-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----C----- 2935

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.GW.86.FG 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.SW.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.IMCJ KR020\_1
G.CI.92.Ab196
AB.CM.03.03CM 510\_03
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
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
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.F1Q
SMM.US.11.SIVsmE660\_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG76
STM.US.89.STM\_37\_16

Table with 50 columns representing amino acid positions and rows for various HIV-2 genome sequences. The header row shows the reference sequence: TAAGGTTCTGCCTCAGGATGGAAGGGGTCCACAGCCATCTTCCAATACACATGAGACATGCTGAGAACCCTTCAGGAAGGCAAAATCCAGATGTGACCTTAGTCAGTATATGGATGACATCTTAAATAGCTAGTGACAGGACAGACTGGAAACATGACAGGGTAGTTT 3458. The table contains alignment data for sequences like MAC.US.x.239, MAC.US.x.17EC1, SMM.CI.79.SIVsmC12, etc.





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.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.SW.95.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.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.07.071C TNP3  
 U.FR.96.12034  
 U.US.08.NWK08  
 MAC.US.x.17EC1  
 MAC.US.x.251 1A11  
 MAC.US.x.251 32H PJ5  
 MAC.US.x.251 BK28  
 MAC.US.x.MM142 IVMXX  
 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.CFU212  
 SMM.US.x.F236\_H4  
 SMM.US.x.H9  
 SMM.US.x.PBJA  
 SMM.US.x.PGMS3  
 SMM.US.x.SME543  
 SMM.US.x.pE660.CG7G  
 STM.US.89.STM\_37\_16

ATGTTATTTACCAAGAAGGCCACCCATTAGAGCCACGGTAATAAAGAGTCAGGACAATCAGTGGTCTTATAAAATTCACCAAGAAGACAAAATA.CTGAAGTAGGAAAATTTGCAAAGATAAAGAATACACATACCAATGGAGTGAGACATTAGCACATGTAATACAG 3967  
 G C 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 V I  
 -CAC-----AG-AGA--G-G-A--A-CCA-A--A--A--A--A--G--G--C--A--A--A--A--C--C-----G--C--T--C-----G--G--T-- 4050  
 -A-----AA-AGA--G-A--AA-CCA-A-C-A-GAC--A--A--C--A--G--G--C--A--G--A--A--A--C--C-----G--C--T--C-----G--G--T-- 4050  
 -C-----AA--GA--G--A--AA-CCA--GA--A--A--A--A--C--A--G--G--C--A--G--A--A--A--C--C-----G--C--T--G-----G--T--A 4018  
 --AC-----AA-AGA--G-A--AA-CCA--A--A--A--A--C--A--G--G--C--A--G--A--A--A--C--C-----G--C--T--C-----G--G--T-- 3494  
 -CC-C-T-G--AAG-AGA-C--G-A--C-C--A--C--A--A--A--A--G--A--C--A--G--G--G--T--A--G--A--G--A--T--G--C--C-----A--G--C--A 3494  
 -CAC-----G-AA-AGAG--A-A--TCA--GA--A--A--A--G--A--G--G--G--A--T--A--G--A--A--C--C-----C--G--C--GT--G--G-- 3491  
 -CAC-----AA-AGAG--A-A--CCA--GA--A--A--A--G--A--G--G--G--T--A--G--A--A--A--C--C-----G--C--T--G-----A--G--T--A 3495  
 -CAC-----G--AA-AAAG--A-A--CCA--AGA--A--A--A--GG--A--G--GG--G--TCTCA--G--G--A--A--A--C--C-----C--C--T--G-----G--G--T--A 3488  
 -CAC-C--G--AA-AGAG--A-A--TCA--GA--A--A--A--G--A--G--G--A--T--A--A--A--A--C--C-----C--C--T--G-----G--G--T--A 4059  
 -CAC-----G-AA-AGA--A-A--CCA--GA--A--A--A--G--A--G--G--A--CT--A--A--A--A--C--C-----C--C--T--G-----G--G--T-- 3494  
 -CAC--A--G-AA-AGA-C--G-A--A--CCA--AGAC--A--A--A--G--C--GG--A--T--G--G--A--C--A--G--A--G--C--C-----C--G--C--T--C-----G--G--T-- 4044  
 -CAC-----G-AA--GAGC--A-A--CCA--AGAC--A--A--A--G--A--G--G--A--C--A--G--A--A--G--G--A--G--C--C-----G--C--T--GC-----G--G--T-- 3795  
 G-C-----AA-AGA--G-A--CCA--AGA--A--A--A--C--A--G--G--G--C--A--G--A--A--A--C--C-----G--C--T--C-----G--G--T--A 4046  
 GCAC-----AA--GAG--A-A--CCA--AGA--A--A--A--A--A--A--G--G--A--T--A--G--A--G--A--A--G--A--C--C-----C--G--C--T--G-----G--G--T--A 4043  
 -CAC-----AA-AGAGC--A-A--CCA--GA--A--G--A--A--A--G--A--T--A--A--A--A--G--G--A--C--C-----C--G--C--T--G-----G--G--T-- 3496  
 --C-----G-AA--GAGC--A-A--CCA--AGA--A--A--A--G--A--G--G--GA--T--A--A--A--A--C--C-----C--C--C-----CC--A--G--T--A 3495  
 -CC-C--A-G--GGTA--C--A--A--CAG--A-AC-TA-CA--A--A--C-----T--G-G-A-T-G--T-A--A--G--T--A--C--C-----C--G--A--C--G-- 4031  
 -CC-C--A--AGTA--TC--G--A--A--GCAG--A-A-TA-CA-C--A--A--C-----T--G-GGA-T-GG-CC--A--G--T--A--C--C-----C--G--G--GG--C-- 4026  
 -CC-C--A--GGTA--T--A--A--GCAG--A-A-TA-CA--A--A--C-----T--G-G-T--C--A--A--G--T--A--C--T--C-----A--G--T--G--T-- 4021  
 -CC-C--A-G--AGTA--GC--A--A--CAG--A-AC-TA-CA--A--A--C-----T--G-G-A-T-G-C--A--G--T--A--C--G--C-----C--G--A--C--G-- 4023  
 -CC-C--TA--G--A-TA--TC--A--A--CAG--A-AC-TA-CA--A--A--C-----T--G-G--G--C--A--G--G--T--A--G--T--A--C--C-----C--A--C--G-- 3173  
 CGCC--A--RAG--T-R--T--CAG--A-A-TTA--A--A--C--G--T--G--A--G--C--A--G--A--T--A--A--A--C--C-----A--A--T--G--T--GG--C--A 3377  
 -CC-C--A-G--GGTA--C--A--A--CAG--A-AC-TA-CA--A--A--C-----T--G-G-A-Y-G--G-T-A--A--G--T--A--C--C-----C--G--A--RA-RC-G-- 3162  
 -C--C--A--GGTA--TC--A--A--GCAG--A-ACTA-CA-C--A--A--C-----T--G-G-A-T-G-C--A--A--G--T--A--C--C-----C--C-----G--C--A 4032  
 -CC-C--A--GGTA--TC--A--A--GCAG--A-ACTA-CA-C--A--A--C-----T--G-G-T--G-C--A--A--G--C--A--C-----G--A--A--C-----C--A 4032  
 -C--C--A--AGTA--TC--A--A--CAG--A-ACTA-CA-C--A--A--C-----T--G-G-T--G-C--A--A--G--C--A--C-----G--A--A--C-----C--A 4031  
 -CC-C--A--GGTA--TC--A--A--GCAG--A-ACTA-CA-C--A--A--C-----T--G-GG-T--G-C--A--G--A--G--C--A--C-----A--A--G-----C--A 4037  
 CACA-C--AG--GG-A-T--A--A--GCAG--A-TA--C--A--A--A--G--C--T--G-GCA-T--C-T-A--A--G--A--G--C--A--G--A--GT--G--T--G--T--A 3482  
 GGC-----AGG--AAG-AAATC--A--A--GC-T-A-A-T--C--A--C--C--G--C--T--G-GT--GG-C-T-A--C--G--A--T--A--GT-C-GC--GG--G-- 3532  
 GA-A-C--A-G-G-AG--C-T--A--A--GG--AGCA-GA--CC--GGC--A--G--GTTCC--G--C--A--G--C--G--AG-C-A--C--C--T--C-ATC--T--C--G--CAG--G-- 3403  
 -----A-----A-----T-----T-----3967  
 -----G-----G-----T-----T-----3966  
 -----A-----G-----T-----T-----3968  
 -----A-----G-----T-----T-----3943  
 -----A-----G-----T-----T-----3453  
 -----G-----A-----T-----T-----3435  
 -----G-----A-----T-----T-----3435  
 -GCC-T--AGG--AAG-AAAT--A--A--GCA--A--A--T--A--A--A--C--G--A--T--GTAGT-GGG--A--G--C--G--C--A--C-----TC-T-CC-G--G--G-- 3087  
 C-C--A--AT--T--A--A--GG--A--A--GC--A--A--G--C--T--G--T--T--A--G--C--T--AG-G-A--C--C-----A--GT-GC-G--G--T--A 3046  
 C-C--T--G--AG--T--A--T--C--A--A--A--C--A--A--C--G--A--G--A--G--T--T--A--T--A--T--AG-G-A--C--T--C--A--A--C--G--C--G-- 3048  
 -A--A--AG--ATG-A-GC--A--T--C--A--A--A--AG--G--T--GT--GG--T--C--G--G--G--A--A--A--A--A--GT--C-G-TA--G--T--A 3398  
 G-C--G--AT-A-CC--A--CA-G-G--A--C--A--AG--C--T--G--A--GG--T--A--C--G--A--C--C--A--A--GT-GC--G--C--G-- 3227  
 -----G--A--G--A--A--T--A--A--C-----G--T--C--C--C--C--A--C--C-----C--GT-GC--G-- 3216  
 -----C--G--A--C--A--A--T--A--A--G--T--A--A--C-----G--T--C--C--C--C--A--C--C-----C--T--G--G--G-- 3221  
 -----C--G--A--C--G--A--A--T--A--A--G--T--A--A--G--C--C-----G--T--C--C--C--C--A--C--C-----C--GT-C--G--G-- 3222  
 -----A--G--A--T--A--A--G--C--T--A--A--C-----G--T--A--A--C-----A--GT-G--G--G-- 3221  
 -----A--G--A--T--A--A--G--C--T--A--A--C-----G--T--A--A--C-----A--GT-G--G--G-- 3221  
 -----C--G--A--C--G--A--A--T--A--A--G--C--T--A--A--C-----G--T--A--A--C-----A--GT-G--G--G-- 3222  
 -----A--G--A--T--A--A--G--C--T--A--A--C-----G--T--A--A--C-----A--GT-G--G--G-- 3227  
 G-----T--G--A--C--G--A--CA-G-G--A--T--A--A--G--C--T--G--A--G--A--G--C--A--C--AG--A--C--A--C-----C--GT-G--G--G-- 3220  
 -----A--G--A--T--A--A--G--C--T--A--A--C-----G--T--G--A--G--A--G--C--A--C--AG--A--C--A--C-----C--GT-G--G--G-- 3215  
 -----C--AT--A-CC--G--A--CA-G-G--A--T--A--A--G--C--T--G--A--GG-G--A--G--C--A--C--G-G--A--C--A--C-----C--GT-GC--G--C-- 3224  
 -----C--A--A--T--A--A--G--C--T--A--A--C-----G--T--G--A--GG-G--A--G--C--A--C--G-G--A--C--A--C-----T--GT-G--G-- 3220  
 G-----T--G--A--A--T--G--G--A--A--G--C--T--G--GA--G-CC-T-A-G--T--A--A--A--C-----T--GT-G--G--C--G--A 3221  
 G-----G-AT--C--A--CA-G-G--A--C--A--T--A--A--G--C--T--A--T--T--A--A--G--T--A--A--C-----C--GT-G--G--C--G--A 3249  
 -----C--G--A--A--G--A--A--T--A--A--G--C--T--A--T--T--A--A--G--T--A--A--C-----C--GT-G--G--C--G--G-- 3957  
 -----G--A--T--G--A--A--G--G--A--A--C--C--G--T--G--T--C--C--A--T--G--A--A--T--G--G--GG--A 3213  
 -----C--G--A--A--G--A--A--T--A--A--G--C--T--A--T--T--A--A--G--T--A--A--C-----C--T--C--C--G--G-- 3954  
 -----C--T--G--A--C--G--A--A--T--A--A--G--C--T--A--T--T--A--A--G--T--A--A--C-----C--CT--A--G--G-- 3440  
 -----C--T--G--A--C--G--A--A--T--A--A--G--C--T--A--T--T--A--A--G--T--A--A--C-----C--T--A--G--G-- 3733  
 -----C--G--A--A--G--A--A--T--A--A--G--C--T--A--T--T--A--A--G--T--A--A--C-----C--T--A--G--G-- 3884  
 -----C--G--A--A--G--A--A--T--A--A--G--C--T--A--T--T--A--A--G--T--A--A--C-----C--T--C--G--G-- 3970  
 -----C--G--A--A--G--A--A--T--A--A--G--C--T--A--T--T--A--A--G--T--A--A--C-----C--T--C--G--G-- 3956  
 GCAA-C--G--A--TC--G--A--A--G-G--AGA--A--C--G--A--T--C--G--A--A--C--A--A--C-----T--T--G--G--T-- 3614

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2) and corresponding nucleotide alignments. The alignments are presented in a grid format with dashes indicating gaps and letters representing nucleotides. A reference sequence is provided at the top: AAAATAGGAAGGAAGCAATAGTGATCTGGGACAGGTCCCAAAATCCACTTACCGATTGAGAAGGATGTATGGGAACAGTGGTGGACAGACTATTGGCAGGTAACCTGGATACCCGGAATGGGATTTTATCTCAACACCACCCTAGTAAGATTAGTCTTCAATCTAGT 4137

Pol RT end\_Pol p15 RNase H start

MAC.US.x.239	G A A G G A C C C T A T A G A G G G A G A A A C C T A T T A T A C A G A T G G A T C A T G T A A T A A A C A G T C A A A A G A G G G A A A G C A G G A T A T A T C A C A G A T A G G G C A A A G A C A A A G T G T T A G A A C A G A C T A C T A A T C A A C A A G C A A G A T T G G A A G C A T T T C T C A T G C C A T T G A	4307
Pol	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 M A	
A.CI.88.UC2	AGGA-T---CCA-CAC-G-TTC-C-----C-G-----G-A-----A-A-G-----G-A-----A-C-----G-----C-A-G-C---GGC-----C-G 4390	
A.DE.x.BEN	AGGA-T---CCA-C-C-G-TTC-C-----C-G-----G-A-----G-A-----A-A-----A-C-----G-----A-TC---GG-----C-G 4390	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	A--A-T--C-CCA-T-G-TTC-C-----C-G-----G-A-----G-A-----A-A-G-----G-GGA-A-G-G-A-----C-G-----A-----C---GGC-----A-C 4358	
A.GH.x.GH1	AGGA-T---CCA-C-C-G-TTC-C-----C-G-----G-A-----G-A-----C-----G-----A-A-G-----G-G-AC-----GA-----C-G-----A-----C---GGC-----A-C 3834	
A.GM.87.D194	AGGA-T---CCA-CAC-G-TTC-C-----C-G-----G-A-----G-A-----A-A-G-----GG-G-A-----G-A-AT-C-----G-----C-A-----C---GGC-----C-G 3834	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	A--A-T--C-CCA-C-C-G-TTC-C-G-----T-C-----G-G-A-----G-A-----A-----A-A-----GGA-A-----G-A-----C-C-----A-----C---GCA-----G-A 3831	
A.GM.x.MCN13	A--A-T--C-CCAA-AC-G-TTC-C-----C-G-----G-A-----G-A-----A-A-G-----G-GGA-C-----A-C-----G-----A-----C---GCA-----C-A 3835	
A.GW.86.FG clone NIHZ	AGGA-G-G-C-CCA-C-C-TTC-C-----C-C-----G-G-----A-----A-A-G-----GG-----A-----G-A-----C-G-----A-----C---GCA-----C-A 3828	
A.GW.87.CAM2CG	AGG-T---CCA-CAC-G-TTC-C-----C-C-----G-G-A-----A-----A-A-----G-A-----G-AC-----G-A-----C-G-----G-----A-----C---GGC-----C-A 4399	
A.GW.x.MDS	A--A-T--C-CCA-T-C-G-TTC-C-----C-G-----G-A-----A-----A-A-----G-A-----G-AC-----G-A-----C-G-----A-----C---GGC-----C-A 4371	
A.IN.07.NNVA	A--A-T--C-CCA-C-C-G-ATC-C-----C-C-----G-----G-----A-A-G-----GG-G-AC-----G-A-----C-G-----A-----C---GCA-----C-A 4384	
A.IN.95.CR1K 147	A--A-T--C-CCA-CAC-----TTC-C-----C-C-----G-G-----A-A-G-----G-A-----C-A-G-----G-G-AC-----G-A-----C-G-----T-----A-----C---GCA-----C-A 4135	
A.JP.08.NMC786 clone 41	AGGA-T---CCA-AT-C-----TTC-C-----C-C-----G-G-----A-----A-A-----AA-G-G-----GG-----G-AC-----A-----C-----G-----A-----C---GGC-----G-A 4386	
A.PT.x.ALI	A--A-T--C-CTA-C-C-G-TTC-C-----C-GC-----G-G-A-----A-----A-A-----G-G-----G-G-AC-----A-----C-----G-----A-----C---GGC-----G-A 4383	
A.SN.85.ROD	AGG-T---CCA-T-C-G-TTC-C-----C-C-----G-G-A-----A-----A-A-----G-A-----G-AC-----G-A-----C-G-----A-----C---GGC-----C-A 3836	
A.SN.86.ST JSP4_27	--A-T--C-CTA-C-C-G-TTC-C-----C-C-----G-G-A-----G-A-----C-A-----A-A-G-----G-GGC-A-----G-A-C-----C-----G-----A-----C---GGC-----G-A 3835	
B.CI.88.UC1	C--A-----CC---AAAG-TG-----C-C-----C-C-G-GCC-----G-G-A-G-----G-----C-----A-----T-G-G-----C-----G-----A-----A-----C-T-----GCAC-A-----C-AC 4371	
B.CI.x.20 56	C-----CC---AAAG-TG-----C-C-----G-C-C-G-GCC-----G-A-G-----G-----C-----A-----T-GG-----C-----G-----A-----A-----C-T-----GCAC-A-----C-AC 4366	
B.CI.x.EHO	C--A-----CC---A-----T-----T-C-----C-C-----C-GCC-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----T-CCA-----A-----A-----A-----G-----GC-T-----GCAC-A-----C-AC 4361	
B.GH.86.D205 ALT	C--A-----CC---A-GAG-----C-C-----G-C-----G-ACC-----G-A-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----G-----T-----CA-----G-----A-----A-----C-----G-----C-T-----GCAT-A-----A-4363	
B.JP.01.IMCJ KR020 1	C--A-----CC-G-----T-----G-----C-----C-----GGACC-----G-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----T-----CA-----G-----A-----A-----C-----G-----C-T-----GCAC-A-----AC 3513	
G.CI.92.Abt96	C--A-A-----CAGAC-----G-----C-----C-----G-C-----ACC-----C-G-R-----A-----C-----CG-----C-----A-----A-----G-----R-----C-----G-----A-----A-----C-----G-----R-----C-T-----G-----GCA-----C-C 3717	
AB.CM.03.CIM 510 03	C--A-----C-----RA-----C-----C-----G-C-----C-----GCC-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----Y-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----GCAT-A-----RC 3502	
H2 01 AB.CI.90.7312A	C-----CC---AAAG-T-----C-----C-----C-G-ACC-----G-A-----G-----G-----C-----A-----GG-----T-----CCA-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----GCAC-A-----C-AC 4372	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	C-----CC---AAAG-T-----TTC-----C-----C-----G-GTC-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----G-----T-----CCA-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----GCAC-----C-AC 4372	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	C-----CC---AAAG-T-----C-----C-----C-G-GTC-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----CCA-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----GCAC-----C-AC 4371	
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	C-----CC---AAA-T-----TTC-----C-----G-C-----C-G-GTC-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----CCA-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----GCAC-----C-AC 4377	
U.CI.07.071C TNP3	C--A-G-----C-AC-TG-----T-C-----C-----C-----G-A-C-----T-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----GC-T-----G-----G-----C-----C 3822	
U.FR.96.12034	A--A-A-AT-CTA-----G-A-----C-----T-----C-----GGGCT-----C-G-----G-----C-----G-----A-----A-----G-----CCT-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----C-----GCT-----AG 3869	
U.US.08.NWK08	A--A-A-----C-A-----C-----GT-----C-----C-----G-A-TAGC-----C-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----C-GACTG-A-----C-----C-----G-----GC-A-----A-----AAAA-----T-----AG 3743	
MAC.US.x.17EC1	-----A-----G-----C-----A-----4307	
MAC.US.x.251 1A11	-----A-----G-----C-----A-----4306	
MAC.US.x.251 32H PJ5	-----A-----G-----C-----A-----4308	
MAC.US.x.251 BK28	-----A-----G-----C-----A-----4283	
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-----GT-----G-----A-----C-----G-----A-----3793	
MNE.US.82.MNE 8	A-----A-----GT-----G-----G-----C-----G-----C-----4375	
MNE.US.x.MNE027	A-----A-----GT-----G-----G-----C-----G-----C-----3775	
SMM.CI.79.SIVsmC12	C--A-T--C-CCA-G-----G-T-C-----C-C-G-GTC-T-G-----G-G-A-----A-A-GG-A-----CCTC-----A-----C-----AG-----A-G-TA-GTCCA--TC-T 3427	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	A--G-CC-----T-----TC-----GT-----A-----C-----G-G-A-T-GAT-----A-G-----G-C-A-----A-C-A-G-----G-CT-----A-----C-----GA-----GC-A-----T-----A-----C 3386	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	A--T--C-CCA-----G-A-C-GTG-----C-----C-----G-A-----C-----A-----G-----T-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----GCA-----CC-AG 3388	
SMM.SL.92.SL92B	A--A-T--A-----AAAG-G-----GTA-----C-TT-----C-C-----G-A-CAGT-----A-----G-----C-----A-----C-----A-----G-----CCTGC-----G-----C-----G-----GC-----C-----GT-AT-----C-----3738	
SMM.US.04.G078	A--T--C-T-A-----G-A-----A-----GT-----C-----T-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----GTCC-----C-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----3567	
SMM.US.04.G932	A--A-G-----C-----A-----GT-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----C-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----3556	
SMM.US.04.M919	A--A-G-----C-----C-----A-----T-----GT-----C-----C-----GG-A-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----G-----CCTC-----G-----C-----G-----A-----C-----CTGC-----A-----AG 3561	
SMM.US.04.M922	A--A-G-----C-----G-----A-----T-----GT-----T-----C-----GG-A-----A-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----CCTC-----G-----C-----C-----CTATC-----A-----AG 3562	
SMM.US.04.M923	A--A-G-----C-----C-----G-----T-----GT-----C-----C-----GG-----G-----A-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----C-----G-----G-----C-----CTATC-----A-----AG 3561	
SMM.US.04.M926	A--A-----C-----A-----C-----GT-----C-----C-----G-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----A-----3561	
SMM.US.04.M934	A--A-----C-----A-----GT-----C-----C-----G-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----C-----AC 3559	
SMM.US.04.M935	A--A-G-----C-----C-----A-----T-----GT-----T-----C-----GG-----A-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----CT-----C-----C-----CTATC-----C-----AG 3562	
SMM.US.04.M940	A--T--C-T-AA-G-C-----A-T-----GT-----C-----T-----C-----G-----C-----A-----A-----GGAG-----A-----GTCC-----C-----G-----A-----C-----C-----CTATC-----C-----AG 3567	
SMM.US.04.M946	A--A-----C-----A-----A-----GT-----C-----C-----G-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----CTATC-----C-----AG 3560	
SMM.US.04.M947	A--A-G-----C-----A-----A-----T-----GT-----T-----C-----GG-----G-----G-----C-----CG-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----G-----G-----C-----CTATC-----C-----AG 3561	
SMM.US.04.M949	A--A-T--C-C-AA-G-C-----A-T-----GT-----C-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----CG-----A-----G-----G-----GTCC-----C-----G-----A-----G-----C-----G-----A-----3555	
SMM.US.04.M950	A--A-----C-----A-----A-----GT-----C-----C-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----AC 3560	
SMM.US.04.M951	A--T--C-C-A-G-C-----A-TC-----GT-----T-----T-----C-----G-----A-----C-----A-----A-----GGAG-----A-----GTCT-----C-----G-----A-----C-----C-----G-----A-----3564	
SMM.US.04.M952	A--A-----A-----A-----A-----GT-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----A-----T-----GG-----A-----C-----G-----A-----G-----C-----AC 3560	
SMM.US.05.D215	T--A-----A-----G-----A-----T-----GT-----C-----GG-----A-----A-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----GG-----ACC-----C-----C-----G-----GC-----A-----C-----T-----TG-----A-----3561	
SMM.US.06.FTQ	A--A-----A-----G-----A-----TC-----GT-----T-----T-----GG-----A-----G-----T-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----T-----GG-----C-----C-----G-----A-----T-----G-----A-----3589	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	A--A-G-----C-----G-----A-----TC-----GT-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----C-----C-----C-----G-----A-----C-----TATC-----A-----AG 4297	
SMM.US.86.CFU212	A--T--C-T-A-----A-TC-----C-----C-----GG-----T-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----GG-----G-----C-----G-----GC-----A-----G-----C-----A-----3553	
SMM.US.x.F236_H4	A--A-G-----C-----C-----A-----T-----GT-----C-----C-----GG-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----C-----T-----C-----C-----G-----C-----CTATC-----A-----AG 4294	
SMM.US.x.H9	A--A-G-----C-----C-----A-----T-----GT-----A-----C-----GG-----G-----A-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----GAC-----C-----C-----G-----C-----TATC-----C-----AG 3780	
SMM.US.x.PBJA	A--A-G-----C-----C-----A-----T-----GT-----C-----C-----GG-----G-----A-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----CTA-----C-----AG 4073	
SMM.US.x.PGMS3	A--A-A-----C-----C-----G-----A-----T-----CGT-----C-----GG-----G-----A-----G-----C-----G-----A-----G-----G-----C-----C-----T-----G-----C-----CTATC-----A-----AG 4224	
SMM.US.x.SME543	A--A-G-----C-----C-----A-----T-----CGT-----C-----GG-----G-----A-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----C-----T-----G-----C-----CTATC-----A-----AG 4310	
SMM.US.x.pE660.CG7G	A--A-G-----C-----A-----G-----A-----TC-----GT-----C-----GG-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----C-----T-----G-----C-----CTATC-----A-----AG 4296	
STM.US.89.STM_37_16	A--A-A-CT-G-A-----AC-----A-T-----GTG-----C-----C-----GG-----A-----T-----C-----C-----A-----T-----A-----A-----A-----CT-----G-----C-----G-----3954	



```

MAC_US_x_239
PoI
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.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.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.IMCJ_KR020_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.O3CM_510_03
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
U.US.08.NMK08
MAC_US_x_17EC1
MAC_US_x_251_1A11
MAC_US_x_251_32H_PJ5
MAC_US_x_251_BK28
MAC_US_x_MM142_IVMXX
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_6078
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_PBJA
SMM_US_x_PGM53
SMM_US_x_SME543
SMM_US_x_pE660_CG7G
STM_US_89_STM_17_16
CAGACTCAGGCGCAAAGGCAAAATATTATAGTAGTATACAAATATGTTATGGGAATAATAACAGGATGCCCTACAGAATCAGAGAGCAGGCTAGTTAATCAAATAATAGAAGAAATGATTAAGGAGTTCAGAGAAATTTATGTAGCATGGGTACCAGCACAAAGGTATAGGA_4477
L T D S G P K A N I I V D S Q Y V M G I T G C P T E S E S R L V N O I E E M I K K S E I Y V A W V P A H K G I
.....T.....TT..C..C.....G...A...G...G...-G...-A...-CCAA...A...-G...-T...AA...A...-C...-C...T...-C...-A...-G...-AGA...-C...G...C...-T...-A...C...C...T...C...-4560
.....C.....TT..C.....G...A...G...G...-G...-A...-CCAG...A...-G...-A...-AT...AA...A...-G...-C...-G...C...-T...-A...G...-GA...-C...G...C...-T...-C...C...T...C...-4560
.....T.....A...C.....C.....G...A...G...G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-A...-T...AA...A...-C...-C...T...-G...C...-A...-G...-GA...-C...C...C...-T...-C...-4528
G...T...-A...TT...C.....C.....G...A...G...G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-A...-AT...AA...A...-C...-C...T...-G...C...-A...-G...-AGA...-C...G...C...-T...-G...C...-4004
.....T...C...TT...C.....C.....G...A...G...G...-G...-A...-AT...AA...A...-C...-C...T...-G...C...-A...-G...-AGA...-C...G...C...-T...-C...C...T...C...-4004
.....T...A...TC...G.....C.....G...A...G...G...-G...-A...-AT...AA...A...-A...-T...AA...A...-A...-T...G...-A...-G...-GA...-C...C...-T...-C...G...C...-4001
.....T...A...C.....C.....G...A...G...G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-A...-T...AA...A...-A...-C...-G...-G...-A...-G...-GA...-C...C...-T...-C...C...T...C...-4005
.....T...A...T.....C.....G...A...G...G...-G...-A...-AT...AA...A...-G...-C...-T...G...C...-A...-G...-AGA...-C...C...-T...-G...C...C...T...C...-3998
.....T...A...T.....C.....G...A...G...G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-A...-AT...AA...A...-A...-T...AA...A...-A...-G...-C...-T...G...C...-A...-G...-GA...-C...C...-T...-G...C...-4569
.....T...A...T.....C.....G...A...G...G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-A...-AT...AA...A...-A...-T...AA...A...-A...-G...-C...-T...G...C...-A...-G...-GA...-C...C...-T...-G...C...-4004
.....C...A...T.....C.....G...A...G...G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-A...-AT...AA...A...-A...-G...-C...-T...G...C...-A...-G...-GA...-C...C...-T...-C...C...-4554
.....T...A...TC...C.....G...A...G...G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-G...-A...-AT...AA...A...-A...-G...-C...-T...G...C...-A...-G...-GA...-C...C...-T...-C...C...-4554
.....T...A...C.....G.....C.....G...A...G...G...-G...-A...-AT...AA...A...-G...-G...-C...-T...G...C...-A...-G...-GA...-C...C...-T...-C...C...-4305
.....TA...TT...C.....C.....G...A...G...G...-G...-A...-AT...AA...A...-A...-T...AA...A...-A...-C...-T...G...C...-A...-G...-GA...-C...G...C...C...-T...-C...C...-4556
.....T...A...C.....C.....G...A...G...G...-G...-A...-AT...AA...A...-A...-T...AA...A...-A...-G...-C...-T...G...C...-A...-G...-GA...-C...C...-T...-G...C...-G...4006
G...T...-A...TT...C.....C.....G...A...G...G...-G...-C...GTG...A...CCAA...A...-G...-A...-T...AA...A...-G...-C...-G...C...-T...-C...C...-T...-G...C...-G...4006
.....G...T...-C...C.....C.....G...A...G...G...-G...-A...-AT...AA...A...-A...-T...AA...A...-A...-C...-T...G...C...-A...-G...-GA...-C...C...-T...-C...C...-4005
AG-T...-A...C-A-TC-C-C-C.....C.....G...G-T...-CAG...-A...-A...-G...-TCACCA...-A...-A...-G...-T...-C...-AGA...-C...-A...-G...-G...-T...-G...-AC...-T...4541
AG-T...-A...C-A-TC-C-C-C.....C.....G...G-T...-CAG...-A...-A...-G...-TCACCA...-A...-A...-G...-T...-C...-GA...-C...-A...-G...-G...-T...-G...-AC...-T...4536
AG...-A...C...TC...C.....C.....G...G-T...-CAG...-A...-A...-G...-TCACCA...-A...-A...-G...-T...-C...-GA...-A...-A...-G...-G...-T...-G...-AC...-G...-T...4531
.....AA...C-A-TT-C-C.....C.....G...G-T...-CAG...-A...-A...-G...-TCACCA...-A...-G...-AGC...-A...-A...-G...-G...-AGAG...-C...G...A...-G...-T...-G...-AC...-G...-T...4533
AG-T...-A...C...TC...C...G...C.....C.....G...G-T...-CAG...-A...-A...-G...-TCACCA...-A...-A...-G...-AGC...-G...-T...-C...-GA...-C...A...-C...-G...-G...-T...-AC...-G...-T...3683
AG...-T...-A...TC...C...R...C...G...C...R...C...G...-G...-RCAA...-A...G...-A...-ATC...-CC...-T...-A...-A...-T...-R...-AGA...-RCTC...-A...-G...-T...-T...-A...-3887
AG-T...-R...A...C-A-TT-C-C-C.....C.....G...G-T...-CAR...-A...A...-ATCACC...A...R...CAAR...-T...-C...-RGAC...-C...A...-G...-T...-C...-G...-AC...-T...3672
AG-T...-A...C-A-TC-C-C-C.....C.....G...G-T...-CAG...-A...A...-TCACC...A...A...-A...-G...-T...-C...-GA...-C...-A...-G...-G...-T...-AC...-T...4542
AG-T...-A...C-A-TC-C-C-C.....C.....G...G-T...-CAG...-A...A...-TCACCA...-A...-A...-G...-T...-C...-GA...-C...G...A...-G...-G...-T...-AC...-T...4542
AG...-A...C...GA...TC...C.....G...C.....G...G-T...-CAG...-A...A...-TCATCAG...-A...-AGG...-T...-C...-AG...-C...G...A...-G...-G...-T...-AC...-T...4547
AG-T...-A...CGA...TC...C.....G...C.....G...G-T...-CAG...-A...A...-TCATCAG...-A...-AGG...-T...-C...-GA...-C...G...A...-G...-G...-T...-AC...-T...4547
AG...-TT...C-A-T...T...G.....C.....G...CAG...-C...A...-ATCACCA...-G...-A...-CA...-C...-T...-C...TG...-GA...-CTT...-A...-R...-GC...-T...-C...-A...-3992
A...-T...A...A...T...C...G...GAC...C...G...A...A...G...CAG...-A...A...-TC...CCA...-A...G...A...-C...-T...C...T...A...GG...-AGA...-C...G...G...-T...-GC...-T...-T...-G...-A...-T...4039
A...AGAC...A...T...GG...CAC...C...G...C...A...T...TT...T...CAG...-A...A...ATCTGAA...-AC...A...-T...-A...T...-G...-A...-C...G...G...-T...-G...-C...-G...-C...-T...-A...-3913
.....A...C...A.....4477
.....A...C...A.....4476
.....A...C...A.....4478
.....A...C...A.....4483
.....A...C...A.....3963
.....A...C...A.....3945
.....A...C...A.....3945
.....A...C...A.....3945
G...TG...A...-G...GG...GAC...-C...T...TG...G...CA...G...GA...CTCTCC...A...G...G...C...G...GC...A...G...AGA...CC...C...T...G...C...-T...C...-3597
A...-T...G...A...-G...C...C...C...G...TG...G...GCAG...-T...A...AT...AC...A...G...T...G...C...-A...CT...A...T...T...A...3556
.....G...A...T...G...CAC...C...T...G...GT...A...G...TG...GTT...CA...A...ATCTCCAA...A...G...G...T...A...CC...T...GTT...AGA...GC...G...G...C...A...T...T...AT...G...3558
A...T...TCCAAGT...TC...G...AG...ACG...-C...T...G...CT...AAC...G...G...G...CAG...-AT...G...TTCAGATA...GGCA...T...T...C...C...AG...C...G...AGA...C...G...A...CA...-G...T...T...C...3908
T...T...AA...G...A...-G...T...G...G...G...G...G...G...GCAA...C...T...A...AAA...A...G...C...A...C...C...G...-C...T...CC...3737
.....T...A...-C...G...C...C...C...G...TCAG...C...T...A...T...AT...G...-T...G...-C...-GA...-C...-G...-T...T...A...3731
.....T...A...-C...G...C...C...C...G...TCAG...C...T...A...T...AT...A...C...G...G...G...GA...C...-G...-T...T...A...3732
.....T...A...-A...A...-C...C...C...G...TCAG...C...T...A...T...AT...A...C...G...G...G...GA...C...-G...-T...T...A...3731
T...T...A...T...A...-C...G...G...G...G...G...G...TCAG...C...T...A...T...AT...A...C...T...G...-G...-GA...-G...-G...C...T...A...3731
A...-T...A...T...A...-G...C...C...C...G...G...G...G...G...G...T...G...A...A...A...G...-G...-C...-AGA...-G...-G...C...-G...T...A...3729
.....T...A...A...C...G...C...T...T...C...G...-TCAA...-C...T...A...T...AT...A...C...G...G...-GA...-C...-G...-T...T...G...3732
.....T...AA...G...A...-G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...C...A...C...G...C...GA...-T...T...-C...3737
A...-T...A...T...A...-G...C...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...A...G...G...-G...-G...-T...A...3730
.....T...A...A...A...C...C...C...G...TCAG...C...T...A...AA...A...-G...G...G...AGA...GG...C...G...-G...-T...A...3731
.....T...G...G...C...C...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...A...G...A...G...-G...-T...G...-C...3725
A...-T...AA...G...A...-C...G...T...C...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...AGG...-G...C...G...-T...A...-G...3730
.....T...AA...G...A...C...G...T...C...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...A...C...G...-G...-T...-C...3734
A...-T...A...T...A...C...G...G...T...C...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...AGA...-G...C...G...-G...-T...A...3730
A...-T...A...T...A...C...G...G...T...G...A...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...C...A...C...G...-G...-T...C...G...3731
.....T...A...G...A...C...G...C...T...G...C...G...G...G...G...G...G...G...G...G...G...C...A...C...G...-G...-T...G...-C...3759
.....T...GA...A...G...A...C...C...C...G...G...G...G...G...G...G...TCAA...C...T...A...T...T...A...C...G...G...G...GA...C...-T...T...A...4467
.....T...G...A...A...C...A...-G...G...TCAA...C...T...A...T...A...A...A...GC...-C...C...A...G...C...-CA...-T...-GC...3723
.....T...G...A...A...C...C...C...G...TCAG...C...T...A...T...AT...A...C...G...G...GA...-C...-T...T...A...4464
.....T...A...A...A...C...C...G...TCAG...C...T...A...T...AT...A...C...G...GA...-C...-T...T...RRA...3950
.....T...A...A...A...C...C...G...TCAG...C...T...A...T...AT...A...C...G...GA...-C...-T...T...A...4243
.....T...A...A...A...C...C...G...TCAG...C...T...A...T...AT...A...C...G...GA...-C...-T...T...A...4394
.....T...G...A...A...A...C...C...G...TCAG...C...T...A...T...A...A...C...G...GA...-C...-T...T...A...4480
.....T...G...A...A...A...C...C...G...TCAG...C...T...A...T...A...A...C...G...GA...-C...-T...T...A...4466
-G...-T...-A...-G...G...-C...-G...-C...-CAG...-C...-G...A...T...A...G...-GA...-C...-T...-A...4124

