

# III

## HIV-2/SIV Complete Genomes

### Contents

---

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

---

### III-1 Introduction

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

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

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

### III-2 Annotated features

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

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

Feature	Location	Page
Env start	6604	201
Env signal peptide end	6669	202
Env gp120 start	6670	202
V1 loop start	6940	203
V1 loop end	7104	205
V2 loop start	7108	205
V2 loop end	7236	206
V3 loop start	7534	207
V3 loop end	7635	208
V4 loop start	7807	209
V4 loop end	7899	210
V5 start	8017	210
V5 end	8034	211
Rev Responsive Element (RRE) start	8123	211
Env gp120 end	8178	212
Env gp41 start	8179	212
RRE end	8479	213
Tat Rev intron end	8805	215
Tat Rev exon 2 start	8806	215
Tat end	8902	216
Rev end	9059	217
Nef start	9077	217
Env gp41, gp160 end	9243	218
Premature stop in SMM239	9355	219
3' LTR U3 start	9462	219
TCF-1 alpha binding	9770-9785	221
Nef end	9868	222
NF- $\kappa$ -B-II	9876-9884	222
NF- $\kappa$ -B-I	9891-9900	222
TATA box	9949-9955	223
TAR element start	9980	223
3' LTR U3 end	9978	223
3' LTR repeat start	9979	223
TAR element end	10103	224
Poly-A signal	10132-10137	224
3' LTR R repeat end	10155	224
3' LTR U5 start	10156	224
3' LTR U5 end	10279	225

## III-3 Sequences

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

Name	Accession	Country	Author	Reference
MAC.US.x.239	M33262	United States	Kestler, H.	<i>Science</i> <b>248</b> (4959):1109-1112 (1990)
A.CI.88.UC2	U38293	Cote D'Ivoire	Barnett, S.W.	<i>Virology</i> <b>222</b> (1); 257-61 (1996)
A.DE.x.BEN	M30502	Germany	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> <b>177</b> (1):305-311 (1990)
A.DE.x.PEI2_KR_KRCG	U22047	Germany	Kraus, G.	<i>ARHR</i> <b>14</b> (1); 65-77 (1998)
A.FR.00.LA38	KY025539	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>2016</b> Nov 2
A.FR.01.LA42	KY025543	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>2016</b> Nov 2
A.FR.02.LA36GomM	KU168287	France	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> <b>54</b> (4); 868-82 (2016)
A.FR.93.LA37	KY025538	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>2016</b> Nov 2
A.FR.96.LA40	KY025541	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>2016</b> Nov 2
A.FR.98.LA39	KY025540	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>2016</b> Nov 2
A.FR.98.LA41	KY025542	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>2016</b> Nov 2
A.GH.x.GH1	M30895	Ghana	Hasegawa, A.	<i>ARHR</i> <b>5</b> (6):593-604 (1989)
A.GM.87.D194	J04542	Gambia	Kuehnel, H.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> <b>86</b> (7):2383-2387 (1989)
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	J04498	Gambia	Franchini, G.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> <b>86</b> (7):2433-2437 (1989)
A.GM.x.MCN13	AY509259	Gambia	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> <b>78</b> (4):2006-2016 (2004)
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	J03654	Guinea-Bissau	Zagury, J.F.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> <b>85</b> (16):5941-5945 (1988)
A.GW.87.CAM2CG	D00835	Guinea-Bissau	Tristem, M.	<i>J Gen Virol</i> <b>72</b> (PT 3):721-724 (1991)
A.GW.x.MDS	Z48731	Guinea-Bissau	Becker, M.	Unpublished
A.IN.07.NNVA	EU980602	India	Gurjar, S.R.	<i>JAIDS</i> <b>52</b> (3); 329-35 (2009)
A.IN.95.CRIK_147	DQ307022	India	Santhosh, C.V.	<i>ARHR</i> <b>24</b> (10); 1315-7 (2008)
A.JP.08.NMC786_clone_41	AB731742	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
A.PT.x.ALI	AF082339	Portugal	Reeves, J.D.	<i>J Virol</i> <b>73</b> (9); 7795-804 (1999)
A.SN.85.ROD	M15390	Senegal	Clavel, F.	<i>Nature</i> <b>324</b> (6098):691-695 (1986)
A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	Senegal	Kumar, P.	<i>J Virol</i> <b>64</b> (2):890-901 (1990)
B.CI.88.UC1	L07625	Cote D'Ivoire	Barnett, S.W.	<i>J Virol</i> <b>67</b> (2):1006-1014 (1993)
B.CI.x.20_56	AB485670	Cote D'Ivoire	Takekawa, N.	Unpublished
B.CI.x.EHO	U27200	Cote D'Ivoire	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> <b>202</b> (1):471-476 (1994)
B.FR.00.LA44	KY025545	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>2016</b> Nov 2
B.FR.98.LA43	KY025544	France	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>2016</b> Nov 2
B.GH.86.D205_ALT	X61240	Ghana	Dietrich, U.	<i>Nature</i> <b>342</b> (6252):948-950 (1989)
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	AB100245	Japan	Kusagawa, S.	<i>ARHR</i> <b>19</b> (11):1045-1049 (2003)
G.CI.92.Abt96	AF208027	Cote D'Ivoire	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> <b>13</b> (5):401-404 (1997)
AB.CM.03.03CM_510_03	EU028345	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> <b>24</b> (1):86-91 (2008)
H2_01_AB.CI.90.7312A	L36874	Cote D'Ivoire	Gao, F.	Unpublished

