

VI

HIV-2/SIV Proteins

Contents

VI-1	Introduction	375
VI-2	Annotated features	376
VI-3	Sequences	377
VI-4	Alignments	382
VI-4.1	Gag	382
VI-4.2	Pol	386
VI-4.3	Vif	393
VI-4.4	Vpx	395
VI-4.5	Vpr	396
VI-4.6	Tat	397
VI-4.7	Rev	398
VI-4.8	Env	400
VI-4.9	Nef	406

VI-1 Introduction

The number of HIV-2 and SIV sequences is growing much more slowly than for HIV-1, particularly for complete or near-complete genomes. In selecting the set of sequences to present here, we eliminated some sequences derived from the same sample, patient, or isolate. We further omitted a few that were very closely related.

In addition to the proteins from the full genome alignment, we have included additional gene-length fragments available for each protein. There are many additional gene-length sequences included for Nef and Vif, and a few for the other genes. The differing numbers of sequences in each protein alignment represent the differing availability of gene-length HIV-2 sequences.

In these alignments, as in the database, we label sequences according to their native host. Thus, transfers of SIVsmm into humans have produced HIV-2 groups A through G. Unintentional transfers of SIVsmm into captive macaques are named according to the receptive host (Rhesus macaques = mac, Stump-tailed macaques = stm, and Pig-tailed macaques = mne). However, intentional, experimental cross-species transfers of virus remain labeled as being from the original host (e.g., HIV-1 injected into a chimpanzee is labeled HIV-1, not SIVcpz; and SIVsmm injected into a Rhesus macaque is labeled SIVsmm, not SIVmac).

VI-2 Annotated features

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

Feature	Protein	Location	Page
Gag p15 start	Gag	1	382
p15 end	Gag	135	382
p27 start	Gag	136	382
p27 end	Gag	364	384
p2 start	Gag	365	384
p2 end	Gag	381	384
p8 start	Gag	382	384
p8 end	Gag	433	384
p1 start	Gag	434	384
p1 end	Gag	447	384
p6 start	Gag	448	384
PTAP motif	Gag	458-461	384
PSAP in HIV-2 B, U	Gag	476-479	384
p6 end	Gag	511	385
Gag end	Gag	511	385
Pol p15 start	Pol	1	386
p15 end	Pol	67	386
protease start	Pol	68	386
protease end	Pol	166	387
p51 RT start	Pol	167	387
D catalytic site	Pol	276	387
DD catalytic site	Pol	351	388
p51 RT end	Pol	605	389
p15 RNase H start	Pol	606	389
p15 RNase H end	Pol	725	390
p31 Integrase start	Pol	726	390
p31 Integrase end	Pol	1020	392
Pol end	Pol	1020	392
Vif start	Vif	1	393
Vif end	Vif	215	394
Vpx start	Vpx	1	395
Vpx end	Vpx	113	395
Vpr start	Vpr	1	396
Vpr end	Vpr	102	396
Tat start	Tat	1	397
exon 1 end	Tat	99	397
exon 2 start	Tat	100	397
Tat end	Tat	131	397
Rev start	Rev	1	398
exon 1 end	Rev	24	398
exon 2 start	Rev	25	398
Rev end	Rev	108	399
Env start	Env	1	400
signal peptide end	Env	22	400
gp120 start	Env	23	400
V1	Env	113-167	400
V2	Env	169-211	401
V3	Env	311-344	402

Feature	Protein	Location	Page
V3 tip	Env	328-334	402
V4	Env	402-432	402
V5	Env	472-477	403
gp120 end	Env	525	403
gp41 start	Env	526	403
Env end	Env	880	405
gp41 end	Env	880	405
Nef start	Nef	1	406
R17Y mutation	Nef	17	406
max HIV-1 similarity	Nef	153-182	406
premature stop in Mac239	Nef	93	406
normal Nef end	Nef	264	407

VI-3 Sequences

Sequences included in the HIV-2/SIV protein alignments.

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
MAC.US.x.239	M33262	All	Kestler, H.	<i>Science</i> 248 (4959):1109-1112 (1990)
A.CI.88.UC2	U38293	All	Barnett, S.W.	<i>Virology</i> 222 (1): 257-61 (1996)
A.DE.x.BEN	M30502	All	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> 177 (1):305-311 (1990)
A.DE.x.PEI2_KR_KRCG	U22047	All	Kraus, G.	<i>ARHR</i> 14 (1); 65-77 (1998)
A.GH.x.GH1	M30895	All	Hasegawa, A.	<i>ARHR</i> 5 (6):593-604 (1989)
A.GM.87.D194	J04542	All	Kuehnel, H.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2383-2387 (1989)
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	J04498	All	Franchini, G.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2433-2437 (1989)
A.GM.x.MCN13	AY509259	All	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	J03654	All	Zagury, J.F.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 85 (16):5941-5945 (1988)
A.GW.87.CAM2CG	D00835	All	Tristem, M.	<i>J Gen Virol</i> 72 (PT 3):721-724 (1991)
A.GW.x.MDS	Z48731	All	Becker, M.	Unpublished
A.IN.07.NNVA	EU980602	All	Gurjar, S.R.	<i>JAIDS</i> 52 (3); 329-35 (2009)
A.IN.95.CRIK_147	DQ307022	All	Santhosh, C.V.	<i>ARHR</i> 24 (10); 1315-7 (2008)
A.IN.x.NIM_8	DQ973520	Gag	Gurjar, R.S.	<i>ARHR</i> 25 (3); 363-72 (2009)
A.JP.08.NMC786_clone_41	AB731742	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
A.PT.x.ALI	AF082339	All	Reeves, J.D.	<i>J Virol</i> 73 (9); 7795-804 (1999)
A.SN.85.ROD	M15390	All	Clavel, F.	<i>Nature</i> 324 (6098):691-695 (1986)
A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	All	Kumar, P.	<i>J Virol</i> 64 (2):890-901 (1990)
B.CI.88.UC1	L07625	All	Barnett, S.W.	<i>J Virol</i> 67 (2):1006-1014 (1993)
B.CI.x.20_56	AB485670	All	Takekawa, N.	Unpublished
B.CI.x.EHO	U27200	All	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> 202 (1):471-476 (1994)
B.GH.86.D205_ALT	X61240	All	Dietrich, U.	<i>Nature</i> 342 (6252):948-950 (1989)
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	AB100245	All	Kusagawa, S.	<i>ARHR</i> 19 (11):1045-1049 (2003)
G.CI.92.Abt96	AF208027	All	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> 13 (5):401-404 (1997)
AB.CM.03.03CM_510_03	EU028345	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 24 (1):86-91 (2008)
H2_01_AB.CI.90.7312A	L36874	All	Gao, F.	Unpublished

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	AB731738	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	AB731740	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	AB731744	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
U.CI.07.07IC_TNP3	KC693505	All	Ayouba, A.	<i>AIDS</i> 27 (15):2488-2491 (2013)
U.FR.96.12034	AY530889	All	Damond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)
U.US.08.NWK08	KP890355	All	Bond, N.G.	Unpublished
MAC.US.x.17EC1	AY033233	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Anderson, M.G.	<i>Virology</i> 195 (2):616-626 (1993)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	All	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> 18 (3-4):311-9 (1989)
MAC.US.x.251_32H_PJ5	D01065	All	Rud, E.W.	(in) Brown, F, Chanock, RM and Ginsberg, HS(Eds); <i>VACCINES 92: MODERN APPROACHES TO NEW VACCINES INCLUDING PREVENTION OF AIDS: 229-235</i> ; Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York (1992)
MAC.US.x.251_BK28	M19499	All	Hirsch, V.	<i>Cell</i> 49 (3):307-319 (1987)
MAC.US.x.MM142_IVMXX	Y00277	All	Chakrabarti, L.	<i>Nature</i> 328 (6130):543-547 (1987)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
MNE.US.x.MNE027	U79412	All	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
SMM.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	JX860431	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	All	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.04.G078	JX860415	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.G932	JX860416	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M919	JX860417	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M922	JX860418	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M923	JX860419	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M926	JX860420	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M934	JX860421	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M935	JX860422	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M940	JX860423	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M946	JX860424	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M947	JX860425	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M949	JX860426	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M950	JX860427	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M951	JX860428	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M952	JX860429	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.05.D215	JX860413	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.06.FTq	JX860414	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	JQ864084	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Wu, F.	<i>J Virol</i> 86 (16); 8835-47 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.x.F236_H4	X14307	All	Hirsch, V.M.	<i>Nature</i> 339 (6223); 389-92 (1989)
SMM.US.x.H9	M80194	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PBJA	M31325	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Dewhurst, S.	<i>Nature</i> 345 (6276):636-640 (1990)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	All	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 72 (11):8841-8851 (1998)
SMM.US.x.SME543	U72748	All	Hirsch, V.	<i>J Virol</i> 71 (2):1608-1620 (1997)
SMM.US.x.pE660.CG7G	JX648292	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Lopker, M.J.	Unpublished
STM.US.89.STM_37_16	M83293	All	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> 186 (2):783-787 (1992)
A.FR.04.004011_CNA_vif	KP226315	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.04.012081_CNA_vif	KP226326	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.07.005010_CNA_vif	KP226317	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.08.013050_CNA_vif	KP226332	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.08.045009_CNA_vif	KP226354	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.08.052004_CNA_vif	KP226358	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.09.012102_CNA_vif	KP226329	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.008014_CNA_vif	KP226319	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.008017_CNA_vif	KP226320	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.008025_CNA_vif	KP226321	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.009041_CNA_vif	KP226323	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.012101_CNA_vif	KP226328	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.012106_CNA_vif	KP226330	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.542001_PNA_vif	KP226492	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.018023_PNA_vif	KP226487	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.018034_CNA_vif	KP226338	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.018040_CNA_vif	KP226340	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.018042_CNA_vif	KP226341	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.026013_CNA_vif	KP226345	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.031014_CNA_vif	KP226348	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.048012_CNA_vif	KP226356	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.052009_CNA_vif	KP226359	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.542012_CNA_vif	KP226364	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.PT.93.JAU1	L28935	Vif	Ribeiro, A.C.	<i>ARHR</i> 14 (5):465-469 (1998)
B.FR.00.045004_CNB_vif	KP226389	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.07.019017_PNB_vif	KP226499	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.07.034002_CNB_vif	KP226387	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.08.013017_PNB_vif	KP226495	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.10.519012_CNB_vif	KP226394	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.11.009042_CNB_vif	KP226370	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.11.013039_CNB_vif	KP226376	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.11.018004_CNB_vif	KP226381	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
A.SN.x.A2057	U81849	Vpx	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.SN.x.A640	U81845	Vpx	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.SN.x.A640	U81837	Vpr	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.US.93.7924A	U81835	Vpr	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.GM.90.CBL24	AJ238995	Env	Vella, C.	<i>ARHR</i> 15 (15); 1399-402 (1999)
A.GW.06.CA65319_7	JN863893	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.06.CA65330_5	JN863894	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.06.CA65409_14	JN863896	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.x.CA7205_8	JN863897	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.x.CA7253	JN863898	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.x.CAM1	U05359	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM3	U05355	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM5	U05357	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.PT.92.93PTHDESC_13	JX219596	Env	Rocha, C.	<i>Retrovirology</i> 2013 Oct 24;10:110 doi: 101186/1742-4690-10-110
A.PT.98.98PTHDECT_13	GU983928	Env	Rocha, C.	<i>Retrovirology</i> 2013 Oct 24;10:110 doi: 101186/1742-4690-10-110
B.x.06.8704A_06_01	JX235884	Env	Kong, R.	<i>J Virol</i> 86 (2); 947-60 (2012)
SMM.US.06.FBr_304wpi	KF478007	Env	Schmokel, J.	<i>Cell Rep</i> 5 (4):997-1009 (2013)
A.CI.x.IC763124	U76641	Nef	Switzer, W.M.	<i>J Infect Dis</i> 177 (1):65-71 (1998)
A.ES.x.S1084	U76642	Nef	Switzer, W.M.	<i>J Infect Dis</i> 177 (1):65-71 (1998)
A.PT.x.1096	AJ344398	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1139	AJ344392	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1147	AJ344390	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1148	AJ344377	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1215	AJ344393	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1227	AJ344391	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1268a	AJ344395	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1320	AJ344394	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1378	AJ344414	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.138	AJ344378	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1428	AJ344408	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1543	AJ344405	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1544	AJ344407	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1567	AJ344409	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
A.PT.x.268	AJ344410	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.293a	AJ344399	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.293b	AJ344400	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.427d	AJ344415	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.483	AJ344401	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.511	AJ344402	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.546	AJ344403	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.741	AJ344384	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.794	AJ344388	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.956	AJ344369	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.B1_1	AJ344406	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.EP	AJ344387	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.LF3	AJ344383	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.MP2	AJ344386	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.P1	AJ344381	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
B.Cl.x.IC762993	U76639	Nef	Switzer, W.M.	<i>J Infect Dis</i> 177 (1):65-71 (1998)