```

Pol RNase H end\_Pol p31 Integrase start

GAAACCAAGAAATAGACCACCTAGTTAGTCAAGGGATTAGACAAGTTCTTCTC.TTGGAAAAGATAGAGCCAGCACAGAAGAACATGATAAATACCATAGTAATGTAAAGAAATGGTATTCAAATTTGGATTACCCAGAATAGTGGCCAGACAGATAGTAGACACCT 4646

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

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.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.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.IMCJ.KR020 1  
 G.CI.92.Abt196  
 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  
 U.US.08.NWK08  
 MAC.US.x.17EC1  
 MAC.US.x.251 1A11  
 MAC.US.x.251 32H PJ5  
 MAC.US.x.251 BK28  
 MAC.US.x.MM142.IVMXX  
 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.PBJA  
 SMM.US.x.PGMS3  
 SMM.US.x.SME543  
 SMM.US.x.pE660.CG7G  
 STM.US.89.STM\_37\_16

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.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.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.IMC1.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.07.071C.TMP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE827
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.PBJA
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM\_37\_16

GTGATAAATGTCATCAGAAAGGAGGCTATACATGGCCAGGCAAAATTCAGATCTAGGGACTTGGCAATGGATTGTACCCATCTAGAGGGAATAATCATAGTTGCAGTACATGTAGTGTAGTGGATTCATAGAAGCAGAGGTAATCCACAAGAGACAGGAAGACAG 4816
T C D K C H Q K G E A I H G Q A N S D L G T W Q M D C T H L E G K I I I V A V H V A S G F I E A E V I P Q E T G R
---CCC---C-A-----C-----A-T-G-AA---CGT-----C-C-A-CT-A-----C-T-A-----T-----C-C-G-AT-----G---4899
---CCC---C-A-----G-A-C-----A-T-G-AA---CGT-----C-AC-A-CT-A-----C-T-A-----T-A-C-G-AT-----G---4899
---CCC---C-A-----G-A-C-----A-T-G-AA---CGT-----C-C-A-CT-A-----C-T-A-----T-A-C-G-AT-----G---4899
---CCC---C-A-----A-C-----A-T-G-AA---CGT-----C-C-A-CT-A-----C-T-A-----G-----T-A-----A-C-C-G-AT-----G---4343
---CCC-G-C-A-A-G-A-----A-T-G-AA---C-C-----C-C-A-CT-A-----C-T-A-----T-----T-----A-C-C-G-AT-----G---4340
---CCC---A-----G-A-----A-T-G-AT-----C-----C-C-A-CT-A-----C-T-A-----T-----T-----A-C-C-G-AT-----G---4344
---CCC-TGTG---A-----G-----A-T-G-A-----C-----C-C-A-T-A-----G-C-T-A-----T-----T-----G-----A-T-C-G-AT-----G---4337
---CCC---A-----G-----A-T-G-AG-G-C-----C-----C-A-T-A-----G-C-T-A-----T-----T-----G-----A-C-C-G-AT-----G---4908
---CCC---A-----G-----A-T-G-CT-----C-----C-T-A-----G-C-T-A-----T-----T-----G-----A-C-C-G-AT-----G---4343
---CCC---A-----G-----A-T-G-AT-----C-G-----C-C-A-T-A-----G-C-----T-----T-----G-----A-C-C-G-AT-----G---4893
---CCC---A-----G-----A-T-G-A-----T-----C-----C-C-A-T-A-----G-C-T-A-----G-----T-----G-----A-C-C-G-A-----G---4644
---CCCC---A-A-----C-----A-T-G-AA---TGTG-----C-----C-T-A-----G-C-T-A-----G-----T-----A-----A-C-C-G-T-----G---4895
---CCC---G-----G-A-----A-T-G-A-----C-----C-C-A-CT-A-----G-C-T-A-----G-----T-----C-----C-G-G-AT-----A---4345
---CACCC---G-----G-A-----A-T-G-AT-----C-----C-C-A-CT-A-----G-C-T-A-----T-----T-----A-----A-C-C-G-AT-----G---4344
---C-A-A-G-A-G-T-A-----T-G-A-A-A-A-G-----C-A-CT-A-----GG-C-A-G-C-----C-----C-T-G-----A-C-A-G-----A---4880
---C-A-A-G-A-T-A-----T-G-A-A-A-A-G-----C-A-CT-A-----GG-C-A-G-C-----C-----C-G-----A-C-A-G-----A---4875
---C-A-A-G-A-T-A-----T-G-A-A-A-A-G-----C-A-T-----GG-T-A-G-T-----C-----C-----A-A-C-A-----A---4870
---C-A-A-G-A-T-A-----T-G-A-A-A-A-G-----C-A-T-A-----T-A-G-C-----C-----G-T-----A-A-C-----A---4872
---C-A-A-C-A-TG-G-A-----A-----C-A-CT-A-----T-A-G-C-----C-----C-----A-A-C-A-----A---4022
ACC-C-GT-C-A-----A-C-T-A-----T-G-AT-G-T-----C-C-T-A-----G-A-----T-----G-C-C-TG-----A-C-A-----G-A---4826
---C-C-A-R-----R-A-----T-A-T-G-A-A-A-G-----C-C-A-T-A-----G-T-A-A-A-C-----C-G-Y-----AR-A-C-AT-----A---4011
---A-A-G-A-G-T-A-----T-G-A-A-A-----C-A-T-A-----G-G-C-A-A-C-----C-G-T-----A-C-A-----A---4881
---A-A-G-A-G-T-A-----T-G-A-A-A-----C-A-T-A-----C-A-A-C-----C-----C-----A-A-C-----A---4881
---A-A-G-A-G-T-A-----T-G-A-A-A-----C-A-T-A-----C-A-A-C-----C-----C-----A-A-C-----A---4880
---G-C-A-A-G-A-G-T-A-----T-G-A-A-A-G-----C-A-T-G-A-----C-A-A-C-----C-----C-----A-G-A-C-----A---4886
---C-A-G-A-----A-T-A-A-A-----C-A-T-A-----G-C-----C-----C-----T-----G-----A-C-G-A-----G---4331
---C-GTT-C-G-----A-C-G-A-----T-A-AG-----A-----C-CT-----G-TG-----C-G-----G-C-C-T-----A-G-C-G-A-T-T-G-A---4378
---CCC---A-A-----A-A-C-----A-T-G-G-TCAG-----A-G-----C-T-T-----G-C-----A-C-G-C-----C-A-----A-C-G-A-----G---4252
-----A-----A-----T-----4816
-----A-----A-----T-----4815
-----A-----A-----T-----4817
-----A-----A-----T-----4792
-----A-----A-----T-----4302
-----A-----A-----T-----4284
-----A-----A-----T-----4284
CAC-C-G-----G-----A-T-----G-A-----A-----C-----T-G-A-----G-C-----T-A-----G-----T-C-G-----G-A-----C-G-----A---3936
---C-C-A-----A-A-C-----A-T-----G-AT-----A-C-----A-C-----C-----C-----C-----T-----G-T-----C-----C-----A-G-----G-----G---3896
---C-C-G-----G-A-T-----A-TT-----G-CA-----A-A-----C-----C-----A-----G-----T-----T-----A-----C-----G-----C-----G-----A-----G---3896
---A-C-----C-A-----G-A-----G-----T-----A-----G-----GG-----C-A-----G-----C-----CT-----A-----GG-----T-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----TAGG-----A---4247
---C-C-A-----A-C-----A-T-----C-----AT-----G-AGTC-----C-----C-----G-A-----C-----TG-----T-----A-----G-----C-----TG-----G-----A-----C-----A---4076
---C-C-A-----A-C-----A-T-----G-A-----C-----A-C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----TG-----G-----A-----C-----G-----A---4065
---C-C-A-----A-C-----A-T-----G-A-----C-----A-C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----A---4070
---C-C-A-----A-C-----A-T-----G-A-----C-----A-C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----A---4071
---G-C-A-----G-A-----A-T-----C-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----A---4070
---C-C-A-----G-A-----A-T-----C-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----G---4068
---C-C-A-----A-C-----A-T-----G-A-----G-----C-----G-----C-----C-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----A---4071
---C-C-A-----G-A-----A-T-----G-A-----C-----A-----C-----A-----C-----G-----T-----C-----G-----C-----T-----G-----A-----C-----G-----A---4076
---C-C-A-----A-C-----A-T-----G-A-----C-----A-----C-----A-----C-----G-----T-----C-----G-----C-----T-----G-----A-----C-----G-----A---4069
---G-C-A-----A-C-----A-T-----CA-----GT-----AGT-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----A---4070
---A-----C-----A-----G-A-----A-T-----CA-----C-----AGT-----C-----A-----C-----C-----G-----T-----A-----G-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----A---4064
---C-C-A-----G-A-----A-T-----CA-----AT-----AGT-----C-----A-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----C-----G-----A---4069
---C-C-A-----G-A-----A-T-----CA-----CT-----A-C-----C-----A-----C-----C-----G-----C-----T-----A-----T-----G-----A-----C-----G-----A---4073
---C-C-A-----G-A-----A-T-----A-TC-----G-AT-----A-C-----C-----A-----T-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----G-----A---4069
---C-C-A-----A-----A-----A-T-----G-----GT-----C-----A-----CT-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----A---4070
---C-C-A-----A-----A-----A-T-----G-----A-----C-----C-----G-----C-----A-----C-----GG-----T-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----A---4806
---C-C-A-----G-A-----A-TT-----G-A-----A-C-----C-----A-----CT-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----A---4062
---C-C-----A-----A-----T-----G-A-----A-----C-----G-----C-----A-----C-----T-----G-----G-----T-----G-----A-----C-----G-----A---4804
---C-C-T-----A-----Y-----A-----T-----G-R-----RA-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----A---4289
---C-C-----A-----C-----A-----T-----G-A-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----A---4382
---C-C-----A-----C-----A-----T-----G-A-----A-----C-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----A---4733
---G-C-----C-----A-----C-----A-----T-----G-A-----A-----C-----G-----C-----A-----C-----T-----A-----G-----T-----G-----A-----C-----G-----A---4819
---C-C-----A-----C-----A-----T-----G-A-----A-----C-----G-----C-----A-----C-----T-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----C-----G-----A---4805
---C-G-C-----A-----A-----T-----G-----GT-----G-----C-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----G-----A-----C-----G-----A---4463

MAC. US. x. 239 Pol	ACAGCACTATTTCGTAAAAATGGCAGGCAGATGGCCATTACACATCTACACACAGATAAAGTGGTCAACTTGGTTCGCAAGAAGTAAAGATGGTGCATGGTGGCAGGGATAGAGCACACCTTTGGGGTACCATAACAATCCACAGAGTCAGGGAGTAGTGAAGC	4986
	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 Q S Q G V V E	
A.CI.88.UC2	.....C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CC-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....5069	
A.DE.x.BEN	.....C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CC-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....5069	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	.....G-C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CC-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....5037	
A.GH.x.GH1	.....C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CC-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....4513	
A.GM.87.D194	.....G-C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CC-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....4513	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	.....C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CC-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....4510	
A.GM.x.MCN13	.....C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CC-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....4514	
A.GW.86.FG clone NIHZ	.....G-CT-AC-G-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CC-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....4507	
A.GW.87.CAM2CG	.....C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CC-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....5078	
A.SW.x.MDS	.....C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CC-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....4515	
A.IN.07.NNVA	.....C-C-A-GC-A-TA-T-.....A-A-CT-G-.....A-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....G-.....A-.....5063	
A.IN.95.CRIK 147	.....C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CC-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....4814	
A.JP.08.NMC786 clone 41	.....C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....C-CT-C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....C-T-A-.....A-.....5065	
A.PT.x.ALI	.....C-C-A-C-CA-T-G-A-A-CT-G-.....G-TC-CA-C-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....5062	
A.SN.85.ROD	.....C-C-A-G-C-A-T-G-.....A-A-CT-G-.....G-TC-CA-C-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....4514	
A.SN.86.ST JSP4_27	.....G-C-C-AC-C-CA-T-G-A-A-T-G-.....C-CA-A-G-G-A-G-.....T-T-AT-.....A-T-C-A-C-.....A-.....4514	
B.CI.88.UC1	.....T-C-C-CA-CA-.....C-C-G-.....C-C-C-CA-C-A-C-G-.....CG-C-AT-.....A-A-C-.....C-T-C-.....A-.....5050	
B.CI.x.20 56	.....T-C-C-CA-CA-.....C-C-G-.....C-C-C-CA-C-A-T-G-.....G-C-.....T-.....A-A-C-.....C-T-C-.....A-.....5045	
B.CI.x.EHO	.....T-C-C-GC-CA-.....C-C-G-.....C-C-C-CA-A-T-G-A-CA-C-.....AT-.....A-A-A-C-A-G-.....C-T-C-.....G-A-.....A-.....5040	
B.GH.86.D205 ALT	.....T-C-C-AC-G-CA-.....C-C-.....C-C-CA-C-A-C-AGT-.....C-CA-A-A-T-.....A-A-A-T-.....A-C-.....C-T-C-.....A-A-.....A-.....5042	
B.JP.01.IMCJ KR020 1	.....T-C-C-CA-CA-.....C-C-.....C-C-CA-A-C-G-A-CA-C-.....AT-AG-A-G-.....C-A-.....T-T-.....A-.....A-.....4192	
G.CI.92.Abt96	.....T-C-CA-G-.....C-C-T-.....C-C-CA-C-A-G-G-A-C-.....T-C-C-AG-A-.....A-.....C-C-.....A-G-.....A-T-.....4396	
AB.CM.03.03CM 510 03	.....T-C-C-G-CA-R-.....C-C-G-.....C-C-C-CA-C-A-T-G-A-C-.....T-A-A-G-.....A-C-.....C-T-C-.....A-A-.....A-.....4181	
H2 01 AB.CI.90.7312A	.....T-C-C-GC-A-.....C-CT-G-.....C-C-CA-A-T-.....G-T-.....T-A-A-A-.....A-C-.....C-A-.....A-.....5051	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	.....C-C-C-G-GC-A-.....C-C-G-.....C-C-CA-A-T-.....G-G-.....T-A-A-AT-.....A-C-.....C-.....A-.....5051	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	.....C-C-C-G-C-GA-.....C-C-G-.....C-C-CA-A-T-G-A-.....G-C-.....T-A-A-AT-.....A-C-.....C-.....A-.....5050	
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	.....C-C-C-G-C-GA-.....C-C-G-.....C-C-CA-A-T-G-A-.....G-C-.....T-A-A-AT-.....A-C-.....C-.....A-.....5056	
U.CI.07.071C TNP3	.....G-C-C-C-CACT-.....CT-T-G-T-.....C-CA-C-T-GA-.....G-A-T-.....T-C-C-AT-A-.....G-C-T-Y-.....A-.....4501	
U.FR.96.12034	.....C-G-C-AC-GC-A-A-G-.....C-T-T-G-.....C-CA-A-G-.....A-.....T-T-.....A-C-.....C-T-C-G-A-C-A-G-A-.....4548	
U.US.08.NWK08	.....G-C-C-A-G-AATT-C-.....AC-A-C-T-T-.....C-A-A-CCAA-TA-.....GC-AAAC-.....G-G-A-T-A-C-A-G-C-.....C-A-C-A-T-A-.....4422	
MAC. US. x. 17EC1	.....4986	
MAC. US. x. 251 1A11	.....4985	
MAC. US. x. 251 32H PJ5	.....G.....C.....4987	
MAC. US. x. 251 BK28	.....C.....4962	
MAC. US. x. MM142 IVMXX	.....A.....G.....4472	
MNE.US.82.MNE 8	.....A.....G.....C.....4454	
MNE.US.x.MNE027	.....A.....G.....C.....4454	
SMM.CI.79.SIVsmC12	.....T-G-T-CA-.....C-C-CT-.....C-A-C-CA-C-.....G-.....T-C-A-A-.....C-T-.....A-A-G-G-A-GT-.....4106	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	.....CT-G-CT-CA-T-CA-.....G-A-AG-C-G-T-T-.....A-C-T-CA-C-.....G-G-.....A-.....AAC-A-G-T-A-A-.....T-C-.....A-A-A-G-.....4064	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	.....T-G-C-C-A-A-TCA-.....C-A-AG-G-T-T-.....C-C-CA-C-C-G-G-.....A-C-.....TT-AG-G-A-GT-.....A-G-.....C-A-.....A-.....4417	
SMM.SL.92.SL92B	.....T-G-C-C-A-A-TCA-.....C-A-AG-G-T-T-.....C-C-CA-C-C-G-G-.....A-C-.....TT-AG-G-A-GT-.....A-G-.....C-A-.....A-.....4417	
SMM.US.04.G078	.....T-G-C-G-A-CA-G-.....C-C-G-.....C-A-A-A-G-G-A-C-.....T-A-.....A-G-C-T-.....A-A-.....4246	
SMM.US.04.G932	.....G-C-A-A-.....C-C-T-.....C-A-A-A-G-G-A-C-.....T-A-.....A-G-C-T-.....A-A-.....G-A-.....4235	
SMM.US.04.M919	.....C-C-CA-.....C-C-G-T-T-.....C-T-CA-A-A-G-A-.....C-.....T-G-C-.....T-T-.....C-A-G-.....4240	
SMM.US.04.M922	.....G-C-A-TA-.....C-C-G-T-T-.....C-T-CA-A-A-G-A-.....C-.....T-A-G-.....G-T-T-.....A-C-A-.....4241	
SMM.US.04.M923	.....G-C-A-CA-.....C-C-T-G-T-T-.....C-T-CA-A-A-G-G-A-.....T-.....T-A-G-.....T-T-.....A-C-A-G-.....4240	
SMM.US.04.M926	.....G-CT-A-G-.....C-T-.....C-CA-A-.....C-.....T-A-A-GT-.....A-C-.....A-C-A-G-.....4240	
SMM.US.04.M934	.....G-CT-A-G-.....C-T-.....C-CA-A-.....C-.....T-A-A-GT-.....A-C-.....A-C-A-G-.....4238	
SMM.US.04.M935	.....G-C-G-AA-T-T-.....C-C-G-T-T-.....C-T-CA-A-A-G-G-A-.....C-.....T-A-T-.....A-G-T-T-.....A-C-A-.....4241	
SMM.US.04.M940	.....T-G-CT-A-TA-.....C-C-C-G-G-.....C-A-A-.....G-A-C-.....T-A-.....T-A-.....A-C-A-.....4246	
SMM.US.04.M946	.....G-CT-A-G-.....C-C-C-G-.....C-A-A-.....G-A-C-.....T-A-.....A-G-.....A-C-A-G-.....4239	
SMM.US.04.M947	.....T-G-C-A-CA-.....C-C-G-T-T-.....C-T-CA-A-.....A-.....T-.....T-A-G-.....G-T-T-.....C-A-.....4240	
SMM.US.04.M949	.....T-G-C-A-TA-.....C-C-G-T-T-.....C-T-CA-A-.....A-.....T-.....T-A-G-.....G-T-T-.....C-A-.....4234	
SMM.US.04.M950	.....T-G-CT-A-G-.....C-C-.....C-A-A-.....G-.....C-.....T-A-G-.....T-.....A-G-.....C-A-G-.....4239	
SMM.US.04.M951	.....T-G-CT-A-TA-.....C-C-C-G-.....C-A-.....A-.....A-C-.....T-.....T-C-.....A-A-.....4243	
SMM.US.04.M952	.....G-CT-A-G-.....C-C-.....C-A-A-.....G-.....A-C-.....T-A-G-.....T-C-.....A-A-G-.....4239	
SMM.US.05.D215	.....T-G-C-G-A-T-.....C-C-C-G-T-.....C-CA-C-.....G-A-A-C-.....T-A-G-A-.....T-T-C-.....A-C-A-.....4240	
SMM.US.06.FTQ	.....T-G-C-G-A-T-.....C-C-T-G-T-.....C-CA-C-A-.....G-G-A-C-.....C-A-G-.....G-T-T-.....C-A-G-.....4268	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	.....T-G-C-G-A-T-.....C-C-T-G-T-.....C-CA-C-A-.....G-G-A-C-.....C-A-G-.....G-T-T-.....C-A-.....4976	
SMM.US.86.CFU212	.....T-C-CA-T-.....C-T-G-T-.....C-CA-A-.....A-A-T-.....A-AAT-.....A-C-.....C-T-.....C-A-.....4232	
SMM.US.x.F236_H4	.....G-C-G-A-T-.....C-C-G-T-T-.....C-T-CA-A-A-.....G-A-C-.....T-A-G-.....G-T-T-.....C-A-.....4974	
SMM.US.x.H9	.....G-C-A-CA-.....C-C-G-T-T-.....C-T-CA-A-A-.....G-A-T-.....R-T-A-G-.....R-.....T-T-.....C-AR-G-.....4459	
SMM.US.x.PBJA	.....G-C-A-CA-.....C-C-G-T-T-.....C-T-CA-A-A-.....G-A-T-.....T-A-G-.....T-T-.....C-A-G-.....4752	
SMM.US.x.PGMS3	.....G-C-A-TA-.....C-C-G-T-T-.....C-T-CA-A-A-.....G-A-C-.....A-T-A-G-.....C-.....T-T-.....C-A-.....4903	
SMM.US.x.SME543	.....G-C-GC-A-T-.....C-C-G-T-T-.....C-T-CA-A-A-.....G-A-C-.....T-A-G-.....A-G-T-T-.....C-A-.....4989	
SMM.US.x.pE660.CG7G	.....G-C-G-A-T-.....C-C-G-T-T-.....C-T-CA-A-A-.....G-A-C-.....T-A-G-.....A-G-T-T-.....C-A-.....4975	
STM.US.89.STM_37_16	.....T-G-G-G-A-A-.....G-C-C-G-G-.....C-CA-C-.....G-G-A-C-.....G-A-A-A-.....A-T-.....C-A-.....4633	