Name	Accession	Country	Author	Reference
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	AB731738	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	AB731740	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	AB731744	Japan	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
U.CI.07.07IC_TNP3	KC693505	Cote D'Ivoire	Ayouba, A.	<i>AIDS</i> <b>27</b> (15):2488-2491 (2013)
U.FR.96.12034	AY530889	France	Damond, F.	<i>ARHR</i> <b>20</b> (6):666-672 (2004)
U.US.08.NWK08	KP890355	United States	Bond, N.G.	Unpublished
MAC.US.x.17EC1	AY033233	United States	Anderson, M.G.	<i>Virology</i> <b>195</b> (2):616-626 (1993)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	United States	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> <b>18</b> (3-4):311-9 (1989)
MAC.US.x.251_32H_PJ5	D01065	United States	Rud, E.W.	(in) 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	United States	Hirsch, V.	<i>Cell</i> <b>49</b> (3):307-319 (1987)
MAC.US.x.MM142_IVMXX	Y00277	United States	Chakrabarti, L.	<i>Nature</i> <b>328</b> (6130):543-547 (1987)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> <b>72</b> (1):245-256 (1998)
MNE.US.x.MNE027	U79412	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> <b>72</b> (1):245-256 (1998)
SMM.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	Cote D'Ivoire	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	JX860431	Liberia	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	Sierra Leone	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z.	<i>J Virol</i> <b>70</b> (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.04.G078	JX860415	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.G932	JX860416	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M919	JX860417	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M922	JX860418	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M923	JX860419	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M926	JX860420	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M934	JX860421	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M935	JX860422	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M940	JX860423	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M946	JX860424	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M947	JX860425	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M949	JX860426	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M950	JX860427	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M951	JX860428	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M952	JX860429	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.05.D215	JX860413	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.06.FTq	JX860414	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	JQ864084	United States	Wu, F.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (16): 8835-47 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	United States	Fischer, W.	<i>J Virol</i> <b>86</b> (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.x.F236_H4	X14307	United States	Hirsch, V.M.	<i>Nature</i> <b>339</b> (6223); 389-92 (1989)
SMM.US.x.H9	M80194	United States	Cournaud, V.	<i>J Virol</i> <b>66</b> (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PBJA	M31325	United States	Dewhurst, S.	<i>Nature</i> <b>345</b> (6276):636-640 (1990)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	United States	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> <b>72</b> (11):8841-8851 (1998)
SMM.US.x.SME543	U72748	United States	Hirsch, V.	<i>J Virol</i> <b>71</b> (2):1608-1620 (1997)

Name	Accession	Country	Author	Reference
SMM.US.x.pE660.CG7G	JX648292	United States	Lopker, M.	<i>J Virol</i> <b>87</b> (10); 5477-92 (2013)
STM.US.89.STM_37_16	M83293	United States	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> <b>186</b> (2):783-787 (1992)