	Gag p15 start		p15 end_p27 start	
MAC.US.x.239	MGVNRNSVLSGKKADELEKIRLRPNKGGKMYLKHVVWAAANELDRFLGAEISLLENKEGCQKILSVLAPLVPTGSENLKSLYNTVCVCIWIIHAEKVKHTEEAQIVQRHLVVEVETGTTETMPKTSRPTAPSSGRGGNYPVQQ	IGGNYVHLPLSPRTLNAWVKLIEEKFGAE	169	
A.CI.88.UC2	-A---R-----G---R---I-----R--N--S-----T--D-----F-----L-----D-----KL---A---A-K-N-----P-K-F---A---V-----V-----		169	
A.DE.x.BEN	-A---R-----V---G---R---I-----K-----S-----R--D-----F-----L-----D-----KLA---A---A-K-N-----P-KR---A---V-----V-----		169	
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-A-S---R---V-----G---R---I-----GK-----S-----IT--D-----F-----L-----D-----G-----A---A-K-S-----A---P-----A---S-V-----V-----		169	
A.GH.x.GH1	-A---R-----V---S---R---I-----K-----S-----T--D-----F-----L-----D-----KL---GA---A-K-N-----P-K-F---A---I-V-----V-D-----		170	
A.GM.87.D194	-A---R-----V---G---R---I-----K-----S-----K-E-----F-----L-----D-----KLA---A---A-K-N-----P-K-F---A---I-V-----V-----		169	
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-AK--R-----G---R---I-----T-----S-----I--E-----F-----T-----L-----D-----R--G---A---E-A-K-N-----P-K-F---V-----V-----		169	
A.GM.x.MCN13	-A---K-----T---G---R---I-----S-----R--T-G-----F-----D-----G-----AA---A-K-N-----P-K-F---V---T-V---G-----V-----		169	
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-A---R-----V---G---K---I-----S-----T--D-----F-----D-----G-----A---A-K-N-----P-K-F---VA---T-I---G-----V-----		167	
A.GW.87_CAM2CG	-A---R-----V---G---K---I-----S-----R--K-D-----F-----D-----R-AL---AA---A-K-N-----P-K---S---T-V-----V-----		169	
A.GW.x.MDS	-A-S---R---V---G---R---I-----S-----T--D-----F-----F-----D-----KFAR---A---A-K-N-----P-KR---N---T-V-----V-----		169	
A.IN.07.NNVA	-AK--R-----R---RV-----T-----S-----T--D-----F-----F-----D-----KL---A---A-K-N-----P-EG---F---R---A---I-V-----V-----		169	
A.IN.95.CR1K_147	-AKS--R-----R---G---R-----K--T-----S-----T--D-----F-----D-----K---A---A-K-N-----P-G-F---H---T-V-----V-----		169	
A.IN.x.NIM_8	-A---R-----R---G---R-----S-----T--D-----S-----R-----F-----D-----K---A---A-K-N-----P-KA-F---S---S-V-----V-----		169	
A.JP.08.NMC786_clone_41	-A---R-----R---G---K---I-----S-----R--T-N-I-----F-----L-----D-----KL---A---A-K-E-----P-K-F---V---V-----V-----		169	
A.PT.x.ALI1	-A---R-----R---G---Q---I-----S-----R--K-E-----F-----V---V-----D-----G-----T---AA-IE-A-K-S-----P-EQ---F---VA---T-V---D-----V-----		169	
A.SN.85.ROD	-A---R-----R---G---R---I-----K-----S-----T--D-----F-----V---V-----D-----G-----R---A---A-K-S-----EK---H-V---T-I-----V-----		169	
A.SN.86.ST_JSP4_27	-A---R-----R---G---R---I-----S-----T--D-----F-----D-----A-D---K---A---K-S-----P-N---F---VA---T-V-----V-----		169	
B.CI.88.UC1	-A-S---T---V---G---R-C-II-V-----S-----H--T-----F-----Y-L-----D-----K-A---AAD---K-A-----P-----A---M-----V-----		164	
B.CI.x.20_56	-A-G---T---V---G---C---H---V---Y---T---S-Q-H---T---M-----F-----Y-L-----D-----KLA-S-AAK---K-A-----P-----A---V-----V-D-----		164	
B.CI.x.EHO	-A-G---T---V---G---R---I---V---E---R-GS---R-RK-G-----F-----F-L-----D-----K-A---AAD---K-AM-K-SK-T---RLA---A---S-----V-----		164	
B.GH.86.D205_ALT	-A-G---T---V---G---C---I---V---Y-----S-----H--T---E-----F-----I---F-L-----D-----K-A---AAD---K-A-NK-----P-----LA-----V-----		164	
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-A-G---T---V---G---C---I---V---Y-----S-----H--T---E-----F-----Y-L---V---D---K-A-S-AAN---KA-A-K-P-----P---R---VA---T-----V-----		164	
G.CI.92.Abt96	-A-S---T---V---G-----S-----L-Q-----V-----KV-A-I-P-----V-----V-----		169	
AB.CM.03.03CM_510_03	-A-S---T---V---G---R---I---V-----T---S-----K-----F-----F-L-----D-----K-A---A-DA---K-TA-NK-----P-----A---V-----V-----		163	
H2_01_AB.CI.90.7312A	-A-G---T---V---G-----N-----S-----T---M-----F-----L-K-D-----KLA-S-D---KT-TADK-A-T---R-S---VA---V-----L-----		164	
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-A-G---T---V---G-----I-----T-----TA---M---V-----F-----L-K-D-----KLA-S-AAA---KA-T---ADKPAATSS---VA---V-----V-----		164	
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-A-G---ET---V---G---R---I-----T-----TA---M---V-----F-----L-K-D-----KLA-S-AAA---KA-A---ADKPAATSS---VA---V-----V-----		164	
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-A-G---T---V---G---R---II-----T-----TA---M---V-----F-----L-K-D-----KLA-S-AAA---KT-TPTADKPAATSS---VA---V-----V-----		164	
U.CI.07.07IC_TNP3	-A-H---T---V-----R-----S-----T-----L-----L-----ADK-A-A-----P---R-----V-----V-----		169	
U.FR.96.12034	-A-#---V---V-----A-----Q---R-E-T-M-----V---L-----L-----A-E-A-K-A-X-P-GR-----V---A-----V-----		168	
U.US.08.NWK08	-A-Y---V---V---G-----II--K-----D---Q---R-E-T-M-----V---L-----L-----A-K-A-KI-AK-----P-----V-----V-----		167	
MAC.US.x.17EC1	-A-----A-----I-----		169	
MAC.US.x.251_1A11	-A-----A-----		169	
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-A-----A-----		169	
MAC.US.x.251_BK28	-A-----A-----M-----A-----F-----T-----		169	
MAC.US.x.MM142_IVMXX	-A-----A-----		169	
MNE.US.82.MNE_8	-A-----G-----D-----A-----A-----A-----KR-----V---T-----		169	
MNE.US.x.MNE027	-A-----G-----D-----A-----A-----A-----KR-----V---T-----		169	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-A-----V---G---L-----D---S---H-----F-----ADK-A-----PG-K-----V---T-----		169	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-A-----Q---V---R-----D---D-----V-----ADK-A-----P-D-R-----M-----*---V-----		168	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-A-----V---G---R-----I-----R-----S-----R---A---V---M-----FS---V---L---M---D---R-KT-S---S---A-KL-AQ-----P---KR-----V---N---T-----		169	
SMM.SL.92.SL92B	-A-G---V---G---R---II---R---S-----S-----R---A---V---M-----FS---V---L---M---D---R-KT-S---S---A-KL-AQ-----P---KR-----V---N---T-----		167	
SMM.US.04.G078	-A-S---V---C---R-----T-----I-----L-----R-----ADK-T-----P-K-----V---T-----V---R-----		169	
SMM.US.04.G932	-A-H---V---G---R-----T---R-I---I-----L-----I---K-----ADK-I-----P-----V---T-----V-----		169	
SMM.US.04.M919	-A-----V---G-----T---R-I---I-----D-----I---K-----ADK-A-LV-----P-K-----V---T---S-----		169	
SMM.US.04.M922	-A-----V---G-----T---R-I---I-----D-----I---K-----ADK-A-----P-----V---T---S-----		169	
SMM.US.04.M923	-A-----V---G-----T---R-I---I-----D-----I---K-----ADK-A-----P-----V---T---S-----		169	
SMM.US.04.M926	-A-----#---V---R-----G---S-----R---IA-----L-----V-----P-----DNL-----T-----P-----V-----V-----		168	
SMM.US.04.M934	-A-----#---V---R-----G---S-----R---IA-----L-----V-----P-----DNL-----T-----P-----V-----V-----		168	
SMM.US.04.M935	-A-----V---R-----G---T---R---IA-----L-----V-----P-----ADK-A-----P-----V---T-----V-----		169	
SMM.US.04.M940	-A-S---V---R-----G---T---R---IA-----L-----V-----P-----ADK-A-----P-----V---T-----V-----		169	
SMM.US.04.M946	-A-S---V---R-----G---T---R---IA-----L-----V-----P-----ADK-A-----P-----V---T-----V-----		169	
SMM.US.04.M947	-A-----V---G-----T---R---N-----L-----V-----P-----ADK-A-----P-----V---T-----V-----		169	
SMM.US.04.M949	-A-S---V---G---R-----T---R---N-----L-----V-----P-----ADK-A-----P-----V---T-----V-----		169	
SMM.US.04.M950	-A-----T---V---G---R-----I-----T---R-----L-----V-----ADN-----P-----V---T-----V-----		169	
SMM.US.04.M951	-A-----V-K---G-R-R-----I-----T---R-----L-----V-----ADN-----P-----V---T-----V-----		169	
SMM.US.04.M952	-A-----T---V---G---R-----I-----T---D---R-----L-----R---V-----ADN-----P-----V---T-----V-----		169	
SMM.US.05.D215	-A-C---T---V---G-----R---I-----L-----R---V-----E-AG---A-----P-MR-----V---I-Q-----V-----		169	
SMM.US.06.FTQ	-A-S---T---V---G-----D-----Q-----AD-A-----P-----AD-A-----P-----V-----V-----		169	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-A-S---T---V---G-----D-----X-----T-----ADK-A-----P-----ADK-A-----P-----V-----V-----		169	
SMM.US.86.CFU212	-A-S---E---V---G-----D-----X-----T-----ADK-A-----P-----ADP-S-----P-MK-----V-----V-----		169	
SMM.US.x.F236_H4	-A-----E---V---G-----D-----X-----T-----ADK-A-----P-----ADR-A-----P-----V-----V-----		169	
SMM.US.x.H9	-A-----G---R-Q---I-----T-----I-----A-----R-L-----ADK-A-----P-----V---T-----V-----		169	
SMM.US.x.PBJA	-A-----G---R-Q---I-----T-----I-----A-----R-L-----ADK-A-----P-----V---T-----V-----		169	
SMM.US.x.PGMS3	-A-----D-----I-----A-----ADK-I-----P-----V-----V-----		169	
SMM.US.x.SME543	-A-----D-----I-----A-----ADK-A-----P-----V-----V-----		169	
SMM.US.x.pE660_CG7G	-A-----D-----I-----ADK-A-----P-----V-----V-----		169	
STM.US.89.STM_37_16	-A-S-----V---G-----S-----IT-E-----F-----V-K-----ANK-A-----P-----V-----V-----		169	

	p27 end_p2 start	p2 end_p8 start	p8 end_p1 start	p1 end_p6 start	PTAP motif	PSAP in HIV-2 B, U							
MAC.US.x.239	GLGVNPTLEEMLTACQGGVGGQKARLMAEALKEALAPVPIPFAAAQQR.....	GPRK.PIKWCNCKEGHSARQCRAPRRQGCWKCCKMDHVMKACPDRAQGLGLGPGWKKPRNFPMAQVHOGMLPTAPPE.....	DPAVDLLKNYMLQKQORE	482									
A.CI.88.UC2	-----T-P-----	-----R-T-R-----	-----K-----	-----PG-I-N-----	-----M-SR-----	-----V-AP-I-A-----	-----A-EK-L-Q-R-----	476					
A.DE.x.BEN	-----M-S-----	-----M-G-S-----	-----A-RY-----	-----PG-I-N-E-----	-----R-----	-----VT-AP-I-A-----	-----A-EK-L-Q-R-----	476					
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-----M-----	-----I-----	-----A-----	-----SG-N-E-----	-----I-----	-----VTR-P-T-A-----	-----A-EK-L-Q-R-----	476					
A.GH.x.GH1	-----M-----	-----T-P-----	-----R-----	-----V-R-----	-----T-----	-----VTR-APP-I-A-----	-----A-EK-L-Q-R-----	477					
A.GM.87.D194	-----M-----	-----T-A-----	-----R-A-R-----	-----SG-I-N-E-----	-----M-R-Q-----	-----A-AP-T-A-----	-----A-EK-L-Q-R-----	476					
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-----M-----	-----I-S-----	-----MR-A-----	-----SG-I-N-E-----	-----M-R-Q-----	-----VVPSS-T-M-----	-----E-EK-L-Q-R-----	475					
A.GM.x.MCN13	-----M-----	-----T-A-----	-----KR-T-----	-----PG-I-N-----	-----V-M-R-----	-----V-P-T-V-----	-----E-EK-L-Q-R-----	476					
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-----M-----	-----T-----	-----VM-A-----	-----TF-----	-----WS-----	-----SG-N-E-----	-----I-H-A-----	-----A-P-T-L-----	474				
A.GW.87_CAM2CG	-----M-----	-----M-G-P-----	-----R-T-----	-----PG-I-TN-----	-----I-----	-----V-P-T-L-----	-----E-EK-L-Q-R-----	476					
A.GW.x.MDS	-----M-----	-----G-----	-----MT-A-----	-----R-T-----	-----K-----	-----TG-I-N-----	-----M-R-----	-----V-IP-T-M-----	476				
A.IN.87.NNVA	-----M-----	-----M-G-T-----	-----V-----	-----T-R-----	-----K-----	-----TG-I-N-----	-----M-R-----	-----V-IP-T-M-----	476				
A.IN.95_CR1K_147	-----M-----	-----I-----	-----M-P-----	-----T-R-----	-----D-K-----	-----TG-N-E-----	-----IS-R-----	-----V-P-T-M-----	476				
A.IN.x.NIM_8	-----M-----	-----I-----	-----S-P-----	-----T-A-----	-----AF-----	-----TG-N-E-----	-----IS-R-----	-----V-P-T-M-----	476				
A.JP.88.NMC786_clone_41	-----M-----	-----MG-----	-----T-A-----	-----R-T-----	-----K-----	-----PG-L-N-E-----	-----VTR-P-T-A-----	-----E-A-EQ-L-Q-R-----	476				
A.PT.x.ALI	-----M-----	-----M-----	-----MT-A-----	-----R-T-----	-----AF-----	-----PG-I-TN-----	-----V-----	-----V-IP-T-I-----	476				
A.SW.85_ROD	-----M-----	-----I-----	-----M-A-----	-----R-T-----	-----AF-----	-----AG-I-N-E-----	-----V-IP-T-I-----	-----VE-EK-L-Q-R-----	476				
A.SN.86.ST_JSP4_27	-----M-----	-----I-----	-----T-A-----	-----K.A.A-----	-----KRGIVT-----	-----V-T-K-----	-----QG-I-S-E-----	-----T-P-VT-S-----	-----MDPAEGMTPRGATPSAPPA-----	EM-S-KM-R-----	493		
B.CI.88.UC1	-----M-----	-----I-----	-----T-A-----	-----K.A.A-----	-----KR-I-T-----	-----G-T-K-----	-----PG-SO-----	-----V-F-----	-----P-RVT-S-----	-----MDPTQDMTPQGATPSAPPA-----	EM-S-----	492	
B.CI.x.20_56	-----M-----	-----I-----	-----T-A-----	-----K.A.A-----	-----KR-TV-----	-----A-T-K-----	-----QQG-I-S-E-----	-----F-----	-----V-AP-IV-S-----	-----MMPAFGMTGATPSAPPA-----	EEM-----	491	
B.GH.86.D205_ALT	-----M-----	-----I-----	-----T-A-----	-----V.K.A-----	-----KRGIVT-----	-----A-T-K-----	-----TG-I-S-E-----	-----F-----	-----T-P-VT-S-----	-----MMPAEGMTPRGATPSAPPA-----	EM-S-M-R-----	493	
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-----M-----	-----I-----	-----T-P-L-----	-----V.A.A-----	-----KRGAVT-----	-----I-T-K-----	-----QG-I-S-E-----	-----F-----	-----V-AP-IL-S-----	-----MMPAENMTGQAMPAPPA-----	EM-D-R-----	493	
G.CI.92.Abt96	-----M-----	-----X-----	-----N-TAL-----	-----K-----	-----T-GKRST-----	-----TV-----	-----PG-I-E-----	-----F-----	-----T-P-T-S-M-----	-----M-----	-----R-----	481	
AB.CM.03.03CM_510_03	-----M-----	-----I-----	-----K-----	-----T-A-----	-----F.K.T-----	-----KRGIVT-----	-----G-T-K-----	-----QG-I-S-E-----	-----V-----	-----T-P-VT-S-----	-----MMPAEXMTGQVTPSAPPA-----	EM-S-M-----	492
H2_01_AB.CI.90_7312A	-----PH-----	-----I-----	-----I-----	-----T-A-----	-----K.A.A-----	-----RGTVT-----	-----G-T-K-----	-----PG-N-N-E-----	-----P-EV-S-----	-----MNTAEGKTHQGATPSAPPA-----	EM-S-----	493	
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-----PH-----	-----I-----	-----I-----	-----T-A-----	-----K.A.A-----	-----KRGFLT-----	-----G-T-----	-----TG-N-N-----	-----X-F-----	-----A-P-EV-S-----	-----MDIAESKTHQVTPSAPPA-----	EM-T-R-----	493
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-----PH-----	-----I-----	-----I-----	-----T-A-----	-----K.A.A-----	-----KRGFLT-----	-----V-T-K-----	-----TG-N-N-----	-----X-F-----	-----A-P-EV-S-----	-----MDIAESKTHQVTPSAPPA-----	EM-T-R-----	493
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-----PH-----	-----I-----	-----I-----	-----T-A-----	-----K.A.A-----	-----KRGFLT-----	-----V-T-K-----	-----TG-N-N-----	-----X-F-----	-----A-P-EV-S-----	-----MDIAESKTHQVTPSAPPA-----	EM-T-R-----	493
U.CI.07.07IC_TNP3	-----M-----	-----I-----	-----G-L-----	-----V-----	-----T-GK-SM-----	-----P-----	-----PG-I-E-----	-----F-----	-----T-IP-T-----	-----A-----	-----M-----	-----R-----	481
U.FR.96.12034	-----M-----	-----I-----	-----O-M-----	-----V-----	-----G-R-VR-----	-----T-K-----	-----E-PG-N-S-----	-----ETKV-----	-----E-----	-----AEPAVDLL.....TPTAPPA-----	-----S-Q-----	-----Q-----	493
U.US.08.NWK08	-----M-----	-----I-----	-----M-FNGS-----	-----V-M-GKQK-AS-----	-----T-R-F-----	-----P-T-N-----	-----K-----	-----EEG-MQ-N-NQR-----	-----E-----	-----R-MPE-T-S-----	-----D-----	-----AEM-EE-K-----	476
MAC.US.x.17EC1	-----M-----	-----I-----	-----K-----	-----T-A-----	-----F.K.T-----	-----KRGIVT-----	-----G-T-K-----	-----QG-I-S-E-----	-----V-----	-----T-P-VT-S-----	-----MMPAEXMTGQVTPSAPPA-----	EM-S-M-----	492
MAC.US.x.251_1A11	-----M-----	-----I-----	-----I-----	-----T-A-----	-----K.A.A-----	-----RGTVT-----	-----G-T-K-----	-----PG-N-N-E-----	-----P-EV-S-----	-----MNTAEGKTHQGATPSAPPA-----	EM-S-----	493	
MAC.US.x.251_32H_PJ5	-----M-----	-----I-----	-----I-----	-----T-A-----	-----K.A.A-----	-----KRGFLT-----	-----G-T-----	-----TG-N-N-----	-----X-F-----	-----A-P-EV-S-----	-----MDIAESKTHQVTPSAPPA-----	EM-T-R-----	493
MAC.US.x.251_BK28	-----M-----	-----I-----	-----I-----	-----T-A-----	-----K.A.A-----	-----KRGFLT-----	-----V-T-K-----	-----TG-N-N-----	-----X-F-----	-----A-P-EV-S-----	-----MDIAESKTHQVTPSAPPA-----	EM-T-R-----	493
MAC.US.x.MM142_IVMXX	-----M-----	-----I-----	-----I-----	-----T-A-----	-----K.A.A-----	-----KRGFLT-----	-----V-T-K-----	-----TG-N-N-----	-----X-F-----	-----A-P-EV-S-----	-----MDIAESKTHQVTPSAPPA-----	EM-T-R-----	493
MNE.US.82.MNE_8	-----M-----	-----I-----	-----K-----	-----G-L-----	-----V.K-----	-----G-----	-----TV-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----M-----	-----T-----	478
MNE.US.x.MNE827	-----M-----	-----I-----	-----K-----	-----G-L-----	-----V.K-----	-----G-----	-----TV-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----M-----	-----T-----	478
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-----M-----	-----I-----	-----R-FQ-G-L-----	-----V-----	-----GG-V-R-----	-----K-----	-----SG-----	-----E-----	-----F-----	-----T-LO-T-----	-----MDPA.....VAAPPM-----	-----M-R-LK-Q-----	490
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-----M-----	-----I-----	-----R-FQ-G-L-----	-----V-----	-----GG-V-R-----	-----K-----	-----SG-----	-----E-----	-----F-----	-----T-LO-T-----	-----MDPA.....VAAPPM-----	-----M-R-LK-Q-----	490
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----M-----	-----I-----	-----G-TQL-----	-----K-----	-----S-VR-----	-----K-----	-----G-I-----	-----E-----	-----F-----	-----MP-T-A-----	-----A-----	-----D-K-R-----	478
SMM.SL.92.SL92B	-----M-----	-----I-----	-----M-D-TG-SLV-----	-----F-GAAKGGGN-----	-----PI-R-F-----	-----T-----	-----K-----	-----EEGRIQ-N-NQK-----	-----T-TS-T-S-----	-----ARIV-E-LEKAQ-----	-----M-----	-----R-----	479
SMM.US.04.6078	-----M-----	-----I-----	-----G-L-----	-----V.K-----	-----G-----	-----TV-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----P-R-V-----	-----M-----	-----R-----	480
SMM.US.04.G932	-----M-----	-----I-----	-----G-L-----	-----V.K-----	-----G-----	-----TV-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----P-R-V-----	-----M-----	-----R-----	480
SMM.US.04.M919	-----M-----	-----I-----	-----T-GOL-----	-----V.K-----	-----Q-----	-----T-----	-----K-----	-----PG-----	-----TE-----	-----F-----	-----MP-T-----	-----A-----	479
SMM.US.04.M922	-----M-----	-----I-----	-----T-GOL-----	-----V.K-----	-----Q-----	-----T-----	-----K-----	-----PG-----	-----TE-----	-----F-----	-----MP-T-----	-----A-----	479
SMM.US.04.M923	-----M-----	-----I-----	-----T-GOL-----	-----V.K-----	-----Q-----	-----T-----	-----K-----	-----PG-----	-----TE-----	-----F-----	-----MP-T-----	-----A-----	479
SMM.US.04.M926	-----M-----	-----I-----	-----R-TQG-L-----	-----V-----	-----R-T-----	-----K-----	-----K-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----MP-T-----	-----A-----	479
SMM.US.04.M934	-----M-----	-----I-----	-----R-G-ASL-----	-----V.K-----	-----K-----	-----T-Q-----	-----K-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----M-----	-----T-----	479
SMM.US.04.M935	-----M-----	-----I-----	-----R-G-ASL-----	-----V.K-----	-----K-----	-----T-Q-----	-----K-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----M-----	-----T-----	479
SMM.US.04.M940	-----S-M-----	-----I-----	-----I-V-G-L-----	-----V-----	-----G-R-TV-----	-----D-T-K-----	-----K-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----IP-T-----	-----S-KI-R-----	479
SMM.US.04.M946	-----M-----	-----I-----	-----I-V-G-L-----	-----V-----	-----G-R-TV-----	-----D-T-K-----	-----K-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----IP-T-----	-----S-KI-R-----	479
SMM.US.04.M947	-----M-----	-----I-----	-----I-V-G-L-----	-----V-----	-----G-R-TV-----	-----D-T-K-----	-----K-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----IP-T-----	-----S-KI-R-----	479
SMM.US.04.M949	-----M-----	-----I-----	-----I-V-G-L-----	-----V-----	-----G-R-TV-----	-----D-T-K-----	-----K-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----IP-T-----	-----S-KI-R-----	479
SMM.US.04.M950	-----M-----	-----I-----	-----I-V-G-L-----	-----V-----	-----G-R-TV-----	-----D-T-K-----	-----K-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----IP-T-----	-----S-KI-R-----	479
SMM.US.04.M951	-----M-----	-----I-----	-----I-V-G-L-----	-----V-----	-----G-R-TV-----	-----D-T-K-----	-----K-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----IP-T-----	-----S-KI-R-----	479
SMM.US.04.M952	-----M-----	-----I-----	-----I-V-G-L-----	-----V-----	-----G-R-TV-----	-----D-T-K-----	-----K-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----IP-T-----	-----S-KI-R-----	479
SMM.US.05.D215	-----M-----	-----I-----	-----D-O-GHL-----	-----K-----	-----G-----	-----M-----	-----M-----	-----G-T-N-----	-----E-----	-----F-----	-----M-----	-----T-----	480
SMM.US.06.FTQ	-----M-----	-----I-----	-----D-O-GHL-----	-----K-----	-----G-----	-----M-----	-----M-----	-----G-T-N-----	-----E-----	-----F-----	-----M-----	-----T-----	480
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-----M-----	-----I-----	-----S-----	-----GVL-----	-----K-----	-----G-L-H-TV-----	-----K-----	-----G-I-----	-----E-V-F-----	-----T-MP-T-----	-----DLAR-----	-----E-R-Q-----	485
SMM.US.86.CFU212	-----M-----	-----I-----	-----R-DQL-----	-----V.K-----	-----O-R-I-----	-----K-----	-----G-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----MP-I-----	-----R-KM-R-----	479
SMM.US.x.F236_H4	-----M-----	-----I-----	-----T-G-L-----	-----V.K-----	-----G-KR-TV-----	-----D-T-K-----	-----K-----	-----G-----	-----TE-----	-----F-----	-----T-A-----	-----E-KO-R-----	480
SMM.US.x.H9	-----M-----	-----I-----	-----R-DQL-----	-----V.K-----	-----O-R-I-----	-----K-----	-----G-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----MP-I-----	-----R-KM-R-----	479
SMM.US.x.PBJA	-----M-----	-----I-----	-----D-TQG-L-----	-----V.K-----	-----O-----	-----I-X-X-X-----	-----F-----	-----AG-----	-----E-----	-----F-----	-----MP-T-----	-----R-KV-R-----	479
SMM.US.x.PGMS3	-----M-----	-----I-----	-----D-TQG-L-----	-----V.K-----	-----O-----	-----I-X-X-X-----	-----F-----	-----AG-----	-----E-----	-----F-----	-----MP-T-----	-----R-KV-R-----	479
SMM.US.x.SME543	-----M-----	-----I-----	-----R-DQL-----	-----V.K-----	-----O-R-I-----	-----K-----	-----G-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----MP-T-----	-----R-KM-R-----	479
SMM.US.x.pE660_CG7G	-----M-----	-----I-----	-----R-DQL-----	-----V.K-----	-----O-R-I-----	-----K-----	-----G-----	-----TG-----	-----E-----	-----F-----	-----MP-T-----	-----R-KM-R-----	479
STM.US.89.STM_37_16	-----M-----	-----I-----	-----VFQ-D-L-----	-----Q-----	-----R-TV-----	-----A-T-K-KG-----	-----QQG-Q-----	-----E-V-----	-----F-----	-----H-----	-----IP-T-----	-----A-RS-----	479