MAC. US. x. 239	AATGAATCACCACCTGAAAAATCAATAGATAAGATCAGGGAACAAGCAAAATTCAAGTAGAACCATAGTATTATGGCAGTTTCATTGCATGAATTTAAAGAAAGGGGGAGGAATAGGGGATATGACTCCAGCAGAAAATTAATTAACATGATCACTACAGAACAAGAA	5156
Pol	A M N H L K N Q I D R I R E Q A N S V E T I V L M A V H C M N F K R R G G I G D M T P A E R L I N M I T T E Q	
A.CI.88.UC2	-----A--G--G--AG--T--A--G--T--A--G--A--C-----C--G-----C--C--C--T--C-----A--5239	
A.DE.x.BEN	-----A--G--G--AG--T--A--G--G--A--A--A--C--G-----C-----C--C--T--C-----A--5239	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-----T--A--G--C--G--AGC--T--A--G--G--A--A--G--A--C-----C-----C--C--T--C-----A--5207	
A.GH.x.GH1	-----T--A--G--G--AG--T--A--G--G--A--A--G--A--C-----C-----C--C--T--C-----A--4683	
A.GM.87.D194	-----T--A--G--G--AG--T--A--G--G--A--A--G--A--C-----C-----C--C--C--T--C-----A--4683	
A.GM.x.ISY SBL 6669_85	-----T--A--G--G--AG--T--A--G--G--A--A--G--A--C-----C-----C--G--C--T--C-----A--4680	
A.GM.x.MCN13	-----T--A--G--G--AG--T--A--G--G--A--A--A--C--G--ACA--C-----C-----C--C--T--C-----A--4684	
A.GW.86.FG clone NIHZ	-----T--T--A--G--G--C--T--A--G--G--A--A--A--C-----C-----C--T--C--T--C-----A--4677	
A.GW.87_CAM2CG	-----T--A--G--G--AG--T--A--G--G--A--A--A--C-----C-----C--T--C--C--T--C-----A--5248	
A.GW.x.MDS	C-----T--A--G--C-----A--T--G--A--A--A--C-----C-----C--T--C--C--T--C-----A--4683	
A.IN.07.NNVA	-----T--A--C--C-----A--G--G--A--A--A--C-----C-----C--T--G--C--C--CG-----A--5233	
A.IN.95.CR1K 147	-----T--A--C--C--AG--T--A--G--G--A--A--A--C-----C-----C--T--G--C--C--T--C-----A--4984	
A.JP.08.NMC786 clone 41	C--T--A--G--G--AG--T--A--G--G--CA--A--A--C-----C-----C-----C--C--T--C-----A--5235	
A.PT.x.ALI	-----T--A--G--AGC--T--A--G--G--A--A--G--A--C-----C-----C--C--C--T--C-----A--5232	
A.SN.85.ROD	-----T--A--C--AG-----A--G--A--A--A--C-----C-----C-----C--C--T--C-----A--4685	
A.SN.86.ST JSP4_27	-----T--A--G--AGC--T--A--G--G--CA--A--A--C-----C-----C--G--C--T--G--G-----A--4684	
B.CI.88.UC1	C--T--A--C-----C--G--GTA--A--G--AG-T--C-----C--C-----C--T--G--C--G-----A--C-----A--5220	
B.CI.x.20 56	-----C--T--A-----C--GTA--A--G--AG-T--GC-----C--C-----C--T--G--C--G-----AG-C-----A--5215	
B.CI.x.EHO	-----C--T--T-----G--C--T--A--T--G--GTA--A--G--AG-T--G-----AC--C-----C--T--G--A--G--C-----A--5210	
B.GH.86.D205 ALT	-----C--T--T-----C--C--A--T--G--GTA--A--G--AG-T--C-----AC--C-----C--T--G--A--G--C-----A--5212	
B.JP.01.IMC3 KR020_1	C--T--T--A-----C--C--A--T--C--G--GTA--A--G--AG-T--C-----C--C-----C--T--A--G-----A--C--G-----A--4362	
G.CI.92.Abt96	-----T--T--A--G--A-----A--T--A--T-----A--A-----G-----A-----A-----C--T--A-----A-----T-----A--4566	
AB.CM.03.03CM 510_03	C--T--A-----G--AGC--C--A--Y--GTR--A--G--AG-T--C-R-----AC--C-----C--T-----C--G-----A--C--G-----A--4351	
H2_01_AB.CI.90.7312A	-----T--T-----G-----A--T--G--GTA--A--AG-T--GC-----C-----C--T--G--C--G-----A--C-----A--5221	
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	C--T--T-----G-----A--T--G--GTA--T--G--AG-T--C-----C-----C--T--G--C--G-----A--C-----A--5221	
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	G-----C--T--A-----G-----A--T--G--GTA--T--G--AG-T--C-----C-----C--T--G--C--G-----A--C-----A--5220	
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	C-----C--T--T-----G-----A--C--G--GTA--T--G--AG-T--C-----C-----C--T--G--C--G-----A--C-----A--5226	
U.CI.07.071C TMP3	C-----T-----C-----A--T--G--C--A--G--G--A--G-----AC-----C-----C--T--G-----C--T-----A--C-----A--4671	
U.FR.96.12034	C-----T--A--G--C-----G-----A--G-----G-----CC-----C--C-----T-----A--C-----AT--C-----A--4718	
U.US.08.NWk08	-----A--T-----A--G-----T-----G--AA--C-----A-----C--G-----C-----C-----G--GA--G--A-----T--C-----A--4592	
MAC. US. x. 17EC1		5156
MAC. US. x. 251_1A11		5155
MAC. US. x. 251_32H_PJ5		5157
MAC. US. x. 251_BK28		5132
MAC. US. x. MM142_IVMXX		4642
MNE. US. 82_MNE 8		4624
MNE. US. x. MNE027		4624
SMM. CI. 79_SIVsmCI2	C-----T--T--G--C-----C-----T--A--G-----A-----A-----C--G-----TG--C-----C--T-----G--C-----A--C-----A--4276	
SMM. LR. 89_SIVsmLIB1	C--T--T--G--CC-----C--A--T--A-----A-----A-----C--C-----C-----AC-----C-----GG--C--T-----AT--C-----A--4234	
SMM. SL. 92_SIVsmSL92A	C-----T--C-----G-----C-----T--A--T-----GTA--CC-----G--AG-----C--G-----TAC-----T-----A--AG-----A--AG-----A--4236	
SMM. SL. 92_SIVsmSL92B	C--G--CTTA--T--T--G--AA--C-----A--A-----A-----G--G-----G--C-----CA-----C-----A--G--A--T-----C-----T-----A--4587	
SMM. US. 04. G078	-----T-----A-----G-----T--A--G--G-----C-----G-----A-----GC--C-----C-----C-----C-----C-----C-----A--4416	
SMM. US. 04. G932	-----T-----A-----G-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----GC--C-----C-----C-----C-----C-----C-----A--4405	
SMM. US. 04. M919	C--T--T--A-----CC--G-----T--A--G-----A--G--T-----C-----C-----G--C--T-----C-----C-----A--4410	
SMM. US. 04. M922	C--T--T--A-----CC--G-----T--A--G-----A--G--T-----C-----G-----G--C--T-----C-----C-----A--4411	
SMM. US. 04. M923	C--T--T--A-----CC-----T--A--G-----A--G--T-----C-----C-----G--T-----C-----C-----A--4410	
SMM. US. 04. M926	-----T--T--A--G-----A-----G-----A--G-----C-----C-----C-----C-----T-----C-----C-----A--4410	
SMM. US. 04. M934	-----C--T--T--A-----G-----A-----G-----A--G-----C-----C-----C-----C-----T-----T-----C-----A--4408	
SMM. US. 04. M935	-----C--T--T--A-----CC--G-----T--A--G-----A--G--T-----C-----C-----G-----G--C--T-----C-----C-----A--4411	
SMM. US. 04. M940	-----T--A-----G-----G--G--T--A--G-----A-----A-----GC--C-----C-----C-----C-----C-----C-----A--4416	
SMM. US. 04. M946	-----T--T--A--G-----C-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----A--4409	
SMM. US. 04. M947	C--T--T--A-----C--G-----G--T-----A-----G-----C-----A-----T-----C-----C-----G-----C-----T-----C-----A--4410	
SMM. US. 04. M949	-----T-----T-----G-----G-----T--A--G-----C-----A-----A-----GC--C-----C-----C-----C-----T-----C-----G-----A--4404	
SMM. US. 04. M950	-----T--T--A--G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----T-----C-----A--4409	
SMM. US. 04. M951	-----T--T--A--G-----G-----A-----T--A--G-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----C-----T-----C-----A--4413	
SMM. US. 04. M952	-----T--T--G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----A--4409	
SMM. US. 05. D215	T-----T--A--G--CC--C-----G-----A--T--G-----C-----A-----TG-----C--C-----AC-----C-----G--C--GC-----A--C-----A--4410	
SMM. US. 06. FTQ	-----C--T--T--A-----C-----C-----A-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----T-----C-----A--4438	
SMM. US. 11_SIVsmE660_FL10	C--T--TT--A--CC--G-----C-----T--A-----C-----A-----G--T-----C-----C-----G--C--T-----C-----C-----A--5146	
SMM. US. 86_CFU212	T-----T-----CA-----C-----T--A--G-----C-----A-----G--T-----C-----C-----C-----C-----T-----T-----C-----A--4402	
SMM. US. x. F236_H4	C--T--TT--A--CC--G-----T--A-----C-----A-----G--T-----C-----C-----G--C--T-----C-----C-----A--5144	
SMM. US. x. H9	G-----C--T--T--A-----CC-----T--A-----G-----A-----T-----C-----A-----C-----C-----G--C--T-----T-----C-----A--4629	
SMM. US. x. PBJA	G-----C--T--T--A-----CC-----T--A-----G-----A-----T-----C-----C-----G--C--T-----C-----C-----A--4922	
SMM. US. x. PGM53	C-----C--T--A-----CC--G-----T--A-----G-----A-----T-----C-----C-----G--C--T-----C-----C-----A--5073	
SMM. US. x. SME543	C--T--TT--A--CC--G-----T--A-----C-----C-----A-----G--T-----C-----C-----G--C--T-----C-----C-----A--5159	
SMM. US. x. pE660_CG7G	C-----C--T--TT--A--CC--G-----T--A-----C-----C-----A-----G--T-----C-----C-----G--C--T-----C-----C-----A--5145	
STM. US. 89. STM_37_16	C-----T--TT--A--G--CC--G-----C-----T--A--T-----CA-----TG-----C--C-----C-----G--A-----C-----C-----G--T-----C-----A--4803	



Table showing HIV-2 genome alignments. Columns include 'Vif start' and 'Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end'. Rows list various HIV-2 strains (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2) and their corresponding nucleotide sequences aligned with a reference sequence.

MAC. US. x. 239	ATTTTAAAGGTCGGATGGGCATGGTGACCTCGAGCAGAGTAATCTTCCCACTACAGGAAGGAAGCCATTAGAAAGTACAAGGGTATTGGCATTTCACACAGAAAAGGGTGGCTCAGTACTTTGACAGTGAAGATAACCTGGTACTCAAGAAGCTTTGGACAGATGTA	5639
Vif	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 W T D V	
A.CI.88.UC2	-CCAC -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5722
A.DE.x.BEN	-CCAC -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5722
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5690
A.GH.x.GH1	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5166
A.GM.87.D194	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5166
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-CCA -A -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5163
A.GM.x.MCN13	-CCA -A -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5167
A.GW.86.FG clone NIHZ	-CCA -A -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5160
A.GW.87.CAM2CG	-CCA -A -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5731
A.GW.x.MDS	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5166
A.IN.07.NNVA	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5716
A.IN.95.CRIK 147	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5467
A.JP.08.NMC786 clone 41	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5718
A.PT.x.ALI	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5715
A.SN.85.R0D	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5168
A.SN.86.ST JSP4_27	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5167
B.CI.88.UC1	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5703
B.CI.x.20 56	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5698
B.CI.x.EHO	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5693
B.GH.86.D205 ALT	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5695
B.JP.01.IMCJ KR020 1	-CCA -G -G -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5485
G.CI.92.Abt96	-CCA -A -T -T -T -T -G -A -A -A -G -A -T -C -GA -G -CA -A -CC -A -G -A -G -A -A -G -G -C -T -A -AC -TA -G -A -G -C -T	5049
AB.CM.03.03CM 510 03	-CCA -R -T -T -T -T -A -T -C -G -CA -R -GCAY -CC -R -C -A -A -CC -A -C -G -G -G -ACTCT -G -C -C -T -A -AC -A -YAAG -G -G -AT	G 4834
H2 01 AB.CI.90.7312A	-CCA -G -G -C -T -T -A -C -A -A -G -GCATGGCC -G -C -A -A -C -C -G -GG -A -TCT -G -T -C -T -A -AC -A -TGAG -G -G -AC	5704
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-CCA -G -G -C -T -T -A -C -A -A -G -GCATGGCC -G -C -A -A -C -C -G -GG -A -TCT -G -T -C -T -A -AC -A -TGAG -G -G -AC	5704
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-CCA -G -G -C -T -T -A -C -A -A -G -GCATGGCC -G -C -A -A -C -C -G -GG -A -TCT -G -T -C -T -A -AC -A -TGAG -G -G -AC	5703
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	-CCA -G -G -C -T -T -A -C -A -A -G -GCATGGCC -G -C -A -A -C -C -G -GG -A -TCT -G -T -C -T -A -AC -A -TGAG -G -G -AC	5709
U.CI.07.07IC TNP3	-CCA -A -A -C -T -T -G -A -A -G -A -TCA -G -C -A -A -G -G -G -A -TCA -A -C -A -TA -G -GGA -C -T -G -C -	5154
U.FR.96.12034	-CCA -A -A -C -T -T -G -A -A -G -A -TCA -G -C -A -A -G -G -G -A -TCTT -A -A -T -T -A -GAGT -A -C -G -	5200
U.US.08.NWK08	-CCA -A -A -G -T -T -AGCATCA -G -A -A -C -TTA -GAGAC -C -G -A -G -CA -A -CC -A -C -C -G -G -A -GTCAGGA -C -AC -T -TAAT -AG -T -C -AT	T 5075
MAC. US. x. 17EC1	-	5639
MAC. US. x. 251 1A11	-	5638
MAC. US. x. 251 32H PJ5	-	5640
MAC. US. x. 251 BK28	-	5615
MAC. US. x. MM142 IVMXX	-	5125
MNE. US. 82. MNE 8	-	5107
MNE. US. x. MNE027	-	5107
SMM. CI. 79. SIVsmCI2	-AAC -A -A -T -T -A -T -T -GG -AA -A -TCA -C -G -A -C -A -A -G -A -TC -T -T -A -C -T -T -G -G -C -C	C 4759
SMM. LR. 89. SIVsmLIB1	-CAC -A -A -G -T -T -G -A -T -C -G -A -G -A -GCAT -C -G -A -C -A -A -G -A -T -C -C -T -A -AC -T -TAGT -GA -T	G 4717
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	-CAC -A -A -T -T -G -A -T -T -GG -AA -A -GC -G -G -A -C -A -C -G -A -GTCCTG -A -C -G -TA -C -GA -T -C	C 4719
SMM. SL. 92. SL92B	-CAC -A -A -T -T -G -A -T -T -GG -AA -A -GC -G -G -A -C -A -C -G -A -T -ATCA -GC -T -T -T -G -A -A -	5073
SMM. US. 04. G078	-CA -A -T -G -T -A -G -A -C -C -G -A -A -A -CC -G -A -A -A -C -G -GA -C	4899
SMM. US. 04. G932	-CA -A -T -T -G -A -A -C -T -C -A -A -A -AG -G -G -A -A -A -C -G -GA -C	4888
SMM. US. 04. M919	-CA -A -T -T -AG -T -AT -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	4893
SMM. US. 04. M922	-CA -A -T -T -AG -T -AT -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	4894
SMM. US. 04. M923	-CA -A -T -T -AG -T -AT -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	4893
SMM. US. 04. M926	-CA -A -T -T -AG -T -AT -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	G 4893
SMM. US. 04. M934	-CA -A -T -T -AG -T -AT -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	G 4891
SMM. US. 04. M935	-CA -A -T -T -AG -T -AT -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	4894
SMM. US. 04. M940	-CA -A -T -G -T -A -G -A -G -C -CC -GA -A -A -A -A -A -A -TA -C -G -T -C	4899
SMM. US. 04. M946	-CA -A -T -T -AG -T -AT -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	G 4892
SMM. US. 04. M947	-CA -A -T -T -AG -T -AT -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	4893
SMM. US. 04. M949	-CA -A -T -T -AG -T -AT -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	4887
SMM. US. 04. M950	-CA -A -T -T -AG -T -AT -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	G 4891
SMM. US. 04. M951	-CCA -A -T -G -T -A -G -A -GC -C -GA -A -A -A -A -A -A -TG -C -G -T -C	G 4896
SMM. US. 04. M952	-CA -A -T -T -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	G 4892
SMM. US. 05. D215	-CA -A -T -T -G -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	4893
SMM. US. 06. FtQ	-CA -A -T -T -G -A -G -A -TCT -C -G -A -A -C -G -G -A -A -A -A -A -C -G -G -C -T	4921
SMM. US. 11. SIVsmE660_FL10	-CA -A -T -T -T -G -A -G -A -TCT -C -G -A -A -A -G -G -A -A -A -A -C -GA -T -C	5629
SMM. US. 86. CFU212	-CA -A -T -T -T -G -A -G -A -TCT -C -G -A -A -A -G -G -A -A -A -A -C -GA -T -C	4885
SMM. US. x. F236_H4	-CA -A -T -T -T -G -A -G -A -TCT -C -G -A -A -A -G -G -A -A -A -A -C -GA -T -C	5627
SMM. US. x. H9	-CA -A -T -GT -AG -T -AGCT -G -A -A -A -A -GR -A -A -C -GA -T -C	C 5112
SMM. US. x. PBJA	-CA -A -T -T -A -G -A -GCT -G -G -A -A -A -G -G -A -A -A -C -GA -T -C	G 5405
SMM. US. x. PGMS3	-CA -A -T -T -AG -T -A -TCT -G -A -A -A -A -G -A -A -A -A -C -GA -T -C	5556
SMM. US. x. SME543	-CA -A -T -T -AG -T -AAG -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	5642
SMM. US. x. pE660_C67G	-CA -A -T -T -AG -T -AAG -CT -G -A -A -A -A -A -A -A -A -C -GA -T -C	5628
STM. US. 89. STM_37_16	-CCA -T -G -T -T -G -T -T -CT -G -A -G -A -GCA -CC -T -A -A -A -A -GAA -T -TA -C -GA -T -C -T	5826



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.GW.86.FG 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.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.IMCJ.KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM.510\_03
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.TMP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
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.FU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM\_37\_16

ACACCAAACTATGCAGACATTTTACTGCATAGCACTTATTTCCTTCTGCTTTACAGCGGGAGAAGTGAAGAAGGGCCATCAGGGGAGAACAACTGCTGCTTCTGCTCAGGTTCCCGAGAGCTCATAAGTACCAGGTACCAAGCTACAGTACTTACTGCACTGAAAGTAGTAAG 5809
T P N Y A D I L 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 K V V S
-C-G-G-G-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-AGTG-GCA 5892
-C-G-G-G-CC-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-AGTG-GCA 5892
-C-G-G-G-TCCC-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AT-A-CCA-C-GA-CTA-GTTA-C-A-TTC-G-CT-AGT-GCA 5860
-C-G-G-G-CC-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AC-AT-CCA-AGTA-TCA-T-A-C-C-AGTG-GCA 5336
-C-G-G-G-TCCC-A-A-A-C-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AC-A-CCA-AGCA-TCA-T-A-C-C-AGTG-GCA 5336
-C-G-G-G-CCC-A-A-A-C-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AT-AT-CCA-C-C-A-GTCA-C-A-TTC-G-CT-AGT-GCA 5333
-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-AGTG-GCA 5337
A.GW.86.FG clone NIHZ -C-G-G-G-TCCC-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AA-CC-G-GA-C-GTCA-T-A-TTC-G-CT-AGTG-GCA 5330
A.GW.87.CAM2CG -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-GA-C-GTCA-T-A-TTC-G-CT-AGTG-GCA 5336
A.GW.x.MDS -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-A-CT-G-GA-T-A-TTC-G-CT-AGTG-GCA 5336
A.IN.07.NNVA -C-G-G-G-TCCC-A-A-A-G-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AT-AT-CCA-C-AC-G-GA-T-A-TT-G-CT-AGT-GCA 5886
A.IN.95.CR1K 147 -C-G-G-G-TCCC-A-A-A-G-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AT-AT-CCA-C-GA-C-GTCA-T-A-TT-G-CT-AGT-GCA 5637
A.JP.08.NMC786 clone 41 -C-G-G-G-CC-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-AGTG-GCA 5888
A.PT.x.ALI -C-G-G-G-TCCC-A-A-A-G-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AT-AT-CCA-C-GA-C-GTCA-T-A-TTC-G-CT-AGTG-GCA 5885
A.SN.85.ROD -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-CCA-C-GAGC-GTCA-T-A-TTC-G-CT-AGTG-GCA 5338
A.SN.86.ST.JSP4\_27 -C-G-G-G-TCCC-A-A-A-T-T-G-A-T-A-A-A-A-G-A-GT-AT-C-AC-A-CCA-C-GAGC-GTCA-C-TTC-G-CT-AGTG-GCA 5337
B.CI.88.UC1 -TG-GTG-CAGC-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-GA-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-T-TTC-C-A-GG-CA-CA 5873
B.CI.x.20.56 -TG-TGT-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-GA-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-CAGG-TT-TTC-C-A-G-T-CA 5868
B.CI.x.EHO -TG-TGT-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-GA-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-CAGG-TT-TTC-C-A-G-T-CA 5863
B.GH.86.D205 ALT -TG-TGT-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-GA-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-T-TTC-C-A-GG-C-CA 5865
B.JP.01.IMCJ.KR020\_1 -TG-TGT-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-GA-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-T-TTC-C-A-GG-T-GCA 5015
G.CI.92.Abt96 -G-GACA-TCAA-T-G-AT-TGA-T-T-A-A-A-G-G-AT-C-A-AC-AT-A-C-AAGG-G-T-T-G-A-TTC-CT-AC-GCA 5219
AB.CM.03.03CM.510\_03 -TG-TGT-CAGC-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-GA-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-G-T-TTC-C-A-GG-CA-CA 5004
H2.01.AB.JP.04.NMC307\_20 -TG-TGT-CAGC-T-G-GT-T-CAAT-A-G-A-A-GA-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGGG-TT-TTC-CT-A-G-T-CA 5874
H2.01.AB.JP.07.NMC716\_01 -TG-TGT-CAAC-T-G-G-T-CAAT-A-G-A-A-GA-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGG-TT-TTC-CT-A-G-T-CA 5874
H2.01.AB.JP.08.NMC842\_10 -TG-TGT-CAAC-T-G-G-T-CAAT-A-G-A-A-GA-AT-C-A-AC-AT-ATC-CG-AGG-TT-TTC-CT-A-G-T-CA 5879
U.CI.07.07IC.TMP3 -G-CG-T-TCAGC-T-A-G-G-T-AC-A-G-G-A-A-A-GT-AT-C-AC-ATCG-AGGG-A-T-T-T-C-G-T-A-GA-CA 5324
U.FR.96.12034 -TG-T-GC-CAA-G-G-G-T-T-G-A-A-A-GT-AT-C-AC-T-ATCG-GAGC-G-TCTT-A-TTC-G-CT-A-G-C-T-GCA 5370
U.US.08.NWK08 -TT-G-TGT-GCA-C-G-TG-T-G-CTTT-CT-C-CAA-T-A-A-A-GG-AAACA-C-T-T-AT-ACA-AAGT-A-TCTT-G-TTC-G-CT-A-G-C-TTGGCA 5245
5809
5808
5810
5785
5295
5277
5277
4929
4887
4889
5243
5069
5058
5063
5064
5063
5063
5061
5064
5069
5062
5063
5057
5061
5066
5062
5063
5091
5799
5055
5797
5282
5375
5726
5812
5798
5456



Accession	Sequence	Position
MAC.US.x.239	TACTGGCATGTGAACAAAGGATGTCCCAAGCTATGATAAAATACAGATACTGTGTGTTAAATACAAAGGCTTTATTTATGCATTGCAAGAAAGGCTGTAGATGTCAGGGGAAGGACATGGGGCAGGGGGATGGAGA...CCAGGACCTCTCTCTCCCTCCAGG	6140
Vpx	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 P P P P P G	
Vif	I L A *	
A.CI.88.UC2	.....C.....T.....CAC..G..T.....T.....CC..G.....A..G.....A..CT.....G..G..C..CT..C..G.....G.....C..G..A.....G..C.....G.....C.....	6226
A.DE.x.BEN	.....T.....A.....A.....T.....CAC..G..T.....T.....CC..G.....GT..A..G.....C..A.....T.....G.....G.....C..CT..CTGG.....G.....ACATG.....CCGG..AA.....T..GA..GAC..A.....G.....C.....	6229
A.GH.x.GH12_KR_KRCG	.....C.....T.....A.....T.....CAC..G..T.....T.....CC..G.....G.....G.....A.....G.....C.....A.....T.....G.....G.....C.....CT..C.....G.....C.....T.....C.....	6191
A.GM.87.D194	.....T.....A.....A.....T.....CAC..G..T.....T.....CC..G.....G.....G.....A.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....C.....CT..C.....G.....AG.....CC..G.....A.....	5670
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	.....G.....G.....G.....T.....CAC..G..T.....T.....CC..G.....G.....G.....A.....G.....G.....C.....T.....G.....G.....C.....CT..C.....GG.....C.....A.....G.....T.....	5670
A.GM.x.MCN13	.....A.....T.....CAC..G..T.....T.....C.....G.....G.....A.....G.....G.....C.....CA.....T.....G.....G.....C.....CT..C.....G.....G.....C.....A.....G.....	5671
A.GW.86.F6_clone_NIHZ	.....A.....T.....CAC..G..T.....T.....C.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....C.....A.....G.....G.....C.....G.....CTG.....CCAGAA.....TG..AGAT.....AG.....C.....A.....	5664
A.GW.87.CAN2CG	.....A.....T.....CAC..G..T.....T.....C.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....C.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....C.....A.....G.....	6235
A.GW.x.MDS	.....A.....T.....CAC..G..T.....T.....C.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....C.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....C.....A.....G.....	5670
A.IN.07.NNVA	.....G.....T.....CAC..G..T.....T.....A.....C.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....C.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....C.....G.....A.....G.....	6220
A.IN.95.CR1K_147	.....G.....T.....CAC..G..T.....T.....C.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....C.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....C.....A.....G.....	5971
A.JP.08.NMC786_clone_41	.....G.....A.....T.....CAC..G..T.....T.....CC..G.....G.....G.....A.....G.....G.....C.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....C.....A.....G.....	6222
A.PT.x.ALI	.....A.....T.....CAC..G..T.....T.....CC..G.....G.....G.....A.....G.....G.....C.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....C.....A.....G.....	6219
A.SN.85.RDD	.....GA..T.....CAC..G..T.....T.....CA.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....C.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....C.....A.....G.....	5672
A.SN.86.ST_JSP4_27	.....AT..T.....CAC..G..T.....T.....CC..G.....G.....G.....A.....G.....G.....C.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....C.....A.....G.....	5671
B.CI.88.UC1	.....G..G.....G..G.....AGT..T.....ACC.....T.....TGC..G..G.....A..AA..G.....G.....C..AT..CA..G.....G.....C..GCA..G..C.....C.....	6210
B.CI.x.20_56	.....T..G..G.....G..G.....CATT..CACC.....T..G.....CT..C..G.....A..AA..G.....A.....ATTGCA..G.....C.....C..G..C.....G.....C.....	6205
B.CI.x.EHO	.....T..G..G.....G..G.....ATT..T.....ACC.....T..G.....T.....C..G.....A..AA..G.....A.....ATTGCA..G.....T.....G.....G.....C.....	6200
B.GH.86.D205_ALT	.....G..G.....G..G.....ATT..T.....ACC.....T..G.....TGC..G..G.....A..AA..G.....G.....C..AT..CA..G.....G.....G.....C.....GCA.....	6202
B.JP.01.INCJ_KR020_1	.....T.....C.....G.....C.....A.....ATT.....CACC..G..T.....TGC..G..G.....A..AA..G.....G.....C..CTTGA..GG..A.....GC..CT..GC.....	6202
G.CI.92.Abt96	.....T.....T.....G.....C.....G.....T.....CACT..G..T.....T.....TGC..G..G.....A..AA..G.....G.....A.....G.....G.....C.....C..T..A.....	5553
AB.CH.03.03CM_510_03	.....G.....G.....G.....C.....AGT..T.....CACC.....T.....TC..TGC..G..G.....A..AA..G.....G.....C..AT..CA..G.....C.....CAGGCA..G.....C.....	5341
H2_01_AB.CI.90_7312A	.....T.....G.....G.....T.....G.....C.....ATT.....CACC..G..T.....G.....CT..C..G.....A..AA..G.....G.....A.....TTGCA..G.....C.....C.....	6211
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	.....T.....G.....G.....G.....C.....AGT.....CACC..G..T.....G.....ACT..C..G.....A..AA..G.....G.....TTTCA..G.....G.....C.....G.....	6210
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	.....T.....G.....G.....G.....C.....AGT.....CACC..G..T.....G.....ACT..C..G.....A..AA..G.....G.....TTTCA..G.....G.....C.....G.....	6210
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	.....T.....G.....G.....G.....C.....A..T.....CC..G..T.....G.....ACT..C..G.....A..AA..G.....G.....A.....TTTCA..G.....G.....C.....G.....	6216
U.CI.07.07IC_TNP3	.....G.....G.....G.....C.....A.....T.....CACT..T.....T.....C..A..C.....G.....A.....A.....A.....G.....G.....CCA.....GA..A.....G.....	5655
U.FR.96.12034	.....G.....G.....G.....C.....GA..T.....ACT..G..T.....TC..C..G.....G.....A.....A.....G.....A.....CA..CT..G.....C.....AC..A.....	5701
U.US.08.NMK08	.....T.....A.....G.....G.....G.....GCT..CACC..G..T.....C..ACTG..G.....C..G.....C.....A.....G.....A.....C..AC..CAGG..A.....C.....A..A.....	5573
MAC.US.x.17EC1	.....	6140
MAC.US.x.251_1A11	.....	6139
MAC.US.x.251_32H_PJ5	.....	6141
MAC.US.x.251_BK28	.....	6116
MAC.US.x.MM142_IVMXX	.....	5626
MNE.US.82.MNE_8	.....	5608
MNE.US.x.MNE027	.....	5608
SMM.CI.79.SIVsmCI2	.....TT.....T.....G..C.....A.....GCT..CACTC..G..T.....CTA.....G.....A..C..G.....TGT..GTA.....A.....G.....A.....C.....CT..A..A.....G.....	5266
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	.....T.....T.....G..G.....A.....G..C.....AC.....T.....C.....G.....G.....A.....G.....C.....C.....A.....G.....C.....G.....G.....T.....A.....	5215
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	.....T.....T.....G.....G.....A.....G.....GCA.....ACT..G..T.....C.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....A.....G.....C.....CAG.....A.....G.....	5214
SMM.SL.92.SL92B	.....T.....GTA.....G.....ATAC.....GA.....ACT.....C.....TG..ACAG.....G.....G.....A.....AA..G.....GA.....C.....T.....GA.....G.....A.....C.....CAG.....A.....G.....	5577
SMM.US.04.G078	.....T.....T.....T.....T.....A.....G.....GA.....ACT.....C.....C.....G.....G.....A.....AA..G.....GG.....C.....T.....GA.....G.....A.....C.....CAG.....A.....G.....	5400
SMM.US.04.G932	.....T.....T.....T.....T.....T.....T.....C.....C.....G.....G.....CA.....G.....G.....G.....G.....C.....CT..A.....A.....G.....A.....AT.....A.....	5389
SMM.US.04.M919	.....A.....AT.....GT.....CAC.....C.....G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..AA.....AG.....C.....A.....	5394
SMM.US.04.M922	.....ATG.....GA.....T.....CAC.....C.....G.....G.....A.....A.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....CT..A.....AG.....G.....	5395
SMM.US.04.M923	.....AT.....GT.....CAC.....C.....G.....G.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....AG.....G.....	5394
SMM.US.04.M926	.....T.....G.....G.....A.....T.....CACT.....T.....A.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....	5394
SMM.US.04.M934	.....T.....A.....G.....A.....T.....GC..G..T.....A.....C.....G.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....AG.....G.....	5392
SMM.US.04.M935	.....ATG.....GA.....CAC.....C.....G.....G.....A.....A.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....CT..A.....AG.....G.....	5395
SMM.US.04.M940	.....T.....T.....A.....G.....A.....GT..GC.....AC..G..C.....C.....C.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....T.....T.....C.....T.....A.....G.....T.....	5400
SMM.US.04.M946	.....T.....T.....A.....G.....A.....C.....G.....T.....GC..G..T.....A.....C.....G.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....G.....	5393
SMM.US.04.M947	.....AT.....GTC.....CAC.....C.....G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....G.....AGT.....	5394
SMM.US.04.M949	.....T.....T.....G.....A.....GA.....AC.....C.....C.....C.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....A.....T.....A.....G.....	5388
SMM.US.04.M950	.....T.....T.....A.....G.....A.....T.....G.....G..T.....A.....C.....G.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....A.....T.....A.....G.....	5392
SMM.US.04.M951	.....T.....T.....A.....G.....A.....GA.....CAC.....C.....C.....C.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....T.....C.....A.....G.....	5397
SMM.US.04.M952	.....T.....T.....A.....G.....C.....A.....T.....G.....G..T.....T.....A.....C.....G.....C.....G.....G.....A.....G.....A.....G.....A.....G.....T.....C.....	5393
SMM.US.05.D215	.....G.....G.....C.....G.....A.....T.....CACT.....T.....C.....C.....G.....C.....G.....G.....A.....G.....A.....C.....A.....G.....C.....G.....A.....G.....	5394
SMM.US.06.F10	.....G.....A.....G.....CAC.....G..T.....C.....C.....G.....C.....C.....G.....G.....A.....G.....G.....A.....G.....C.....A.....G.....	5422
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	.....ATG.....G.....CAC.....T.....C.....G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....G.....	6130
SMM.US.86.CFU212	.....T.....T.....G.....CACT..G..T.....C.....C.....G.....G.....CA.....G.....G.....T..GA.....A..C..AT..CT..GA..A.....T.....A.....G.....A.....	5386
SMM.US.x.F236_H4	.....ATG.....A.....GA.....CAC.....T.....C.....G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....G.....AG.....	6128
SMM.US.x.H9	.....ATG.....GTC.....CACT.....R.....C.....G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....G.....AG.....	5613
SMM.US.x.PBJA	.....ATG.....GTC.....CACT.....R.....C.....G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....G.....AG.....	5906
SMM.US.x.PGM53	.....G.....ATG.....GAG.....CAC.....C.....C.....G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....AG.....	6057
SMM.US.x.SME543	.....ATG.....A.....GA.....CAC.....T.....C.....G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....G.....	6143
SMM.US.x.pE660.CG7G	.....ATG.....GA.....CAC.....T.....C.....G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CT..A.....G.....AG.....	6129
STM.US.89.STM_37_16	.....G.....C..CGGG.....T.....T.....C.....G.....G.....A.....G.....G.....A.....GG..A..C.....CT..G.....A.....C.....	5787