	TCF-1 alpha	
MAC.US.x.239	GGCCACAG.....GAGGATGAGGAGCATTATTTAATGCATCCAGCTCAAACCTCCAGTGGGATGACCTTGGGGAGAGGTTTACATGGAAGTTTGATCCAACCTGGCCCTACACTATGAGGCATATGTAGATACCCAGAGAGTTTGGGAGCAAGTCAG	327
A.CI.88.UC2	---G-.....T---ACCA-C-GC---C---A---AAG-AGA-AT---ATACAT-G---ACA---TG---CG---A-CT-C-TG-----TGAG-CA---C-TCAC-CT-----A---GCA-----	327
A.DE.x.BEN	---G-.....A---CCA-C-GC---G-A-C---A---AAG-AGACAT---TGAGCAT-G---ACAT---TG---C---CT-C-TG-----T-AC-CA---C-TCAC-CTG-----GCA-----	327
A.DE.x.PET2 KR KRCC	T.....A---C-C-GC---C-A-C---A---AAG-GG---CT---CAT-G---AACAT---ATG---G---C-T-GG-----TGAG-AC---T-T-AA-C-----A---GTAT-----	319
A.FR.00.LA38	---GGA-.....CAC---ACT---C-GC---C---A---AAG-A---TT---GCAT-G---ACAT-G-TC---GA---T-TG-----TGAG-CA---C-T-A-CCT-C-----G-A---GCA-----	327
A.FR.01.LA42	---GG-.....AGCAG---CACC---C-GC---GT-A-C---A---AAA-A---AT---ACAT---AACA---TG---GT---CT-C-GG---T---TGAG---CAC---C-T-AA-A-----G-A---GCAT-----	318
A.FR.02.LA366omM	---G-G-.....TAC---C-GC---C-GC---A---AAAGGAG---TT---AGCAT-G---AACAT---TC---G---C-T-G-----TGA---CACA---C-TCAAAGCT-G-T-----G-A---GCA-----	318
A.FR.93.LA37	---GG-.....AGCAG---CACC---C-GC---GT-A-C---A---AAA-A---CAT---ACAT---AACA---TG---GT---CT-C-GG---T---TGAG---CAC---C-T-AA-A-----G-A---GCAT-----	318
A.FR.96.LA40	---AGG-.....GC---C-TACCA-C-GC---C---A---AAG-AG-CAT---ACAT-G---AACAT---TC---G-A-C---C-T-G-----T-T-GC-C---T-T-AC-C-C---C-G---GTA-C-----	327
A.FR.98.LA39	---G-G-.....TAC---C-GC---C---A---G---AAG-TG-CAA---ATACAT---AACA---G-T-C---G---C-C-GG---A---T-GTGAC---T---C-T-AAG-A-T-----G-A---AAGTAT-----	199
A.FR.98.LA41	---G-G-.....TAC---C-GC---C---A---G---AAG-TG-CAA---ATACAT---AACA---G-T-C---G---C-C-GG---A---T-GTGAC---T---C-T-AAG-A-T-----G-A---AAGTAT-----	321
A.GH.x.GH1	.....	0
A.GM.87.D194	.....	0
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	.....	0
A.GM.x.MCN13	.....	0
A.GW.86.FG c1one NIHZ	---G-G-..GACACTGAGACT---CAC---ACT---C-GC---T-A-C---A---AAG-AG-CAT---ATGCAT-G---ACA---G-TC-----CT-C-TG-----CTT-AG-----C-T-AC-C-----A---GCA-----	339
A.GW.87.CAM2CG	.....	0
A.GW.x.MDS	---G-G-A.....CAC---AACT---C-GC---C---A---AAGTA---TT---AGACAT-G---ACA---T---GA---C---AT-A---TGA---TA---C-T-AGGCT-C-----G-A---GCA-----	327
A.IN.07.NNVA	.....	73
A.IN.95.CR1K 147	---G-.....C---ACCA-C-GCC---CA-C---A---AAG-AGA-AT---TGAGCAT-G---AACA---GATG---GA---CT-T-TG---A---T-AC---CAT---C-TCAGATT---T---G-A---CA-----	326
A.JP.08.NMC786 c1one 41	A-GGG-.....CAC---ACT---C-GCC-GC-A-C---TA---AAG-AG-CAT---A-GCAT-G---ACAT---TT---GA---C---T-AG---TC-TGA---CA-A-C-T-A-CT-C-----G-A---GTA-C-----	327
A.PT.x.ALI	.....	0
A.SN.85.R0D	.....	0
A.SN.86.ST JSP4_27	.....	0
B.CI.88.UC1	---A-AG-.....GA-CG---AACCAG---G-C-GG---C---A---G-TC---TTCA---ATCCAC-G---ACC-T-C---CG---C---CCTC---AC-TGAC---TA---C-TCAAC---G-----GTATC-----	327
B.CI.x.20 56	A-A-G-.....AGA-CA---AA-CAG---G-C-GG---C---A---G-C---TCA---CCAC-G---AACC-T-T-C---C---C---CCTC---AC-TGAC---ATA---C-TCAAC---G-T-----GTATC-----	326
B.CI.x.EHO	AC-G-.....C-G---AACC---G-C-GG---C---A---G-C---GCA---CCAC-A---ACC-T-T-C---C---CT-CCTC---A-A---TGAC---T---C-TCAGC---G-T-----G-----GTATC-----	327