	Pol p15 start		p15 end protease start	
MAC.US.x.239	FFRPWIMGKEAPQFPHGSSASGADANCSP.....	RGPSGCSAKELHAVGOAERKAERKOREALQG.....	.GDRGFAPQFSLWRRPVTAHIEGQPEVLLDTGADDSIVTGIELGPHYTPKIVGGIGGFINTKEYKNVEIV	134
A.CI.88.UC2	---DGLT---L-R-P-S---T-ST.....	SRSGS-PVR-IF---GE---GAEG-TI---GGRLTAPRAGRDTSOR.....	---L---K---Y-D---A---DN---V---K---147	147
A.DE.x.BEN	---VGPT---S-L-RDP-P---T-ST.....	GRS-S-TVG-IY---RE---GAEG-TI---RGDGLAAPRAERDTSOR.....	---L---K---Y-D---RE---A---DN---K---147	147
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	---D-P---S-L-RDP-PA---T-ST.....	SR-SR-PR-VL---RE---AEN-TI---GDRGLTAPRTRDITQR.....	---L---K---YV---A---SN-S---K---147	147
A.GH.x.GH1	---DG---L-R-P-S---T-ST.....	SRS-S-IGKIY---GER---GAEG-TI---RGDGLTAPRAGKTSOR.....	---L---K---Y-V---A-Q---DN-V---I---K---147	147
A.GM.87.D194	---DGPT---L-R-P-S---T-ST.....	NRS-S-PVG-IY---RE---AEG-TI---GDGLTAPRAGDAPOR.....	---L---T---K---F-D---A---DN---K---147	147
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	---A-T---L-R-PKFA-NT-ST.....	NRS-S-PTG-V---RE-T-AETKI1-RSDRGLAASRRARDITQR.D-L	---L---K---Y-D---A---SN-S---D-R---147	147
A.GM.x.MCN13	---DGPP---L-R-P-PA-NT-ST.....	NRS-S-PTG-Y---RK-TK-TE-TI-RSDRGLTAPRAGRTMOR.D-L	---L---LK---YV---A---SN-S---K---147	147
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	---D-PL---G-L-R-P-PA-NT-ST.....	I-S-S-PTG-IY---RK-KGAE-TV---SDRGLTAPRAGRDTMOR.D-L	---L---K---YV---R-N---A---SN-S---147	147
A.GW.87.CAM2CG	---D-PL---L-R-P-ST-NT-ST.....	I-S-S-TG-IY---RE---GAET-TI---RGDRGLTAPRTRRGPMMOG.DN-L	---L---K---Y---A---SN-S---147	147
A.GW.x.MDS	---D-PL---L-R-PGSA-NT-ST.....	NRS-S-PTG-IY---RE---GAET-TI---RGDRGLTAPRAGKDTMOR.DN-L	---L---N---Y---A---SN-S---147	147
A.IN.07.NVVA	---DGPP---L-R-PNPA-NT-ST.....	N-S-S-PTG-IY---RE---GAET-TI---GDRGPTAPRAGRTLRG.N-RL	---L---K---Y---A---SN-S---147	147
A.IN.95.CR1K_147	---DKPP---S-L-R-P-ST-NT-ST.....	N-S-S-PTG-IY---RE---GAET-TI---GDRGPTAPRAGRTLRG.N-L	---L---K---Y-D---A---SN-S---N---147	147
A.JP.08.NMC786_clone_141	---DK-T---S-L-R-P-S-T-T-ST.....	SRS-N-PVG-VY---RE---GAEG-TI---RGDRGLTAPRARRDTSOR..K-L	---L---K---Y-D---A---NN---147	147
A.PT.x.ALI	---A-P---S-L-RNP-SA-INT-ST.....	SRA-S-P-GAVY---GE-K-AE-TI---RGDGLTAPRAGRDTTQR.....	---L---K---Y---A---SN-S---ED-K---148	148
A.SN.85.R0D	---TGPL---L-R-PSA-T-ST.....	S-S-TG-IY---RE-T-AE-TI---SDRGLTAPRAGDITIGATN-L	---L---K---Y---A---NN-S---148	148
A.SN.86.ST_JSP4_27	---VGP---C-PNPA-T-ST.....	DR-R-PTR-V---RE---AE-TI---RSDRGLPAARETRDTMQR.D-L	---L---K---Y---A-V---SN-S---148	148
B.CI.88.UC1	---VRTL---S-L-DP---S-TI-T-DGPSRGHDTSGGDTICAPCRS.S-D-EK	EDGET---EP-T---R-C---A-SN-S---D---148	148	
B.CI.x.20_56	---IRTL---S-L-P---EG-TI-T-DGPNTHGDTSGGDICTPCRS.S-D-EK	---L---R-C---K-S---A-SN-S---D---148	148	
B.CI.x.EH0	---VRPL---S---R-PGTP-DS-I-A-DEPSIRHDTSGGDICTPCRS.R-D	---L---TREE-GE-T---K-T-S---A-SN---N---148	148	
B.GH.86.D205_ALT	---VRTL---S-L-DP---S-TI-T-DEPSRGHDTSGGDTICAPCRS.S-D-EK	DGETT---EP-T---K-C-S---V---A-SN---D---148	148	
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	---I-PL---S-L-CSP-TP-DT-I-TTNEPSRHDTSGGNAICAPCRS.S-DVEG	---L---RE-G-G-T---K-Y-S---A-SN---148	148	
G.CI.92.Abt96	---V-TL---S-L-DP-P-S-SISTT.....	D-SRPT.....XGEE-KGAEKOT.....	---XX---L---Y-S---A-SN-S---K---130	130
AB.CM.03.CM_510_03	---VRTL---S-L-DPG---S-TI-T-DEPSRXHDTSGGDTICAPCRS.S-D-EK	EDGETT---EP-T---R-C---A-SN-S---D---148	148	
H2_01_AB.CI.90.7312A	---A-TL---S-L-P---DS-I-A-DEHSRGHDTSGGDTICAPCRSGS.D-EK	---L---TREE-EAG---L---Q-Y---A-SN---I---148	148	
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	---A-TL---S-L-R-P---GG-I-A-DGHSREDDTSGGDTICAPCRS.S-D-K	---L---TGEA-EA-T---G-L---Q-Y---A-SN---DI---148	148	
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	---V-TL---S-L-R-P---GG-I-T-DGHSREDDTSGGDTICAPCRS.S-D-K	---L---TGEA-EA-T---G-L---Q-Y---A-CN---DI---148	148	
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	---A-TL---S-L-R-P---GG-I-A-DGHSREDDTSGGDTICAPCRS.S-D-K	---L---TGEA-EA-T---G-L---Q-Y---A-SN---DIK---148	148	
U.CI.07.071C_TNP3	---V-P---S-L-DPPD-V-T-SA.....	SR-S-E---DGOETKGE-GKTI.....	---G---A---V-N-H---T---130	130
U.FR.96.L2034	---A-PL---K-S-L-P-PA-T-P-SPS.....	SRTSSGSADPSPSS.....	---G---K-I-Y---K-N---A-K-E-Y-T-E-E---K-FH-N-K---144	144
U.US.08.NWK08	---VRT---S-L-ETD-R-T-PISP.....	S-SRN-RGVY.....EGE-S-GAEG-T-R.....	---G-L---K---Y-D-Q---A---LN-K---HK-T-R---129	129
MAC.US.x.17EC1				134
MAC.US.x.251_1A11				134
MAC.US.x.251_32H_PJ5				134
MAC.US.x.251_BK28				130
MAC.US.x.MM142_IVMXX				130
MME.US.02.MNE_8				130
MNE.US.x.MNE627				130
SMM.CI.79.SIVsmCI2				139
SMM.LR.89.SIVsmLIB1				130
SMM.SL.92.SIVsmSL92A				130
SMM.SL.92.SL92B				126
SMM.US.04.G078				130
SMM.US.04.G932				130
SMM.US.04.M919				130
SMM.US.04.M922				130
SMM.US.04.M923				130
SMM.US.04.M926				130
SMM.US.04.M934				130
SMM.US.04.M935				130
SMM.US.04.M940				130
SMM.US.04.M946				130
SMM.US.04.M947				130
SMM.US.04.M949				130
SMM.US.04.M950				130
SMM.US.04.M951				130
SMM.US.04.M952				130
SMM.US.05.D215				130
SMM.US.06.FTQ				134
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10				130
SMM.US.86.FU212				130
SMM.US.x.F236_H4				130
SMM.US.x.H9				130
SMM.US.x.PBJA				130
SMM.US.x.PGM53				130
SMM.US.x.SME543				130
SMM.US.x.pE660_CG7G				130
STM.US.89.STM_37_16				130