	Vpx end	Vpr start		
MAC.US.x.239	ACTGATCATAA	.....ATGGAAGAAAGACCTCCAGAAAATGAAGACCACAAAGGAACCATGGATGAATGGGTAGTGGAGTTCTGGAAGAAGCTGAAAGAAAGCTTTAAAAACATTTTGATCCTCGCTTGTAACTGCACCTGGTAATCATATCTATAA	6297	
Vpx	L A *			
Vpr		M E E R P P E N E G P O R E P W D E W V V E V L E E L K E E A L K H F D P R L L T A L G N H I Y N		
A.CI.88.UC2	T---TC	.....TGG-A	G-T-G-A	---T-T
A.DE.x.BEN	T---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---GG---CTT---G---AG---T---A---AAC---AGG---A---A---G---C---A---GG---C---T---T---AC---CT---G
A.GH.x.GH1	C---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---AAC---G---GG---G---G---A---A---GAA---C---AG---T---A---G---C---G---G---C---T---A---T---C---CT---G---G
A.GM.87.D194	T---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---GG---A---G---T---G---AG---ACC---A---A---AAC---A---G---A---C---G---C---G---C---T---T---C---CT---G
A.GM.x.ISY.SBL.6669.85	TT---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---CG---G---G---G---G---A---A---AA---AG---A---A---G---G---C---C---T---T---CT---CT---G
A.GM.x.MCN13	TT---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---CG---G---G---G---G---A---A---AA---C---AG---A---A---GA---G---G---C---C---CT---C---G
A.GW.86.F6.c1one.NIHZ	TT---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---CG---G---G---G---G---A---A---AA---C---AG---A---A---G---G---G---C---G---GAT---C---G
A.GW.87.CAN26G	GT---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---CG---G---G---G---G---A---A---AA---C---AG---CA---A---G---C---G---C---CGGA---G---G
A.GW.x.MDS	TT---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---CG---G---G---G---G---A---A---AA---AG---GA---A---G---C---GCA---T---C---GA---G---G
A.IN.07.NNVA	TTGG---TT	ATGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---CG---G---G---G---G---A---A---AA---AAG---A---A---G---G---G---C---C---G---T---C---GAT---C---C
A.IN.95.CR1K.147	T---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---CG---G---G---G---G---A---A---AA---AAG---A---A---G---G---G---C---G---T---T---C---TAT---C---G
A.JP.08.NMC786.c1one.41	T---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---CG---G---G---G---G---A---A---AA---AAG---A---A---G---G---G---C---G---GA---C---CC---TC---T---C---GAT---G---G
A.PT.x.ALI	T---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---CG---G---G---G---G---A---A---AA---AAG---A---A---G---G---G---C---G---GA---C---CC---TC---T---C---GAT---G---G
A.SN.85.RDD	T---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---CG---G---G---G---G---A---A---AA---AAG---A---A---G---G---G---C---G---GA---C---CC---TC---T---C---GAT---G---G
A.SN.86.ST.JSP4.27	T---TC	TGACTGAAGCACCAAC	.....GTTT	---C---G---GG---GGACC---CG---G---G---G---G---A---A---AA---AAG---A---A---G---G---G---C---G---GA---C---CC---TC---T---C---GAT---G---G
B.CI.88.UC1	C---C---C	TGGCAGAAGCAGCCCC	.....G-CT	---G---G---G---A---C---G---A---G---A---G---A---G---A---C---CA---G---A---A---GC---C---GG---C---C---G---G---G---TT---C---G
B.CI.x.20.56	C---C---C	TGGCAGAAGCAGCCCC	.....G-CT	---G---G---G---G---A---C---G---A---G---A---G---A---G---A---C---C---G---A---A---GC---C---GG---C---C---G---G---G---TT---C---G
B.CI.x.EHO	T---C---C	TGGCAGAAGCAG-CCC	.....G-TT	---GG---A---AAC---A---G---AC---G---C---C---G---A---A---C---C---G---A---A---GC---C---G---C---AT---G---C---TT---C---G
B.GH.86.D205.ALT	C---C---C	TGGCAGAAGCAGCCCC	.....G-CT	---G---G---G---G---A---C---G---A---G---A---G---A---G---A---C---C---G---A---A---GC---C---GG---C---C---G---G---G---TT---C---G
B.JP.01.INCJ.RR020.1	CT---G---C	TGGCAGAAGCAGCCCC	.....G-CT	---G---G---G---G---A---C---G---A---G---A---G---A---G---A---C---C---G---A---A---GC---C---GG---C---C---G---G---G---TT---C---G
G.CI.92.Abt96	T---TC	.....ATGGCA	---TC	---C---G---GG---G---CC---C---G---A---G---G---A---A---A---A---A---A---A---A---C---C---C---C---G---CT---G---G
AB.CH.03.03CM.510.03	C---G---C	TGGCAGAAGCARCCYC	---R-TC	---G---C---GA---C---A---AG---A---GA---AR---G---A---C---G---A---A---GC---CY---G---G---Y---G---CTT---C---G
H2.01.AB.CI.90.7312A	C---C---C	TGGCAGAAGCAGCCTC	---G-CT	---G---G---G---G---A---C---G---A---G---A---G---A---G---A---C---C---G---A---A---GC---C---G---G---G---CTT---T---C---G
H2.01.AB.JP.04.NMC307.20	C---C---C	TGGCAGAAGCAGCCCC	.....G-CT	---G---G---G---G---A---C---G---A---G---A---G---A---G---A---C---C---G---A---A---GC---C---G---G---G---CTT---T---C---G
H2.01.AB.JP.07.NMC716.01	C---C---C	TGGCAGAAGCAGCCCC	.....G-CT	---G---G---G---G---A---C---G---A---G---A---G---A---G---A---C---C---G---A---A---GC---C---G---G---G---CTT---T---C---G
H2.01.AB.JP.08.NMC842.10	C---C---C	TGGCAGAAGCAGCCCC	.....G-CT	---G---G---G---G---A---C---G---A---G---A---G---A---G---A---C---C---G---A---A---GC---C---G---G---G---CTT---T---C---G
U.CI.07.07IC.TNP3	CT---G	.....G-GG-C	---C---G---A---G---T	---G---G---G---G---A---G---T---G---G---G---G---A---A---A---A---G---A---A---A---G---A---A---G---G---G---G---G---CT---G
U.FR.96.12034	T---GATC	.....G-GG-C	---C---G---A---G---T	---G---G---G---G---A---G---T---G---G---G---G---A---A---A---A---G---A---A---A---G---A---A---G---G---G---G---G---CT---G
U.US.08.NWK08	T---C	.....CT-CTCT	---A---G---A---CC-T	---A---G---G---G---G---A---A---A---A---G---A---A---A---G---A---A---A---G---A---A---G---G---G---G---G---CT---G
MAC.US.x.17EC1				6297
MAC.US.x.251.1A11				6296
MAC.US.x.251.32H.PJ5				6298
MAC.US.x.251.BK28				6273
MAC.US.x.MM142.IVMXX				5783
MNE.US.82.MNE.8				5765
MNE.US.x.MNE027				5765
SMM.CI.79.SIVsmCI2	TT---G	.....CT-CAC	---G-GG	---C---CC---A---G---C---C---G---A---T---A---G---A---C---G---G---G---C---T---T---C---G---G---T---G
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	CT---G	.....TG-CATG	---G-GG	---G---GACCAAC---C---A---G---T---C---G---A---ACA---A---CT---A---GA---T---AC---C---G---C---C---T---T---AC---G---C---T---G
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	TT---T---G	.....TGCTTT-TCCCC	---A---G-G	---G---C---C---A---G---T---C---G---A---ACA---A---CT---A---GA---T---AC---C---G---C---C---T---T---AC---G---C---T---G
SMM.SL.92.SL92B	TT---G---C	.....TG-CATG	---G-GG	---GACCAAC---C---A---G---T---C---G---A---ACA---A---CT---A---GA---T---AC---C---G---C---C---T---T---AC---G---C---T---G
SMM.US.04.G078				5557
SMM.US.04.G932				5546
SMM.US.04.M919				5550
SMM.US.04.M922				5553
SMM.US.04.M923				5552
SMM.US.04.M926				5552
SMM.US.04.M934				5549
SMM.US.04.M935				5553
SMM.US.04.M940				5557
SMM.US.04.M946				5550
SMM.US.04.M947				5552
SMM.US.04.M949				5545
SMM.US.04.M950				5549
SMM.US.04.M951				5554
SMM.US.04.M952				5550
SMM.US.05.D215				5551
SMM.US.06.F10				5579
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10				6288
SMM.US.86.CFU212				5546
SMM.US.x.F236.H4				6286
SMM.US.x.H9				5771
SMM.US.x.PBJA				6064
SMM.US.x.PGM53				6216
SMM.US.x.SME543				6301
SMM.US.x.pE660.CG7G				6287
STM.US.89.STM_37_16	CT---G	.....A-AC-C-C	---GG	---C---G---A---G---G---G---A---A---G---A---A---C---CC-GCGG---GC-G---CT---G

Table of HIV-2 genome alignments. Columns include sequence coordinates (Tat exon 1 start to Vpr end), reference sequence (AGACATGGAGACACCCTTGAGGGAGCAGGAACTCATTAGAATCCTCCACGAGCGCTCTTCATGCATTTCAAGAGCGGATGCATCCACTCCAGAATCGGCCAACCTGGGGAGGAAATCCTCTCTAGCTATACCGCCCTCTAGAAGCATGCTATAACACATGCTATT 6467), and accession numbers (e.g., MAC.US.x.239, Vpr, A.CI.88.UC2, etc.).

Rev exon 1 start Tat Rev exon 1 end Tat Rev infon start

GTA AAAAGTGTGCTAC CATTGCCAGT TTTTGTTTCTTAAAAAGGCTGGGGATATGTTGTGAGCAATCA . . . CGAAAGAGAAGAAGAACTCCGAAAAAGGCTAAGGCTAATACATCTTCTGCATCAACAAGTAA . . . GTATGGGATGCTTGGGAAATCACTGCTTA 6631

MAC.US.x.239 Env Tat exon 1 Rev exon 1	C_K K C C Y H C Q F C F L K K G L G I C Y E Q S . . R K R R R R T P K K K A K A N T S S A S N K	M S N H . . . E R R E E E L R K R L R L I T H L L H Q T	M G C L L G N Q L L	6631
A.CI.88.UC2	...G...CA-T-T...C-G...CT-G...GC-C...G...T-G-AA...G-CGGAC...A-G-GAA...A-C-C-GC...A-C-G...G...AGCC-GG-A...-T-G	6631		6690
A.DE.x.BEN	...GGA-CA-T-T...C-G...CTG...G-GC-C-A...CA...G-AAG...G-C-GAC...G-A-G-AA...A-C-T-GC...C-G...G...AATGGA-AG-A...-AA-G	6631		6693
A.GH.x.GH1	...GC-CA-T...C-G...CT-G...G-GC-C...G-CA-G-AA...A-C-GAC-G...G-A-G-AA...A-C-T-G...G...G...A-ATG-GG-AA-G-TA-ATG-G	6631		6172
A.GM.87.D194	...GC-CA-T...C-G...CT-G...G-GC-C...G-C-G-CAG...G-C-GAC...G-A-G-AA...A-C-C-GC-C...G-T...G...AGCC-GG-A...-G	6631		6172
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	...GGG-C...-T...C-G...T-A-C...G-GC-C...G-C-AAG...G-C-GAC...G-G...G-AA...C-T-G-C...G...G...CAATGA-GG-AAA-T...G	6631		6169
A.GM.x.MCN13	...GGA-C...-T...C-G...T-A-C...G-GC-C...G-C-GAAG...G-C-GAC...G-A-G-AA...C-T-G...G...G...ATGG-GG-A-A...-A	6631		6173
A.GW.86.FG c1one_N1HZ	...C-G-A-C...-T...C-G...T-AC...G-GC-C...G-C-GAAG...G-C-GAC...G-A-G-AA...C-C-G...G...G...AAGG-AG-AA...-G	6631		6166
A.GW.87.CAM2CG	...GCCA-C...-T...C-A...-A...G-GC-C...G-C-GAAG...G-C-GAC...G-A-G-AA...C-T-G...G...G...AGC-GGCA-A...-G	6631		6737
A.GW.x.MDS	...GCCA-C...-T...A-A...-T-A-C...G-GC-C...G-A-GAAG...G-C-GAC...G-A-G-AA...A-C-C-G...G...G...ACG-CAAAAT-C...-G	6631		6172
A.IN.07.NNVA	...G-A-C...-T...C-G...-G...T-AC...G-AC-C...G-C-AAG...G-C-G-C...G-C-GA...G-AA...C-C-G...A-C-G...G...AC-C-GAAA-GCC...-G	6631		6723
A.IN.95.CR1K 147	...CTA-C...-T...C-G...C...T-AC...G-GC-C...G-A-GAAG...G-C-GAC...G-A-G-AA...A-C-C-GA-CT-A...-G...G...CGCA-GAA...-C-A	6631		6473
A.JP.08.NMC786 c1one_41	...GC-C...-T...C-G...C...T-AC...G-GC-C...G-C-GAAG...G-C-GAC...G-A-G-AA...C-C-G...G...G...AAATG...GG-AA-TTAT-AA-G	6631		6724
A.PT.x.ALI	...GG-A-C...-T...C-G...-T-A-T-G-AC-C...G-C-GAAG...G-C-G-C...G-T-A-G-AAAT...C-C-G...G...G...ATG-C-AG-A-A...-G	6631		6721
A.SN.85.RDD	...GCCA-C...-T...A-G...-A-C...G-GC-C...G-A-GAAG...G-C-GAC...G-A-G-AA...A-C-C-G...C-A-C-G...G...G...ATG...-G	6631		6165
A.SN.86.ST J5P4_27	...C...-C...A-G...-T-A-C...G-GC-C...G-A-GAAG...G-C-GA...G-A-G-AA...A-C-T-G...G...G...A-ATG-GG-A...-A-AT-G	6631		6173
B.CI.88.UC1	...-A-C-T...-C...-C...G-C-T...G-C-C-G...A-T-T-A...-G...-T-C-G...G-G...G...C-CACAC-A-C...-C...-T...-G	6631		6706
B.CI.x.20.56	...C-G-A-C...-T-T...-C...-C...G-C...G-C-C-G...A-T-T-A...-G...-T-C-G...C-G-G...G...C-CACA-AAC-G...-C-A...-G	6631		6701
B.CI.x.EHO	...G-A-C...-C...-C...G-C...A-G-C...G...-AG-T-T-A...-G...-A-C...A-C...C-T...G...G...C-CA-G-AA-T...-T-C-A...-G	6631		6696
B.GH.86.D205 ALT	...G-A-C...-T...-C...-C...G-C...C-C-G...A-T-T-A...-G...-GA...-T-C-G-C...C-G...G...C-CA-T-A-C-GC-GC...-C-G	6631		6698
B.JP.01.IMCJ KR020_1	...-G-A-C-T...-C...-C...G-C-T...C-C-G...A-T-T-A...-G...-T-C-G-GC-A...-C-G...G...G...C-CA-A-CAAT-GT-C...-T-G	6631		5848
G.CI.92.Abt96	...-C-A-C...-T...-T...-A-C...-C...G-AC-C-AG...-C...-T...G...-GA...-A...-T...-T...-G...G...C-A...-C...-G	6631		6044
AB.CM.03.03CM 510 03	...-RA-C...-G...-G...T-C-T...G...C-C-G...AGAGA-GA-A-C-G...C-C-G...G...G...C-A-TC-A-C-GCTGC...-C	6631		5831
H2.01.AB.CI.90.7312A	...G-A...-C...-G...C-T...A-GC-G...A-T-T-A...-G-AA...A-GC...G...G...A-ATG-GG-AA...-TA-AT-G	6631		6707
H2.01.AB.JP.04.NMC307 20	...GGCA-C...-C...-C...G-C-T...A-GC-G...A-T-T-A...-G-AA...A-GC...G...G...A-ATG-GG-AA...-TTA-AT-G	6631		6707
H2.01.AB.JP.07.NMC716 01	...GGCA-C...-C...-C...G-C-T...A-GC-G...A-T-T-A...-G-AA...A-GC...G...G...A-ATG-GG-AA...-TTA-AT-G	6631		6706
H2.01.AB.JP.08.NMC842 10	...GGCA-C...-C...-C...T-G...C-T...A-T-T-A...-G-AA...A-GC...G...G...A-ATG-GG-AA...-TTA-AT-G	6631		6712
U.CI.07.07IC TNP3	...-C...-C...T...A-C...G-AC-T...A-C...G...G...-G...-T...T...T-C...C-AC...C...A...-G	6631		6140
U.FR.96.12034	...-A...-T...C-A...G-C...G-C-T...ATA...C-C...G-G-A...-G...-T...T...T-G...C...-C...-C...G	6631		6185
U.US.08.NMK08	...-C...-G...-T...C...CAC-GG...-C...T...ATA...G-C-T...GAGTT...-G...AAGG-TAAGGT-CAT--ACT-C-TG-TCAG-CC-GTAA...-CG-C-C-TCT--T	6631		6058
MAC.US.x.17EC1	...G...-G...-A...A-G...AC-G...-G...-G...T...-G...-T...-A...-A...-A...-G	6631		6632
MAC.US.x.251.1A11	...G...-G...-A...A-G...AC-G...-G...-G...T...-G...-T...-A...-A...-A...-G	6631		6607
MAC.US.x.251.32H PJ5	...C...-C...A...A-G...AC-G...-G...-G...T...-G...-T...-A...-A...-A...-G	6631		6117
MAC.US.x.251.BK28	...-C...-G...-G...-C-GA...-G...-G...-T...-G...-T...-A...-A...-A...-G	6631		6099
MAC.US.x.MM142 IVMXX	...-C...-G...-G...-C-GA...-G...-G...-T...-G...-T...-A...-A...-A...-G	6631		6099
MNE.US.82.MNE 8	...-C...-G...-G...-C-GA...-G...-G...-T...-G...-T...-A...-A...-A...-G	6631		5754
MNE.US.x.MNE027	...-C...-G...-G...-C-GA...-G...-G...-T...-G...-T...-A...-A...-A...-G	6631		5696
SMM.CI.79.SIVsmCI2	...-C-A...-T...-T...C-C...G-C...A-G...G-GA-G-G...G...A-G...-AT-A-G-T-C-T-A...-C...CG...-C...-A...-A...-G	6631		5710
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	...-C-G-GC...-T...T...C-C...G...C-T-A-ACC-CA-G-AG...CA-GAGAGAC-GA-CCG...G-AA...-AT-A-G-T-C-T-A...-C...CG...-C...-ACT-C...-G	6631		6058
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	...-C-G-A...-T...T...C...G...TC-C-TAC-CA-A-C-GAGAGAC-GA-GT-AA...G-AA...-AT-A-G-T-C-T-A...-C...CG...-C...-ACT-C...-G	6631		5891
SMM.SL.92.SL92B	...-C-G...-T...C...C...GG-G-C-T-TC-TCT...A-GA...GT-AA...G-AA...-AT-A-G-T...GT...G-T...G...G...-A...-A...-G	6631		5880
SMM.US.04.G932	...-C...-A-C-T...-C...-G...A...GCAG...-C-G...G...-AT-A...-T...G...G...-A...-A...-G	6631		5884
SMM.US.04.M919	...-A-C-T...-C...-G...A...GCAG...-C-G...G...-AT-A...-T...G...G...-A...-A...-G	6631		5887
SMM.US.04.M922	...-A-C-T...-C...-G...A...GCAG...-C-G...G...-AT-A...-T...G...G...-A...-A...-G	6631		5880
SMM.US.04.M923	...-G-A...-T...T-CA...-G...A...C...GCA...-C...G...-A...-T...G...G...-A...-A...-G	6631		5886
SMM.US.04.M926	...-A-C-T...-C...-G...A...C-CAT...-C-G...G...-T...T...-G...G...-A...-A...-G	6631		5883
SMM.US.04.M934	...-A-C-T...-C...-G...A...ATC-CAT...-C-G...G...-T...AT...-T...C...G...-A...-A...-G	6631		5887
SMM.US.04.M935	...-A-C-T...-C...-G...A...ATC-CAT...-C-G...G...-T...AT...-T...C...G...-A...-A...-G	6631		5891
SMM.US.04.M940	...-C-G...-T...C...C...GG-G-C-T-A...TCT...A-G-GA-G...G...-T...AT...-GT...G-C...C...-G-GC...G	6631		5884
SMM.US.04.M946	...-G-A-C...-T...T-CA...-G...T-C-A...C...TCT...A-G-GA-G...G...-T...AT...-GT...G-C...C...-G-GC...G	6631		5880
SMM.US.04.M947	...-G-A-C...-T...T-CA...-G...T-C-A...C...TCT...A-G-GA-G...G...-T...AT...-GT...G-C...C...-G-GC...G	6631		5879
SMM.US.04.M949	...-C-G...-A-C-T...-C...-G...G-C-A...C...TCTA...AA-GA...A-G...-T...AT...-T...G-T...G...-A...-A...-G	6631		5883
SMM.US.04.M950	...-C-G...-A-C-T...-C...-G...G-C-A...C...TCTA...AA-GA...A-G...-T...AT...-T...GT...G-C...G...-A...-A...-G	6631		5888
SMM.US.04.M951	...-C-G...-A-C-T...-C...-G...G-C-A...C...TCTA...AA-GA...A-G...-T...AT...-T...GT...G-C...G...-A...-A...-G	6631		5884
SMM.US.04.M952	...-C-G...-A-C-T...-C...-G...G-C-A...C...TCTA...AA-GA...A-G...-T...AT...-T...GT...G-C...G...-A...-A...-G	6631		5885
SMM.US.05.D215	...-C-A...-T...C-A...-G...GC-T-A...C...AC-G...G-GA...G-AA...-AT-C-C-T-CT-T-CGC...C...-A...-A...-G	6631		5910
SMM.US.06.FTq	...-C-A...-T...C-A...-G...GC-T-A...C...AC-G...G-GA...G-AA...-AT-C-C-T-CT-T-CGC...C...-A...-A...-G	6631		5885
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	...-G-G...-T...T-CA...-G...G-T-A...C...GCAC...C...-A...-A...-CT-C...-A...-G...-G...-A...-A...-G	6631		5910
SMM.US.86.CFU212	...-GA...-T...C...-C...GG...-C-C-AG...CAG-C...G...-T...A...-C-CT-C...-T-A...-G...-G...-A...-A...-G	6631		6616
SMM.US.x.F236 H4	...-G-G...-T...T-CA...-G...G-T-A...C...GCAC...C...-A...-A...-CT-C...-A...-G...-G...-A...-A...-G	6631		5874
SMM.US.x.H9	...-G-A...-T...T-CA...-Y...G...-A...C...GCAC...C...-A...-A...-CT-C...-A...-G...-G...-A...-A...-G	6631		6578
SMM.US.x.PBJA	...-G...-T...T-CA...-G...Y...G...-A...C...GCAC...C...-A...-A...-CT-C...-A...-G...-G...-A...-A...-G	6631		6099
SMM.US.x.PGMS3	...-G...-T...T-CA...-G...Y...G...-A...C...GCAC...C...-A...-A...-CT-C...-A...-G...-G...-A...-A...-G	6631		6392
SMM.US.x.SME543	...-G...-T...T-CA...-G...Y...G...-A...C...GCAC...C...-A...-A...-CT-C...-A...-G...-G...-A...-A...-G	6631		6550
SMM.US.x.SME543	...-G...-T...T-CA...-G...Y...G...-A...C...GCAC...C...-A...-A...-CT-C...-A...-G...-G...-A...-A...-G	6631		6629
SMM.US.x.pE660.C67G	...-G-G...-T...T-CA...-G...Y...G...-A...C...GCAC...C...-A...-A...-CT-C...-A...-G...-G...-A...-A...-G	6631		6615
STM.US.89.STM 37_16	...-C-A...-T...C-G...G-G...-C...TC-T-A...-ACC...G...GT-AA...-A-T-C-AT...-CC-C-C-A...-A...-G	6631		6273

	Env signal peptide end	Env gp120 start	
MAC.US.x.239	TCGCCATCTGCTTTTAAGTGTCTATGGGATCTATTGT.....	ACTCTATATGTCACAGTCTTTTATGGTGTACCAAGTGGGAAATGCGACAATCCCTCTTTTGTGCAACCAAGAATAGGGATACTTGGGAAACAACAGTGCCTACAGATAATGGTGATTAT	6795
Env	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 R D T W G T T Q C L P D N G D Y	
A.CI.88.UC2	CT-T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C-.....	AA-A-G-T-T-C-C-.....	6834
A.DE.x.BEN	-T-T-T-A-AAC-CT-GCTTAG-A-.....	GC-AG-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-A-.....	6895
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-T-T-T-A-AAC-CT-GCTTA-A-C-.....	GC-A-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-A-.....	6857
A.GH.x.GH1	-T-T-T-A-AGCT-CT-GCTTAG-A-C-.....	C-A-G-T-T-C-C-G-C-TG-AA-AT-C-.....	6336
A.GM.87.D194	-T-T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C-.....	AA-A-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-.....	6336
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-T-T-T-C-.....	CAA-G-T-T-C-CA-C-TG-AA-AT-C-.....	6333
A.GM.x.MCN13	-T-T-T-.....	CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	6337
A.GW.86.FG clone NIHZ	-T-T-TG-A-AGCT-CT-GCTTA-AC-C-.....	AG-A-T-G-T-T-C-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	6330
A.GW.87.CAM2CG	-T-T-T-A-AGCT-CT-GCTTA-A-C-.....	CAGA-CAA-A-G-T-T-C-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	6904
A.GW.x.MDS	-T-T-T-A-AGCT-CT-GCTTAG-A-C-.....	CAAAACA-A-A-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	6342
A.IN.07.NNVA	-T-T-T-.....	CAAA-CAA-A-A-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	6890
A.IN.95.CRIK 147	-T-T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C-.....	AA-A-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-C-.....	6637
A.JP.08.NMC786 clone 41	-T-T-T-.....	CAAAACA-A-A-T-T-C-C-G-C-TG-AA-AT-C-.....	6894
A.PT.x.ALI	-TA-T-.....	AA-A-G-T-T-C-C-G-AA-AA-AT-C-.....	6885
A.SN.85.ROD	-T-T-T-AT-AGCT-CT-GCTTAG-A-C-.....	C-A-A-T-T-C-C-CA-G-AA-AT-C-.....	6329
A.SN.86.ST JSP4_27	-T-T-G-.....	AGCT-CT-GCTTAG-A-C-.....	6337
B.CI.88.UC1	-TTTGC-C-A-A-.....	T-TCTGG-CATAAG-AAAC-T-C-CA-T-A-C-A-GG-T-C-CA-C-C-TGTA-C-C-C-G-C-.....	6876
B.CI.x.20 56	-TT-AC-C-A-.....	TGTATG-CAA-A-T-T-C-CA-T-A-C-A-GG-T-C-GCA-C-C-TGTA-C-C-G-C-.....	6865
B.CI.x.EHO	-TA-AC-C-A-A-.....	TATATGG-C-AGAAC-T-T-C-A-C-A-AA-AT-T-GA-C-A-C-TGTA-A-C-C-A-C-.....	6860
B.GH.86.D205 ALT	-T-GC-C-A-G-A-AG-T-TGTA-.....	AG-A-T-T-C-CA-C-A-AA-C-A-G-A-GA-C-A-C-TGTA-T-C-C-C-.....	6862
B.JP.01.IMCJ KR020 1	CT-AC-C-A-A-AG-CT-TATGG-C-.....	GAGGAT-TC-T-T-C-CA-A-A-A-A-G-A-C-A-A-T-TGTA-C-C-C-A-C-.....	6012
G.CI.92.Abt96	-A-C-R-C-.....	ACT-T-CAA-.....	6208
AB.CM.03.03CM 510 03	-A-GC-C-C-A-G-T-TACA-Y-.....	AA-A-Y-T-T-C-CA-C-G-RA-AT-Y-Y-G-Y-T-A-A-G-TA-T-G-C-A-.....	5995
H2 01 AB.CI.90.7312A	-T-G-.....	AGCT-CT-GCTTA-A-C-.....	6871
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-T-G-.....	AGCT-CT-GCTTA-A-C-.....	6874
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-T-G-.....	AGCT-CT-GCTTA-A-C-.....	6873
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-T-G-.....	AGCT-CT-GCTTA-A-C-.....	6879
U.CI.07.07IC TMP3	-TC-ATGC-A-CA-GC-T-A-.....	AG-A-T-T-C-CA-C-T-A-C-A-G-A-C-.....	6304
U.FR.96.12034	-TC-A-TG-A-CA-GC-T-A-C-.....	AG-T-T-C-CA-T-A-C-A-A-C-.....	6349
U.US.08.NWK08	-A-G-.....	TACA-CT-GG-C-.....	6222
MAC.US.x.17EC1			6795
MAC.US.x.251 1A11			6794
MAC.US.x.251 32H PJ5			6796
MAC.US.x.251 BK28			6771
MAC.US.x.MM142.IVMXX			6281
MNE.US.82.MNE 8			6263
MNE.US.x.MNE027			6263
SMM.CI.79.SIVsmC12			5918
SMM.LR.89.SIVsmLIB1			5860
SMM.SL.92.SIVsmSL92A			5874
SMM.SL.92.SL92B			6222
SMM.US.04.6078			6055
SMM.US.04.G932			6044
SMM.US.04.M919			6048
SMM.US.04.M922			6051
SMM.US.04.M923			6044
SMM.US.04.M926			6050
SMM.US.04.M934			6047
SMM.US.04.M935			6051
SMM.US.04.M940			6055
SMM.US.04.M946			6048
SMM.US.04.M947			6044
SMM.US.04.M949			6043
SMM.US.04.M950			6047
SMM.US.04.M951			6052
SMM.US.04.M952			6048
SMM.US.05.D215			6049
SMM.US.06.FTQ			6074
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10			6780
SMM.US.86.CFU212			6038
SMM.US.x.F236_H4			6742
SMM.US.x.H9			6263
SMM.US.x.PBJA			6556
SMM.US.x.PGMS4			6714
SMM.US.x.SME543			6793
SMM.US.x.pE660.CG76			6779
STM.US.89.STM_37_16			6437