B.FR.00.LA44	A-A-A-.....GA-CA---AAGCAGC---GCC-G---C---A---G-C---TTCA---CCAC-G---AACC-T-C---C---CT-CTAC---A---TGAC---TA---C-TCAAC---AG-T---T-G-----TATC-----	327
B.FR.00.LA43	CA-C-.....GA---G---C---GCC---C-G-A---G-C---TTCA---CCAT-G---ACC-T-T-C---G---T-C-TG---A---TGA---T---C-TCAA---T-----C-GTA-C-----	327
B.GH.86.D205 ALT	A-C-GAGAG-.....G---AACC---GCC---C-G-A---G-TC---TCA---ATCCAT-G---AC---TATC---C---T-CCTC---A---TGA---T---T-TCAA---G-TT-----C---GTA-C-----	330
B.JP.01.IMCJ KR020_1	.....	0
G.CI.92.Abt96	.....	0
AB.CM.03.03CM 510 03	.....	0
H2 01 AB.CI.90.7312A	AA-C-G-GAG-.....A---G---ACC---G-C-G---C---A---G-CG---GCA---T-CCAT-G---AC---T-TG---C---T-CCTC---A---TT-AG---C-TCAAC---G-T-----GTATC-----	329
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	AA-C---GAG-.....G---ACC---G-C-G---C---A---G-C---TGCA---CCAT-G---AC---T-TG---C---C---CTTC---A---TT-A---C-TCAAC---AG-T-----GTATC-----	330
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	AA-C-AGAG-.....G---ACA---G-C-G---C---A---G-C---GCA---CCAT-G---ACC-T-TG---C---C---CTTC---A---TT-A---C-TCAAC---AG-T-----GTATC-----	330
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	AA-C-GAG-.....G---ACC---G-C-G---C---A---G-C---TTCA---CCAT-G---AC---T-TG---C---T-CCTC---G---TT-A---C-TCAAC---G-----GTATC-----	330
U.CI.07.07IC TNP3	.....	0
U.FR.96.12034	.....	0
U.US.08.NMK08	.....	0
MAC.US.x.I7EC1	.....	327
MAC.US.x.I1A11	.....	327
MAC.US.x.251 32H PJ5	.....AG-.....G.....A.....C.....C.....A.....	327
MAC.US.x.251 BK28	.....AG-.....G.....A.....G.....A.....C.....	326
MAC.US.x.MM142 IVMXX	.....	0
MNE.US.82.MNE 8	.....	0
MNE.US.x.MNE027	.....	0
SMM.CI.79.SIVsmCI2	.....	0
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	.....	0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	.....	0
SMM.SL.92.SL92B	.....	0
SMM.US.04.G078	.....	0
SMM.US.04.G932	.....	0
SMM.US.04.M919	.....	0
SMM.US.04.M922	.....	0
SMM.US.04.M923	.....	0
SMM.US.04.M926	.....	0
SMM.US.04.M934	.....	0
SMM.US.04.M935	.....	0
SMM.US.04.M940	.....	0
SMM.US.04.M946	.....	0
SMM.US.04.M947	.....	0
SMM.US.04.M949	.....	0
SMM.US.04.M950	.....	0
SMM.US.04.M951	.....	0
SMM.US.04.M952	.....	0
SMM.US.05.D215	.....	0
SMM.US.06.FTQ	.....	0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	A-T.....A-C---ACA---GCC-G---G-A-G---CAT---C---A-G---GAAT-A---T-T-GC---A---T-A---AG---T-T-----	327
SMM.US.86.CFU212	.....	0
SMM.US.x.F236 H4	A-T.....A-C---ACA---GCC-GG---G-A-G---AT---C---A-G---GAAT-A---T-T-GC---A---T-A---AG---T-T-----	327
SMM.US.x.H9	.....	0
SMM.US.x.PBJA	.....	82
SMM.US.x.PGM53	A-T-A.....A-C---ACA---C---G---G-TA---T-C---G---T---AGT-A---T-T-AC---A---T---GAGC---T-T-----	253
SMM.US.x.SME543	A-C.....A-C---ACA---GCC-GG---G-A-G---CAT---C---A-G---CAAT-A---T-T-GC---A---T-T-A---C---T-T-----	327
SMM.US.x.pE660.CG76	A-C.....A-C---ACA---GCC-GG---G-A-G---CAT---C---A-G---GAAT-A---T-T-GC---A---T-A---AG---T-T-----	327
STM.US.89.STM_37_16	A-C.....A-C---ACA---GCC-GG---G-A-G---CAT---C---A-G---GAAT-A---T-T-GC---A---T-A---AG---T-T-----	327
	.....	30