	protease end	p51 RT start	D catalytic site	
MAC.US.x.239	LGKRIKGTIMTGDTPINIFGRNLLTALGMSLNFPJAKVPEPKYKVALKPKGDGPKLKWPLSKKIVALREIC	EKMEKDGQLEEAPPTNPYNTPTFAIKKKDKNKWRMLIDFRELNRVTQDFTEVQLGIPHPAGLAKKRITVLDIGDAYFSIPLDDEEFRQYTAFTLPSVN		303
A.CI.88.UC2	-N-VRA-----I-----L-V-RI-I-II-----R-----T-VE-K-----E-----K-----V-----Y-D-P-----			316
A.DE.x.BEN	-N-VRA-----I-----L-V-I-I-T-----R-----T-E-K-----E-----K-----SI-----H-D-----A-----			316
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	-N-KV-A-----I-----L-V-D-I-I-----VR-----T-E-K-----RE-----K-E-I-----K-----H-D-----T-----			316
A.GH.x.GH1	-N-VRA-----I-----L-V-I-I-T-----R-----T-E-K-----E-----K-----V-----H-D-----			316
A.GM.x.7.D194	-N-VRA-----I-AT-----L-V-LD-I-T-----R-----T-E-K-----RE-----I-----K-----V-----H-D-----			316
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-N-KVRA-----I-----L-V-I-I-T-----QR-----TR-E-K-----RE-----K-----K-----V-----Y-D-----			316
A.GM.x.MCN13	-KVRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-E-K-----RE-----K-----K-----I-----H-D-----I-----			316
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-V-A-----V-----L-V-I-I-IM-----R-----T-E-K-----E-----K-----I-----K-----V-----H-D-----			316
A.GW.87_CAM2CG	-VRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-E-K-----E-----K-----I-----K-----V-----H-D-----			316
A.GW.x.MDS	-VRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-E-K-----E-----K-----I-----K-----V-----H-D-----			316
A.IN.07_NNVA	-KVRA-----I-----L-V-I-I-K-----R-----T-E-K-----RE-----R-----K-----E-----I-----K-----V-----H-D-----			316
A.IN.95_CR1K_147	-KVRA-----I-V-----L-V-I-I-IM-----R-----T-E-K-----E-----K-----E-----I-----K-----V-----H-D-----			316
A.JP.08_NMC786_clone_41	-N-VRA-----I-A-----L-V-I-I-T-----R-----T-E-K-----E-----K-----E-----I-----K-----V-----Y-D-----T-----			316
A.PT.x.ALI	-N-V-A-----I-----L-V-I-IE-R-----R-----T-E-K-----T-RE-----I-----K-----I-----K-----V-----H-S-----			316
A.SN.85_ROD	-N-KVRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-E-K-----E-----K-----I-----K-----V-----H-D-P-----			317
A.SN.86_ST_JSP4_27	-N-VRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-E-K-----E-----K-----I-----K-----V-----H-D-----			316
B.CI.88_UC1	V-VRA-----I-NT-T-----V-I-K-----IR-----L-K-----E-----R-----EKR-----V-----PN-----I-----			317
B.CI.88_U2	-VRA-----I-NT-T-----V-I-K-----IR-----L-K-----E-----R-----EKR-----V-----V-PD-----P-----			317
B.CI.x.EHO	V-VRA-V-----I-NS-T-----V-RI-Q-E-----E-----IR-----L-K-----E-----S-----K-E-----SK-----V-----V-PD-----A-----			316
B.GH.86.D205_ALT	V-VRA-----I-NT-T-----V-E-----E-----IR-----R-L-K-----E-----E-----K-----#-----EKR-----I-V-----PN-----			314
B.JP.01_IMCJ_KR020_1	V-K-RA-----I-NT-T-----V-I-K-----IR-----L-K-----#K-----E-----R-----K-----E-----E-----PN-----			317
G.CI.92_Abt96	V-QA-V-----I-VK-----R-----M-----IR-----Q-----D-OE-----T-----EKR-----V-----VD-----			299
AB.CM.03.03CM_510_03	V-TVRA-----I-NT-T-----V-XX-E-----IR-----R-L-K-----E-----K-----E-----R-----I-V-----PX-----T-----			317
H2_01_AB.CI.90.7312A	V-KVRS-----I-NT-T-----V-I-Q-----IR-----L-----E-----S-----K-----E-----EKR-----I-V-----V-PD-----I-----			317
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	V-VRA-----I-S-----M-L-Q-----IR-----L-----E-----VR-----R-----K-----E-----EKR-----S-V-----V-PD-----I-----			317
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	V-VRA-----I-S-----M-L-Q-----IR-----L-----E-----R-----K-----E-----E-----S-----V-----V-PD-----I-----			317
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	V-VRA-----I-S-----M-L-Q-----IR-----L-----E-----R-----K-----E-----E-----S-----V-----V-PD-----I-----			317
U.CI.07_071C_TNP3	-KVRA-----I-VK-----V-T-T-M-----IR-----E-K-----OE-----R-----EKR-----V-----Q-P-----			299
U.FR.96_L2034	-T-R-----E-----G-EAL-IGG-----R-----R-----E-K-----E-----S-----EK-----V-----C-D-----I-----			313
U.US.08_NWK08	-E-A-L-E-----I-QL-T-C-L-----IP-H-M-R-----E-T-Q-RE-A-N-R-S-KA-N-PEKN-----V-Y-G-----A-----			298
MAC.US.x.17EC1				303
MAC.US.x.251_1A11				303
MAC.US.x.251_32H_PJ5				303
MAC.US.x.251_BK28				303
MAC.US.x.MMI42_IVMXX				303
MNE.US.02_MNE_8				299
MNE.US.x.MNE627				299
SMM.CI.79_SIVsmCI2				299
SMM.LR.89_SIVsmLIB1				299
SMM.SL.92_SIVsmSL92A				299
SMM.SL.92_SL92B				299
SMM.US.04.G078				299
SMM.US.04.G932				299
SMM.US.04.M919				299
SMM.US.04.M922				299
SMM.US.04.M923				299
SMM.US.04.M926				299
SMM.US.04.M934				299
SMM.US.04.M935				299
SMM.US.04.M940				299
SMM.US.04.M946				299
SMM.US.04.M947				299
SMM.US.04.M949				299
SMM.US.04.M950				299
SMM.US.04.M951				299
SMM.US.04.M952				299
SMM.US.05.D215				299
SMM.US.06.FTQ				299
SMM.US.11_SIVsmE660_FL10				303
SMM.US.86_CFU212				299
SMM.US.x.F236_H4				299
SMM.US.x.H9				299
SMM.US.x.PBJA				299
SMM.US.x.PGMS3				299
SMM.US.x.SME543				299
SMM.US.x.pE660_CG7G				299
STM.US.89_STM_37_16				299

MAC.US.x.239	DD catalytic site											
A.CI.88.UC2	-V	486
A.DE.x.BEN	-M	486
A.DE.x.PE12 KR KRCC	486
A.GH.x.GH1	486
A.GM.87.D194	E	486
A.GM.x.ISY SBL_6669_85	486
A.GM.x.MCN13	486
A.GW.86.FG clone_NIHZ	486
A.GW.87.CAM2CG	486
A.GW.x.MDS	486
A.IN.87.NNVA	486
A.IN.95.CR1K 147	486
A.JP.08.NMC786 clone_41	486
A.PT.x.ALI	486
A.SN.85.R0D	487
A.SN.86.ST JSP4_27	S	486
B.CI.88.UC1	487
B.CI.x.20_56	-SG	487
B.CI.x.EH0	486
B.GH.86.D205 ALT	484
B.JP.01.IMCJ KR020_1	487
G.CI.92.Abt96	469
AB.CM.03.03CM 510_03	-T	487
H2_01 AB.CI.90.7312A	487
H2_01 AB.JP.04.NMC307_20	487
H2_01 AB.JP.07.NMC716_01	487
H2_01 AB.JP.08.NMC842_10	487
U.CI.07.07IC TNP3	469
U.FR.96.12034	483
U.US.08.NWK08	-MR	468
MAC.US.x.17EC1	473
MAC.US.x.251 IA11	473
MAC.US.x.251 32H PJ5	473
MAC.US.x.251 BK28	469
MAC.US.x.MM142 IVMXX	469
MNE.US.02.MNE 8	469
MNE.US.x.MNE627	469
SMM.CI.79.SIVsmCI2	478
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	468
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	S	469
SMM.SL.92.SL92B	-Q	465
SMM.US.04.G078	469
SMM.US.04.G932	469
SMM.US.04.M919	469
SMM.US.04.M922	469
SMM.US.04.M923	469
SMM.US.04.M926	469
SMM.US.04.M934	469
SMM.US.04.M935	469
SMM.US.04.M940	469
SMM.US.04.M946	469
SMM.US.04.M947	469
SMM.US.04.M949	469
SMM.US.04.M950	469
SMM.US.04.M951	469
SMM.US.04.M952	469
SMM.US.05.D215	469
SMM.US.06.FT0	473
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	469
SMM.US.86.FU212	469
SMM.US.x.F236_H4	469
SMM.US.x.H9	469
SMM.US.x.PBJA	469
SMM.US.x.PGMS3	469
SMM.US.x.SME543	469
SMM.US.x.pE660.CG7G	469
STM.US.89.STM_37_16	469

	p31 Integrase end Pol end	
MAC.US.x.239		DIKVVPRRKAKIKDYGGKVDSSSHMEDT.GEAREVA.....*
A.CI.88.UC2		-----R---RQ-L--P-L-GA.R-DG---
A.DE.x.BEN		-----R---RQ-L--P-L-GA.R-DG-M.CPCQVPEIQ
A.DE.x.PE12_KR_KRCG		---I---R---RR-----L-G-.R-DG-----
A.GH.x.GH1		---I---R---RQ-L##-L-GARE-DG-----
A.GM.87.D194		-----R---RQ-L--L-GA.R-DG---
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85		---I---R---PRO-M-G-L-GA.R-DG-M---
A.GM.x.MCN13		-----RQ-L-G-L-GA.R-DG-M-----
A.GW.86.FG_clone_NIHZ		E-----RQ-M-G-L-GA.R-DG-M-----
A.GW.87.CAM2CG		---II---R---RQ-L--L-GA.R-NG-----
A.GW.x.MDS		---I---R---RQDM-GP-L-G-.R-DG-----
A.IN.87.NWVA		---II---R---RQ---GP-L-G-.R-DG-----
A.IN.95.CR1K_147		---II---R---RQ-M-GP-L-G-.R-DG-----
A.JP.08.NMC786_clone_41		---I---R---RQ-L--L-GA.R-DG-M-PCQVPEI-
A.PT.x.ALI		-----R---RQ-L--GP-L-GA.R-DG-----
A.SN.85.RDD		---II---R---RQ-M-G-L-GA.R-DG-M---
A.SN.86.ST_JSP4_27		---II---R---RQ-M-G-NL-GA.R-DG---*PYQVSKIQ
B.CI.88.UC1		E---I---RH-----L-CGTD---RQ---M.OSGQVPEA-
B.CI.x.20_56		E---I---RH-----L-CGADV---RQ---M.OSGQVPEA-
B.CI.x.EHO		E---I---RN-----L-C-ADV---MQ---OSN-IPET-
B.GH.86.D205_ALT		E---I---RH-----GL-C-AD---RQ---M.OSD+VS*V-
B.JP.01.IMCJ_KR020_1		E---I---N-----L-C-AN---Q---M.QPSQISET-
G.CI.92.Abt96		E-----TN-----RQTG-----
AB.CM.03.03CM_510_03		E-----RH---GL-C-AD---RQ-S-M.QSDQIP*V-
H2_01_AB.CI.90.7312A		E---I---RH---L-C-TDV---RQ---M.QSSQVSEA-
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20		E-----RH---L-CGTDV---RQ---M.OSGQVPEA-
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01		E-----RH---L-CGTDV---RQ---M.QSSQAPEA-
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10		E-----RH---GL-CGTD---RQ---M.OSGQVPEA-
U.CI.87.07IC_TNP3		---I---R-----L-G-NL-GA.RDQG-M.OLGEIP-A-
U.FR.96.12034		---I---R-----L--NL-GA.EKV--M.LPDQTPYIN
U.US.08.NWK08		-----V---AN-N*-KVGKM-LYSEIL*T-
MAC.US.x.17EC1		-----M-----
MAC.US.x.251_1A11		-----M-----
MAC.US.x.251_32H_PJ5		-----M-----
MAC.US.x.251_BK28		-----M-----
MAC.US.x.MM142_IVMXX		-----M-----
MNE.US.02.MNE_8		-----M-----
MNE.US.x.MNE627		-----M-----
SMM.CI.79.SIVsmCI2		---I-----LGN-PYL-NP-E-DGKM-OPD---
SMM.LR.89.SIVsmLIB1		-----G-L--R-I-M-----
SMM.SL.92.SIVsmSL92A		---I-----M--AD-N-TQV-T-QLSEISKV-
SMM.SL.92.SL92B		E-----RQ-MG-AS-Q*KNSGAL-----
SMM.US.04.G078		E-----A-G-G-L-P-----M-----
SMM.US.04.G932		-----P-L--V-M-----
SMM.US.04.M919		E-----L-G-L--K-----
SMM.US.04.M922		E-----L-G-L--T-----
SMM.US.04.M923		-----V-R-----M-GP-L-P-----
SMM.US.04.M926		-----V-R-----M-GP-L-P-----
SMM.US.04.M934		E-----V-----L-GP-V-P-----
SMM.US.04.M935		-----L-G-L--P-----M-----
SMM.US.04.M940		E-----V-A-G-G-L-P-----M-----
SMM.US.04.M946		-----V-----GP-V-P-----
SMM.US.04.M947		E-----V-----G-L--P-----M-----
SMM.US.04.M949		-----A-----GNGP-L-P-----M-----
SMM.US.04.M950		-----V-----GP-V-P-----
SMM.US.04.M951		-----A-----G-G-L-P-----M-----
SMM.US.04.M952		-----V-V-A-M-GP-V-S-----
SMM.US.05.D215		-----V-V-A-----L--R-TG-----
SMM.US.06.FT0		-----A-----L-GT-V---R-G-M-----
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10		E-----A-----L-G-L--R-G-M-----
SMM.US.86.CFU212		E-----L-G-L--R-G-M-----
SMM.US.x.F236_H4		E-----L-G-L--R-G-M-----
SMM.US.x.H9		E-----L-G-L--R-G-M-----
SMM.US.x.PBJA		E-----L-G-L--R-G-M-----
SMM.US.x.PGMS3		E-----L-G-L--R-G-M-----
SMM.US.x.SME543		E-----L-G-L--R-G-M-----
SMM.US.x.pE660.CG7G		E-----L-G-L--R-G-M-----
STM.US.89.STM_37_16		-----G-L--R-G-----