	V1 loop end	V2 loop start	V2 loop end
MAC.US.x.239	AGGCAATGATAAGCTG	TAAATTC	CAACATGACAGGGT
Env	E	Q	M
A.CI.88.UC2	-AGGG-	-G-T-AT-	-G-AC-GG-CA-T-T-
A.DE.x.BEN	-G-G-	-GCAA-	-G-G-CA-T-T-
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-AG-GG-	-AG-CGAT-	-CGG-T-T-
A.GH.x.GH1	-AG-G-	-AG-C-AT-	-C-G-T-T-
A.GM.87.D194	-AG-GG-	-G-TGAG-	-G-G-T-
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-AG-C-	-G-CGAG-	-C-G-T-
A.GM.x.MCN13	-AG-GG-	-G-C-AT-	-C-G-T-
A.GW.86.FG clone NIHZ	-AG-G-	-G-CGA-	-C-G-TGT-
A.GW.87.CAM2CG	-AA-G-	-AG-C-AG-	-C-C-T-
A.GW.x.MDS	-AG-G-	-G-C-AT-	-C-G-T-T-
A.IN.07.NNVA	-G-G-	-AG-C-TA-	-C-G-T-
A.IN.95.CRIK 147	-AG-GG-	-AG-C-AT-	-G-G-T-
A.JP.08.NMC786 clone 41	-AG-G-	-G-C-A-	-C-G-T-
A.PT.x.ALI	-AG-G-	-G-C-AT-	-CGG-T-
A.SN.85.ROD	-AG-C-	-C-AT-	-CC-G-T-
A.SN.86.ST JSP4_27	-AG-G-	-G-CGA-	-C-G-T-
B.CI.88.UC1	-AA-C-	-CAG-TGA-	-T-C-T-
B.CI.x.20 56	-AG-TG-	-G-T-A-	-T-C-T-
B.CI.x.EHO	-AG-	-G-GA-	-C-A-
B.GH.86.D205 ALT	-G-	-A-GCAA-	-T-TGT-
B.JP.01.IMCJ KR020 1	-A-C-	-G-CA-	-CG-T-
G.CI.92.Abt96	-ATCC-	-G-TG-	-C-T-
AB.CM.03.03CM 510 03	-AG-G-	-G-T-CA-	-C-GT-
H2 01 AB. JP. 04. NMC307 20	-AG-G-	-G-CGAT-	-C-G-
H2 01 AB. JP. 07. NMC716 01	-AG-G-	-G-CAG-	-C-G-TG-
H2 01 AB. JP. 08. NMC842 10	-AG-GG-	-AG-CCAG-	-C-G-TG-
U.CI.07.07IC TNP3	-C-C-	-G-G-	-G-T-
U.FR.96.12034	-A-C-T-	-G-G-T-	-G-T-T-
U.US.08.NWK08	-A-CC-	-G-G-	-G-T-
MAC.US.x.17EC1			
MAC.US.x.251 1A11			
MAC.US.x.251 32H PJ5			
MAC.US.x.251 BK28			
MAC.US.x.MM142 IVMXX			
MNE.US.82.MNE 8			
MNE.US.x.MNE027			
SMM.CI.79.SIVsmC12	-A-CCC-	-A-TG-	-C-T-T-
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-A-C-	-G-A-	-GG-
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-A-C-	-G-A-	-G-TGT-
SMM.SL.92.SL92B	-A-C-	-G-T-	-C-T-
SMM.US.04.6078	-A-C-	-G-	-T-
SMM.US.04.6932	-A-C-	-G-	-T-
SMM.US.04.M919	-A-	-G-	-T-
SMM.US.04.M922	-A-	-G-	-A-
SMM.US.04.M923	-CC-	-G-	-CC-
SMM.US.04.M926	-A-CC-	-G-	-T-
SMM.US.04.M934	-A-C-	-G-	-T-
SMM.US.04.M935	-A-C-	-G-	-T-
SMM.US.04.M940	-A-C-	-G-	-CAA-
SMM.US.04.M946	-A-C-	-G-	-T-
SMM.US.04.M947	-CC-	-G-	-T-
SMM.US.04.M949	-A-C-	-G-	-CAA-
SMM.US.04.M950	-A-C-	-G-	-CAA-
SMM.US.04.M951	-A-C-	-G-	-CAA-
SMM.US.04.M952	-A-C-	-G-	-CAA-
SMM.US.05.D215	-A-C-	-G-	-TCA-
SMM.US.06.FTQ	-AG-T-	-G-TCT-	-C-T-
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-CC-	-G-T-	-G-T-
SMM.US.86.FU212	-A-C-	-G-A-	-T-
SMM.US.x.F236_H4	-CC-	-G-T-	-T-
SMM.US.x.H9	-CC-	-G-T-	-T-
SMM.US.x.PBJA	-CC-	-G-T-	-T-
SMM.US.x.PG53	-A-C-	-G-	-T-
SMM.US.x.SME543	-CC-	-G-T-	-T-
SMM.US.x.pE660.CG7G	-CC-	-G-T-	-T-
STM.US.89.STM_37_16	-ATC-	-C-AG-	-G-T-

MAC. US. x. 239	ACTTCTGTTATCCAAGAGCTCTTGACAAACATTATTGGGATGCTATTAGATTAGTATTGTGACCTCCAGGTTATGCTTGTCTAGATGTAATGACACAAATTTACGGCTTTATGCTTAATGTTCTAAGGTGGTGTCTTTCATGCAACAGGATGATGGAGAC	7409
Env	T S V I Q E S C D K H Y W D A I R F R Y C A P P G Y A L L R C N D T N Y S G F M P K C S K V V V S S C T R M M E T	
A.CI.88.UC2	-A-A-C-A-G-A-A-T-T-G-A-G-A-C-CA-A-G-C-A-A-C-T-C-C-C-G-GCA-T-CC-A-A-CTG-T-A-A-7439	
A.DE.x.BEN	-A-AA-C-A-A-T-G-C-G-G-A-C-A-G-C-T-CC-AT-A-T-C-C-GAA-G-CA-A-A-CTG-A-A-7491	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-A-A-C-AC-A-T-G-C-G-G-A-C-A-G-TATG-A-A-C-T-C-GAA-C-G-C-A-A-CTG-A-A-7432	
A.GH.x.GH1	-A-A-C-AC-A-T-G-C-A-G-A-C-A-G-T-CC-A-A-C-T-C-CGA-A-G-C-A-A-CT-A-A-7498	
A.GM.87.D194	-A-A-C-AC-A-T-G-C-G-AG-A-C-A-G-T-CC-A-A-C-T-C-GAA-G-C-C-A-A-CTG-A-A-7499	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-A-A-C-AC-A-T-G-C-G-A-G-A-C-A-G-T-TC-A-A-G-C-T-C-GA-C-T-C-A-A-CT-A-T-A-7495	
A.GM.x.MCN13	-A-A-C-AC-A-T-G-C-G-G-A-C-A-G-T-CC-A-A-C-T-C-GC-C-T-C-A-A-CTG-A-C-A-7492	
A.GW.86.FG clone NIHZ	-A-A-C-AC-A-T-G-C-G-G-A-C-A-G-T-CC-A-A-C-T-C-GCA-C-C-A-A-CT-A-C-A-7496	
A.GW.87.CAM2CG	-A-A-C-AC-A-T-G-C-A-G-A-C-A-G-T-CC-A-A-C-T-C-GCA-C-C-A-A-CT-A-C-A-7494	
A.GW.x.MDS	-A-A-C-AC-A-T-G-C-A-G-A-C-A-G-T-CC-AT-A-C-G-GA-C-C-T-A-A-CT-A-T-C-7496	
A.IN.07.NNVA	-G-GGTAC-GAG-T-A-T-G-A-G-A-C-A-G-C-A-T-C-G-GA-C-T-A-A-A-CTG-A-C-7486	
A.IN.95.CRIK 147	-A-A-C-AC-A-T-G-C-A-A-G-A-A-G-A-C-T-C-GCA-C-T-A-A-A-CT-CA-T-C-7493	
A.JP.08.NMC786 clone 41	-A-A-C-AC-A-T-G-C-A-A-A-A-A-G-CC-A-A-C-T-C-GCG-A-T-C-A-A-T-A-7490	
A.PT.x.ALI	-A-A-C-AC-A-T-G-C-A-G-A-C-A-G-T-CC-CA-A-CG-TTC-GCA-C-T-C-A-A-CTG-A-7472	
A.SN.85.ROD	-A-A-C-AC-A-T-G-C-A-G-A-C-A-G-T-CC-AT-A-C-G-GCA-C-C-A-A-CT-A-C-7493	
A.SN.86.ST.JSP4_27	-A-A-C-AC-A-T-G-C-A-G-A-C-A-G-T-CC-A-C-T-C-G-GA-C-T-A-A-CTG-A-T-7491	
B.CI.88.UC1	-C-A-G-A-T-C-CAGCT-A-C-T-C-A-C-A-C-C-A-A-AG-A-A-A-G-C-T-A-7463	
B.CI.x.20.56	-A-A-G-A-T-C-CAGCT-A-C-T-C-A-A-A-G-T-C-C-C-AC-C-AG-A-A-A-G-C-T-A-7437	
B.CI.x.EHO	-A-AA-A-T-C-AG-T-A-T-C-A-A-C-T-T-A-C-C-C-C-AG-A-A-A-CTG-A-A-7450	
B.GH.86.D205 ALT	-AA-AA-A-G-CAGCT-A-G-T-C-G-G-T-TT-C-A-A-T-C-C-C-CAG-A-A-CG-C-C-A-7458	
B.JP.01.IMCJ.KR020_1	-A-AA-A-T-C-CAAT-A-C-T-TA-G-C-TT-T-C-C-C-AGC-A-A-A-C-C-T-A-7458	
G.CI.92.Abt96	-A-A-C-T-G-A-A-T-T-G-A-A-A-T-G-G-T-A-A-T-T-C-A-GCA-T-C-A-A-A-T-A-A-7492	
AB.CM.03.03CM.510.03	-A-A-C-A-A-A-T-G-C-A-G-A-C-A-A-A-G-C-A-A-C-T-C-C-CAA-T-C-A-A-A-CTG-A-A-7490	
H2_01_AB.CI.90.7312A	-A-A-C-AC-A-A-C-G-C-A-G-A-C-A-G-T-C-A-A-C-T-C-C-C-AG-A-A-A-G-C-T-A-7473	
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-A-A-C-AC-A-C-G-C-A-G-A-C-A-G-C-T-A-A-C-G-C-C-C-C-AGC-A-A-A-A-C-T-T-A-7455	
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-A-A-C-AC-A-A-G-A-C-G-C-A-G-A-C-A-G-C-T-A-A-C-G-C-C-AGC-A-A-A-A-C-T-T-A-7478	
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-A-A-C-AC-A-C-G-C-A-G-A-C-A-G-C-T-A-A-C-G-C-C-AGC-A-A-A-A-C-T-T-A-7478	
U.CI.07.071C.TMP3	-C-T-A-A-C-G-G-T-A-G-T-TG-C-GC-G-C-A-A-A-T-A-7492	
U.FR.96.12034	-C-G-C-A-T-A-G-T-T-T-C-A-A-A-A-A-G-GA-7495	
U.US.08.NMK08	-C-G-T-G-A-C-G-T-AT-A-C-C-A-T-C-T-A-G-T-TGC-CAA-A-C-C-A-A-CT-C-T-T-A-7494	
MAC. US. x. 17EC1	A	7409
MAC. US. x. 251.1A11		7405
MAC. US. x. 251.32H.PJ5	A	7407
MAC. US. x. 251.BK28	A	7391
MAC. US. x. MM142.IVMXX	G	6904
MNE.US.82.MNE.8	T	6877
MNE.US.x.MNE827	T	6880
SMM.CI.79.SIVsmCI2	A	6556
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	A	6465
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	A	6494
SMM.SL.92.SL92B	A	6845
SMM.US.04.6078	A	6690
SMM.US.04.G932	A	6667
SMM.US.04.M919	A	6689
SMM.US.04.M922	A	6692
SMM.US.04.M923	A	6676
SMM.US.04.M926	A	6685
SMM.US.04.M934	A	6649
SMM.US.04.M935	A	6665
SMM.US.04.M940	A	6708
SMM.US.04.M946	A	6680
SMM.US.04.M947	A	6679
SMM.US.04.M949	A	6666
SMM.US.04.M950	A	6673
SMM.US.04.M951	A	6666
SMM.US.04.M952	A	6665
SMM.US.05.D215	A	6666
SMM.US.06.FTQ	A	6691
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	A	7403
SMM.US.86.CFU212	A	6661
SMM.US.x.F236.H4	A	7359
SMM.US.x.H9	A	6886
SMM.US.x.PBJA	A	7188
SMM.US.x.PGMS3	A	7343
SMM.US.x.SME543	A	7416
SMM.US.x.pE660.CG7G	A	7399
STM.US.89.STM_37_16	A	7048

MAC. US. x. 239	ACAGACTTCTACTGGTTGGCTTAAATGGAAGTACAGAGCAGAAAAAGAACTTATATTACTGGCATGGTAGG . . .	GATAATAGGACTATAATTAGTTTAAATAAGTATTATAATCTAACAAATGAAATGTAGAAAGACCAGGAAATAAGACAGTTTTACCGACTCACCATTA	7576	
Env	Q T S T W F G F N G T R A E N R T Y I Y W H G R . .	D N R T I I S L N K Y Y N L T M K C R R P G N K T V L P V T I		
A. CI. 88. UC2	G - A	C -	A - C - T - A - C - C - C - A - C - C - A - C - A - C - T - C - A - C - T - C - A - G -	7606
A. DE. x. BEN	G - A	C -	A - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7658
A. DE. x. PEI2 KR KRCC	G - A	C - G -	A - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7599
A. GH. x. GH1	G - A	C - C -	G - A - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7075
A. GM. 87. D194	G - A	C -	G - A - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7066
A. GM. x. ISY SBL 6669 85	G - AC	C -	G - A - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7072
A. GM. x. MCN13	G - A	C -	A - T - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7088
A. GW. 86. FG clone NIHZ	G - A	C -	A - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7063
A. GW. 87. CAM2CG	G - A	C -	G - A - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7661
A. GW. x. MDS	G - A	C -	G - A - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7132
A. IN. 07. NNVA	G - A	C - G -	A - C - T - A - A - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7653
A. IN. 95. CRIK 147	G - A	C -	A - C - T - A - C - C - T - A - A - A - G - G - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7400
A. JP. 08. NMC786 clone 41	G - A	C - C -	G - C - G - G - C - A - C - T - A - A - A - G - G - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C -	7657
A. PT. x. ALI	G - A	C -	G - A - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7639
A. SN. 85. ROD	G - A	C -	G - A - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7101
A. SN. 86. ST JSP4_27	G - A	C - C -	G - A - C - T - C - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7085
B. CI. 88. UC1	C -	A -	C - T - G - GA - G - A - G - T - A - AA - C - C - A - C - G - C - T - C - G - G - C -	7630
B. CI. x. 20 56	C -	A -	C - T - A - C - G - A - G - T - A - A - C - C - A - C - G - G - T - C - C - G - C - C -	7604
B. CI. x. EHO	C -	A -	C - T - A - G - C - G - A - C - T - AA - C - C - A - C - TCA - C - G - C - C - A - TG -	7617
B. GH. 86. D205 ALT	T -	C -	A - G - G - C - G - A - A - T - AA - AA - C - C - C - A - C - CA - C - T - GT - AC - C -	7625
B. JP. 01. IMCJ KR020_1	C -	C -	G - A - G - A - A - A - A - A - A - A - A - A - A - A - A - A - A - A - A - A - A - A -	6748
G. CI. 92. Abt96	A -	C -	A - A - C - G - A - G - A - C - T - G - A - C - C - A - A - T - G - A - R - G - G - A - A -	6989
AB. CM. 03. 03CM 510 03	G - A	C -	A - A - C - T - A - C - T - A - A - C - C - C - C - C - C - C - T - C - C - AG - G - A - A -	6737
H2 01 AB. CI. 90. 7312A	C -	A -	C - T - A - G - G - A - G - T - A - AA - C - A - C - G - T - A - C - T - AG - G - C -	7640
H2 01 AB. JP. 04. NMC307 20	C -	A -	C - T - A - G - G - C - G - A - A - T - A - A - C - A - C - C - T - C - T - AG - G - C -	7622
H2 01 AB. JP. 07. NMC716 01	C -	A -	C - T - A - G - C - G - A - G - T - A - A - C - A - C - C - G - T - C - CT - AG - G - C -	7613
H2 01 AB. JP. 08. NMC842_10	C -	A -	C - T - A - G - C - G - A - G - T - A - A - C - A - C - C - GT - C - CT - AG - G - C -	7645
U. CI. 07. 07IC TNP3	A -	C -	G - A - C - T - G - A - C - T - A - A - C - A - A - A - T - G - G - A - G - G - A - A - G -	7094
U. FR. 96. 12034	A -	C -	A - C - T - A - A - C - A - A - C - C - A - A - C - C - T - C - T - C - G - G - C -	7118
U. US. 08. NWK08	A -	C -	TC - C - G - A - T - A - T - A - C - A - A - C - C - T - G - G - G - A - A - A -	7015
MAC. US. x. 17EC1				7576
MAC. US. x. 251 1A11				7572
MAC. US. x. 251 32H PJ5				7574
MAC. US. x. 251 BK28				7558
MAC. US. x. MM142. IVMXX	C -	G -		7071
MNE. US. 82. MNE 8			A - C - AA -	7044
MNE. US. x. MNE027			A - C - AA -	7047
SMM. CI. 79. SIVsmCI2	A -	C -	A - A - T - A - A - C - A - C - T - C - CT - G - G - G - G - T - G - C -	6723
SMM. LR. 89. SIVsmLIB1	C -	C -	A - G - T - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	6632
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	A -	C -	T - C - G - T - G - C - C - C - A - AG - A - A - C - AAC - GGCT - GAGT - AC - C -	6661
SMM. SL. 92. SL92B	A -	C -	T - G - A - A - T - CG - A - AG - A - A - C - AAC - GGCT - GAGT - AC - C -	7012
SMM. US. 04. 6078	G -	A -	A - T - A - T - A - A - T - A - A - C - T - C - T - G - A - G - C - C - C -	6857
SMM. US. 04. G932	G -	A -	C - A - T - A - T - A - A - C - C - C - T - C - T - A - G - C - C - G - G - C -	6834
SMM. US. 04. M919	A -	C -	T - C - G - G - G - C - C - A - AG - A - C - C - C - C - G - G - C - C -	6856
SMM. US. 04. M922	A -	C -	T - C - T - G - A - C - T - A - AG - G - C - AGTC - C - T - A - G - G - C - A -	6859
SMM. US. 04. M923	A -	C -	T - C - T - A - C - T - C - AA - AGC - A - C - T - T - A - G - G - C - C -	6843
SMM. US. 04. M926	A -	C -	T - C - T - A - C - T - AA - TC - C - A - T - C - CT - A - G - G - G - C - T -	6852
SMM. US. 04. M934	C -	C -	C - G - C - A - T - C - A - A - G - CAAA - G - AGT - C - T - A - G - G - C - T -	6819
SMM. US. 04. M935	G -	A -	C - T - C - T - G - A - C - T - C - AG - A - C - C - C - T - A - G - G - G - C -	6832
SMM. US. 04. M940	G -	A -	A - T - C - A - T - C - A - T - C - A - AGT - G - A - T - T - C - T - A - G -	6875
SMM. US. 04. M946	C -	C -	G - G - A - C - A - T - A - AGT - G - A - T - C - T - A - G - C - C - T -	6850
SMM. US. 04. M947	A -	C -	A - T - C - C - A - T - C - AA - AGC - A - C - C - C - G - G - C - G - C -	6846
SMM. US. 04. M949	G -	A -	C - A - T - C - A - T - A - A - C - A - C - A - C - T - A - G - C - G - C -	6833
SMM. US. 04. M950	C -	C -	G - C - A - T - CA - AG - A - A - C - C - C - T - A - G - G - G - C - T -	6840
SMM. US. 04. M951	G -	A -	A - C - A - T - A - A - A - C - C - C - CT - GG - G - G - C - G - C -	6833
SMM. US. 04. M952	C -	C -	G - C - A - T - A - A - A - C - G - T - A - G - G - G - C - T -	6832
SMM. US. 05. D215	T -	A -	C - A - T - G - A - C - A - C - G - T - A - G - G - C - C - C - A - G - T - G - A - C -	6833
SMM. US. 06. FTQ	G -	A -	C - A - C - G - A - C - C - AA - AG - A - C - C - C - C - C - C - C - C - C -	7570
SMM. US. 11. SIVsmE660_FL10	G -	A -	C - A - T - C - G - A - C - T - CAT - AGG - T - C - GC - C - T - A - G -	6828
SMM. US. 86. CFU212	A -	C -	A - T - C - G - C - C - C - C - C - CAT - AGG - T - C - GC - C - T - A - G -	6828
SMM. US. x. F236_H4	G -	A -	C - T - G - A - C - T - C - AA - AG - A - C - C - G - C - G - A - C -	7526
SMM. US. x. H9	A -	C -	T - C - T - A - C - T - R - C - A - AGC - A - C - C - C - R - G - C -	7553
SMM. US. x. PBJA	G -	A -	C - T - C - T - A - C - T - C - A - AGC - A - C - C - C - A - G - C -	7355
SMM. US. x. PGMS3	G -	A -	C - T - C - T - G - A - C - T - A - A - AG - A - C - C - C - C - A - G -	7510
SMM. US. x. SME543	G -	A -	C - T - G - A - C - T - C - AT - AG - A - C - C - C - C - T - G -	7583
SMM. US. x. pE660_CG7G	A -	C -	T - G - A - C - T - C - AA - AG - A - C - C - C - C - G -	7566
STM. US. 89. STM_37_16	A -	A -	A - C - T - C - . . . . . T - C - G - C - C - T - GC - G - C - A - C -	7215

Table of HIV-2 genome alignments. Columns include sample identifiers (e.g., MAC.US.x.239, Env, A.CI.88.UC2) and sequence alignments. A central header 'V3 loop end' is present. The table ends with a reference sequence: TGCTGTGATGGT...ACTGGA...ACTAAC...AATACTGAT 7725.

MAC.US.x.239	AAAAATCAATTTG...ACGGCTCTGGAGGA...GGAGATCCGGAAGTTACCTTCATGTGGACAATTCGACAGGAGAGTTCCTCTACTGAAAAA GAATTTGGTTCTCAAAATGGGTAGAAGATAGGAATACAGTCAACAGAA...	.....	CCAAAGGAACA	7874
Env	K I N L . T A P G G . G D P E V T F M W T N C R G E F L Y C K M N W F L N W V E D R N T A N O K . . . . . P K E Q			
A.CI.88.UC2	...GT-AAA-A-...T-GGCTC	-C-A-G-G-A-A-	-TT-C-...C-C-...G-GA-C-...CG-...G-A-A-A-	7893
A.DE.x.BEN	...T-C-T-...AAA-G-...C-GGCTC	-C-...GG-A-T-	-T-C-...A-T-...C-C-...C-C-...C-A-...C-A-...-A-CA-...	7939
A.DE.x.PE12 KR KRCC	...T-C-T-...ACAA-A-...AA-GGTTT	-G-A-...GGTA-A-	-T-C-...A-T-A-...C-C-...C-C-...A-...A-C-...GCA-...-T-...CA-...	7879
A.GH.x.GH1	...T-T-C-T-...AAAA-A-...A-GGCTC	-C-A-...GG-A-A-	-T-C-...A-T-...C-C-...C-C-...A-C-...ACCG-...-T-...CA-...	7359
A.GM.87.D194	...T-C-T-...AAG-A-...AT-GGTTT	-C-A-...G-A-A-	-T-C-...A-T-...C-C-...C-C-...A-...A-C-...-T-...A-CA-...	7353
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	...T-C-T-...A-A-A-A-...AA-GACTC	-C-A-...AG-A-AT-	-T-C-...A-...T-C-C-...C-C-...T-...A-C-...CG-...GTT-...	7356
A.GM.x.MCN13	...T-T-C-T-...A-A-A-...AAGGGCTC	-C-A-G-...GG-A-A-	-T-C-...A-T-...C-C-...C-C-...C-C-...A-...A-A-...CA-...	7366
A.GW.86.FG clone NIHZ	...T-T-A-T-...AA-A-A-...GA-GGCTC	-C-A-A-...G-A-A-	-T-C-...A-CT-...C-C-...C-C-...C-C-...GA-C-...CG-...GGT-...	7353
A.GW.87.CAM2CG	G-T-T-CC-C-...AA-A-A-...A-GGTTT	-C-A-...G-A-A-	-T-C-...A-TT-...C-C-...CC-...C-C-...A-AAC-...TAC-CA-...	7948
A.GW.x.MDS	...T-T-CC-C-...A-A-...AA-GGCTC	-C-A-...AG-A-A-	-T-C-...A-T-...C-C-...C-C-...A-C-...CA-...G-TA-CCA-...	7382
A.IN.07.NNVA	...T-A-T-...A-A-G-...AA-GGTTT	-C-...GG-A-A-	-T-C-...G-A-T-...C-T-...C-C-...C-C-...A-...GA-C-A-CA-...TG-A-CA-...	7937
A.IN.95.CR1K 147	...C-T-CC-T-...G-A-A-G-...AA-GGCTC	-C-...AGAA-A-	-T-C-...G-A-T-...CG-C-...C-C-...TG-...A-...GA-C-ACC-...CGAG-...GCA-...	7687
A.JP.08.NMC786 clone 41	C-...TCGC-T-...TAAAA-A-...A-GGCTC	CG-A-...G-AA-A-	-T-C-...A-T-...C-C-...G-...C-C-...G-...A-...T-A-...GGTA-...	7941
A.PT.x.ALI	C-T-T-C-T-...AAAA-A-...A-GGCTC	-G-A-...GGTA-AT-	-T-C-...A-T-C-T-...C-C-...C-C-...G-...A-C-...AA-CG-...GGT-...G-A-...	7923
A.SN.85.ROD	...T-T-GC-T-...G-A-G-A-...AA-GGCTC	-C-A-...AG-A-A-	-T-C-...C-C-...C-C-...C-C-...A-...GA-A-CA-...T-...CA-...	7382
A.SN.86.ST JSP4_27	...TGC-...T-...TA-G-A-...A-CGCTC	-C-A-...GG-A-A-	-T-C-...A-T-...C-C-...C-C-...A-...A-C-A-CG-...T-...CA-...	7369
B.CI.88.UC1	-GG-A-GA-...GTA-GG-CTCG-C-GGTTT	-C-A-G-...G-GACAT-	-T-C-T-G-...A-T-T-T-...T-CC-...T-C-...G-GA-C-A-CA-...GGTACA-CT-...	7914
B.CI.x.20 56	...A-...GTA-GG-CTCG-C-GGTTT	-C-A-G-CA-GA-AT-	-T-C-T-G-...A-T-T-...T-C-CA-...T-C-...GC-AA-...GGAACC-...	7888
B.CI.x.EHO	C-G-A-GG-A-...G-A-AG-AC-CGA-AGCTC	-A-...GA-AT-	-T-C-T-G-...A-T-...T-C-CC-...CT-C-...A-...A-C-...GGG-TC-...	7898
B.GH.86.D205 ALT	CGG-A-G-AGTAT-A-AA-A-...AA-GGTTT	-A-ACA-AA-AT-	-C-T-...A-T-A-...T-CC-CT-C-...GA-C-AA-CA-...TACA-CT-...	7915
B.JP.01.IMCJ KR020 1	-G-A-G-A-...G-A-AG-CTCGCA-GGCTC	-A-A-GA-AT-	-T-C-T-...A-TT-G-...T-C-...C-C-...A-...CA-...GGAATT-...	7029
G.CI.92.Abt96	-M-A-CC-T-...AA-A-A-...A-GGTTT	-A-A-AG-	-T-C-...T-G-T-...C-...A-...G-C-A-TGA-CT-TA-...CC-...G-7290	7290
AB.CM.03.03CM 510 03	...T-C-T-...AAA-A-...A-GGCTC	-C-A-...GG-A-A-	-T-C-...A-T-...C-C-...C-C-...C-C-...GA-...CG-...GG-ACA-...	7018
H2 01 AB.CI.90.7312A	...T-T-CC-T-...AAAA-A-...AC-GGCTC	-C-A-...GG-A-A-	-T-C-...A-T-...C-C-...C-C-...C-C-...A-C-A-CG-...GGT-...CA-...	7924
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	...T-CC-T-...AAAA-A-...A-GGCTC	-C-A-...GG-A-A-	-T-C-...A-T-...C-C-...C-C-...C-C-...A-C-A-CG-...T-...CA-...	7906
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	TT-G-T-C-T-...AAAA-A-...A-GGCTC	-C-A-...GG-A-A-	-T-C-...A-T-...C-C-...C-C-...C-C-...A-C-A-CG-...GGT-...	7899
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	...T-C-T-...AAAA-A-...ACTGGCTC	-C-A-...GG-A-A-	-T-C-...A-T-...C-C-...C-C-...C-C-...A-C-A-CG-...GGT-...	7926
U.CI.07.071C TMP3	...G-T-...ACAG-A-...GGA-...C-A-CC-	-C-A-CC-	-T-...A-TT-G-T-...G-...G-...C-A-...GGT-AA-...G-C-C-AAAGAC...CAAAACATT-GA-G-G	7401
U.FR.96.12034	C-G-A-C-...G-A-AG-A-C-...T-T-A-G-A-AA-T-	-T-C-...G-CA-	-C-C-...A-C-...GC-TG-AGGGA-A-C-...T-G-...GAG-7416	7416
U.US.08.NMK08	-G-A-C-A-...GT-C-A-A-...G-C-A-...A-AA-T-	-T-C-...A-TT-A-T-	-T-C-...C-...C-A-...T-A-C-TGGA-GATGGAGTACTCAAAA-...GCA-GA-7328	7328
MAC.US.x.17EC1	.....A.....			7874
MAC.US.x.251 1A11	.....T.....			7870
MAC.US.x.251 32H PJ5	.....A.....			7872
MAC.US.x.251 BK28	.....G-...GT-A-...G-...			7856
MAC.US.x.MM142 IVMX	.....T-...G-CT-A-C-...			7369
MNE.US.82.MNE 8	.....T-...A-...CTGA-GGAAC-CC-...CAGAAG-...C-...			7348
MNE.US.x.MNE827	.....T-...A-...CTGA-GGAAC-CC-...CAGAAG-...C-...			7351
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-G-...C-...-A-AG-A-...A-AGTCT-...A-AG-A-	C-...A-...C-G-CA-...C-C-...G-A-...C-TGA-AG-A-...CAAAAC-GG-...A-7027		7027
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-G-T-...C-...-A-A-...A-AGTCT-...A-A-A-T-	C-...A-...T-...G-...C-C-...G-AG-C-...AA-C-...GCT-GATGGACATCAAACTAGC-...A-...G-6945		6945
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-G-TT-CC-A-...C-A-...G-C-A-G-...T-...C-...	C-...A-...T-...C-...G-...C-A-...TTGA-ACT-CA-GATGGAAAAACAAAAG-...G-...A-6974		6974
SMM.SL.92.SL92B	...T-C-A-...C-G-...G-C-A-...T-...TC-...A-T-...C-...	C-...G-...GAGC-G-CA-G-TGGACAACCAAAAC-...A-...G-7325		7325
SMM.US.04.6078	...T-T-C-C-...AC-A-...A-...C-T-...T-...C-TC-...A-T-...T-C-...	C-...G-...A-...CGA-AAAGTTCT-TATGGACAACCAAAACAG-...A-G-7170		7170
SMM.US.04.6932	...T-T-C-C-...A-A-...A-...C-T-...T-...C-...G-...	C-...T-...G-...TTTGG-ACA-G-T-CT-G-TGGAAACGAAAACT-...GA-...A-7147		7147
SMM.US.04.M919	...G-T-C-...A-A-...A-...T-...T-...C-...G-...	C-...T-...A-...CGA-A-AGGGTCC-GATGGATGCAACAAACAG-...A-G-7169		7169
SMM.US.04.M922	...G-T-C-...A-...AA-...A-...T-...TC-...T-A-T-...C-...	C-...T-...AG-C-T-AAAGTTCT-GATGGAAACCAAAACCTG-...A-GAG 7172		7172
SMM.US.04.M923	...G-T-C-A-...A-...A-...A-...T-...TC-...T-A-T-...C-...	C-...T-...C-TAG-C-T-A-...AG-T-GATGGACAAGCAAAAAC-...G-A-...G-7156		7156
SMM.US.04.M926	...C-G-T-...C-...A-...C-...G-...C-...T-...T-...C-...	C-...G-...C-A-...T-T-AC-T-CT-GATGGACAGCAAAAGAA-CGA-...GAG 7165		7165
SMM.US.04.M934	...G-T-C-...A-...A-...G-...C-...T-...T-...C-...	C-...T-...G-...A-...CGA-A-CGGT-GATGGACGGATCAAAAGT-...A-G-7138		7138
SMM.US.04.M935	...G-T-C-...A-...A-...G-...C-...T-...T-...C-...	C-...T-...G-...A-C-...AG-GCT-CT-GATGGAAGCAGCAAAAGGA-...GAG 7148		7148
SMM.US.04.M940	G-G-TT-C-...C-A-...T-...G-C-A-G-...T-...C-...	C-...T-...A-...CA-GTGGACCAACAAAAGAA-...C-...T-G-C-A-C-...T-GC-CA-GTGGACCAACAAAAGAA-...C-...T-G-C-A-...C-...GT-TT-GATGGTGAACAAAAT-...T-A-...G-7163		7163
SMM.US.04.M946	C-G-T-...C-...A-...A-...G-...A-...C-...T-...TC-...A-T-...T-C-...	C-...T-...G-...A-...CGA-A-C-GT-TT-GATGGTGAACAAAAT-...T-A-...G-7153		7153
SMM.US.04.M949	CGG-T-C-...A-C-A-...T-...G-A-...C-...T-...T-...C-...	C-...T-...G-...A-...AAAGTTT-C-GATGGAGCAGCCAGAAACAG-...A-TA-7153		7153
SMM.US.04.M950	-T-T-C-A-...A-C-A-...T-...G-A-...C-...T-...T-...C-...	C-...G-...T-...G-A-...T-G-G-A-...AA-...GA-...7131		7131
SMM.US.04.M951	-C-T-C-A-...A-C-A-...T-...G-A-...C-...T-...T-...C-...	C-...G-...T-...G-A-...CCA-A-CC-TTCT-GATGGAAGCAACAAAAG-T-...GA-...G-7153		7153
SMM.US.04.M952	-C-T-C-A-...A-C-A-...T-...G-A-...C-...T-...T-...C-...	C-...G-...T-...G-A-...CTT-A-GC-TC-AAAGCATGAGCAAAA-...T-...T-7146		7146
SMM.US.05.D215	-G-T-GC-...AAAG-A-...A-...C-...A-...C-...T-...T-...C-...	C-...T-...G-...A-...AAC-G-TCT-GATGGAAGCAACAAAAG-T-...GA-7145		7145
SMM.US.06.FTQ	-C-A-C-T-...T-AG-A-...AA-ACCTCT-...C-A-AG-T-...	C-...C-...A-...G-TA-AG-GAT-...TGGAGAAACAAAACAAACG-...A-7146		7146
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	...T-C-A-...A-A-...A-C-...A-...C-...T-...T-...C-...	C-...T-...G-...C-...A-...C-TGT-TC-A-...AAGCA-...7159		7159
SMM.US.86.CFU212	...T-C-...A-A-A-...A-...C-...T-G-C-...T-...T-...C-...	C-...T-...G-...AG-CCA-AAG-GTAGC-GATGGAGCAACAAAATA-G-GA-...G-G-7883		7883
SMM.US.x.F236_H4	...T-C-A-...A-A-C-...A-...C-...T-...T-...TC-...A-T-A-T-...	C-...T-...G-...C-...AG-CCA-AAGGGTGGC-GATGGAACCAACAAAATAGG-...A-G-7839		7839
SMM.US.x.H9	C-...T-GC-A-...A-A-...A-...A-...T-...TC-...A-T-A-T-...	C-...T-...G-...Y-...TA-AA-GGTTCT-GATGGACAAGTCAAAAC-AG-...G-7363		7363
SMM.US.x.PBJA	C-...T-GC-A-...A-A-...A-...A-...T-...TC-...A-T-A-T-...	C-...T-...A-...TACA-AA-GGTTCT-GATGGACAAGTCAAAAC-AG-...A-G-7665		7665
SMM.US.x.PGMS5	...T-C-...A-A-...A-...A-...C-...T-...T-...C-...	C-...T-...A-...C-...T-AGTTCTCATGGACCAACCAAAAGCC-...G-7823		7823
SMM.US.x.SME543	...T-C-A-...A-A-C-...A-...C-...T-...TC-...A-T-A-C-...	C-...T-...G-...C-...AG-CCA-AA-GTA-C-GATGGAACCAACAAAAGGCCA-...G-7896		7896
SMM.US.x.pE660.CG76	...T-C-A-...A-A-C-...A-...C-...T-...TC-...A-T-A-C-...	C-...T-...G-...C-...AG-CCA-AAG-GTAGC-GATGGAGCAACAAAATA-G-GA-...G-G-7879		7879
STM.US.89.STM_37_16	...A-GGA-A-...GT-...G-...A-...G-...C-...CT-...A-...T-...T-...T-...C-...			7528