		NF-κ-B-II		
MAC. US. x. 239	GCCTGTGACAGGAAGAGGTTT.AGAAGAAGGCTAACCCGAAGAGCCCTTCTAACATGGCTGACAAGAAGG.....	AAACTCGTGAAACAGCAGGGAAGCTTTCCACAA. GGGATGT	436	
A. CI. 88. UC2	-AT -C -A -T -TGG -AGGC -AA -G -AA -GA -A -CAT -T -AGTGAATAA .....	CAGGAACAACCATACCTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTAAG -A -A -G -T -G -C -	471	
A. DE. x. BEN	-AT -C -A -T -ATGG -AGGC -AA -G -AA -GA -A -CAT -T -AGTGAATAA .....	CAGGAACAACCATACCTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTAAG -ACA -GG -T -G -C -	471	
A. DE. x. PET2 KR KRCC	-C -A -T -TGG -AGGC -AA -G -AA -GA -A -CATTT -AGTTAA .....	AGA. CAGGAACAGCTATATTTGGTCAGAACAGGAAGTAGATGA -G -T -G -C -	452	
A. FR. 00. LA38	-T -ACA -A -T -CTGG -AGGC -A -G -AA -G -AA -A -CAT -GT TAAA -G -C -	AGGAACAGCTATACCTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTATT. G -ACA -G -T -G -C -	471	
9. FR. 01. LA42	-A -C -A -T -TGG -AGGC -AA -G -AA -GA -A -CAT -T -GT TAAAGGC .....	AGGAACAGCTATATTTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTCT. G -ACA -G -T -G -C -	461	
A. FR. 02. LA36gomM	-T -AC -A -G -ATGG -AGGC -AA -G -AA -G -AA -C -ATT -GCTAAA -AC -	AGGAACAGCTATATTTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTACT. AG -ACA -G -T -G -C -	461	
A. FR. 93. LA37	-A -C -A -T -TGG -AGGC -AA -G -AA -GA -A -CAT -GT -AGAGGC .....	AGGAACAGCTATACCTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTACT. G -ACA -G -T -G -C -	461	
A. FR. 96. LA40	-A -C -A -T -ATGG -AGGC -A -G -AA -GA -A -CATTT -GT TAAA -AC -	AGGAACAGCTATACCTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTACT. -ACA -G -T -G -C -	469	
A. FR. 98. LA39	-A -AAG -A -T -TGG -AGGC -AA -G -AA -AT -GA -A -CATTT -AT TAAAGC .....	AGGAACAGCTATACCTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCT. -CA -G -T -G -C -	334	
A. FR. 98. LA41	-A -GAG -C -T -TGG -AGGC -AA -G -AA -GA -A -CATTTGA -TAGRGAC .....	AGGAACAACCATACCTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTACT. G -ACA -G -T -G -C -	464	
A. GH. x. GH1			0	
A. GM. 87. D194			0	
A. GM. x. ISY SBL 6669 85			0	