	Vpr start	Vpr end	
MAC.US.x.239	MEER...PPENEGPQREPWDEWVVEELKEEAKLHFDPRLLTALGNHIYNRHGDTELEGAGELIRILQRALFMHFRGGCIHSRIGOPGGGNPLSAITPPSRML*		101
A.CI.88.UC2	-M-GA.....#MIV*I---*R-----I-D-Y-----N---R-K-----S-L-V-GSR---*TRRRRT-CP-T-TP-G-H-		83
A.DE.x.BEN	-T-APTEF---DGT-R-DLGS-D-I-T-R-I-----I-YY-H-----R-KT---V-A-NR---*TRRRRT-CP-A-TP-A-H-		105
A.DE.x.PET2_KR_KRCG	-T-APAEF---D-T-P-G-G---IGI-R-R-----T-Y-CA-----S-R-NV---V-A-KI---TR-ET-F---TP-G-Q-		106
A.GH.x.GH1	-T-APTEF---DGT-R-LGGD-IRI-G-I-----I-Y-HS-----P-R---V-L-A-NR---S-TRRRRT-PP-A-TP-G-Y-		106
A.GM.87.D194	-T-APTEF---DGT-R-LGST-I-T-K-I-----C-I-Y-----R-V---V-L-A-DR---TRRA-CP-A-TP-G-H-		106
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-T-APAEF---DGT-P-G---I-I-R-I-----R---Y-T-----R-V---T-A-G---R---TP-N-Q-		106
A.GM.x.MCN13	-T-APTEF---DGT-P-G---II-IRKI-K-----Y-HT-----R-NV---A-RL---T-RT-FP-TSTP-T-Q-		106
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-T-APTEL---DRT-P-G-A-I-RIE---R-----RY-T-----R-R---A-A-G---TR---TP-G-H-		106
A.GW.87_CAM2CG	-T-APTEL---DGT-P-G---I-IRDI-----G-A-----R-R-V---T-A-N---TR---TP-R*		105
A.GW.x.MDS	-T-APTEL---DGT-P-G---I-RIIT-----RS-----R-T-----R-R-V---T-A-G---TR---TP-Q		106
A.IN.07.NNVA	-T-APTEL---DRT-P-G---I-RI---R-----RY-T-Y-P---R-V---T-A-G---TR---TP-R		106
A.IN.95_CR1K_147	-T-APTEL---DGT-P-G---I-RI---R-----IY-D-Y---R-V---T-A-G---TR---TP-R		106
A.JP.08.NMC786_clone_41	-T-APTEF---DGT---LGGD-IIRI---IR---G-P-I---Y-A---RK-VD---V-L-KA-SRPKVN-TR-TS-PVA-TP-N-Q-		106
A.PT.x.ALI	-T-APTEF---AGM-HQGAR-I-R-I---R---M-I---GY-T-----R-R-NA---T-A-GR-V-TR-R---TP-N-Q-		106
A.SN.85.R0D	-A-APTEL---VDGT-L-G---I-RI---I---I---KY-T-----R-KV---T-A-G---TR---TP-N-Q-		106
A.SN.86_ST_JSP4_27	-T-APTES---DRT-P-G---I-T-R-I---R-----IT-Y-A---RG---LL-A-GR---R-R---TP-G-R		105
A.SN.x.A640	-A-APTEF---DGT-P-G---IQI-R-IG-----KY-A-----R---T-A-G---TR-D---TP-D-Y-		106
A.US.93.7924A	-T-APTEL---GT-P-G---I-RIQ---V---R---N-RY-T-----R---T-A-G---TR---TP-G-Q-		106
B.CI.88.UC1	-A-AAPEL---S---E-ED-M-I-Q---R-----F-S---A---K---L---A-Q---T---*---R-		105
B.CI.x.20_56	-A-AAPEL---D---E-ED---I-Q---R-----F-S---A---K---L---Q---T---*G-Q-		105
B.CI.x.EHO	-A-AVPEI---DKN---EQ-D-I-Q---R-----F---N---A---KL---L---Q---T---*G-Q-		105
B.GH.86.D205_ALT	-A-AAPEL---N---E-ED-I-Q---R-----F-G---IA---K---L---A-Q---S---T---P-G-R		105
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-T-AAPEL---E-ED-I-Q---R-----F-G---IA---K---L---A-Q---E-V---*---QK		105
G.CI.92.Abt96	-A---EI---D-A-----I---Y-D-----Y-D---K---L---D-RC---GNA---T---GVF-		103
AB.CH.03.03CM_510_03	-A-AXXEI---S---Q-E-RXG-I---I-Q---X---F-S-Y---A---VK---L---A-R---X---P-G-Q-		105
H2_01_AB.CI.90.7312A	-A-AASET---D---E-ED---I-Q---R-----F-S---A---K---L---Q---T---EG-Q-		106
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-A-AAPEL---D-N-G-E-EDI---Q---R-----F-S---A---R---K---L---Q---T---PGG*		105
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-A-AAPEL---D-N-G-E-EDI---Q---R-----F-S---A---K---L---Q---T---PGG*		105
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-A-AAPEL---D-S-GS-E-EDI---Q---R-----F-S-Y---A---K---L---Q---T---PGG*		105
U.CI.07.07IC_TNP3	-A---D---S---Y-D-Y---K---V---A---GOR---A-V---NV-		102
U.FR.96.12034	-A-I---DGA---G---R-I---VR---S---Y---K---I---L---R---SSR---TTV---GV-		101
U.US.NWK08	-AA.....QE-A---I---DI-Q---H---Y-D-Y---K---I---L---A-RL---G-R-P---G-		101
MAC.US.x.17EC1*---G---G-----R-----T---GV-		102
MAC.US.x.251_1A11*---G---G-----R-----T---GV-		101
MAC.US.x.251_32H_PJ5*---G---G-----R-----T---GV-		101
MAC.US.x.251_BK28*---G---G-----R-----T---GV-		101
MAC.US.x.MM142_IVMXX*---G---G-----R-----T---GV-		102
MNE.US.82.MNE_8D-----K-----T---S---T---R-		102
MNE.US.x.MNE027D-----K-----N---S---T---R-		102
SMM.CI.79_SIVsmCI2	-A-H---D---P---A---D---I---Y-D---K---I---A---L---HS---TV---GV-		102
SMM.LR.89_SIVsmLIB1	-A---D---P---V---N---Y-D-Y---K---I---R---S---R---AT---GV-		102
SMM.SL.92_SIVsmSL92A	-SLSP---D-A---T---I---Y-D-Y---K---L---TN---CRR---AT---NV-		103
SMM.SL.92_SL92B	-A---A---D-TNP---IRD---I-Q---Y-D-Y---I---I---K---L---H---T---R-P---GS-SA-DV-		101
SMM.US.04.G078	-T---D---T---I-Q---H---Y-D-Y---K---T---V---S---AT---EV-		102
SMM.US.04.G932	-T---D---D---I---H---Y-D-Y---K---T---V---S---AT---RV-		102
SMM.US.04.M919	-T---D---D---I---Y-D---K---L---T---S---T---GV-		102
SMM.US.04.M922	-T---D---D---V---Y-D---K---L---V---V---S---A---GV-		102
SMM.US.04.M923	-T---D---D---V---N---Y-D---K---L---V---S---T---GV-		102
SMM.US.04.M926	-A---D---A---L---V---N---Y-D-Y---K---I---T---S---T---GV-		102
SMM.US.04.M934	-A---D---A---I---V---S---Y-D-Y---K---I---T---S---TV---GV-		102
SMM.US.04.M935	-T---D---D---V---Y-D---K---L---V---S---A---GV-		102
SMM.US.04.M940	-A---D---S---T---I-Q---N---Y-D---K---N---L---AR---AT---EV-		102
SMM.US.04.M946	-A---D---D---I---T---S---Y-D-Y---K---I---T---S---T---A-GV-		102
SMM.US.04.M947	-A---D---D---V---Y-D---K---I---S---S---T---GV-		102
SMM.US.04.M949	-A---D---D---T---V-Q---T---Y-D---K---L---A---A---AR---A---GV-		102
SMM.US.04.M950	-T---D---D---I---I-S---Y-D-Y---K---I---T---S---T---GV-		102
SMM.US.04.M951	-A---D---D---T---V-Q---Y-D---K---KA---L---A---AT---RV-		102
SMM.US.04.M952	-A---D---D---I---S---I---Y-D-Y---K---I---T---S---T---GV-		102
SMM.US.05.D215	-AGV---D---G---I---S---I---Y-D---K---I---Q---Q---AT---GV-		102
SMM.US.06.F10	-A---D---D---T---N---Y-D---K---L---T---TNR---TV-T---NV-		102
SMM.US.11_SIVsmE660_FL10	-A---D---D---I---S---A---SR---T---D---D---		102
SMM.US.86_CFU212	-A-A---D---A---M---KR---L---Y-D---K---I---A---H-R---AT---T-DV-		102
SMM.US.x.F236_H4	-A---D---D---I---S---A---SR---T---D---D---		90
SMM.US.x.H9	-T---D---D---X---NX---I---Y-D---G---I---R---S---X---T---X-GV-		105
SMM.US.x.PBJA	-T---D---D---I---N---Y-D---K---I---R---S---T---GV-		102
SMM.US.x.PGM53	-T---D---D---K---V---N---Y-D---K---I---A---SR---T---D---D---		102
SMM.US.x.SME543	-A---D---D---I---Y-D---K---I---S---A---SR---T---D---D---		102
SMM.US.x.pE660.CG7G	-A---D---D---I---Y-D---K---I---S---A---SR---T---D---D---		102
STM.US.89.STM_37_16	-TH.....D-----I-Q---R---S---Y-D---K---I---R---AT---T-GV-		102

	Rev end	
MAC.US.x.239*	107
A.CI.88.UC2	104
A.DE.x.BEN	104
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	RGSGINRETL	180
A.GH.x.GH1	104
A.GW.87.D194	104
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	RDRDISKETL	169
A.GM.x.MCN13	108
A.GW.86.FG_c1one_NIHZ	108
A.GW.87.CAM2CG	101
A.GW.x.MDS	101
A.IN.87.NNVA	101
A.IN.95.CR1K_147	101
A.JP.08.NMC786_c1one_41	97
A.PT.x.ALI	108
A.SN.85.ROD	101
A.SN.86.ST_JSP4_27	108
B.CI.88.UC1	151
B.CI.x.20_56	151
B.CI.x.EH0	151
B.GH.86.D205_ALT	154
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	KGEGNRV....	172
G.CI.92.Abt96	101
AB.CM.03.03CM_510_03	149
H2_01_AB.CI.90.7312A	151
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	151
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	151
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	151
U.CI.87.07IC_TNP3	103
U.FR.96.12034	99
U.US.NWK08	105
MAC.US.x.17EC1	108
MAC.US.x.251_1A11	108
MAC.US.x.251_32H_PJ5	108
MAC.US.x.251_BK28	108
MAC.US.x.MMI42_IVMXX	108
MNE.US.02.MNE_8	108
MNE.US.x.MNE027	108
SMM.CI.79.SIVsmCI2	104
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	103
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	104
SMM.SL.92.SL92B	100
SMM.US.04.G078	108
SMM.US.04.G932	108
SMM.US.04.M919	108
SMM.US.04.M922	108
SMM.US.04.M923	105
SMM.US.04.M926	108
SMM.US.04.M934	108
SMM.US.04.M935	108
SMM.US.04.M940	108
SMM.US.04.M946	108
SMM.US.04.M947	105
SMM.US.04.M949	108
SMM.US.04.M950	108
SMM.US.04.M951	108
SMM.US.04.M952	108
SMM.US.05.D215	108
SMM.US.06.FT0	107
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	101
SMM.US.86.CFU212	106
SMM.US.x.F236_H4	105
SMM.US.x.H9	105
SMM.US.x.PBJA	101
SMM.US.x.PGMS3	105
SMM.US.x.SME543	105
SMM.US.x.pE660.CG7G	101
STM.US.89.STM_37_16	100

Accession	Protein Name	Signal Peptide	Env start	Env end	gp120 start	gp120 end	VI
MAC.US.x.239	MAC.US.x.239	MGCLGNQLLAIALLSVGYCT...	L	Y	V	T	V
A.CI.88.UC2	A.CI.88.UC2	-EPGR--AV--T-ACL-K-Q	-	V	-	S	-
A.DE.x.BEN	A.DE.x.BEN	-EPGR--FV--T-ACLV-S-Q	-	I	-	K	-
A.DE.x.PE22_KR_KRCG	A.DE.x.PE22_KR_KRCG	-DSR--LV--T-ACL-A-Q	-	I	-	K	-
A.GH.x.GH1	A.GH.x.GH1	-GKSL-CV-S-A-LV-Q	-	V	-	S	-
A.GM.87.D194	A.GM.87.D194	-EPGR--V--T-ACL-K-Q	-	I	-	S	-
A.GM.90.BL24	A.GM.90.BL24	-#--VTT--A-ACL-S-Q	-	I	-	S	-
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-SGKI--V-F-T-ACL-K-Q	-	V	-	K	-
A.GM.x.MCN13	A.GM.x.MCN13	-MGR--V--T-TCL-N-Q	-	I	-	S	-
A.GW.06.CA65319_7	A.GW.06.CA65319_7	-#S--VTL--A-ACL-Q	-	I	-	S	-
A.GW.06.CA65320_5	A.GW.06.CA65320_5	-GGR--VT--A-ACL-A-Q	-	V	-	K	-
A.GW.06.CA65489_14	A.GW.06.CA65489_14	-DGR--F--T-ACL-K-Q	-	I	-	S	-
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	A.GW.86.FG_clone_NIHZ	-KGSK--V-A-L-H-K-OF	-	I	-	S	-
A.GW.87.CAM2CG	A.GW.87.CAM2CG	-ERGR--V--A-ACL-R-Q	-	I	-	S	-
A.GW.x.CA7205_8	A.GW.x.CA7205_8	-GSKA--A--T-A-L-Q	-	I	-	S	-
A.GW.x.CA7253	A.GW.x.CA7253	-TSEKT--V--T-ACL-K-Q	-	I	-	S	-
A.GW.x.CAM1	A.GW.x.CAM1	-AYKR--T-ACL-K-RKQ	-	I	-	S	-
A.GW.x.CAM3	A.GW.x.CAM3	-TRK--A-L-R-Q	-	I	-	S	-
A.GW.x.CAM5	A.GW.x.CAM5	-T-GR--T-A-LVH-K-Q	-	V	-	S	-
A.GW.x.MDS	A.GW.x.MDS	-TRKMH--T-ACL-K-PQ	-	I	-	S	-
A.IN.07.NNVA	A.IN.07.NNVA	-TRERA--V--T-TCL-K-Q	-	I	-	S	-
A.IN.95.CRIK_147	A.IN.95.CRIK_147	-AHE--T--F-T-ACL-K-Q	-	I	-	S	-
A.JP.08.NMC786_clone_41	A.JP.08.NMC786_clone_41	-GKIL-IV-S-A-ACL-V-K-Q	-	V	-	S	-
A.PT.92.93PTHDECT_13	A.PT.92.93PTHDECT_13	-A-GRK--V--T-IA-A-LV-SSSKQ	-	I	-	S	-
A.PT.98.98PTHDECT_13	A.PT.98.98PTHDECT_13	-GDR--V--A-TCL-N-Q	-	I	-	S	-
A.PT.x.ALI	A.PT.x.ALI	-MSSR--VT--A-ACL-V-Q	-	I	-	S	-
A.SN.85.R0D	A.SN.85.R0D	-M--GR--FV-S-A-ACL-V-Q	-	V	-	S	-
A.SN.86.ST_JSP4_27	A.SN.86.ST_JSP4_27	-GR--FV-S-A-ACL-V-Q	-	V	-	S	-
B.CI.88.UC1	B.CI.88.UC1	-AHTS-H-F-L-I--FLGH-KKN	-	I	-	S	-
B.CI.x.20_56	B.CI.x.20_56	-AHINSH--SL-I--CM-K-Q	-	I	-	S	-
B.CI.x.EHO	B.CI.x.EHO	-AHVN-Y-VTL-I-I-YMGK-NF	-	I	-	S	-
B.GH.86.D205_ALT	B.GH.86.D205_ALT	-AYFSSR-P-L-IGIS-FV-K-Q	-	V	-	S	-
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	B.JP.01.IMCJ_KR020_1	-AHINKY-FA-L-I-FMGE-DF	-	I	-	S	-
B.x.06.0704A_06_01	B.x.06.0704A_06_01	-AYSSSR-L-I-I-V-R-Q-I	-	I	-	S	-
G.CI.92.Abt96	G.CI.92.Abt96	-AY--T--T-F-K-Q	-	I	-	S	-
AB.CM.03.03CM_510_03	AB.CM.03.03CM_510_03	-AYSSC-P-TL--IC-FT-K-Q-I	-	I	-	S	-
H2_01_AB.CI.90_7312A	H2_01_AB.CI.90_7312A	-GK-L-FV-S-A-A-L-K-Q	-	V	-	S	-
H2_01_AB.JP.04_NMC307_20	H2_01_AB.JP.04_NMC307_20	-GK-L-FV-S-A-ACL-S-KK	-	V	-	S	-
H2_01_AB.JP.07_NMC716_01	H2_01_AB.JP.07_NMC716_01	-GK-L-FV-S-A-ACL-SA-KQ	-	V	-	S	-
H2_01_AB.JP.08_NMC842_10	H2_01_AB.JP.08_NMC842_10	-WGL-L-F-S-A-ACL-S-KK	-	V	-	S	-
U.CI.07.07IC_TNP3	U.CI.07.07IC_TNP3	-AY--L-C-NACV-Q	-	I	-	S	-
U.FR.96.12034	U.FR.96.12034	-A--L-C-NACV-Q	-	I	-	S	-
U.US.08.NWK08	U.US.08.NWK08	-ASP-LH--G--LQW-G-Q	-	K	-	V	-
MAC.US.x.251_1A11	MAC.US.x.251_1A11						
MAC.US.x.251_32H_PJ5	MAC.US.x.251_32H_PJ5						
MAC.US.x.251_BK28	MAC.US.x.251_BK28						
MAC.US.x.MN142_IVMXX	MAC.US.x.MN142_IVMXX						
MNE.US.x.MNE027	MNE.US.x.MNE027						
SMM.CI.79_SIVsmCI2	SMM.CI.79_SIVsmCI2	-E--V-R-C-W-Q	-	I	-	S	-
SMM.LR.89_SIVsmLIB1	SMM.LR.89_SIVsmLIB1	-A--V-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.SL.92_SIVsmSL92A	SMM.SL.92_SIVsmSL92A	-ASE-F-Q	-	I	-	S	-
SMM.SL.92_SL92B	SMM.SL.92_SL92B	-A-P-LH--D-F-L-TW-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.G078	SMM.US.04.G078	-V-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.G932	SMM.US.04.G932	-I-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M919	SMM.US.04.M919	-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M922	SMM.US.04.M922	-L-AL-V-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M926	SMM.US.04.M926	-L-AL-V-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M934	SMM.US.04.M934	-I-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M935	SMM.US.04.M935	-I-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M940	SMM.US.04.M940	-P-SR--L-V-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M946	SMM.US.04.M946	-I-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M947	SMM.US.04.M947	-W--L-AL-V-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M949	SMM.US.04.M949	-L-V-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M950	SMM.US.04.M950	-L-V-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M951	SMM.US.04.M951	-L-V-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.04.M952	SMM.US.04.M952	-Y--T-I-A-T-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.05.D215	SMM.US.05.D215	-V-AC-W-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.06.FBR_304wpi	SMM.US.06.FBR_304wpi	-V-AC-W-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.06.FTQ	SMM.US.06.FTQ	-S--ACS-K-K-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.06.CFU212	SMM.US.06.CFU212	-L-V-A-Q	-	I	-	S	-
SMM.US.x.F236_H4	SMM.US.x.F236_H4	-L-V-LE-C-V-Q	-	K	-	V	-
SMM.US.x.PGM53	SMM.US.x.PGM53	-L-V-LE-C-V-Q	-	K	-	V	-
SMM.US.x.SME543	SMM.US.x.SME543	-L-V-LE-C-V-Q	-	K	-	V	-
STM.US.89.STM_37_16	STM.US.89.STM_37_16	-A-P--ACLT-Q	-	I	-	S	-