Table of HIV-2 genome alignments. Columns include sequence coordinates (V4 loop end, V5 start, V5 end), sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, Env, A.CI.88.UC2), and alignment characters (A, C, G, T, dashes, and gaps). The table shows multiple sequence alignments with their corresponding positions.

	Rev Responsive Element (RRE) start	Env gp120 end_Env gp41 start
MAC.US.x.239	CTAATATCACCATGAGTGCAGAGGGGCGAAGCTGTATCGATTGGAATGGGAGATTAAATAGTAGAGATCACTCCAATTGGCTTGGCCACAGATGTGAAGAGTACACTACT...	GGTGGCACCTCAAGAAATAAAGAGGGGTCTTTGTGTAGGGTCTTGG 8202
Env	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 V L G F L	
A.CI.88.UC2	-C-C-T-T-T-T	TCG-C-C-AG-G-G-C-T-G-C
A.DE.x.BEN	-C-C-T-T-T-T	TCAACTC-AGTG-G-C-T-G-C
A.GH.x.GH1	-A-GC-T-T-T-T	TC-CTC-ACAG-G-G-T-G-C
A.GM.87.D194	-C-C-T-T-T-T	TCG-CTC-AGTG-G-C-T-G-C
A.GM.x.ISY.SBL.6669.85	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
A.GM.x.MCN13	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
A.GW.86.FG.clone.NIHZ	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
A.GW.87.CAM2CG	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
A.GW.x.MDS	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
A.IN.07.NNVA	-A-G-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
A.IN.95.CRIK.147	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
A.JP.08.NMC786.clone.41	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
A.PT.x.ALI	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
A.SN.85.ROD	-A-C-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
A.SN.86.ST.JSP4_27	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
B.CI.88.UC1	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
B.CI.x.20.56	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
B.CI.x.EHO	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
B.GH.86.D205.ALT	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
B.JP.01.IMCJ.KR020_1	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
G.CI.92.Abt96	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
AB.CM.03.03CM.510.03	-C-C-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
H2.01.AB.CI.90.7312A	-A-C-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
H2.01.AB.JP.04.NMC307_20	-A-C-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
H2.01.AB.JP.07.NMC716_01	-A-C-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
H2.01.AB.JP.08.NMC842_10	-A-C-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
U.CI.07.07IC.TNP3	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
U.FR.96.12034	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
U.US.08.NWK08	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
MAC.US.x.17EC1		
MAC.US.x.251.1A11		
MAC.US.x.251.32H.PJ5		
MAC.US.x.251.BK28		
MAC.US.x.MM142.IVMXX		
MNE.US.82.MNE.8		
MNE.US.x.MNE027		
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-A-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.SL.92.SL92B	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.G078	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.G932	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M919	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M922	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M923	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M926	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M934	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M935	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M940	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M946	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M947	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M949	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M950	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M951	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.04.M952	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.05.D215	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.06.FTQ	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.86.CFU212	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.x.F236.H4	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.x.H9	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.x.PBJA	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.x.PGMS3	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.x.SME543	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
SMM.US.x.pE660.CG7G	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC
STM.US.89.STM_37_16	-C-T-T-T-T-T	TC-CTC-AGGG-G-C-G-T-GC



MAC.US.x.239 Env	GGTTTTCGCAACCGCAGGTTCTGCAATGGGCGCGCGCTGTTGACGCTGACCGTCCAGTCCCGAACTTTATTTGGTGGGATAGTGCAGCAACGACCAACAGCTGTTGGACGTGGTCAAGAGACAACAAGAATTTGCGACTGACCGTCTGGGGAACAAGAACTCCA	8372
	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 A G I V Q Q Q Q Q L L D V V K R Q Q E L L R L T V W G T K N L Q	
A.CI.88.UC2	.....G-A.....CC-T-A.....C-C.....A-A.....C.....G-A-T.....	8381
A.DE.x.BEN	.....G-A.....CG-CC-T-A-C.....C-C.....A.....A.....G-A-T.....	8427
A.DE.x.PE12 KR KRCC	.....G-A.....C-T-G-TC-G-CT-AC-G.....C.....A.....A.....G-A-T.....	8371
A.GH.x.GH1	.....G-A.....CC-T-G.....G-C.....C.....A.....A.....G-A-T.....	7847
A.GM.87.D194	.....G-A.....GC-CC-T-G.....C-C.....C.....A.....T.....G-A-T.....	7841
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	.....A-G-A.....G.....G-TC-T-G.....T-G.....CCG.....T-A.....G-A-T.....	7847
A.GM.x.MCN13	.....A-A.....C.....C-A-T-G.....T-G.....C.....G-A.....A-T.....	7854
A.GW.86.FG clone NIHZ	.....A-A.....C.....C-T-A-T-G.....T-G.....C.....A.....A-T.....	7838
A.GW.87.CAM2CG	.....A-A.....AGT.....A.....C-T-A-C-T-G.....C.....A.....A-TT.....	8439
A.GW.x.MDS	.....A-A.....G.....C.....C.....C.....C.....A.....A.....A-T.....	7904
A.IN.07.NNVA	.....C-A-A.....A.....C-T.....C-G.....C-C.....G.....A.....G-A-T.....	8419
A.IN.95.CR1K 147	.....A-A.....A.....C-T.....C-G.....C-C.....C.....A.....G-A-T.....	8182
A.JP.08.NMC786 clone 41	.....A-A.....AG.....A.....T-G.....T-G.....A.....A.....G-A-T.....	8429
A.PT.x.ALI	.....G-A.....A.....AG-T-A.....T-G.....T-G.....C.....G-A.....G-A-T.....	8411
A.SN.85.ROD	.....A-A.....CC-CC-T-G.....T-G.....C.....C.....G-A.....7873	
A.SN.86.ST JSP4_27	.....A-G-A.....AG.....C-T-G.....T-G.....C.....C.....A.....A-T.....	7857
B.CI.88.UC1	..-AC-T--T-----AA-C.....T-A.....G-C.....G.....C.....G-A.....8414	
B.CI.x.20 56	..-A-G-----A-C.....T-A.....G-----G-----C-----A-----G-C-G-----G-----G-A-----8379	
B.CI.x.EHO	..-A-C-T-G-----A-C.....T-T-G-----G-----C-----CG-----A-----G-C-G-----G-----G-A-----8389	
B.GH.86.D205 ALT	..-A-C-T--T-----AA-T.....T-A.....G-C-C.....G-----CTG-----A-----G-C-G-----G-----G-A-----8403	
B.JP.01.IMCJ KR020 1	..-A-T-----A.....C-T-T-G-C-----G-----G-----C-----A-----G-C-G-----G-----G-A-----7520	
G.CI.92.Abt96	..-A-T--T-----A-A.....T-G.....G-G.....G.....T.....G-A.....G-A.....7788	
AB.CM.03.03CM 510 03	..-A-C-T-G-----A.....C-T-A.....G-C.....G-----G-----C-----A-----G-C-G-----G-----G-A-----7506	
H2 01 AB.CI.90.7312A	..-A-G-A.....AG.....C-T-G.....T-G.....C-C.....A.....A.....A-T.....A-T.....8418	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	..-A-G-A.....GGT.....C-T-A.....G-C.....C.....A.....A.....A-T.....A-T.....8408	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	..-A-G-A.....AGT.....A-C-T-A.....G-C.....C.....A.....A.....A-T.....A-T.....8390	
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	..-A-G-A.....AGT.....A-C-T-A.....G-C.....C.....A.....A.....A-T.....A-T.....8417	
U.CI.07.07IC TNP3	.....T-----A.....T-T-----T-----A-----T-----A-----GC-----G-----G-T-----A-----7896	
U.FR.96.12034	.....C-----A.....T-A.....T-G-----G-----C-----T-CA-----A-----A-----G-----T-----A-----7911	
U.US.08.NWK08	..-A-----A.....C-----A-----T-G-----C-----G-----T-CA-----A-----A-----T-----A-----7823	
MAC.US.x.17EC1	.....G-----G-----T-----8372	
MAC.US.x.251 1A11	.....A-----G-----T-----8368	
MAC.US.x.251 32H PJ5	.....G-----G-----8370	
MAC.US.x.251 BK28	.....G-----CG-----G-----8354	
MAC.US.x.MM142 IVMXX	.....G-----G-----8767	
MNE.US.82.MNE 8	.....G-----G-----7846	
MNE.US.x.MNE027	.....G-----G-----7849	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	..-A-T-G-----A-C.....T-T-----T-----C-----C-----G-----T-----A-----7525	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	..-A-----A.....C-----G-----G-----G-----C-----G-----T-----A-----7434	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	.....T-G-----A-C.....T-----G-----G-----A-----G-----C-----T-----A-----7469	
SMM.SL.92.SL92B	.....G-----A-C-A.....T-G-----G-----G-----A-----G-----T-----A-T-T-----7820	
SMM.US.04.G078	.....T-G-----A-C.....T-G-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----7665	
SMM.US.04.G932	..-A-T-G-----A-C.....T-G-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----7642	
SMM.US.04.M919	.....G-----C-----T-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----7667	
SMM.US.04.M922	.....G-A.....C-----T-G-----G-----G-----T-----T-----C-----A-----7667	
SMM.US.04.M923	.....G-A.....C-----T-G-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----7654	
SMM.US.04.M926	.....G-A.....C-----T-G-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----7663	
SMM.US.04.M934	.....G-A.....C-----T-G-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----7639	
SMM.US.04.M935	.....G-A.....C-----T-A.....G-----G-----T-----T-----G-----T-----C-----A-----7646	
SMM.US.04.M940	.....G-A.....A-C.....T-C.....G-----C-----T-----T-----T-----A-----7692	
SMM.US.04.M946	.....G-A.....T-G-----T-G-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----7667	
SMM.US.04.M947	.....G-A.....T-G-----T-G-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----7651	
SMM.US.04.M949	.....T-----T-A.....T-T-----T-C-----G-----G-----T-----T-----G-----T-----A-----7626	
SMM.US.04.M950	.....G-----A-C.....T-C-----T-G-----C-----T-----T-----T-----A-----7654	
SMM.US.04.M951	.....G-----A-C.....T-C-----T-G-----C-----T-----T-----T-----A-----7647	
SMM.US.04.M952	.....A-----A.....A.....T-G-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----7643	
SMM.US.05.D215	.....A-----A.....A.....T-G-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----7641	
SMM.US.06.FTQ	.....G-A.....C-----T-G-----G-----G-----T-----A-----C-----G-----G-----T-----A-----7657	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	..-A-----G-A.....C-----T-G-----G-----G-----T-----T-----A-----C-----G-----G-----T-----A-----8381	
SMM.US.86.CFU212	..-A-----G-A.....C-----T-G-----G-----G-----T-----T-----A-----C-----G-----G-----T-----A-----7639	
SMM.US.x.F236_H4	.....G-A.....CG-T-G-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----8337	
SMM.US.x.H9	.....G-A.....CG-T-G-----G-----G-----T-----T-----T-----A-----7861	
SMM.US.x.PBJA	.....G-A.....A.....CG-T-G-----G-----G-----T-----T-----A-----T-----G-----T-----8163	
SMM.US.x.PGMS3	.....G-A.....CG-T-G-----G-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----A-----8318	
SMM.US.x.SME543	.....T-----G-A.....C-----T-G-----G-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----8394	
SMM.US.x.pE660.CG7G	.....T-----G-A.....C-----T-G-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----8377	
STM.US.89.STM_37_16	.....G-A.....A.....C-----G-----G-----A-----A-----C-----8023	

MAC. US. x. 239 Env	GACTAGGGTCAGTCCATCGAGAAGTACTTAAAGGACCGAGCGAGCTGAATGCTTGGGGATGTGCGTGTAGACAAGTCTGCCACACTGTACCATGG.....	RRE end CCAAATGCAAGTCTAACACAAAAGTGGAAACAATGAGACTTTGGCAAGAGTGGGAGCGAA	8530
	T R V T A I E K Y L K D Q A Q L N A W G C A F R Q V C H T T V P W	P N A S L T P K W N N E T W Q E W E R	
A.CI.88.UC2	-G-A-A--T-----A--A--T-A--G--G-----	GT---ACTC-T---T-GA-----A---AAA-C	8539
A.DE.x.BEN	-G-A-A--T-----C---G-C-T--A--A--T-A--G-----	GT---ACTC-T-T-G-TG-C---A---A-C	8585
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-A-A-A--T-----A---C---G---G---A--T-A--G-----	GA---AAC-CA-GT-TG-T---CAT-G--A-A-C	8529
A.GH.x.GH1	-G-A-A--T-----A---T-A--T-A--G-----	GT---ATTC-T-T-G-TG-C---AT-G--A-AAA-C	8005
A.GM.87.D194	-G-A-A--T-----A---A--T-A--G--G-----	GT---ACTCCT---TG-C---AT-A--G-A-AAA-C	7999
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-G-A-A--T-T---C-GCA--GA-A-T-A--A-----	GT---AC-CCT---TG---CAT-A---A-AC	8005
A.GM.x.MCN13	-G-A-A--T-----A---A--T-A--A-----	GT---AT-CCT-G-G-TG---AT-G--A-AG-C	8012
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-G-A-A--T-A---C-----A--A--T-A--T-----	GT---AT-CCT-G---TG-T---AT-G--A-A-A	7996
A.GW.87.CAM2CG	-G-A-A--T-A---C---T--A--A--T-A--G-----	GT---AGTCT-GA-TG-T---AT-A--G-A-A	8597
A.GW.x.MDS	-G-A-A--T-A---C-----A--A--T-A--G-----	GT---AGTTCCT-GA-TG-T--G-A---A-C	8062
A.IN.07.NNVA	-G-A-A--T-A--A-C---C---AG-T-A--A-----	GA---AT-CCT-GT-T-T---A-AT-G-CA--A-	8577
A.IN.95.CRIK 147	-G-A-A--T-A--A-C---T---A--A--T-A--G-----	GT---ATTCT-G---TG-T---A-AT-A-T---A-	8340
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-G-A-A--T-T---A---A---A---G-C---G-----	GT---AC-CT-GT---TG-T-g-T-CAT-A---C-	ACC 8587
A.PT.x.ALI	-G-A-A--T---A---G---A--T-A--G-----	GT---AACTCCT-A---TG-T-G---CAT-G---A-	C 8569
A.SN.85.ROD	-G-A-A--T-A---C---C---A--A--T-A--G-----	GTT---ATTCCT-G---TG-C-G---AT-G--AAA-C	8031
A.SN.86.ST.JSP4_27	-G-A-A--T---A---A--T-A--G-----	GT---AC-CCT---G-TG-T---CAT-A---A-C	8015
B.CI.88.UC1	-A-A-A---A-C-----A-TA-A-T-G---T-G-G-T-T-G	---A-C-C---G-C-G-A-CAT-A---C---AAAGC	8572
B.CI.x.20.56	-T-A-A---A-C---A-T-A-T-G---T-G---T-G	---A-TC-C---C-C-CAG-CAT-A---GC-A---	GAG-8537
B.CI.x.EHO	-G-A-A---A-TC-C-A---A-A--T-A--T-C-G-T-G	GT---A-TCC-T-AG-G-C---T-CAT-A---C-A-	A-GC-8547
B.GH.86.D205 ALT	-G-A-A---A-C---A-T---A--A--T-A--T-C-G-T-G	---A-CC-C---T-T-CAT-A---C---AAAGC	8561
B.JP.01.IMCJ.KR020_1	-G-A-A---A-C-C-A---A-TA-A-T-G---C-T-C-G-T-G	---CAA-A-T-C-C---C-G-CAT-A---GC---	AACC 8578
G.CI.92.Abt96	-A-A-A---A-TC---A-G-A-T-A--G-----	---GATGCCCTTGGT-T-AA-CAT-GGAG-C-A---T-	AT-A-AAAAGC 7958
AB.CM.03.03CM.510_03	-G-A-A---A-TC---T--A-R-A-T-A--G-G-----R	GT---A-TCTT-G-T-C-G---AT-A---GC-A--GA-	7664
H2_01.AB.CI.90.7312A	-G-A-A---T-T---A---A--T-A--A-----	GT---AC-CT-G---TG-T-G---CAT-G---C-A-	AAA-C 8576
H2_01.AB.JP.04.NMC307_20	-G-A-A---T-T---A-C---A--A--T-A--A-----	GT---AC-CT-GG-TG-C-G---CAT-G---C-A-	AA-C 8558
H2_01.AB.JP.07.NMC716_01	-G-A-A---T-T---A-C---A--A--T-A--C-----	GT---AC-CT-GG-TG-C-G---CAT-G---C-A-	AA-C 7594
H2_01.AB.JP.08.NMC842_10	-G-A-A---T-T---A-C---A--A--T-A--C-----	GG---AC-T-G---T-A-G---CAT-G---C-A-	AAC-C 8575
U.CI.07.071C.TNP3	-A-A-A---A-C---T---AAGT-A---A---G-G---T-G	GT---AATTCT-CA-TG-C---CAT-G---AGT-	8054
U.FR.96.12034	-A-A-A---A-C---T---AAGT-A---A---C-G---T-G	AT---C-AC-CAT---T-T-G-T---AT-G--A-	GA-8069
U.US.08.NWK08	-AC-C---A-C---T---AAGT-A-T-A-G-A---G-G---T	---AC-CAT-GCA---T-G---CAT---A---AA-	7981
MAC.US.x.17EC1	-A-A-A---A	---T	8530
MAC.US.x.251.1A11	-A-A-A---A	---T	8526
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-A-A-A---A	---G-C---T	8528
MAC.US.x.251.BK28	-A-A-A---A	---G-C---T	8512
MAC.US.x.MM142.IVMXX	-T-A-A---A	---G-T	G-8025
MNE.US.82.MNE.8	-A-A-A---A	---T	8004
MNE.US.x.MNE027	-A-A-A---A	---T	8007
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-G-A-A---T---A-C---T---A-G-A---A---G-T	GA---AAC-C-T-GCA-TG-T-T-AT---A---AAT-	7683
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-G-A-A---T---C---T---A-A--T-A--C-T-G-G-T	AA-CAT-CA-T-T-G-G-AT---A---AA-G	7592
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-A-A-A---T---C---T---A-A--T-A--C-A-G-G-T	ATTC-T-G---G-T---AT---A---AA-G	7627
SMM.SL.92.SL92B	-A-A-C---A-C---T---A-A--T-A--A-G-G---T	AC---TGTC-G-C---AT-A---A---AA-	7978
SMM.US.04.6078	-A-A-T---A-C---T---A-A--T-A--A---G-C	AT-CT-G-G-T-T-T-AT-C---A---A-	7823
SMM.US.04.G932	-A-A-T---A-C---T---A-A--T-A--A---G-G	AT-C-T-T-G-C-T-CAT-C---A---AAA-	7800
SMM.US.04.M919	-A-A-T---C---T---A-A--T-A--C-T-G-G	CTCGT-GGTG-TGT---AT---A-A---A-C	7825
SMM.US.04.M922	-A-A-T---C-G---T---A-A--T-A--T-G-G-T	CAT-GCTG-T-T-G-A-AT---A---AA-	7825
SMM.US.04.M923	-A-A-T---C---T---A-A--T-A--T-G-G-T	AC-C-T-G---TG-C---AT---AAA-C	7812
SMM.US.04.M926	-A-A-T---A---T---A-A--T-A--A-C-G---A	AT---G-T-G-C---AT---A---A-	7821
SMM.US.04.M934	-A-A-T---A---T---A-A--T-A--A-G-G	GT---GGTG-G-C---AT---A---A-	7997
SMM.US.04.M935	-A-A-T---C---T---A-A--T-A--A---G-G	A-CAT-GGTG-T-T-G---AT---AA-GC	7804
SMM.US.04.M940	-A-A-T---C---T---A-A--T-A--A---G-G	AT-CCT-T-TG-T-T-AT-C---A---A-	7850
SMM.US.04.M946	-A-A-T---A---T---A-A--T-A--A-G-G	AT---GGT-G-C---AT---A---A-	7825
SMM.US.04.M947	-C-A-A---T---C---T---A-G-A--T-A--T-G	A-CAT-G-G-T-T---T-AT-C---A-C	7809
SMM.US.04.M949	-A-A-T---C---T---A-A--T-A--A---G	AC-T-G-T-TG-T---AT-C---GC---A-	7784
SMM.US.04.M950	-A-A-T---A---C---T---A-G-A--T---A---G	CAGT---G-TG-G-A---AT---C---A-	7812
SMM.US.04.M951	-A-A-T---A---C---T---A-A--T---A---G	AT-T-G---TG-T-T-AT-C---A---A-	7805
SMM.US.04.M952	-A-A-T---A---C---T---A-A--T---A---G	AT---GGT-G-C---AT---A---C	7801
SMM.US.05.D215	-C-A-A---T---A-C---T---A-A--T-A--T-G	AT-CAT-G---T---AT-A---A---AA-	7799
SMM.US.06.FTq	-C-A-A---T---A-C-C-T---AA-A--T-A--A-C-G	GTC---ATTC-CCA-G-C---AT---A---AA-	7815
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-A-A-A---T---A-C-G---T---A-A--T-A--T-G	A-CAT-GGTG-T-T-G---AT---A-C	8539
SMM.US.86.CFU212	-A-A-A---T---A-C-G---T---A-A--T-A--T-G	GCC---A-G-G---G-T-T-CAT-C---A---	7797
SMM.US.x.F236.H4	-A-A-T---C-G---T---A-A--T-A--T-G	A-CAT-GGTG-T-T---AT---A---A-C	8495
SMM.US.x.H9	-A-A-T---C---T---CRN-A--T-A--T-G-G	AC-CAT-G---T-RC---AT-Y---AAA-	8019
SMM.US.x.PBJA	-A-A-T---C---T---A-A--T-A--T-G-G	AC-CAT-G---T-C---AT---A---AAA-	8321
SMM.US.x.PGM53	-A-A-T---C-G---T---A-A--T-A--T-G-G	CTCAT-GGTG-T-T---AT---A---AA-	8476
SMM.US.x.SME543	-A-A-T---C-G---T---A-A--T-A--T-G	ACTCAT-GGTG-T-T-G---AT---AG---	8552
SMM.US.x.pE660.CG7G	-A-A-T---C-G---T---C-A--T-A--T-G	A-CAT-GGTG-T-T-G---AT---AA-C	8535
STM.US.89.STM_37_16	-A-A-T---A-C---T---A-A--T---A---G	ATTCC-T-GGT-GG-T---AT-A---G-A---	8181



MAC.US.x.239  
Env  
Tat exon 2  
Rev exon 2

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.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\_JSP4\_27  
B.CI.88.UC1  
B.CI.x.20\_56  
B.CI.x.EHO  
B.GH.86.FG\_205\_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  
U.US.08.NMK08  
MAC.US.x.17EC1  
MAC.US.x.251\_1A11  
MAC.US.x.251\_32H\_PJ5  
MAC.US.x.251\_BK28  
MAC.US.x.MM142\_IVMXX  
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.PBJA  
SMM.US.x.PGM53  
SMM.US.x.SME543  
SMM.US.x.pE660\_CG76  
STM.US.89.STM\_37\_16

GGAGTAATACTGTTAAAGAATAGTACTATATAGTACAAATGCTAGCTAAGTTAAGGCAGGGGTATAGCCAGTGTCTCTCCACCCCTCTTTCCAGCAGACCCATATCCCAACAGGACCCGGCACTGCCAACAGAGAAGCAAGAAAGAGACGGTGGAGAAG 8870  
G V I L L R I V I Y I V Q M L A K L R Q G Y R P V F S S P P S Y F Q Q T H I Q Q O D P A L P T R E G A K E R D G G E G  
N P Y S N R T P R G H T A N P R E K A Q K K E R T W R R R  
--A--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--G--CC--C 8879  
--A--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--G--TC--GC--A 8925  
--A--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--CGA--CC--A--CA 8869  
--G--G--T--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--ACA--C--A 8345  
--A--GGT--CC--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--CC--C--A 8339  
--A--G--GCTC--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--T--GA--C--A 8345  
--A--G--G--T--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--T--A--CA 8352  
--A--G--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--T--AGCAA 8336  
--A--G--T--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--T--CG--CA--A--A--T--TACA--G--G--A--G--G--C--AA--C--GA--T--GCAA 8937  
--A--G--T--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--T--GCAA 8402  
--A--GCT--G--A--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--T--CAA 8917  
--A--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--T--CAA 8680  
--C--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--T--CAA 8927  
--A--G--GCTC--CA--A--G--G--T--T--AG--GA--T--AA--C--T--T--C--T--CG--CA--A--A--T--TACA--G--G--A--G--G--C--AA--C--GA--T--CAA 8909  
--C--GCT--CA--A--G--G--T--T--AG--G--C--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--T--AGCAA 8371  
--A--G--T--CA--A--G--G--T--T--AG--GAC--T--AA--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--TACA--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--T--A--CA--8355  
--T--G--G--A--A--C--TA--G--G--A--GAC--T--A--C--A--C--T--T--ACT--A--T--C--GCA--AC--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GAC--A--A--C--A 8912  
--A--G--G--A--CA--A--C--TA--G--G--A--GAC--T--A--C--A--C--T--T--ACT--A--T--C--GCA--AC--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GAC--A--A--G--A 8877  
--GT--G--G--AG--G--T--G--G--A--GAC--T--A--C--A--C--T--T--ACT--A--T--C--GCA--AC--G--G--A--G--G--AC--AA--C--GA--GA--A--CA 8887  
--GT--G--G--AC--A--A--C--TT--G--G--A--GAC--T--AA--C--T--T--G--T--A--T--C--CA--G--A--G--G--G--C--AA--C--GA--GA--C--A 8018  
--G--G--C--A--G--G--A--GA--GAC--T--A--A--T--T--YT--T--GCA--A--A--W--A--A--T--T--G--AA--A--CA 8298  
--G--G--TC--T--R--CA--A--C--G--Y--AG--GAC--T--A--C--T--CT--GG--G--A--T--CAC--A--G--A--C--A--A--C--G--GA--A--C--A 8004  
--A--G--GCTC--C--G--A--A--G--G--A--GAC--T--AAG--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--G--CA--A--A--A--G--AC--AA--C--GA--GA--A--C--A 8916  
--A--G--GCTC--T--A--A--A--G--GC--T--G--GAC--T--AAG--C--T--T--C--C--GG--C--A--T--G--CA--GT--G--A--A--G--AC--AA--C--GA--GA--A--C--A 8898  
--A--G--GCTC--T--A--A--A--G--GC--T--G--GAC--T--AAG--C--T--T--C--T--GG--C--A--T--G--CA--GT--G--A--A--G--AC--AA--C--GA--GA--AGC--A 8888  
--A--G--GCTC--T--C--A--A--G--GC--AT--G--GAC--T--AAG--C--T--T--C--T--GG--C--A--T--G--CG--C--G--G--A--AC--AA--C--GA--GA--AGC--A 8915  
--A--GGAC--T--G--A--A--G--T--T--AG--G--C--T--A--A--T--C--T--TG--G--T--A--T--C--CG--A--A--A--A--A--A--A--A--C--G--CAA 8394  
--A--AC--T--A--G--G--GC--T--G--GTC--T--A--A--T--T--AC--G--TG--A--T--C--G--A--A--A--A--A--G--A--G--A--T--G--C--CA 8409  
--A--GGAC--T--AGT--A--G--TTA--G--C--T--G--C--C--C--CG--G--A--A--A--GA--G--A--G--GA--A--G--AA 8321  
MAC.US.x.17EC1  
MAC.US.x.251\_1A11  
MAC.US.x.251\_32H\_PJ5  
MAC.US.x.251\_BK28  
MAC.US.x.MM142\_IVMXX  
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.PBJA  
SMM.US.x.PGM53  
SMM.US.x.SME543  
SMM.US.x.pE660\_CG76  
STM.US.89.STM\_37\_16

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, Env, Tat exon 2) and sequence alignments. The alignment starts with 'CGGTGGCAACAGCTCTGGCCTTGGCAGATAGATAATATATTTCCTGATCGGCAACTGATACGCCCTTGGACTTGGCTATTTCAGCAACTGCAGAACCTTGGCTATCGAGAGTATACCATCTCCAACTCACTCCAGAGGCTCTCTGGACCCACAGAGG...'. The table lists various HIV-2 strains and their corresponding nucleotide sequences aligned to a reference sequence.

	Rev end	Nef start	
MAC.US.x.239	.....	.....	.....ATTGCGAAGTCTCAGGACTGAACTGACCTACTACAATATGGGTGGAGCTATTTCCATGAGGCGGTCCAGGCGCTGGAGATCTGCGACAGAGACTCTTGGGGCGTGGGAGACTTATGGGAGACTCTTAGGAGAGTGAAGAATGGACTCGCA 9198
Env	I R E V L R T L E L T Y L Q	Y G W S Y F H E A V Q A V W R S A T E T L A G A W G D L W E T L R R G G R W I L A	
Nef	M G G A T S M R R S R P A S V G D L R Q R L R A R G E T Y G R L L G E V E D G Y S Q		
Rev exon 2	D S R S P Q D *		
A.CI.88.UC2	CA-G CTGG-G ACT-A-GGC-G	CGAG-GGA-A-A-TT-A-AA-GCA-GA-G	A-G-GG-TA-G-AG-GCA-C-CATC-G-GG-A-C-----9195
A.DE.x.BEN	CA-G CTGG-G ACT-A-GGC-G	CGAG-GGA-A-A-TT-A-AT-GC-GA-A-G	AG-AGGC-AC-CATC-G-GG-A-----9241
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	CA-G CTGG-G ACT-AC-A-AG-G	CGAG-GGA-A-A-T-C-T-C-TGCA-GA-A-G	G-G-AA-GG-GC-ATC-C-GG-A-T-----9197
A.GH.x.GH1	CA-G CTGG-G ACT-A-GC-G	G-CGAG-GGA-A-A-AT-A-AT-GCA-AGA-A-G	A-A-A-G-GG-T-CAG-AG-GCAAC-CTC-G-GG-A-----8661
A.GM.87.D194	CA-G CTGG-G ACT-A-GGC-G	CGAG-GGA-A-A-T-GA-AT-GCA-GA-G	A-A-A-G-GG-T-AG-AGCCCAAC-CATC-G-GG-A-C-----8655
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	CA-G CTGG-G ACTCA-GGCAG-G	CGAG-GGA-A-A-T-C-GC-GGT-A-A-G	G-G-G-GG-AC-ATC-G-GG-A-----8640
A.GM.x.MCN13	CA-G CTGG-G A-A-GCAG-T-G	CGAG-GGA-A-GA-T-GA-TGCA-GA-A-G	A-A-A-G-GG-T-G-G-A-GCA-C-GATC-G-GG-A-T-----8680
A.GW.86.FG_c1one_NIHZ	CA-G CTGG-G CT-A-GCAG-T-G	CGAG-GGA-A-A-T-A-TGCA-GA-A-G	A-G-G-G-AG-G-G-GCAAC-ATC-G-GG-A-T-----9222
A.GW.87.CAM2CG	CA-G CTGG-G C-A-G-AG-T-G	CGAG-GGA-A-A-T-CTGCA-GG-A-G	CA-G-G-G-GA-TGT-ACAAC-CAT-G-GG-A-C-T-G-----9244
A.GW.x.MDS	CA-G CTGG-G ACT-AG-A-AG-T-G	CGAG-GGA-A-A-T-T-GC-GGT-A-A-G	A-A-CA-G-G-G-G-AT-GG-AC-AT-G-GG-A-G-----8709
A.IN.07.NNVA	CA-G CTGG-G CT-AG-ACAG-T-G	CGAG-GGA-A-A-AT-T-GC-GA-A-GG	A-CA-GAG-G-GT-GC-AC-CAT-G-GG-A-G-----9224
A.IN.95.CR1K_147	CA-G CTGG-G ACT-A-ACAG-T-G	CGAG-GGA-A-A-AT-T-GC-GA-GG	A-AG-CA-A-G-T-G-AG-GAA-AT-G-GG-A-----8987
A.JP.08.NMC786_c1one_41	A-G CTGG-G AGT-A-ACAG-AC-G	CGAG-GGA-A-A-T-A-TT-GCA-GA-G	G-A-C-ACTG-CT-GC-CTTC-G-GG-A-T-----9222
A.PT.x.ALI	CA-G CTGG-G ACT-A-GCAG-G-G	CGAG-GGA-A-A-T-G-TGCA-GAT-G	A-AAA-A-C-A-G-G-G-G-AG-GCA-T-G-TG-G-A-----9237
A.SN.85.RDD	CA-G CTGG-G ACT-AG-ACAG-T-G	CGAG-GGA-A-A-AT-T-GC-GG-A-A-G	CA-G-G-G-AG-GTAT-GGAAC-ATC-G-GG-A-G-----8678
A.SN.86.ST_JSP4_27	G-CA CTGG-G ATT-A-ACAG-G	G-CGAG-GGA-A-A-T-GA-T-GC-GG-A-GG	A-AAA-C-A-G-C-G-G-A-GG-ACA-AT-G-GG-A-T-----8683
B.CI.88.UC1	CCG-CT-TC-TG-A-C-G	ATC-GG-A-A-AA-A-A-CAAC-GG-G	AA-A-AG-AA-C-C-A-AG-C-A-GACA-CGGA-GCA-CA-----9207
B.CI.x.20_56	CCA-CT-TG-TG-A-C-G	ATC-GGC-A-A-AA-A-A-CAAC-GG-GG	G-AA-C-A-ACG-CGG-GGCA-CA-----9172
B.CI.x.EHO	CCG-CT-CC-CTG-A-C-G	ATC-GG-A-A-AA-A-A-CAAGC-GG-GG	A-A-G-A-GAC-CG-GAGTC-C-G-G-GA-CA-T-----9182
B.GH.86.D205_ALT	CCA-CTCCGG-TG-C-G	ATC-GG-A-A-AA-A-A-CAAGC-GG-GG	A-T-G-A-AGAC-CG-GG-CG-GCA-CA-----9205
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	CAG-ACT-CC-TG-A-C-G	ATCG-GG-A-A-AA-A-A-ACAG-GG-GG	A-AAA-A-AG-AA-G-C-C-G-C-A-ACA-CG-GGCA-CG-----8313
G.CI.92.Abt196	A-CAT-C-CTA-GCAG-T-TT-CAGC	TCC-GGC-A-A-TG-ACC-A-CAACT-GG-CA	A-AA-A-A-C-A-A-GG-A-G-T-----8626
AB.CM.03.03CM_510_03	CCA-CTCCCTG-TG-A-C-G	ATCG-GG-A-A-C-GA-A-CAGC-GG-A-G	A-T-G-A-AGAC-AG-C-G-G-CG-CG-G-C-----8299
H2_01_AB.CI.90.7312A	CCA-CTCTGT-TG-C	ATCG-GG-A-A-A-A-A-CAGC-G-GG-GG	A-A-AG-A-GAC-G-C-GAGC-CG-GG-A-CA-----9211
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	CCA-CTCCCG-CG-AC-C-G	ATC-GGC-A-A-A-A-A-C-GC-GG-GG	A-A-CA-CA-GAC-A-G-CGAGC-CG-GG-A-CA-----9193
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	CCA-CTCCCG-CG-AC-C-G	ATC-GGC-A-A-A-A-A-CTGC-GG-GG	A-CA-CA-GAC-G-C-A-GAGC-CG-GG-A-CG-----9183
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	CCA-CTCCCG-CG-AC-C	ATC-GGC-A-A-A-A-A-CTGC-G-GG	A-CA-CATCA-GAC-A-G-C-CA-GAGC-CG-GG-A-CA-----9210
U.CI.07.07IC_TNP3	CA-GAT-G-CT-GGGAG-R-G	CCAG-GG-A-A-C-A-A-A-GG-AGG-R-G	AA-A-A-GG-AC-G-T-G-----8713
U.FR.96.12034	CA-GT-GCACTT-A-AG-T	CAG-GG-A-A-AT-A-GT-G-A-G-CG	AGCC-A-G-A-AC-GG-C-G-T-----C-T-GA-T8716
U.US.08.NMK08	CAACAGCA-C-A-CT-TA-A-A-GCC-GT-A-CAGC	CAA-C-T-C-A-CC-A-G-CGAT-C-GG-GG	AA-G-A-A-CA-GG-A-GAT-G-C-----8661
MAC.US.x.17EC1			A-----T-----A-----G-----C-----9198
MAC.US.x.251_Ia11			G-----A-----A-----A-----A-----C-----9194
MAC.US.x.251_32H_PJ5			G-----A-----A-----A-----A-----C-----9196
MAC.US.x.251_BK28			G-----A-----A-----A-----A-----C-----9180
MAC.US.x.MM142_IVMXX			CT-----A-----A-----A-----A-----G-----CAA-G-----C-----8693
MNE.US.82.MNE_8			C-----A-----C-----A-----T-----C-----GG-A-G-T-----8672
MNE.US.x.MNE027			G-----C-----A-----A-----T-----C-----GG-A-G-T-----8675
SMM.CI.79_SIVsmCI2			GCCA-GA-CAGGA-C-AGGA-CG-T-T-CAA-A-A-TG-AA-C-GCAC-GG-C-CG-AA-G-A-GG-A-GAT-G-T-T-----8342
SMM.LR.89_SIVsmLIB1			G-CA-AA-T-A-GA-T-C-T-T-CAA-GG-G-A-T-C-A-G-CA-GG-G-AA-G-A-GG-A-GAT-G-T-TGG-----8260
SMM.SL.92_SIVsmSL92A			C-T-TA-G-A-GA-C-G-AG-T-A-CAG-CAA-C-ATC-AGCC-G-AA-C-GCA-TCG-G-C-A-TCA-A-G-A-ACAA-C-GG-ACACAT-G-G-GCA-G-----8295
SMM.SL.92.SL92B			G-C-TG-A-GA-GCAGG-TA-CGT-ATC-ATC-CTG-GA-CA-GA-GG-A-G-AG-A-CT-A-C-GG-AC-T-A-G-CGCA-----8646
SMM.US.04.G078			C-GT-A-CT-AG-G-A-G-G-GG-A-A-A-A-A-G-CG-A-G-G-AA-A-A-GG-A-G-T-----8491
SMM.US.04.G932			G-CA-GA-A-A-AG-T-G-G-C-GG-A-A-A-A-A-G-CA-C-G-G-AA-G-A-GGAA-G-TC-G-GA-----G8468
SMM.US.04.M919			G-C-A-A-A-GA-CT-G-CCT-GGC-A-A-A-A-A-CG-CAG-GG-G-AA-A-A-GG-A-G-T-----8493
SMM.US.04.M922			G-A-G-AG-AT-G-CG-GG-A-A-A-A-A-C-G-G-G-AA-A-G-TC-G-----8493
SMM.US.04.M923			G-C-T-A-AGT-GA-A-G-G-C-A-A-CG-A-ATGG-A-T-CG-AA-A-GG-A-G-T-----8480
SMM.US.04.M926			G-C-A-A-GA-AG-T-G-G-CC-GG-A-A-A-A-A-CAACA-GG-G-AA-A-C-GG-AC-G-T-----8489
SMM.US.04.M934			G-C-A-A-AGCA-AG-T-G-G-CCAG-GGC-A-A-C-A-C-G-AC-GG-G-AA-A-GG-A-GAT-----8465
SMM.US.04.M935			G-A-G-A-AT-G-CC-GG-A-A-A-A-A-CA-GG-G-AA-A-GG-AC-G-TC-----8472
SMM.US.04.M940			CA-TC-A-CT-G-A-T-G-G-CC-GG-A-A-A-A-A-CA-GG-G-AA-A-G-ACT-A-G-CT-T-GG-C-TGGG-----8518
SMM.US.04.M946			G-C-A-A-AGGA-AG-T-G-G-CCAG-GGC-A-A-A-A-A-CA-C-G-GG-AA-A-G-A-G-T-----8493
SMM.US.04.M947			G-C-T-A-A-T-A-A-G-G-C-T-C-A-A-A-CG-GTGG-A-T-CG-AA-A-GG-AC-T-----8477
SMM.US.04.M949			C-A-CT-G-G-G-A-A-A-A-A-CA-GG-AA-A-G-ACT-G-A-G-TC-G-GG-C-TGGG-----8452
SMM.US.04.M950			G-C-A-A-GA-AG-G-G-CC-GG-A-A-A-A-A-CG-AC-GG-G-AA-A-G-ACT-G-A-G-T-----8480
SMM.US.04.M951			C-A-ACT-G-A-G-G-GG-AA-A-A-A-A-CA-C-GG-AA-A-G-ACT-C-A-A-CTC-GG-C-TGGG-----8473
SMM.US.04.M952			G-C-A-A-GA-AG-G-G-CC-GGC-A-A-A-A-A-CA-C-GG-AA-A-A-G-T-G-----8469
SMM.US.05.D215			G-C-GA-A-GACA-T-G-T-GG-A-A-A-A-GT-TC-A-T-A-G-AA-A-GG-A-G-T-----8467
SMM.US.06.FTq			G-C-A-A-ACT-C-G-GG-A-A-CA-A-G-CA-TT-A-G-G-AA-A-A-C-T-AC-AC-G-T-G-----8483
SMM.US.11_SIVsmE660_FL10			G-C-T-A-A-T-G-A-AG-C-T-AT-G-A-A-A-G-GTGG-A-T-CG-AA-A-A-GG-A-G-T-----9207
SMM.US.86.CFU212			AA-G-GAC-A-A-G-C-TA-TGG-CCTT-GG-A-A-A-C-G-A-CAG-A-GG-C-AA-A-GG-A-G-T-----TAAC8465
SMM.US.x.F236_H4			G-C-T-A-A-T-A-AG-C-T-CG-AA-A-A-A-GTGG-A-CT-CG-AA-A-A-GG-A-G-T-----9163
SMM.US.x.H9			GCC-T-A-AGT-GA-A-G-C-T-CC-A-A-A-CG-RRG-TGG-A-T-YRCG-AA-A-GG-A-G-T-----8687
SMM.US.x.PBJA			GCC-T-A-AGT-C-GA-AG-G-C-T-CC-A-A-A-CG-GTGG-A-T-TACG-AA-A-GG-A-G-T-----8989
SMM.US.x.PGM53			C-G-A-GA-AT-G-CC-GG-A-A-A-A-CG-GG-CG-GG-A-AA-A-C-A-GG-A-G-T-----9135
SMM.US.x.SME543			G-T-A-A-T-A-AT-G-C-T-AA-A-CA-GTGG-A-T-CG-AA-A-A-GG-A-G-T-----9220
SMM.US.x.pE660_C67G			G-C-T-A-A-T-G-A-AG-C-T-AA-A-A-G-GTGG-A-T-CG-AA-A-A-GG-A-G-T-----9203
STM.US.89.STM_37_16			A-G-ACTA-G-GCAG-TT-G-C-T-GGA-A-A-A-CG-A-A-CA-A-GG-AA-G-A-A-A-G-A-G-T-G-A-CGGG-C-----8849



3' LTR U3 start

Table containing HIV-2 genome sequence alignments. Columns include accession numbers (e.g., MAC.US.x.239, SMM.US.04.M932), nucleotide sequences (A, C, G, T, -), and reference sequence coordinates (9517, 9563, 9519, 8980, 8977, 9002, 9566, 9031, 9546, 9274, 9544, 9562, 9000, 9002, 9475, 9440, 9450, 9476, 8581, 8948, 8564, 9479, 9461, 9478, 9478, 9035, 9044, 8992, 9520, 9516, 9518, 9502, 9015, 8994, 8997, 8663, 8576, 8971, 8813, 8790, 8815, 8794, 8802, 8811, 8787, 8794, 8846, 8815, 8799, 8780, 8802, 8801, 8791, 8786, 8805, 9529, 8787, 9485, 9003, 9305, 9457, 9542, 9525, 9171).



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.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.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.IMJC.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.07.071C.TMP3 U.FR.96.12034 U.US.08.NWK08 MAC.US.x.17EC1 MAC.US.x.251.1A11 MAC.US.x.251.32H.PJ5 MAC.US.x.251.BK28 MAC.US.x.MM142.IVMXX 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.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.PBJA SMM.US.x.PGMS3 SMM.US.x.SME543 SMM.US.x.pE660.CG76 STM.US.89.STM\_37\_16

GAAGAAGGCATCATACAGATTGGCAGGATACACCTCAGGACAGGAATAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGAAATAGTCCCTGTAATGTATCAGATGAGGCACAGGAGGAT.....GAGGAGCATTATTTAATGCATCCAGCTCAAACCTC 9678
E E G I I P D W Q D Y T S G P G I R Y P K T F G W L W K L V P V N V S D E A Q E D ..... E E H Y L M H P A Q T S
-G--GG-A-----A--T--TCAT-G--G-G-G--T-TGC-C-G--G--C--A-A--CA-G--C-A--GCA-----GAT--ACCA-C-GC-----C--A--AAG 9675
-G--G-A-----A--T--TCAT-G--G-A-G--T-TAC-C-G--G--GC--AT-A--G-AC-C--C-A--GCA--A--GAT--CCA-C-GC--G-A-C--A--AAG 9721
-G--G-A-T-----A-C-T--TCAT-G--G-A-G--TTC-----GC--A-A--G-C-CC--C-A--GT-----GAT--ACCA-C-GC--C-A-C--A--AAG 9668
-G--G-A-----A--T--TCAT-G--G-A-G--T-TGT-C-G--G--GC--A-A--G-C-CC--C-A--T-AGA-CACT-G-----GAT--ACCA-C-GC--C-A-C--A--AAG 9138
-G--G-A-----A--T--TCAT-G--CA-G--T-TAC-C-G--G--C--A-A--G-CA-C--C-A--GCA--A--GTA--ACCA-C-GC--G-A-C--A--AAG 9135
-G--G-A-T-----A-C-T--TCAT-G-T--G-A-G--T-TTC-----GC--A-A--C--CC-C-A--A--GG-----ACT--ACT-TC-GC-----CT--A--GTAAG 9120
-G--A-TG-----A-C-T--TCAT-G--A--T-TTC-----GC--A-A--G--CA--CGAC--G-----GAT-G-ACT-C-G--C-A-C--A--AAG 9160
..... 8983
-G--A-TG-----A-C-T--TACT-G--G-A--T-TTC-----GC--A-A--G-ACC--C-A--G-G-CAC-GAGACTGACT--ACT--C-GC--T-A-C--A--AAG 9736
A.GW.87.CAM2CG A--T--TCAT-G--G-CA--C--TGC-----GC--A-A--G-C-CC--C-A--T-AGA-CACT-G-----ACT--ACT-C-GC--G-A--A--AAG 9158
-G--G-A-T-----C--A-C-T--AGT-G--A--T--T-TCCA-G-----GC--A-A--C--CC-C-A--GGA--A-C--ACT--AACT-C-GC-----C--A--AAG 9704
..... 9274
-G--A-A-----A--T--TCAT-G--G-A-G--TGC-C-G--G--GC--A-A--G-CA-CA--C-A--G--C-----ACCA-C-GCC--CA-C--A--AAG 9702
-G--A-T-----A-C-T--TCAT-G--A-G--G-T-TTC-----G--G--GC--A-A--G--CC-C-A--A--GG-----ACT--ACT-C-GCC--GC-A-C--TA--AAG 9720
A.SN.85.ROD G--A-T-----A-C--TCAT-G--G-A--G--T-TTC-----G--T--GC--A-A--G--CC-C-A--A--GG--T-C-----AGT--ACT-C-GC--G-A--A--AAG 9160
-G--A-A-TGG--C--A-C-T--TCAT--G-A-G-T--TTC-----G--T--GC--A-A--G--CC-C-A--GGA--T-C-----AGT--ACT-C-GC--G-A--A--AAG 9160
-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--G--G-AAG-GA--GCG--AACAG--G-C-GG--C--A--G-TC--9633
-G--G-TG-T-T-GA--AA-C-T-ACAT-G--G-A-G-T--C--G--G--GC--G-A--A--C--G--A--GA--AGA--GCA--AA-CAG--G--GG--C--A--G-C--9598
-G--TG-GT-T-GA--A-C--ACAT-G--G-A--T--C--TTC-----G--G--GC--G-AA--A--GAT-CA--A--CA--C--GAG--AAC--G-C-GG--C--A--G-C--9608
-B.GH.86.D205.ALT -G--TG-GT-T-GC--AA-C-T-TCAT-G--G-A-G-T--C-ATAC-T--G--GC--G-A--G-G-G-CA-C-A-C-GA--G--GAG--AAC--GCC--C-G-A--G-TC--9637
-B.JP.01.IMJC.KR020.1 -G--TG-T-T-GA--AA-C-T-ACAT-G--G-A-G-T--C-A-C-G--G--GC--G-A--A--C--G--A--G-CA--A--GCA--AACAG--G-C-G--C--A--G-C--8739
G.CI.92.Abt96 -GC--T-A-T-----A--AG--T-A--RT--G-----C--A-A-C-GC-C-T-----C-----ACT--GC--GG-A--A--AG 9106
AB.CM.03.03CM.510.03 -G--TG-GT-C-GC--AA-C-T-TCAT-G--G-A--T--C-ATAC--G--GC--A--G-GAC-C-ACA--C-G-GA--GAG--AAC--C-GCC--C--A--G-C--8725
H2.01.AB.CI.90.7312A -GAG--T-A-G-TGGT-GA--A-C-A-AT-G--G-A--T--ACAC--G--G--C--G-A--GG-A--GG-CA-TAA-C-G--A--GAG--ACC--G-C-G--C--A--G-CG--9640
H2.01.AB.JP.04.NMC307.20 -G--T--AG-CT-T-GA--A-C--ACAT-G--GG-A--T--TAC--A--G--GC--A-AA--GA-CA-CAA-C--G--GAG--ACC--G-C-G--C--A--G-C--9622
H2.01.AB.JP.07.NMC716.01 -G--T--AG-CT-T-GA--A-C--ACAT-G--GG-A--T--TTC-----G--G--GC--A-A--G--GA-CA-CAA-C--G--GAG--ACC--G-C-G--C--A--G-C--9612
H2.01.AB.JP.08.NMC842\_10 -G--T--AG-CT-T-GA--A-C--ACAT-G--GG-A--T--TTC-----G--G--GC--A-A--G--GA-CA-CAA-C--G--GAG--ACC--G-C-G--C--A--G-C--9639
U.CI.07.071C.TMP3 -G--G--AG-TG-----A--TGA--G--G--G-TT-----C--G--G-A-C--T--AGCA-T-----ACT--GCC-GG--A--G-CAG 9193
U.FR.96.12034 -G--G-A-A-C-----A--T--GG--T-TGC--A--T--GC--AA-A--G-C-AT--A--A--AGT-G-----ACT--TG--C-GG--GG-T--A--G-CAG 9202
U.US.08.NWK08 -G--A--AG-T-----A--T-ACGG--T--T--ATAC--C-GC-G-AA--A--GG-C-C--A-AAATG-T--ACA-----A--G-C-GG-C--G--AAG 9144
..... 9678
MAC.US.x.17EC1 ..... 9674
MAC.US.x.251.1A11 ..... 9676
MAC.US.x.251.32H.PJ5 ..... 9660
MAC.US.x.251.BK28 ..... 9170
MAC.US.x.MM142.IVMXX ..... 9152
MNE.US.82.MNE.8 ..... 9155
MNE.US.x.MNE027 ..... 8821
SMM.CI.79.SIVsmCI2 -G--A-A-----A--A--G--C--T--TG--A--T-----A--A--G--C--C--G--T--A--G-TC--8821
SMM.LR.89.SIVsmLIB1 -G--G-AG-----A--T-A-G--A--T--TTC--A--T-----C--A-AA-GG--C--A--T--A-----ACA--G-C-GG-C--A--G--CA 8734
SMM.SL.92.SIVsmSL92A -G--G-AG-----A--T-ACG--G--A--T--TTC--A--T-----C--G--A--GG--C--A--TA--T--A-----A--T--GCC-GC-T--C--T--G--A--8748
SMM.SL.92.SL92B -G--T--C-----A--T-AAGT-G--A--G--TTC-----G--C--C-GC-G--G--A--G-C--C--G--A--CA-T-----ACC--GC--GG-A--C--G--A--9129
SMM.US.04.6078 -G--G-C-----A--A--G--G--A--T--TTC--G--C-----G--A--GG--A--C--A--C--A-----ACA--G-C-GG--C--A--G--CA 8971
SMM.US.04.G932 -A--A--C-----A--A--G--A--T--TTC--A--T-GC--A--T-G--G--A--G--A--C-----ACA--C-G-C-GG--C--T--A--G--AAG 8948
SMM.US.04.M919 -G--G-----A--A--G--T--TTC-----G--T--A--G--C--A--T--A--A-----ACA--GC--G--A--G--A--8973
SMM.US.04.M922 -G--G-----A--A--G--C--T--TTC-----A--T--G--G--CA--G--T--A--A-----AGA--GC-----G--A--8952
SMM.US.04.M923 -G--A--A-----AA--AG--G--C--T--TTC-----A--T--G--G--C--T--A--C-----CA--GC--G-----A--8960
SMM.US.04.M926 -G--T--C--G-----A--A--G--T--TTC-----A--T--G--T--G--T--G--C--G--T--A--C-----ACA--GC--G-----G--A--8969
SMM.US.04.M934 -G--G-----A--A--G--T--TTC-----A--T--G--T--G--T--G--T--G--T--A--C-----ACA--GC--G-----G--A--8945
SMM.US.04.M935 -G--G-----A--A--G--T--TTC-----A--T--G--T--G--T--G--T--G--T--A--C-----AG--C--G-----G--A--8952
SMM.US.04.M940 -G--T--T-----AA--ACA--T--G--A--T--TTC-----G--T--G--GC--G--A--G--CA--T--AACT--A--CC--C-G-C-GG-A--AGTG--AAG 9004
SMM.US.04.M946 -G--G-----A--A--G--C--T--TTC-----A--T--G--G--T--A--C--C--T--A--C-----ACA--GC--GG-----G--C--8973
SMM.US.04.M947 -G--G-----AA--AA--G--C--T--TTC-----A--C--G--T--A--T--A--C-----ACA--C--GG-C--C--A--G--C--8957
SMM.US.04.M949 -G--G-----AA--AA--G--G--A--T--AG--G--G--GC--G--A--C--T--AACT--ACC--C-G-C-GG-A--G--AGTG--AAG 8938
SMM.US.04.M950 -G--T--T-----A--A--G--C--T--TTC-----G--T--G--G--T--A--G--C--A--T--A--C-----ACA--GC--G-----GTTC--8960
SMM.US.04.M951 -G--A--T-----AA--C--AAA--T--G--A--T--TAC--G--T--G--G--A--G--C--T--AACT--AAC--C-G-C-GG-A--AGTG--AAA 8959
SMM.US.04.M952 -G--T--T-----A--A--G--GCC--T--TTC-----A--T--G--T--G--T--G--C--T--A--A-----ACA--C--G--G-----G--C--8949
SMM.US.05.D215 -G--G-TG--T-----A--T--G--C--G--T--TTC-----A--T--G--T--G--A--GG--G--C--T--A--A-----TTA--C-G-C-GG-----A--G--AG--8944
SMM.US.06.FTQ -G--A--C--T--C-----A--A--G--A--T--TTC-----A--T--G--C--A--G--C--C--A--G--G--C--A--T-----ACA--G-C-GG-----A--G--GG--8963
SMM.US.11.SIVsmE660\_FL10 -G--A--A-----AA--A--G--C--A--T--TAC--A--G--C-----C--A--G--C--C--A--T--A--C-----ACA--GCC-----G--A--G--CA 9687
SMM.US.86.CFU212 -G--A--A-----A--T--G--G--A--T--TTC-----C--G--A--G--C--C--A--T--A--A-----ACC--C-G-C-GG-----G--A--G--A--8945
SMM.US.x.F236.H4 -G--A--A-----AA--A--G--C--T--TAC--A--G--C-----C--A--G--C--C--A--T--A--C-----ACA--GCC-GG-----G--A--G--A--9643
SMM.US.x.H9 -G--A--A-----AA--AG--G--C--T--TTC-----A--C-----W--G--C-----A--T--A--C-----ACA--GC-----G--A--9161
SMM.US.x.PBJA -G--A--A-----AA--AG--G--C--T--TTC-----A--C-----G--G--C-----A--T--A--C-----ACA--C--G-----A--9463
SMM.US.x.PGMS3 -G--CC-----A--A--A--T--TTC-----A--G--C-----A--G--C-----A--T--A--C-----ACA--C--G-----G--TA--9615
SMM.US.x.SME543 -G--A--A-----AA--A--T--G--C--T--TAC--G--C-----A--G--C-----A--C--A--C-----ACA--GCC-GG-----G--A--G--CA 9700
SMM.US.x.pE660.CG76 -G--A--A-----AA--A--G--C--T--TAC--A--G--C-----C--A--G--C-----A--C--A--C-----ACA--GCC-GG-----G--A--G--CA 9683
STM.US.89.STM\_37\_16 -G--AG-T-----A--AG-----G--A-----CAG--A--A--G--A--G--A-----GAT-G-ACA-----C-GG-----A--G--ACA 9332