	V5	gp120 end_gp41 start	
MAC.US.x.239	SLIANIDW...IDGNGTITMSAEVAELRLELDGDKYKVEITPIGLAPTDVKRYTTGG.	TSRNKRGVFLGFLGFLATAGSAMGAASLTLTAQSRSTLLAGIVQQOQLLDVVKROQELLRLTVWGTKNLRTRVTAIEKYLKDOAQLNAWGCAFRQVCHTTVPW...	PNA 626
A.CI.88.UC2	I T F F SE SSA PA L S I A S T V D		616
A.DE.x.BEN	I I DKNRTH F F OR SST PV R S A H S Y L V D		611
A.DE.x.PET2 KR KRCC	I M FD S F SE SSA PO V S HPGLYW M R R S Y L E N		604
A.GH.x.GH1	I V NS F RE SSA PV M A R S V D		603
A.GM.87.D194	I V PF KE SSA PV M A R S V D		602
A.GM.90.BL24	I V EN F SEQ LSS PK T A G S A R S V D		608
A.GM.x.ISY SBL 6669_85	I V DGD R F AE SSA PG H L T A S FR M A A R S V D		604
A.GM.x.MCN13	I A N N F AE SST PM M A A R S V D		606
A.GW.06.CA65319_7	I V K E F SSA HG HT T A S M A R S V D		602
A.GW.06.CA65330_3	I NEDK K K F EE SST PV M T V T S A R S V D		607
A.GW.06.CA65489_14	I V R P KE SSA HO P TM S A R S V D		605
A.GW.86.FG clone NIHZ	I A D F SSA HO HT S M A R S V D		603
A.GW.87.CAM2CG	I E R NOT F D S SPA HG P A T V T S I A R S V D		613
A.GW.x.CA7205_8	I IR E F KER SST OG M A T A L S S V D		600
A.GW.x.CA7253	I D I K G F S TE SPN HG P M A G R S V D		604
A.GW.x.CAM1	I TDM N TE F TE SSA HG Q T V T S A R S V D		612
A.GW.x.CAM3	I VE A F SE SSA HK HT S M A R S V D		614
A.GW.x.CAM5	I ETNM HKT F D K F SE SSA PG R S M A R S V D		607
A.GW.x.MDS	I D KD F PE SSA HG H T A S M A R S V D		623
A.IN.07.NMVA	I EE V E K R V F G D F PE SFA SR OT L E D S P M A A D S V D		611
A.IN.95.CRIK 147	I V N E K R F V S S SST PG HT L E T A S M A R S V D		615
A.JP.08.NMC786 clone 41	I M GK S F S S SST PG HT L E T A S M A R S V D		613
A.PT.92.93PTHDESC_13	I EMTK F AE SSA HR OT S M A R S V D		619
A.PT.98.98PTHDECT_13	S F PO SSA PG G S M A R S V D		573
A.PT.x.ALI	T SER SST PR T A S M A R S V D		609
A.SN.85.R0D	I G QNN F KE SSA HG HT T A V S M A R S V D		612
A.SN.86.ST JSP4_27	I G GE F P SSA PV T A S M A R S V D		606
B.CI.88.UC1	VYYDGNDTK G F EI SST P M L M T S M A R S V D		615
B.CI.x.20_56	I E S E G F NI SST P R M S A L S V D		605
B.CI.x.EHO	K L V S K F SI SSV P M L S A L S V D		610
B.GH.86.D205 ALT	NS NST SV F R SSV KP M T S PV M A R S V D		614
B.JP.01.IMCJ KR020_1	I TNN R F S SSA P M A R S V D		603
B.x.06.0704A_06_01	ES GN T SV S S SSV KP M M T S A R S V D		617
G.CI.92.Abt96	EE NRSN H TF F N SSV PK M T S M R S V D		DALGA-K 631
AB.CM.03.03CM_510_03	I T K F TEG SST PG S A R S V D		604
H2_01_AB_C1_90_7312A	V DVGN R F SE SST PG H T A S M A R S V D		615
H2_01_AB_JP_04_NMC307_20	I GP DNIS F V F GE SSA PG H T V S M A R S V D		609
H2_01_AB_JP_07_NMC716_01	I R DMS A F GE SSA PG H DML T V S M A R S V D		606
H2_01_AB_JP_08_NMC842_10	I L T F F EE SSA PE H DML T V T S M A R S V D		613
U.CI.07.071C TNP3	T T R F S SSA P S M A R S V D		631
U.FR.96.12034	M R NK S R F P SSV P M S A R S V D		621
U.US.08.NWK08	I SD E S SSA P A S S V D		634
MAC.US.x.251_1A11	T N R L S V D		625
MAC.US.x.251_32H_PJ5	T S V D		628
MAC.US.x.251_BK28	T S V D		629
MAC.US.x.MM142_IVMXX	N T S V S V D		629
MNE.US.x.MNE027	N P S V D		629
SMM.CI.79.SIVsmCI2	N N G F F N SSAT PA S T A R S V D		636
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	N N E I N S M P S A R S V D		625
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	D NE F N S R A S V D		632
SMM.SL.92.SL92B	N E M H S K S L D 633		633
SMM.US.04.G078	N M S S V D		637
SMM.US.04.G932	E E NK D A M S A S V D		633
SMM.US.04.M919	E K NSM N R TS A S V D		640
SMM.US.04.M922	E ES RD N R NA S V D		639
SMM.US.04.M923	E ND E Q F G R T A S V D		637
SMM.US.04.M926	I D K E T M N TS A S V D		638
SMM.US.04.M934	NY DKEK T D S AS A S V D		631
SMM.US.04.M935	E HD E S R NT AP S V D		632
SMM.US.04.M940	E ND E G M S S V D		646
SMM.US.04.M946	EYD.EHKNK T S A A S V D		640
SMM.US.04.M947	E V N V S T A S V D		636
SMM.US.04.M949	I NE F M S S V D		628
SMM.US.04.M950	D Y VSSK E G M S TS A S V D		636
SMM.US.04.M951	I EM NKD L G M S NS TS A S V D		632
SMM.US.04.M952	Y V KDE S TS A E S V D		632
SMM.US.05.D215	I E LNN E D S Q QR S V D		631
SMM.US.06.FBR_304wpi	IL TM NSD E G D S R T A S V D		634
SMM.US.06.FTQ	Y Y R F D F S SSVT P S V D		628
SMM.US.06.CFU212	E Y K F I N TT A S V D		634
SMM.US.x.F236_H4	E NS E I S R T A V S V D		632
SMM.US.x.PGM53	D NS R A V RS S V D		635
SMM.US.x.SME543	E NN E R T A H S V D		634
STM.US.89.STM_37_16	I TNN E A N S T T S V D		629

MAC. US. x. 239	SLTPKWNNTWQEWERKVDLFLEENITALLLEEAIQIQEKNMYELQKLNWDVFGNFDLAWIKYIQGVYIVVGVILLRIVYIVQMLAKLRQGRYPVFFSSPPSYFOQTHIQDQPALPTREGKERDGGGGNNSWMPQWIEYIHLIRQLRLLTLWFLSNCRLLSRVYO	796
A. CI. 88. UC2	---R- M- ---KQ- RY- A- S0S- ---T- ---I- A- A- V- L- SRF- K- ---G- L- I- HT- RGO- AN- ET- G- A- DAS- YDF- ---P- N- QL- HL- T- ---G- Y- I- D- ---ANS- P- 786	
A. DE. x. BEN	---S- D- K- M- ---KQ- RY- A- S0S- ---IL- ---T- V- ---H- I- A- A- V- L- SRF- K- ---G- L- I- HK- RGO- AN- T- E- V- GDS- YDL- ---P- N- VQ- ---HL- T- ---IG- YNI- D- ---KNS- P- 781	
A. DE. x. PET2 KR KRCC	---IV- D- M- ---QOTRD- A- SRS- 0- ---VII- I- A- V- L- SR- K- ---G- I- I- HK- WEO- D- ETDE- A- NSI- D- P- A- ---G- Y- V- KD- ---SFP- 774	
A. GH. x. GH1	---S- D- M- ---KQ- RY- A- S0S- 0- ---T- ---V- A- A- V- L- SR- K- ---G- L- I- HT- RGO- AN- T- E- DRDD- YDL- ---P- N- ---HL- T- ---G- YKI- D- ---TNS- P- 772	
A. GM. 87. D194	---Q- D- M- ---Q- HO- RY- A- SD- 0- ---T- ---G- A- A- V- L- SR- K- ---G- L- I- HT- RGO- AN- ET- E- A- DS- FGL- ---PLN- Q- ---HL- T- ---G- YNS- G- ---KNS- P- 773	
A. GM. 90. BL24	---Q- D- M- ---Q- HO- RY- A- SD- 0- ---VII- I- A- IV- V- SR- K- ---G- L- I- THRHWE- D- GETE- V- DNV- TL- P- ---IG- YNI- D- ---SSL- 778	
A. GM. x. ISY SBL 6669_85	T- E- M- ---H- IR- A- SES- 0- ---M- IVA- V- SR- K- ---G- I- I- HK- WEO- D- ET- E- V- NDV- SR- P- ---L- ---R- YNS- D- ---L- 774	
A. GM. x. MCN13	T- E- M- ---G- TRD- A- S00- 0- ---II- IVV- SR- K- ---G- L- I- HK- WEO- A- ET- E- V- NNV- D- P- R- ---H- ---AG- YNI- N- ---ISL- 776	
A. GW. 06. CA65319_7	---D- M- ---00- RY- A- S0S- 0- ---T- ---N- LS- T- G- ---I- IVI- V- SR- K- ---L- ---G- I- I- HK- WEO- A- ET- E- V- IN- DR- P- A- L- HL- ---R- YNI- N- ---SFL- 772	
A. GW. 06. CA65320_7	T- Q- Q- M- ---D- 0- RH- A- SD- 0- ---G- V- T- VR- I- IVAF- V- SR- K- ---G- I- I- HK- WEO- A- ET- E- V- DNA- D- L- P- A- T- L- ---IG- YNI- D- ---TSL- 777	
A. GW. 06. CA65409_14	---D- M- ---K- RY- A- S0S- 0- ---T- ---I- V- V- SR- K- ---G- I- I- HK- WEO- A- ET- E- V- SNV- DRF- P- A- ---L- ---R- YNS- D- ---IFL- 782	
A. GW. 86. FG clone NIHZ	T- D- M- ---0- RY- A- S0S- 0- ---T- ---L- FT- VR- V- IVA- V- SR- K- ---G- I- I- HK- WEO- A- ET- E- V- SN- DR- P- A- T- L- ---G- YNI- D- ---ISP- 773	
A. GW. 87. CAM2CG	---D- M- ---0- RY- A- S0S- 0- ---L- ---N- T- T- S- ---I- V- V- SR- K- ---S- G- I- I- HK- EQ- AS- ET- E- V- GN- DR- P- ---G- YNI- N- ---IF- 783	
A. GW. x. CA7205_8	T- I- N- M- ---N0- R- A- SD- 0- ---T- ---F- II- I- AF- V- SR- K- ---G- I- I- HK- WEO- G- ETGE- A- SV- DNWL- P- R- ---L- ---R- HNI- D- ---GFL- 770	
A. GW. x. CA7253	T- M- D- K- M- ---K- EQIRY- A- S0S- 0- ---T- ---T- L- T- ---I- A- V- SR- K- ---G- I- I- HKGOE- T- E- V- DN- DR- P- A- L- HL- ---IT- YNS- D- ---IF- 774	
A. GW. x. CAM1	---D- M- ---Q- RY- A- S0S- 0- ---T- ---R- ---I- V- V- SR- K- ---G- I- I- HKLEQA- ET- E- V- SNV- DRF- P- A- ---L- ---R- YNS- D- ---IFL- 782	
A. GW. x. CAM3	---D- M- ---0- HY- A- SEM- 0- ---R- ---I- T- R- ---I- V- A- VI- SRF- K- ---G- I- I- HK- WEO- D- ET- E- V- IN- DR- P- A- T- L- ---R- YNS- D- ---SFL- 784	
A. GW. x. CAM5	---D- M- ---H- TRD- A- S0S- 0- ---T- ---S- T- R- F- II- VA- V- SR- K- ---G- I- I- HK- WEO- ANGET- G- NNA- DN- R- ---G- YNS- N- ---KSLF- 783	
A. GW. x. MDS	---E- D- E- M- ---0- RY- A- S0K- 0- ---Q- ---I- V- V- SR- K- ---G- I- I- HK- WEO- D- ET- E- V- GN- DR- P- A- ---L- ---R- YNS- D- ---IFL- 793	
A. IN. 07. NNVA	T- V- N- K- M- CK- 0- RH- A- S0S- 0- ---I- ---T- ---I- A- V- V- L- CSF- K- ---G- I- I- HK- WEO- D- T- E- V- DN- YR- P- A- ---L- ---R- YNS- KD- ---SFL- 781	
A. IN. 95. CR1K 147	---D- K- M- ---0- RY- A- S0S- 0- ---S- ---T- ---R- ---F- IA- A- V- SRF- R- ---G- I- I- HK- WEO- D- T- E- A- DNV- D- L- P- R- ---L- ---R- YNS- S- ---IF- 783	
A. JP. 98. NMC786 clone 41	---S- D- D- M- ---Q- HOIS- A- SEK- 0- ---L- ---S- ---T- R- ---I- VA- V- V- SR- K- ---G- I- I- HK- WEO- A- ET- E- V- DN- DRY- P- T- L- ---L- ---I- H- S- SN- I- TFL- 788	
A. PT. 92. 93PTHDESC 13	---K- D- M- ---*- 0- RY- A- S0S- 0- ---L- ---T- ---R- ---I- VA- V- V- SR- K- ---G- I- I- HK- G0- A- ET- E- V- DN- DRY- P- T- L- ---L- ---I- H- S- SN- I- TFL- 788	
A. PT. 98. 98PTHDECT 13	---I- O- D- K- M- ---LR- RD- V- SD- 0- ---S- ---T- VS- R- IA- IVA- L- SR- K- ---G- I- I- HK- LEO- GETE- V- SNV- DNF- P- A- L- HL- ---IG- YNI- D- ---SSL- 743	
A. PT. x. ALI	---K- D- D- M- ---00- RY- A- SE0- R- ---T- ---T- L- TA- V- I- IVA- V- SR- K- ---G- I- I- HK- WEO- GETE- V- DNV- DR- P- A- L- HL- A- ---IG- Y- I- D- ---ISP- 779	
A. SN. 85. ROD	---A- D- D- M- ---K0- RY- A- SKS- 0- ---T- ---I- ---T- V- ---I- A- V- V- SR- K- ---G- I- I- HK- RGO- AN- ET- E- V- SN- DRF- P- A- ---L- ---R- Y- I- S- ---SFL- 782	
A. SN. 86. ST JSP4_27	T- D- M- ---Q- RIRN- A- SES- 0- ---T- ---I- V- V- SR- K- ---G- I- I- HK- WEO- A- ET- E- V- SNV- DNWL- P- R- ---L- ---R- YNI- D- ---SF- 776	
B. CI. 88. UC1	T- D- E- M- ---Q- KR- N- DA- ---R- ---FT- MA- RL- L- V- A- L- V- M- R- K- ---T- IP- RKHRGO- AN- ET- DE- NE- AYR- ---A- ---RN- I- YNG- N- LKTS- 785	
B. CI. x. 20 56	---N- TDM- 0- E- HY- DA- 0- ---H- S- FT- MA- RL- L- V- L- V- VI- R- K- ---T- IP- HKHRGO- AN- ET- DE- RE- DYR- ---A- ---RN- I- YNG- N- L- TS- 775	
B. CI. x. EHO	---K- D- M- ---0- R- DA- K- ---Q- I- S- FT- MA- RL- L- I- IVV- A- I- R- K- ---T- IP- RK- RGO- AN- ET- EG- NNE- YR- ---P- RD- I- Y- G- ---KTF- 780	
B. GH. 86. D205 ALT	T- N- M- ---0- K0- H- DA- ---I- ---HL- L- A- LVV- V- R- K- ---T- IP- RK- RGO- AN- ET- EG- ND- DYR- ---L- ---RN- I- YNG- ---LKT- F- 784	
B. JP. 01. IMCJ KR020_1	NF- N- D- M- ---0- N0- R- D- K- V- ---E- K- Q- S- FT- A- I- L- VI- LVV- L- R- K- ---V- IP- HKGOE- AS- ET- EG- DDEYR- ---R- ---RN- I- YNS- S- LKIF- 773	
B. x. 06. 0704A_06_01	T- K- D- M- ---Q- 0- NS- A- ---HI- L- A- L- V- AV- R- K- ---T- IP- RKGGO- AN- ET- EG- DD- DYR- ---L- ---RN- I- YNG- S- LKTF- 787	
G. CI. 92. Abt96	T- E- Q- M- ---KQIN- D- R- ---T- ---V- VYL- L- V- A- V- V- I- GR- ---X- ---V- I- RK- QEX- K- ET- GES- NK- YR- ---X- GN- ---Y- ---A- ---IX- 801	
AB. CM. 03. 03CM 510_03	---N- D- M- ---Q- E- RD- A- SQI- 0- ---S- ---T- R- ---A- VV- A- SR- K- ---SG- V- I- HT- QGO- S- ET- EG- ND- DYR- ---V- L- RN- I- YNG- ---LKTS- 774	
H2 01 AB. CI. 90. 7312A	---D- D- M- ---Q- K0IRD- A- SES- 0- ---V- ---I- VA- VI- V- IGR- R- ---G- ---IR- HK- WEO- AN- ET- EG- ND- YR- ---RN- I- YDG- ---LKT- F- 785	
H2 01 AB. JP. 04. NMC307_20	---A- D- D- M- ---K0IRY- A- SES- 0- ---L- ---I- VA- I- V- L- GR- R- ---G- L- IR- HKGOE- AN- ET- EG- SDE- YR- ---RN- I- YEG- ---KTF- 776	
H2 01 AB. JP. 07. NMC716_01	---D- M- ---Q- T0IRY- A- SES- 0- ---T- ---L- IVA- LI- V- L- GR- R- ---G- L- I- HEHRGO- N- ET- EG- SDE- YR- ---RN- I- YEG- ---KTF- 783	
H2 01 AB. JP. 08. NMC842_10	---Q- D- M- ---V- KD- V- ---Q- ---L- T- V- VYL- F- V- A- I- G- VI- V- L- SR- K- ---L- V- I- THE- EQE- K- ET- G- DNV- FN- ---L- ---Y- F- AW- OSF- 801	
U. CI. 07. 071C TNP3	T- N- D- M- ---E- NY- 0- A- ---N- I- ---T- V- VYL- L- V- A- I- I- ---V- L- GS- K- ---H- VE- IP- R- QEO- KGEI- EGA- DS- YR- ---R- ---H- ---Y- S- D- ---IC- 794	
U. FR. 96. 12034	T- Q- N- D- M- ---T- E- 0- ---S- T- ---L- G- S- ---LR- E- ---R- I- RR- QE- DG- DR- E- ---K- R- ---Y- ---D- IY- SF- 801	
U. US. 08. Nwk08	---D- ---G- ---G- ---A- ---794	
MAC. US. x. 251 1A11	---D- ---G- ---G- ---A- ---795	
MAC. US. x. 251 32H P35	---D- ---G- ---G- ---A- ---797	
MAC. US. x. 251 BK28	---D- ---G- ---G- ---A- ---798	
MAC. US. x. MM142 1VMXX	---D- ---G- ---G- ---A- ---799	
MNE. US. x. MNE027	---N- ---R- ---R- ---Q- ---K- T- G- DS- ---A- ---799	
SMM. CI. 79. SIVsmCI2	T- Q- D- M- ---I- IRD- A- SES- ---FT- V- YI- F- V- I- G- IV- LI- L- G- K- ---V- I- HKGOE- N- T- E- DN- YR- ---Y- N- D- VL- IF- 806	
SMM. R. 89. SIVsmLIB1	T- Q- N- E- M- ---A- 0- ---T- V- MW- L- G- M- VI- LR- ---H- IRT- 0- Q- IK- I- EG- DN- YR- ---H- ---Y- N- AW- F- IC- 805	
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	---D- M- ---A- LM- ---V- L- IV- I- VI- SR- SK- ---H- I- THKVOE- K- IDEE- NS- TR- ---H- ---Y- NS- A- L- IF- 802	
SMM. SL. 92. SL92B	---V- D- M- ---K- E- A- QM- RL- ---T- VR- FL- I- IV- V- SR- K- ---H- I- R- QE- AK- T- GE- N- YRL- ---I- ---Y- N- LTR- A- A- 803	
SMM. US. 04. G078	---N- M- ---K- Y- A- EM- ---S- ---L- I- F- V- V- K- ---T- H- IP- RKSQE- KG- E- GE- DS- YR- ---V- ---N- AW- I- 807	
SMM. US. 04. G932	T- I- D- M- ---K- N- A- SLM- ---N- ---T- R- ---I- I- F- V- FSR- GK- ---H- PVHK- QER- NGE- E- GN- R- ---YDS- ---L- IC- 803	
SMM. US. 04. M919	---V- S- M- ---K- 0- A- Q- ---NI- ---T- R- ---L- L- VG- V- V- R- ---P- A- ---IP- HKGOEPL- K- E- GE- DR- R- ---N- ---Y- L- I- 810	
SMM. US. 04. M922	T- L- N- E- M- ---N- A- Q- ---I- ---T- R- ---L- L- G- K- V- V- R- ---A- V- IP- HKGOEPL- K- E- GE- NR- SR- ---NS- C- SI- 809	
SMM. US. 04. M923	---V- D- M- ---KQ- N- A- Q- ---T- R- ---L- L- G- L- TR- ---A- V- IP- TGQG- K- E- G- NR- R- ---NS- DW- L- SC- 807	
SMM. US. 04. M926	---I- D- M- ---M- ---M- ---T- R- ---V- I- V- R- K- ---T- I- IP- HKGOE- NGE- EN- DR- R- ---NS- AC- L- I- 808	
SMM. US. 04. M934	---V- D- M- ---A- M- ---T- R- ---I- V- M- V- R- K- ---P- T- I- IP- HKGOEPL- K- E- GE- DR- R- ---NS- AC- L- I- 801	
SMM. US. 04. M935	T- V- N- S- M- ---Q- A- 0- ---I- ---T- R- ---L- L- VG- V- V- R- K- ---A- V- IP- HKGOEPL- K- E- GE- DR- SR- ---NS- C- LI- 802	
SMM. US. 04. M940	---I- D- M- ---Q- A- LM- V- ---S- ---T- R- ---FL- I- V- V- R- K- ---A- H- IP- RKSQEP- K- E- GE- DN- YR- ---L- ---N- AW- L- IF- 816	
SMM. US. 04. M946	---V- D- M- ---A- ---T- R- ---V- M- V- R- K- ---P- T- I- IP- HKGOE- KG- E- EE- DR- R- ---N- ---C- L- I- 810	
SMM. US. 04. M947	T- N- M- ---Q- A- Q- ---I- ---T- R- ---L- L- G- V- R- K- ---V- V- IPL- KGQE- Q- K- E- G- GR- R- ---I- ---N- DW- L- S- 806	
SMM. US. 04. M949	---I- D- M- ---Q- A- ---L- ---T- R- ---L- I- V- R- K- ---P- A- H- I- R- NOEP- IKGEG- EE- DS- YR- ---L- ---N- KAW- IC- 798	
SMM. US. 04. M950	---M- E- M- ---Q- A- M- ---T- R- ---I- M- V- R- K- ---P- T- V- IP- HKGOE- K- E- GE- DR- SR- ---NS- C- L- I- 806	
SMM. US. 04. M951	---D- M- ---Q- A- L- V- ---T- R- ---L- I- V- V- R- K- ---A- H- IP- RKSQEP- K- E- GE- DS- YR- ---L- V- ---NS- W- L- IC- 802	
SMM. US. 04. M952	---V- D- M- ---Q- A- ---T- R- ---V- M- V- R- K- ---P- T- V- IP- HKGOE- K- E- G- DK- R- ---L- H- ---N- C- L- I- 802	
SMM. US. 05. D215	T- N- M- ---M- ---A- QM- ---T- R- ---I- L- G- I- V- L- GQF- K- ---H- I- HKLQGO- EG- I- GE- DS- YR- ---L- L- L- ---YNS- AW- QIC- 801	
SMM. US. 06. FBR 304wpi	T- L- N- M- ---KQ- N- A- Q- ---T- V- F- L- G- V- V- R- K- ---A- V- IP- RKGQOE- E- E- G- DR- SR- ---NS- Y- L- I- 804	
SMM. US. 06. FTQ	---Q- D- M- ---KQ- AY- A- QQ- ---L- ---D- ---T- V- VYF- F- V- A- V- VI- G- K- ---T- R- IY- HKGOE- K- I- E- V- DNV- YR- ---YD- ---W- LNS- 798	
SMM. US. 06. CFU212	NV- D- M- ---Q- Y- A- L- ---I- ---T- R- ---I- ---I- V- V- R- K- ---N- R- I- HKOE- I- EG- IR- ---F- ---Y- S- L- I- 804	
SMM. US. x. F236 H4	T- V- N- M- ---Q- A- 0- ---I- ---T- R- ---L- L- G- V- R- K- ---A- V- IP- HKGOEPL- K- E- G- DR- SR- ---NS- DW- L- S- 802	
SMM. US. x. PGM53	---V- N- M- ---Q- D- A- QA- ---I- ---T- R- ---L- L- VG- V- I- R- ---V- V- IP- HKGOE- K- E- G- DR- R- ---N- ---Y- L- I- 805	
SMM. US. x. SME543	---V- N- D- M- ---G- A- 0- ---I- ---T- R- ---L- L- VG- V- R- ---P- A- V- IP- HK- QEP- K- E- GE- DR- SR- ---NS- DW- L- I- 804	
STM. US. 89. STM 37_16	---V- D- M- ---A- Q- ---V- ---T- VR- ---L- I- LVM- VA- M- L- R- K- ---CR- IP- HKGOE- K- T- EG- DR- IN- ---T- ---V- ---Y- N- F- AC- ---I- 799	