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.JP.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.PT.x.ALI  
 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.04.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  
 U.US.08.NWK08  
 MAC.US.x.17EC1  
 MAC.US.x.251.1A11  
 MAC.US.x.251.32H.PJ5  
 MAC.US.x.251.BK28  
 MAC.US.x.MM142.IVMXX  
 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.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.PBJA  
 SMM.US.x.PGM53  
 SMM.US.x.SME543  
 SMM.US.x.pE660.CG7G  
 STM.US.89.STM\_37\_16

TCF-1 alpha binding  
 CCAGTGGGATGACCCCTGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGATCAACTCTGGCCTCACTTATGAGGCATATGTTAGATACCAGAAAGGTTTGGGAAGCAAGTCAGGCCTGTGAGAGGAAAGGTTAGAAAGGCTAACCCGAAGAGCCCTTCTTAACATGGCTG 9848  
 Q W D D P W G E V L A W K F D P T L A Y T Y E A Y V R Y P E E F G S K S G L S E E E V R R R L T A R G L L N M A  
 -AGA-AT---ATACAT-G-ACA-TG--A-CT-C-TG---TGAG-CA---C-TCAC-CT---A-GCA-AT-C--A-TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CAT-T-GT... 9841  
 -AGACAT---TGACAT-G-ACAT-TG--C-CT-C-TG---T-AC-CA---C-TCAC-CTG---GCA-AT-C--A-ATGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CAT-T-GT... 9887  
 -GG-CT---CAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG---TGAG-CA---T-AA-C-T---A-GTAT---AT-C--A-TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATTT... 9831  
 -AGACAT---GACGAT---AACCA-CTT-CG-C-C-G---TGA-CA---T-TCA-CTGC-T---GCA-AT-C--A-TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CAT-T... 9301  
 -AGA-AT---GAGCAT-G-ACA-TT-CG-C-C-TG---T-GA-CA---C-TCA-CTGC-T---A-GCA-AT-C--A-TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CAT-T... 9298  
 -AGA-TT---GCAT-G-ACA-TC---C-C-TG---TC-TGAG-CAC-A-C-T---G-A-GCA-AA-GA-A-T-CTGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATTT... 9283  
 -AG-TT---GCAT-G-AACA-GAT---C-C-G---TC-TGA-CA---T-T-A-CCTGC---G-A-GCAT---C-A--A-CTGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATTT... 9323  
 -AG-CAT---ATGCAT-G-ACA-G-TC---CT-C-TG---CTT-AG-CA---C-T-AC-CTG---G-A-GCAT-T-A-C--A-TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATTT... 9079  
 -A-TT---AGCAT-G-AACAT-TT-G-CT-CCTG---CTT-GAG-ACA---C-T-AC-C-T---A-GCA-AC--A-G-ATGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATTT... 9899  
 TA---TT---AGACAT-G-ACA-TT--GA---C-AT-A---TGA---TA-C-T-AGGCT-C---G-A-GCA---AC---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATTT... 9349  
 -AGA-AT---TGACAT-G-AACA-GATG---CT-C-TG-A---T-AC-CATA-C-TCAC-CT-T-G-A-CA---T-AC---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATTT... 9376  
 -AG-CAT---A-GCAT-G-ACAT-TT-GA-C-T-AG---TC-TGA-CA-A-C-T-A-CT-C---G-A-GTA---C-A--A-TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATTT... 9865  
 -AG-TT---GCAT-G-AACAT-TT-G-G-CTT-G---T-T-G-C---T-T-A-C---G-A-GTA---C-A--A-TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATTT... 9321  
 -AG-TT---GCAT---AACAT-TT---G-C-C-G---C-T-TT-GC---C-T-A-C---G-A-GTA---C---T-ATGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATTT... 9323  
 TTCA---ATCCAC-G-ACC-T-C-CG---C-CCTC---AC-TGAC---TA-C-TCAAC-G---GTATC---AT-AC--A-G-TGA-AGCT-A-AA---GA-A-C-CA... 9796  
 TTCA---CCAC-G-AACC-T-TC-C---C-CCTC---AC-TGAC---ATA-C-TCAAC-AG-T---GTATC---G-AC--A-TGG-AGGC-AA-G-AA---AA-A-CC-CA... 9761  
 -GCA---CCAC-A-ACC-T-TC-C---CT-CCTC---A-A-TGAC---T-C-TCAGC-G-T---G---GTATC---AA-C--A-TGG-AGGC-AA-G-AA---AA-A-C-CA... 9771  
 -TCA---ATCCAT-G-AC-TATC-C---T-CCTC---A-TGA---T-TTCAA-G-TT---C-GTA-C---G-AC--A-G-TGG-AGGC-AA-AA---GA-A-C-CA... 9800  
 T-CA---GTCAC---ACC-TATC-C---CT-CCTC---A-TGAC---ATA-C-TCAA-G---T-A-C---G-AC--A-TGG-AGGT---AA---GA-A-C-CA... 8902  
 -CA---GGA-ACC-A-GT-G-G---C-T-AT-A---TGAC-CAG---T-A-ATTGC-T-T-G---CA-GT-G---G-AC--A-C-TATGG-A-GAG-AA---AACAG---A-G-C-CA... 9269  
 -TCA---TACCAT-G-AC-T-TC---CCTC---GC-TGAC---T-C-TCAA-G-T---C-GTA-C-A---G-C--A-TGG-AGGC-AA-AA---GA-A-C-CA... 8888  
 -GCA---T-CCAT-G-AC-T-TC-C---T-CCTC---A-TT-AG---C-TCAAC-G-T---GTATC---AT-AC--A-G-ATGG-AGGC-AA-AA---GA-A-C-CA... 9803  
 TGCA---CCAT-G-AC-T-TC-C---C-CCTC---A-TT-A---C-TCAAC-AG-T---G---GTATC---AT-AC--A-G-ATGG-AGGC-AA-G-AA---A-A-C-CA... 9785  
 TTCA---CCAT-G-AC-T-TC-C---T-CCTC---G-TT-A---C-TCAAC-G-C---G---GTATC---AA-C--AA-G-ATGG-AGGC-AA-G-AA---A-A-C-CA... 9775  
 TTCA---CCAT-G-AC-T-TC-C---T-CCTC---G-TT-A---C-TCAAC-GC---G---GTATC---AA-C--AA-G-ATGG-AGGC-AA-G-AA---A-A-C-CA... 9802  
 T---GA---G---GA---A-AT-G---G---G---T-TGAC---A-A-G-TCA-ACTG-T---T-T---A-C--A---AG---G---G---T-G---9363  
 -TGCGA---G-AC---CCT-T---T-CT---A-T-GC---C-T---A-AG-G---G-T---T---AG-G---G---C-CAGTA-A-AA---9371  
 T---C-A---G-AAC---T---GA-A-T-TG-AT---T---C---T-CA---C-T---TT-G---G---AGCAG---A-GG-T-AC-GAAGA-G-CA-C---9307  
 -----C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-A-----9848  
 -----G-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-A-----9846  
 -----G-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-A-----9829  
 -----T-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-A-----9340  
 -----T-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-A-----9322  
 -----T-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-A-----9325  
 T-T-TA---A---G---CT-G---C---CAAT---T-T-AC---TCA-A---T---TTC---G---T---AG-A---T-G-A---8991  
 -AT---T-A---G---GC---T-AA-A-T---C---A---T---A---T---AG---T---A---AG---T---A---8904  
 TA-AT-AG-T-A---ACC---C---A---T-TGT-A-T---C---T---A---GC---GT-G---T---GAG---T---G-TAAC-AGCCAAAA-CGC-G-A-AAGA 8918  
 T-CATTCA---A---C---C---A---TCAC---A---A---A---T---A---GC---GT-G---T---GAG---T---G-TAAC-AGCCAAAA-CGC-G-A-AAGA 9299  
 T---C---A---AAG---C---C-AT---T---A---A---T---A---A---T---TGC---T---CAG---T---A---A---9141  
 -A---A---AAG---C---C-AT---T---A---A---T---A---A---T---TGC---T---CAG---T---A---A---9105  
 T---C---AAG---T---G---AA---A---G---T---A---C---T---TG-T---T---A---A-AG-A---T---A---9143  
 T---C---T---G---T---CAG---A---AC---T---T---A---C---T---AG---T---A---A---A---T---A---9122  
 T---C---AT-G---GAGT-A-T-T-AC---A---T---A---GAGC---T---T---T---G---G---A---T---A---9130  
 T---C---AC---G---T---CAG---A---T---GA---C---T---A---C---T---T---T---T---AG---T---A---9139  
 T---C---A---G---T---CAA---A---AA---T---A---A---C---T---TGC---T---C---T---A---T---9115  
 -A-A---G---T---AACCC-G---A---A---TC-T-GC---A---TCA---A---G---T---G-GC---G---AG-A---T---A---9122  
 SMM.US.04.M940 T---G---A---G---CAA---T---A---C---T---A---C---G---T---T---T---C---AG---T---A---A---9174  
 SMM.US.04.M946 T---C---A---G---CAA---T---A---C---T---A---C---G---T---T---T---C---AG---T---A---A---9143  
 SMM.US.04.M947 -A---C---T---AACCC-G-T---A---A---TC-T-GC---A---TCA---A---G---G---T---T---TT---AG---T---A---9127  
 SMM.US.04.M949 T---G---T---AACCC-G-T---A---A---TC-T-GC---A---TCA---A---G---G---T---T---TT---AG---T---A---9108  
 SMM.US.04.M950 T---C---A---G---T---CGC---T---G---T---A---A---C---T---TGC---T---C---T---A---A---9130  
 SMM.US.04.M951 T---G---T---AACCC-G---A---A---TC-T-AC---A---TCA---A---G---G---T---G-GC---G---AG---T---A---9129  
 SMM.US.04.M952 T---C---A---G---CAG---T---G---T---A---A---G---G---T---T---G---C---T---A---A---9119  
 SMM.US.05.D215 A---A---A---A---A---A---G---C---T---T-AC---T---A---A---A---A---T---T---C---G-C---T---A---9114  
 SMM.US.06.FTQ T---A---G---A---CT-G---A---C---C---T---T-C---A---A---AG---T---GGA---T---AG---T---A---9133  
 SMM.US.11.SIVsmE660\_FL10 T---C---A---A---G---GAAT-A-T-T-GC-A---T---A---AG---T---T---T---A---AG---T---A---9857  
 SMM.US.86.CFU212 T---A---C---A---G---AT-A-T-T-C-C---T---A---AG---T---T---T---A---AG---T---A---ATG-CTGA 9115  
 SMM.US.x.F236.H4 T---C---A---G---GAAT-A-T-T-GC-A---T---A---AG---T---T---T---A---AG---T---A---9812  
 SMM.US.x.H9 T---C---A---G---RAGT-A-T-TRAC-A---T---GAGC---T---TC---T---A---AG---T---A---9331  
 SMM.US.x.PBJA T---C---A---G---AGT-A-T-T-AC-A---T---GAGC---T---TC---T---A---AG---T---A---9633  
 SMM.US.x.PGM53 T---C---A---G---CAG---A---T---GA---T---TCA---C---C---T---T---A---AG---T---A---9785  
 SMM.US.x.SME543 T---C---A---G---GAAT-A-T-T-GC-A---T---A---AG---T---T---T---T---A---AG---T---A---9870  
 SMM.US.x.pE660.CG7G T---C---A---G---GAAT-A-T-T-GC-A---T---A---AG---T---T---T---A---AG---T---A---9853  
 STM.US.89.STM\_37\_16 T---A---G---TT---A---CTAT-A---C-T---C-T---C---A---GAG---T---C-A---A---G---9502

	Nef end	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	TATA box
MAC.US.x.239	ACAAGAAGGAACTCGCTGA	AAACA..GCAGGGACTTTCACAAGGGG..ATGTTACG..GGGAGTACTGGGAGGAGCCGGTCGGGAACGCC..ACTTCTTGATGT		9949
Nef	D K K E T R *			
A.CI.88.UC2	...GAA-A-...CAGGAAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...AAGAAATAGCTG-G-CT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-A-AC-...9983			
A.DE.x.BEN	...GAA-A-...CAGGAAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...AAGAAACAGCTG-GGCT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-A-AC-...10029			
A.DE.x.PE12 KR KRCC	...A-T-A-...AGACAGGAACAGCTATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGAT...GAA-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...A-...T-A-A-AC-...9964			
A.GH.x.GH1	...A-T-A-...CAACAGGAACAGCTATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAGAAACAGCTGAGGCTGAGCT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-A-AC-...9451			
A.GM.87.D194	...G-AA-A-...CAGGAAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...AAGAAACAGCTG-G-CT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-AT-CTC-...9442			
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	...A-T-A-...AAACAGGAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAAAAACAGCTG-G-CT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-A-TC-...9427			
A.GM.x.MCN13	...A-T-AG-...AGACAGGAACAGCTATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAAAAACAGCTG-G-CT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-A-TC-...9466			
A.GW.86.FG clone NIHZ	...A-T-A-...AAACAGGAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAGAAACAGCTG-G-CT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...TT-A-A-TC-...9224			
A.GW.87.CAM2CG	...A-T-A-...GGGCAGGAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAAAAACAGCTG-G-CT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-A-TC-...10042			
A.GW.x.MDS	...AA-A-...GAGACAGGAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAAAAACAGCTG-G-CT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-AT-CTC-...9465			
A.IN.07.NNVA	...AAT-A-...AGGAGACAGGAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAAAAACAGCTG-G-CT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-ATC-TC-...10014			
A.IN.95.CR1K 147	...A-A-...GAGACAGGAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAAAAACAGCTG-G-CT-...G-T-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-ATC-TC-...9521			
A.JP.08.NMC786 clone 41	...AA-A-...CAACAGGAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAAAAACAGCTG-G-CT-...G-T-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-A-AC-...10009			
A.PT.x.ALI	...G-C-...A-...AGACAGGAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAAAAACAGCTG-G-CT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-A-C-TC-...10024			
A.SN.85.ROD	...A-T-A-...AGACAGGAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAAAAACAGCTG-G-CT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-AT-CTC-...9465			
A.SN.86.ST.JSP4_27	...A-A-...AAACAGGAACAACATACTTGGTCAAGGCAGGAAGTAGTACT...GAAAAACAGCTG-G-CT-...G-...C-A-A-CAA-...G-AT-...T-G-...T-A-A-TC-...9468			
B.CI.88.UC1	...GA-AG-...GCAAGAGACAGCAGCATAAAGCAGGAAGTAGCTGACACTGCCAAGAGGGA..AACTAGCTG-CC-...A-A-...C-A-A-A-T-...G-AT-...TT-T-...T-AAA-CTC-...9944			
B.CI.x.20.56	...GAT-AG-...GCAGGAACAACAGCAGCTTAAAGGAGGAAGTAGCTGACAGTGCCATAAAGCAGG..AACTAGCTG-CT-...AT-...CA-A-A-A-...A-AT-...T-G-...T-AAA-CTC-...9908			
B.CI.x.EHO	...GAG-AG-...ACAGGAATAAAGCAGCAAAAGGAGGAAGTAGCTAACACTGCATAGAGAAAGAACTAGCTG-T-CT-...G-...C-A-A-AGT-...G-AT-...A-...GA-...TCAAGACTC-...9919			
B.GH.86.D205 ALT	...GAT-AG-...GCAAGAGACAGCAGCATAAAGCAGGAAGTAGCTGACACTGCCAAGAGGGA..AACTAGCAG-CT-...A-A-...C-A-A-A-T-...AG-AA-...G-TT-T-...T-AAA-CTC-...9948			
B.JP.01.IMCJ.KR020_1	...GAT-AG-...GCAGGAATAAAGCAGCTTAAAGGAGGAAGTAGCTGACAGTGCCATAAAGAAAG..AACTAGCTG-CT-...GAG-...CA-A-A-A-...A-AT-...T-G-...T-AAA-CTC-...9049			
G.CI.92.Abt96	...GAA-A-...GCAGAAAGAGGCAAGCTGA...C-...GT-T-...C-A-A-AGG-AG-TACTAT-...GA-T-T-...T-...AAAA-CTC-...9377			
AB.CM.03.03CM.510_03	...GAT-AG-...ACAAGAGACAGCAGCATAAAGCAGGAAGTAGCTGACACTGCCAAGAGGGA..AACTAGCTG-CT-...AG-A-...C-A-A-T-...G-AT-...A-G-TT-T-...T-AAA-CTC-...9036			
H2_01.AB.JP.04.NMC307_20	...GAG-AG-...ACAGGAAGCAGCAGCATAAAGGAGGAAGTAGCTGACACTGCCAAGAGGGAAGAACTGGCTG-CT-...G-...C-A-A-AGT-...G-AT-...TT-G-...T-AAGCCTC-...9954			
H2_01.AB.JP.07.NMC716_01	...GAG-AG-...ACAGGAAGCAGCAGCATAAAGGAGGAAGTAGCTGACACTGCCAAGAGGGAAGAACTGGCTG-CT-...G-...C-A-A-AGT-...G-AT-...TT-G-...T-AAT-CTC-...9955			
H2_01.AB.JP.08.NMC842_10	...GAG-AG-...ACAGGAAGCAGCAGCATAAAGGAGGAAGTAGCTGACACTGCCAAGAGGGAAGAACTGGCTG-CT-...G-...C-A-A-AGT-...G-AT-...TT-G-...T-AAT-CTC-...9953			
U.CI.07.07IC.TMP3	...A-...GCTGAC..AGAAGAAACTAGCTG-GCTGA-...G-T-...C-A-A-AAG-...AT-T-...T-GA-...T-AAA-CTC-...9488			
U.FR.96.12034	...T-...CAGAAAGGAAACAAGCTGA...G-...C-A-...GA-G-AC-CA-GA-GAG-CA-G-...T-AAATGATC-...9478			
U.US.08.NWK08	...AAAG-A-...GATGGCGGACAGAAAGGAAACTAGCTGA...G-T-...AC-A-...GACGGG-AAT-T-AGACT-...C-G-GGTA-G-A-CGC-...T-A-TA-TC-...9426			
MAC.US.x.17EC1	...A-A-...G-...A-...9949			
MAC.US.x.251.1A11	...G-...A-...9944			
MAC.US.x.251.32H.PJ5	...G-...A-...9947			
MAC.US.x.251.BK28	...G-...A-...9919			
MAC.US.x.MM142.IVMXX	...G-...A-...9441			
MNE.US.82.MNE.8	...G-...A-...9423			
MNE.US.x.MNE027	...G-...A-...9426			
SMM.CI.79.SIVsmCI2	...A-A-...G-...G-CG-...-G-G-AGT-...AT-AA-...G-T-G-...T-A-AA-CTC-...9093			
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	...A-...G-...C-A-A-T-...T-...T-G-...T-CT-CT-...9006			
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	...GC-AC-T-GCG-AGAAGA-GGAAGCTAGCTAA-...G-...A-...C-A-A-T-...A-AT-...G-T-G-...T-AAA-CTC-...9033			
SMM.SL.92.SL92B	...TGGC-G-TA-G-AGGAAC-AGCTGA-...G-...AG-...A-AA-...AGTCT-...C-G-GG-AA-...CTAAACT-...TA-...9407			
SMM.US.04.G078	...GGA-G-ACA-...A-...9121			
SMM.US.04.G932	...AA-...A-...9159			
SMM.US.04.M919	...AA-...A-...9138			
SMM.US.04.M922	...AA-...A-...9146			
SMM.US.04.M923	...AA-...A-...9131			
SMM.US.04.M926	...AA-...A-...9138			
SMM.US.04.M934	...G-...A-...9202			
SMM.US.04.M935	...AA-...A-...9159			
SMM.US.04.M940	...A-G-ACA-...GAAACAAG-...G-A-...CAG-...9143			
SMM.US.04.M946	...G-AA-...A-...9133			
SMM.US.04.M947	...AA-...A-...9146			
SMM.US.04.M949	...GGA-G-ACA-...G-...A-...CAG-...9155			
SMM.US.04.M950	...GA-G-ACA-A-...G-...9135			
SMM.US.04.M951	...AA-...A-...9128			
SMM.US.04.M952	...GG-A-CAG-...A-...9149			
SMM.US.05.D215	...A-...A-...9957			
SMM.US.06.FTQ	...AA-...A-...9130			
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	...CA-GA-G-A-C-AG-...G-...C-C-T-...T-CT-...AT-CTC-...9911			
SMM.US.86.CFU212	...AA-...A-...9432			
SMM.US.x.F236_H4	...AA-...AG-...G-...A-G-...C-C-T-...T-CT-...AT-CTC-...9432			
SMM.US.x.H9	...A-AA-A-...GACAGC-AGGGACTTCCACAAA-...G-...G-...A-G-...GATGCTACG-...T-CT-...G-AT-CTC-...9756			
SMM.US.x.PBJA	...AA-...A-...GACAGC-AGGGACTTCCACAAA-...G-...A-G-...GATGCTACG-...T-CT-...AT-CTC-...9886			
SMM.US.x.PGM53	...AA-...A-...GACAGC-AGGGACTTCCACAAA-...G-...A-G-...GATGCTACG-...T-CT-...AT-CTC-...9984			
SMM.US.x.SME543	...G-...AA-...GACAGC-AGGGACTTCCACAAA-...G-...C-C-T-...T-CT-...AT-CTC-...9953			
SMM.US.x.pE660.CG7G	...AA-...A-...G-...C-A-A-A-G-...AG-A-CTG-TG-...TT-A-A-TC-...9603			
STM.US.89.STM_37_16	...AA-...A-...G-...C-A-A-A-G-...AG-A-CTG-TG-...TT-A-A-TC-...9603			

	TATA box	3' LTR U3 end	TAR element start 5' LTR repeat start	TAR element end	
MAC.US.x.239	ATAAATATC	ACTGCATTT	CGCTCTGTA	TTTCAGTCGCTT	CGGGAGAGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGACGCTGGGTCTCCCTGCTAGACTCTCA
A.CI.88.UC2	-----G	ACC-GCT	-CC--A	-----T	-C-----C-----C-----TG--C-----CA-----C-G-----
A.DE.x.BEN	-----G	ACC-GCT	-C-T--AT	-----C	-----A-----G-----G-----T-----A-----C-G-----
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-----G	ACC-GCT	-GC--AT	-----C	-----T-----A-----C-G-----
A.GH.x.GH1	-----G	ACT-GCT	-C-TA--AT	-----	-----
A.GM.87.D194	-----G	ACC-GCT	-C-T--AT	-----	-----G-----TG-----C-----C-G-----
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-----G	ACC-GCT	-GC--AT	-----	-----G-----TG-----C-----C-G-----
A.GM.x.MCN13	-----G	ACC-GCT	-GC-T--AT	-----C	-----G-----TG-----CA-----C-G-----
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-----G	ACC-GCT	-GC-T--AT	-----C	-----TG-----C-----C-G-----
A.GW.87.CAM2CG	-----G	ACC-GCT	-GC-T--AT	-----C	-----TG-----CA-----C-G-----
A.GW.x.MDS	-----G	ACC-GCT	-GC-T--AT	-----C	-----TG-----C-----C-G-----
A.IN.87.NNVA	-----G	ACC-GCT	-GC-T--AT	-----C	-----AG-----CT-----T-----A-----TG-----C-----C-G-----
A.IN.95.CR1K_147	-----G	ACC-GCT	-T--AT	-----C	-----G-----TG-----CA-----C-G-----
A.JP.08.NMC786_clone_41	-----G	ACC-GCT	-C-T--AT	-----C	-----A-----G-----T-----A-----C-G-----
A.PT.x.ALI	-----G	ACC-GCT	-GC-T--AT	-----	-----TG-----CA-----C-G-----
A.SN.85.R0D	-----G	ACC-GCT	-GC-T--AT	-----C	-----G-----TG-----CA-----C-G-----
A.SN.86.ST_JSP4_27	-----G	ACC-GCT	-AC--AT	-----	-----TG-----CA-----C-G-----
B.CI.88.UC1	-----G	ACC-GCT	-C-T--AT	-----C	-----G-----TG-----CA-----C-G-----
B.CI.x.20_56	-----G	ACC-GCT	-CT--AT	-----AC	-----C-----A-----C-G-----
B.CI.x.EH0	-----G	ACC-GCT	-GT--AT	-----C	-----C-----A-----C-G-----
B.GH.86.D205_ALT	-----G	ACC-GCT	-C--AT	-----C	-----A-----A-----T-----C-G-----
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-----G	ACC-GCT	-CTA--AT	-----AC	-----C-----C-----G-----
G.CI.92.Abt96	-----	AGCTGCA	-----	-----C	-----C-G-----
AB.CM.03.03CM_510_03	-----G	ACC-GCT	-C-T--AT	-----AC	-----C-G-----
H2_01_AB.CI.90.7312A	-----G	ACC-GCT	-C-T--AT	-----	-----C-G-----
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-----G	ACC-GCT	-C-T--AT	-----	-----C-G-----
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-----G	ACC-GCT	-C-T--AT	-----	-----G-----A-----C-G-----
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-----G	ACC-GCT	-C-T--AT	-----	-----G-----A-----C-G-----
U.CI.07.07IC_TNP3	-----	CAAC-GCT	-C-T--AT	-----	-----AA-G-----
U.FR.96.12034	-----G	ACC-GCT	-C-T--AT	-----	-----AA-G-----
U.US.08.NWK08	-----T	ACC-GCT	-GCT--	-----A-----AC-----	-----
MAC.US.x.17EC1	-----	ACTGCA	-----	-----	-----
MAC.US.x.251_1A11	-----	ACTGCA	--T--A	-----G	-----
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----	ACTGCA	-----	-----	-----
MAC.US.x.251_BK28	-----	ACTGCA	-----	-----	-----A-----G-----
MAC.US.x.MM142_IVMXX	-----	ACTGCA	-----	-----	-----A-----G-----
MNE.US.02.MNE_8	-----	-----	-----	-----	-----T-----G-----
MNE.US.x.MNE627	-----	-----	-----	-----	-----T-----G-----
SMM.CI.79_SIVsmCI2	-----	AAGC	---T--G-A-G-A-T-C	-----	-----
SMM.LR.89_SIVsmLIB1	-----	AACC-GCT	-ACT	-----A-T-----G-----	-----G-----G-----
SMM.SL.92_SIVsmSL92A	-----	A-C-A-T	-GCACTGTAT	-----	-----
SMM.SL.92_SL92B	-----	ACC-GCTT	-GC	-----A-----C-----A-----C-A-----G-----TAGTA-GT-----T-A--A--A--ACA--AT--T--C-G-----	
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.M939	-----	-----	-----	-----	-----
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.F10	-----	-----	-----	-----	-----
SMM.US.11_SIVsmE660_FL10	-----	A	-----	-----	-----G-----
SMM.US.86_CFU212	-----	CA	-----	-----	-----G-----
SMM.US.x.F236_H4	-----	CA	-----	-----	-----G-----
SMM.US.x.H9	-----	CA	-----	-----	-----G-----RG-----
SMM.US.x.PBJA	-----	CA	-----	-----	-----G-----
SMM.US.x.PGMS3	-----	CA	-----	-----	-----G-----
SMM.US.x.SME543	-----	CA	-----	-----	-----G-----
SMM.US.x.pE660_CG7G	-----	A	-----	-----	-----G-----
STM.US.89.STM_37_16	-----	CA	--C--T-A-A	-----A-----	-----T-----G-----

Poly-A signal 3' LTR R repeat end 3' LTR U5 start 3' LTR U5 end

CTTA..AAGCCCTTCAATAAA.GCTGCCATTTTAGAAGTAAGCT.AGTGTGTGTTCATCTCTCTAGCCGCGCCTGGTCAACTCGTACTCAATAA..TAAGAAGACCCTGGTCTGTAGGACCCCTTCTGCTTTGGGAAA.CCGAAGCAGGAAATCCCTAGCA10279

MAC.US.x.239	.....A.....A.....C.....T.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10312
A.CI.88.UC2	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10359
A.DE.x.BEN	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10172
A.DE.x.PE12_KR_KRCC	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9480
A.GH.x.GH1	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9472
A.GW.87.D194	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9636
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9713
A.GM.x.MCN13	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9431
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10372
A.GW.87.CAM2CG	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9525
A.GW.x.MDS	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10336
A.IN.07.NVVA	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9851
A.IN.95.CR1K_147	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10301
A.JP.08.NMC786_clone_41	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10353
A.PT.x.ALI	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9671
A.SN.85.ROD	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9672
A.SN.86.ST_JSP4_27	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10271
B.CI.88.UC1	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10235
B.CI.x.20_56	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10242
B.CI.x.EH0	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10269
B.GH.86.D205_ALT	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9339
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9599
G.CI.92.Abt96	.....CA.....C.....A.....AA.....AA.....GT.....	9089
AB.CM.03.03CM_510_03	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10282
H2_01_AB.CI.90.7312A	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10222
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10213
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10240
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9540
U.CI.07.07IC_TNP3	.....U.....T.....	9607
U.FR.96.12034	.....U.....T.....	9480
U.US.08.NWK08	.....U.....T.....	10279
MAC.US.x.17EC1	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10274
MAC.US.x.251_1A11	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10277
MAC.US.x.251_32H_PJ5	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10249
MAC.US.x.251_BK28	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9646
MAC.US.x.MMI42_IVMXX	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9628
MNE.US.02.MNE_8	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9664
MNE.US.x.MNE027	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9147
SMM.CI.79.SIVsmCI2	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9224
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9086
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9613
SMM.SL.92.SL92B	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9157
SMM.US.04.G078	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9121
SMM.US.04.G932	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9159
SMM.US.04.M919	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9138
SMM.US.04.M922	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9146
SMM.US.04.M923	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9155
SMM.US.04.M926	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9131
SMM.US.04.M934	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9138
SMM.US.04.M938	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9202
SMM.US.04.M940	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9159
SMM.US.04.M946	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9143
SMM.US.04.M947	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9135
SMM.US.04.M949	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9146
SMM.US.04.M950	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9155
SMM.US.04.M951	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9135
SMM.US.04.M952	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9128
SMM.US.05.D215	.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....C.....TC.....	9149
SMM.US.06.FT0	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10287
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9130
SMM.US.86.FU212	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10241
SMM.US.x.F236_H4	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9638
SMM.US.x.H9	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9996
SMM.US.x.PBJA	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10184
SMM.US.x.PGM53	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10315
SMM.US.x.SME543	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	10283
SMM.US.x.pE660.CG7G	.....A.....G.....C.....T.....A.....T.....GT.....TCTGAG.....C.....C.....T.....A.....G.....	9892
STM.US.89.STM_37_16	.....T.....T.....AT.....A.....G.....T.....T.....	