MAC.US.x.239	ILOPIQLRLSA...TLQRIREVRLTELTLYLQYQWSYFHEAVQAVWRSATETLAGAWGLWETLRRGGRWILAIIPRRIRQGLELTL*	Env end gp41 end*	879
A.CI.88.UC2	TRRL-S-N...TA-DW-LKAA--CEWIO-F-IA-T-R-----RG-CKAVO-I-G-V-----A-IA--		866
A.DE.x.BEN	TRRL-S-S...TA-DW-LKAAQ--CEWIO-F-FA-TTR-----W-AA-I-G-V-----A-A--		861
A.DE.x.PE12_KR_KRCG	T-L-F-S-OR...A-TT-DW-LTIA--CEWIO-VL-VLA-TTR--S-R-GAMG-I-G-V-----A-A--		858
A.GH.x.GH1	THRL-S-N...TA-DW-LKAA--GEWIO-F-FAKTR-----S-G-CAAVO-V-G-V-----A-IA--		852
A.GW.87.D194	TRRL-S-S...TA-DW-LKAA--CEWIO-FR-FA-T-R-I---RG-CAAO-I-G-V-----A-IA--		872
A.GM.90.BL24	---S-OR...A-TA-DW-LAA--CEWIO-L-LT-ATR-----RN-GA-Q-I-G-V-----A-A--		862
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	---L-----DW-LKAA--CEWIO-F-LA-VTR--TS-GRS-GA-G-I-G-V-----A-IA--		847
A.GM.x.MCN13	T-R-VF-S-OR...A-TA-DW-DAA--CEWIOG-F-FA-ATR-----T-R-GA-Q-I-G-V-----A-IA--		860
A.GW.06.CA65319_7	---V-N-----DW-LKIAF--COWIO-F-AA-ATR--TS-CRS-G-GOI-G-----A-IA--		849
A.GW.06.CA65330_3	---SRS-OR...A-TA-DW-LKIA--CEWIO-F-FA-A-R--TSM-RN-GA-WI-EVF-V-----A-A--		861
A.GW.06.CA65409_14	T-LT-N-----DW-LNTAS--CEWIO-F-GR-----CR-G-I-G-V-----A-IA--		860
A.GW.86.FG_clone_NHZH	---F-S-OR...A-TA-DW-LKAA--CEWIO-F-LA-TTR-----GR-RA-Q-I-G-V-----A-A--		857
A.GW.87.CAM2CG	T-----N-----DW-PKVAF--CEWIO-F-AA-A-R--CR-V-GM-Q-I-G-V-----A-A--		860
A.GW.x.CA7205_8	T-L-LP-S-OR...A-TAT-DW-LKTAH--FEWIO-FN-FAGT-R-T-R--GA-QWV-R-----A-IA--		854
A.GW.x.CA7253	T-----RN-----L-DW-IKTAL--CEWIO-F-AA-TTG-----CRG-R-G-I-G-F-V-----A-IA--		859
A.GW.x.CAM1	T-----N-----L-DW-ASTAF--CEWIO-F-FG-A-K--TS-CRS-R-G-I-G-V-----A-A--		861
A.GW.x.CAM3	T-----F-N-----L-DW-LRTAF--ROWIO-F-FA-ATR--TS-CRG-R-DNF-G-S-----A-IA--		861
A.GW.x.CAM5	T-L-----N-----DW-LNTAF--CEWIO-F-FA-ATR--TS-GRS-G-G-I-G-V-----A-A--		850
A.GW.x.MDS	T-----F-N-----DW-LRTAF--CEWIO-F-FA-VTR--TS-CRG-G-G-I-G-V-----A-IA--		870
A.IN.07.NNVA	T-----N-----DW-LRTAF--CEWIO-F-AA-TTG--S-CRS-G--I-G-V-----A-A--		858
A.IN.95.CRIK_147	T-----N-----DW-LKTAH--CEWIO-F-FA-T-GR--S-GRN-CG-VE-I-G-----A-VA--		860
A.JP.08.NMC786_clone_41	T-L-----N-----DW-VKTAH--CEWIO-F-FA-T-R-----EF-TA-F-G-V-----A-IA--		856
A.PT.92.93PTHDESC_13	T-SAF-N-----L-DW-LKIAF--COWIO-F-AA-ATR-----GRS-GA-G-I-E-V-----G-A-IA--		865
A.PT.98.98PTHDECT_13	---F-N-OR...A-TA-DW-LKAAF--RCE-IO-FR-FT-ATR--TS-GR-GA-QI-EGM-----A-IA--		826
A.PT.x.ALI	---FRS-OR...A-TT-DW-LKAA--CEWIO-FR-FA-I-R--TNT-R--GAVQWV-R-V-----A-IA--		863
A.SN.05.ROD	T-L-Y-N-----DW-LRTAF--CEWIO-F-AA-ATR-----CRV-E-I-G-V-----A-IA--		859
A.SN.06.ST_JSP4_27	T-L-S-S-RR...A-TAV-DW-LNTAF--CEWIO-FR-FA-ATG--TN-RGF-G-GOI-G-V-----A-IA--		860
B.CI.88.UC1	---A-----OP-LS-A--I-W-O-I-AT-A-R--NTGRA-KA-TAEA-I-----A--		858
B.CI.x.20_56	---A-----OP-LS-A--I-WLO-I-AT-A-G--N-GR-A--TAGA-I-V-----A-A--		848
B.CI.x.EHO	T-V-----OP-LPPA-R-I-W-O-I-AA-A-G--S-ARTS-GV-AAGE-I-----A-A--		853
B.GH.86.D205_ALT	---HQ-STN-----OP-LPVA--I-W-O-LR-AA-ATG--S-GET--A-AA-A-I-----A-A--		860
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	P-LVF-----OP-LP-A--IGW-O-I-AT-A-G--TNTGRA--A-TA-A-V-----A--		846
B.x.06.0704A_06_01	---A-----OP-LP-A--IGW-O-LR-AA-ATG--S-GETF--A-MA-A-I-----A--		866
G.CI.92.Abt96	T-LF-I-R...A-H-L-AA-FS--FRWLO-CT-AT-A-Q--TST-RA-K-G-V-G-----A--		885
AB.CM.03.03CM_510_03	---A-----OP-LPFA--IGW-O-LR-AA-ATR--S-GET--A-GAA-A-----A--		847
H2_01_AB.CI.90.7312A	T-A-----OP-LPFA--IGW-O--AAGATG--STGRT--A-TA-G-I-V-----A--		858
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	---LA-R-----OP-LP-A--I-WLO--AA-A-G--TS-SRTI--A-TA-G-I-----A--		852
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	---QA-R-----P-LP-AH--I-WLO--AA-A-G--S-SRT--A-TA-G-V-----A--		849
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	T-LT-----P-LP-AH--I-WLO--AA-A-G--TS-IRTI--A-TA-G-I-----A--		856
U.CI.07.071C_TNP3	S-AAC-----V-TA--H-L-GA--COW-O-L-G-KAXR--S-R--G-V-G-----F-A--		882
U.FR.96.12034	S-LF-SI-----R-HL-IA--Q-K-F-FGKA-R--SRTGRE--G-V-LR-----F-A--		868
U.US.08.NWK08	T-HLT-WILRRISAAATAT-DFI--AS-IS--Q-L-L-AM-A-G--S-G-E-A-G-I-GL-V-----A-N--		892
MAC.US.x.251_1A11	---R-----N-----VD-----*A-----		877
MAC.US.x.251_32H_PJ5	---A-----R-----VG-----		879
MAC.US.x.251_BK28	---R-V-----L-----R-----E-A-Q-----		881
MAC.US.x.MM142_IVMXX	F-----R-----L-----Q-AQ-----E-A-Q-----		882
MNE.US.x.MNE027	---F-F-T-----V-----Q-VA-----G-V-----E-----		883
SMM.CI.79.SIVsmCI2	S-G-F-LV-----AA-NRI-PRIA--Q-O-C-EAA-A-R--S-GR--G-I-GL-A-----AF--		887
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	N-RQLF--E-AI-PV--I-R-F--W-ED-L-A-A-R--S-R--Q-G-I-GLW-----A--		879
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	S--TY--LS--LIS--DI--RAVA-IR--Q-I-SL-EAIA-RO--VSTGRTI-Q-GHI-G-A-----N--		886
SMM.SL.92.SL92B	N-QLC--E--IS-P--LV-R-AG-IR--N-I-C-EA--Q-AIV--LI--G-V-G-A-----M-N--		887
SMM.US.04.G078	S--TF--E--A--FI-LRV--W-K--A-K-R--S-R-I--G-V-GL-----F--		891
SMM.US.04.G932	T--VF--YK--A--II--A--RW-K--A--R--GR--EGV-E-----S--		887
SMM.US.04.M919	---AF--FT-----VO-I-TS--CLWLO--AS-A-R--TST-R--G-V-V-----S--		894
SMM.US.04.M922	---V--L--IA--VO--V--IS--CRW-O--A--A-R--S--G-V-G-----S--		893
SMM.US.04.M923	---V--S-R-----V--I-V-I--R--O--A--W-KF-R--S-R--G-V-G-----S--		891
SMM.US.04.M926	---VF--FT-----VO-I-IA--CRW-O--AT-A-R--S-R--R--G-V-G-----F--		892
SMM.US.04.M934	---VF--F-----VO-I-SIA--COWLO--AH-AY-A-R--S-R--G-I-G-----F--		885
SMM.US.04.M935	---V--FS--IV--VO--V--IS--CRW-O--A--A-R--TS--G-V-V-----S--		880
SMM.US.04.M940	S--VF--E--V-T-DLI-L-V--W-K--A--G--GDY--S--G-V-G-----S--		900
SMM.US.04.M946	---V--F-----A--VO--I-RIA--COWLO--AC-A-R--S-R--R--G-V-G-----S--		894
SMM.US.04.M947	---A--S-LK-----V--I-I-I--R--O--A--W-KF-R--S--G-V-GV-----F--		890
SMM.US.04.M949	S--VF--E--AV-IL--I-L-V--W-K--A--R--S-GDY--S--V-G-G-----F--		882
SMM.US.04.M950	---VF--F--I--VQ--I-IA--CRW-O--AY-A-R--TS--R--I-G-V-----F--		890
SMM.US.04.M951	S--VF--E--V--I-L-V--W-K--A--G--GDY--N--L-G-G-----S--		886
SMM.US.04.M952	---VF--F--A--VQ--I-IA--CRWLO--AC-A-R--TS-R--G-V-G-----S--		886
SMM.US.05.D215	T--VF--I-E--V-TV-II--T--W-O-I--FFKF-R--S-R--G-V-G-A-----F-M--		885
SMM.US.06.FBR_304wpi	---VF--FS--A--H-I--IS--CRW-O--A--A-R-A-ES--R--G-V-G-----S--		888
SMM.US.06.FTQ	S--V-RGI-R--A--V--I-L--W-O-A--AFKA-R--S-R--I--V-G-M-----S--		882
SMM.US.06.CFU212	N--V--S-T--V-A-TI--IG--CLW-K--L-AG-A-GO--S-R--G-V-G-N-----S--		888
SMM.US.x.F236_H4	---V--S-T--V-A-TI--IG--CLW-K--L-AG-A-GO--S-R--G-V-G-N-----S--		886
SMM.US.x.PGM53	---VF-----V--IS--CRW-O--A--ARG--S-R-S--G-V-V-----A--		886
SMM.US.x.SME543	---V--R-----V--I-I-I--Q--A--W-KF-R--S-R-I--G-V-G-----V--A--		888
STM.US.89.STM_37_16	T-H-TF--I-R...I-----V-LGAA--CIWIO-A-A-A-G--S-GR-----G-V-R-G-----		883

	max HIV-1 similarity	normal Nef end		
MAC.US.x.239	IRYPKTFGLWLVKLPVNVNVDDEAQ...	EDEEHLMPHAQTSQWDDPWGEVLAWKFDPTL	LAYTEAYVRYPEEFGSKSGLSEEEVRRRLT... ARGLLNM... ADKKETR#	
A.CI.88.UC2	V-MC-----M-Q-E-----D-TNC-----	RY-IH-T-V-R-NSM--E-K-FTL-----H---	P-K-WKAK-K-IPYSE	
A.CI.x.IC763124	E-L-FY-----TPQ-EE-----TCC-T-----	RY-IH-I-V*-N-----N-R-FIK-----Y---	AK-DWKA-K-IPFS	
A.DE.x.BEN	V-MY-----S-EL-Q-E-----ANC-V-----	RH-EH-T-V-Q-SM--N-K-FTL-----H---	P-K-WKAK-K-IPYSE	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	V-----F-----D-POG-----E-D-C-L-----	GS-H-T-M-R--R--E-T-FN-----Y---	P-WKAK-K-IPFS	
A.EG.x.S1084	V-MC-----ID-Q-GE-----DT-T-C-V-----	KF-H-OTS-V-R--M--E-T-FH-----H---	WKA-K-IPFN	
A.GH.x.GH	V-MC-----D-Q-GE-----D-TN-T-----	RH-EH-T-V-R--M--D-K-FILH-----H---	P-K-WKAK-K-IPYS	
A.GM.87.D194	T-MY-----DT-Q-E-----V-TNC-V-----	RY-EH-T-V-R--M--S-K-FILH-----H---	P-K-WKAK-K-IPYSE	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	V-MF-----T-PO-GE-----DT-TLC-S-V-RF-----	H-T-V--M-HE-TFIL-----H-ME-DDWKAK-K-	IPFS	
A.GM.x.MCN13	MF-----D-TROEE-----D-GT-C-L-----	RF-H-T-I-----HD-K-FILH-----H---	DWKA-K-IPFS	
A.GW.86.FG clone NIHZ	V-MF-----DT-Q-GE-----DT-T-C-L-----	RH-MH-T-V--SM-LK-----FTL-----HN---	P-K-WKA-K-IPFS	
A.GW.87.CAN2CG	T-C-----DLPOD-----ENT-T-C-V-----	I-KF-QH-T-V-R-SL--E-T-FKL-----HO---	P-WKA-K-IPFN	
A.GW.x.MDS	MF-----PO-GE-----DT-T-C-----	KF-RH-T-V-R--D-V-FRLH-----H---	P-WKA-K-IPFN	
A.IN.07.NVVA	-----C-----DITQ-E-----D-TNC-T-----	RY-EH-T-M--SM--N-I-FTL-----YO---	W-AK-K-IPHN	
A.IN.95.CRIK 147	A.JP.08.NMC786 clone 41	Y-----E-PE-GN-----D-GT-C-L-----	RF-H--V-R--M-LE-T-----Y-D--D-WKAK-K-	IPFS
A.PT.x.1096	T-MF-----DIPO-GE-----DT-T-C-V-----	V-KF-H-T-V-R--M-HD--FK-H-----H---	P-WKA-K-IPF	
A.PT.x.1139	V-F-----D-PO-GE-----DI-T-C-----	IGRF-H-T-V-R--M-FD-V-FKKH-----H---	P-WKA-K-IPFS	
A.PT.x.1147	-----F-Q-----DAPE-EEG-----DEGT-C-L-----	GW-F-H-R-V-R--HM--E-T-F-F-RH-----H---	P-D-WKAK-K-IPF	
A.PT.x.1215	-----FY-----DIPO-GN-----GT-T-C-----	HF-H-T-V-R--K-HD-V-FNLF-----YO---	P-K-WKAK-K-IPFSE	
A.PT.x.1227	-----MF-----D-PO-GE-----DI-T-C-----	RF-H-OT-V-R--N--D-V-FT-----H---	P-WKA-K-IPFS	
A.PT.x.1268a	-----FY-----EIPOD-N-----NS-T-C-----	I-NF-H-T-V--K-HD-V-FD-----YO---	P-WKA-K-IPYS	
A.PT.x.1320	V-----F-----DIPO-GN-----DT-T-C-----	I-HF-QH-T-I-R--K-HD-I-FRL-----YO---	P-WKAK-K-IPFSE	
A.PT.x.1378	V-----F-----DIPO-EE-----DT-TNC-L-----	PF-HR-R-V-R--M-HE-T--K-----Y---	P-W-A-K-IPFN	
A.PT.x.138	V-F-F-----DIP-OD-----D-GT-C-L-----	NRL-H-T-V-R--M-HE-T--H-----Y---	P-WKA-K-IPFS	
A.PT.x.1428	T-RF-----DITQ-E-----DITQ-C-V-----	KF-H-T-V-R--N--E-T-FN-----Y---	P-WKA-K-IPFN	
A.PT.x.1443	-----MF-----E-Y-----EIPD-N-----NS-T-C-----	I-NF-H-T-V--K-HD-V-FD-----YO---	P-WKA-K-IPYS	
A.PT.x.1544	-----MF-----NPODEN-----DT-T-C-----	HL-H-T-V-R--SK-N-V-FNL-----H---	P-K-WKAK-K-IPYSE	
A.PT.x.1567	T-MF-----E-E-P-OD-----D-GD-C-L-----	GF-H-T-V-R--SR-E-T-FIK-----Y---	E-WKA-K-IPYS	
A.PT.x.268	-----F-----D-QAEE-----DT-T-C-----	F-IH-T-V-R--M--S-T-FIKH-----H---	P-WKA-K-IPFN	
A.PT.x.293a	T-MF-----D-PO-GG-----DT-T-C-V-----	V-KF-H-T-V-R--M--D-V-FRL-----H---	P-WKAK-K-IPFN	
A.PT.x.293b	A.PT.x.427d	T-MF-----D-PR-EE-----D-ANC-L-----	RF-QH-T-V-R--D-T-FN-F-----HN---	P-K-WKAK-K-IPYK
A.PT.x.483	-----MH-----D-PO-GK-----DT-T-C-----	V-RF-H-T-L-R--M-HD-V-FRL-----H---	P-WKA-K-IPFS	
A.PT.x.511	V-----MF-----GALL-GEE-----D-GT-C-L-----	KFN-H-T-V--SM--E-K-FTL-----H---	P-WKAK-K-IPFN	
A.PT.x.546	-----M-----STLPGEE-----D-GT-C-L-----	GRF-H-T-V-R--M-HE-K-ILH-----H---	P-WKA-K-IPFS	
A.PT.x.741	V-----MF-----D-PO-GE-----DE-T-C-V-----	KF-H-OT-V-R--N--E-T-FKQ-----KH---	P-D-WKA-K-IPFN	
A.PT.x.794	-----MF-----D-PO-GE-----DE-T-C-V-----	KF-H-OT-V-R--N--E-T-FKQ-----KH---	P-D-WKA-K-IPFS	
A.PT.x.956	-----MF-----DAPD-EE-----N-ANC-L-----	NH-H-T-V-R--SM--S-T-FIKH-----HN---	P-N-WKA-K-IPYS	
A.PT.x.ALI	-----MF-----D-PO-GE-----DT-T-C-L-V-----	RH-TH-T-V-R--K-HD-K-FILH-----Y---	P-D-WKA-K-IPFS	
A.PT.x.B1 1	V-----F-----D-PO-GE-----DT-T-C-V-----	I-KF-QH-T-V-R--M-FD-V-FRL-----H---	P-D-WKA-K-IPFS	
A.PT.x.EP	V-----RF-----D-PO-GD-----D-GT-C-L-----	KF-HR-T-V-R--M--E-K-FNL-----H---	P-WKA-K-IPFS	
A.PT.x.LF3	V-----F-----D-PO-GE-----GE-VNC-L-----	RF-H-T-V-R--M--E-K-FNL-----H---	P-WKA-K-IPFS	
A.PT.x.MP2	T-MF-----DIPR-EE-----ANC-L-----RL-QH-----	T-V-R--D-T-FN-F-----HN---	P-K-WKA-K-IPYR	
A.PT.x.P1	V-MF-----EIPO-GE-----DT-T-C-----Q-KF-----	H-T-V--SM-LQ-T-FIKH-----H---	P-K-WQA-K-IPFS	
A.SN.85.ROD	V-MF-----D-PO-GE-----DT-T-C-V-----	KF-H-T-V-E-L-S--FI-----H---	P-D-WKA-K-IPFS	
A.SN.86.ST_JSP4_27	V-----F-----D-PO-G-DDS-T-C-V-----	RF-H-T-V-R--FS-FI-----Y---	P-D-WKA-K-IPFS	
B.CI.88.UC1	-----R-----DIPE-ER-----GA-TSC-V-----	I-S-IH-T--R--L-HD-V-FN-----YO---	P-K-KA-K-IPTD	
B.CI.x.20.56	V-----W-----DIP-ER-----BA-NSC-V-----	S-H-T-V-Q-L-HD-I-FNKF-----YO---	P-K-WKA-K-IPTD	
B.CI.x.E40	V-----F-----I-MIA-PE-----E-E-T-C-V-----	P-H-E-V-Q-SL--D-V-F-F-----YO---	MP-K-WKAK-K-IPTE	
B.CI.x.IC762993	-----K*-*-----IPEKKN-----AKTSC-----	P-NLH-KT-V-Q-NSF--N-V-FN-F--K-KYO-E-P-K#-KAK-K-	KKIPYR#	
B.GH.86.D205 ALT	-----Y-----E-PAATR-----E-E-T-C-----	I-S-IH-T-I-Q-SL--D-V-FN-F-----YO---	P-WKA-K-IPTD	
B.JP.01.IMCJ KR020_1	V-----X-----IPE-DK-----A-TSC-----A-P-VH-----	T-I-Q-SL--D-I-FN-----YO---	P-K-WKV-K-IPTD	
G.CI.92.Abt96	-----X-----T-----T-C-V-----P-ET-----	D-R-FILH-RW-----P-AVWKEK-K-Q-	PIE	
AB.CM.03.03CM 510 03	-----Y-----ETPT-R-----EGE-T-C-----S-YH-----	T-V--L-HD-V-FN-F-----YO---	P-K-WKAK-K-IPTD	
H2 01 AB.CI.90.7312A	-----H-----E-AAVTR-----E-E-T-C-V-----	AA-H-T-V-Q-SL--SD-FN-F-----YO---	P-K-WKA-K-IPTE	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	V-----Y-----I-TAAT-----E-E-T-C-V-----	A-H-T-V-Q-F-S--FNKF-----YO---	P-K-WKA-K-IPTE	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-----C-----TAAT-----E-E-T-C-V-----	A-H-T-V-Q-L-S--FN-F-V-----YO---	P-K-WKA-K-IPTE	
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	V-----F-----E-AAAT-----E-E-T-C-V-----	S-H-T-V-Q-SL--S-FN-F-----YO---	MP-K-WKA-K-IPTE	
U.CI.07.07IC TMP3	V-F-----H-----H-S-----N-----R-----	EE-R-----E-E-K-FIL-----P-K-K-A-	264	
U.FR.96.12834	T-W-MC-----E-DAN-K-----N-----RL-----	VGS-CEE-H-A-V-SS-S-Q-FIK-----H---	PV-----KNC	
U.US.08.NWK08	-----Y-----Q-E-D-E-----N-TNC-V-----	T-V-R-NSA-----I-H--W*------KQ-A-	D-KKPTK	
MAC.US.x.17EC1	-----R-----R-----Q-----K-----P-----	-----A-----#-----P-----R-----S-----	264	
MAC.US.x.251 1A11	-----L-M-----I-----R-----V-----K-----A-----E-----R-----S-----	-----I-----K-----K-----A-----E-----R-----S-----	263	
MAC.US.x.251 32H PJ5	-----P-----L-----M-----I-----R-----V-----K-----A-----E-----R-----S-----	-----I-----K-----K-----A-----E-----R-----S-----	263	
MAC.US.x.251 BK28	-----P-----L-----M-----I-----R-----V-----K-----A-----E-----R-----S-----	-----I-----K-----K-----A-----E-----R-----S-----	263	
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-----P-----L-----M-----I-----R-----V-----K-----A-----E-----R-----S-----	-----I-----K-----K-----A-----E-----R-----S-----	263	
MNE.US.02.MNE 8	-----P-----L-----M-----I-----R-----V-----K-----A-----E-----R-----S-----	-----I-----K-----K-----A-----E-----R-----S-----	264	
MNE.US.x.MNE027	-----P-----L-----M-----I-----R-----V-----K-----A-----E-----R-----S-----	-----I-----K-----K-----A-----E-----R-----S-----	264	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-----MM-----R-----C-----V-----I-----HL-----	-----Q-----N-----FI-----D-----KK-----K-----NS-----	263	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-----MF-----MD-----T-----C-----V-----H-----M-----S-----K-----K-----K-----	-----H-----M-----S-----K-----K-----K-----	262	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----MF-----Q-----D-----N-----N-----C-----L-----#-----YKMS-----	T-----N-----M-----F-----H-----W-----T-----K-----A#AG-S-TTKSM-Q-AS-	258	
SMM.SL.92.SL92B	-----F-----Q-----D-----N-----N-----T-----C-----V-----Y-----HS-----	K-----N-----H-----F-----H-----W-----T-----E-----ANKPKPKK-----S-----	267	
SMM.US.04.G078	V-----MF-----D-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.G932	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M919	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M922	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M923	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M926	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M934	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M935	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M940	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M946	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M947	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M949	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M950	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M951	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.04.M952	-----MF-----DI-----T-----C-----V-----H-----S-----Q-----	FI-----MQ-----D-----Q-----K-----GGNX-----	263	
SMM.US.05.D215	-----M-----D-----L-----C-----V-----A-----G-----K-----A-----N-----	FIK-----D-----D-----K-----K-----K-----GK-----	260	
SMM.US.06.FTQ	-----MM-----E-----N-----T-----C-----V-----G-----K-----A-----N-----	FIK-----D-----D-----K-----K-----K-----GK-----	260	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	T-----MY-----D-----T-----C-----V-----Y-----K-----E-----S-----	K-----FIK-----Y-----K-----K-----#FK-----S-----	264	
SMM.US.86.CFU212	-----MF-----D-----T-----C-----V-----Y-----K-----E-----S-----	K-----FIK-----Y-----K-----K-----#FK-----S-----	263	
SMM.US.x.F236_H4	-----MHY-----D-----T-----C-----V-----Y-----K-----E-----S-----	K-----FIK-----Y-----K-----K-----#FK-----S-----	263	
SMM.US.x.H9	-----MF-----X-----T-----C-----V-----X-----X-----K-----F-----	EH-----Q-----K-----Q-----K-----K-----K-----S-----	262	
SMM.US.x.PBJA	-----MF-----X-----T-----C-----V-----X-----X-----K-----F-----	EH-----Q-----K-----Q-----K-----K-----K-----S-----	262	
SMM.US.x.PGMS3	-----MF-----X-----T-----C-----V-----X-----X-----K-----F-----	EH-----Q-----K-----Q-----K-----K-----K-----S-----	262	
SMM.US.x.SMS43	T-----MY-----D-----T-----C-----V-----I-----S-----R-----	FI-----H-----K-----K-----K-----K-----K-----S-----	264	
SMM.US.x.pE660.C67G	T-----MY-----D-----T-----C-----V-----I-----S-----R-----	FI-----H-----K-----K-----K-----K-----K-----S-----	264	
STM.US.89.STM_37_16	-----Q-----DM-----N-----ED-----GT-----V-----H-----V-----	L-----H-----F-----H-----PK-----E-----A-----K-----S-----	265	