A. GM. x. MCN13			0	
A. GW. 86. FG c1one NIHZ	-AC -A -T -TGG -AGGC -AA -G -AA -GA -A -CATTT -AGTTAA .....	GGGCAGGAACAACCATACATGGCCAGGGCAGGAAGTAGCTACT. G -ACA -G -T -G -C -	482	
A. GW. 87. CAM2CG			0	
A. GW. x. MDS	-AC -A -T -TGG -AGGC -AT -AG -G -A -A -CATTT -AATTAAAGGAGACAGGAACAAC -	TACTTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTATT. G -ACA -G -T -G -C -	473	
A. IN. 07. MNVA	-T -AC -A -T -TGG -AGGC -A -G -AA -G -AA -A -CCTTT -AGCTAA .....	GAGACAGGAACAACCATACCTGGTCAGAACAGGAAGTAGCTACT. G -ACA -T -G -T -G -C -	217	
A. IN. 95. CR1K 147	-AT -C -A -T -ATGG -AG -A -G -AA -GA -A -CAC -T -AGCTAA .....	CAACAGGAACAACCATACCTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTACTGC. -ACA -G -T -G -C -	469	
A. JP. 08. NMC786 c1one 41	-C -A -T -TGG -AGGC -A -G -AA -GA -A -CATTT -AGT -CAGGAACAGCTGA .....	TTTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTACT. G -ACA -G -T -G -C -	468	
A. PT. x. ALI			0	
A. SN. 85. ROD			0	
A. SN. 86. ST JSP4_27			0	
B. CI. 88. UC1	-AT -AC -A -G -TGA -AGGCT -A -AA -GA -A -C -CAGACTAG -CA -GAG -CAGCAGCATAAAC .....	AGGAACTAGCTGACACTGCACAAAG. AGGGAAGCT -A -C -C -A -A -C -	475	
B. CI. x. 20 56	-G -AC -A -T -TGG -AGGCT -A -AA -AA -A -C -CAGACTAG -CAGGA -CAGCAGCTTAAAG .....	AGGAACTAGCTGACACTGCATAA. ACAGGAAGCT -A -C -T -AT -CA -	473	
B. CI. x. EHO	-AA -C -A -T -TGG -AGGCT -AA -G -AA -AA -A -C -CAGA -TAGACAGGA -TAACAGCACAAAG .....	AGGAACTAGCTAACACTGCATAGAGAAGGAAACT -A -T -T -G -C -	475	
B. FR. 00. LA44	-GT -AC -A -T -TGG -AGGCT -A -G -AA -G -AA -C -CAGACTAGACAGGA -CAGCAG .....	CCTAAAAGGAACTAGCTGACACTGCATAAGAAA. -G -A -C -C -G -CA -	474	
9. FR. 98. LA43	-G -AC -G -A -G -TGG -AGGCT -A -G -AA -AA -A -C -CAGATTAG -CA -GACAGC .....	AGCATAAACAGGAAGTAGCTGACACTGCACAAAGAGGA. -G -A -C -T -A -C -	476	
B. GH. 86. D205 ALT	-G -AC -A -G -TGG -AGGCT -A -AA -GA -A -C -CAGATTAG -CA -GAG -CAGCAGCATAAAC .....	AGGAACTAGCTGACACTGCACAAAG. AAGGAAGCT -A -A -C -T -A -A -C -	478	
B. JP. 01. IMCJ KR020_1			0	
G. CI. 92. Abt96			0	
AB. CM. 03. 03CM 510 03			0	
H2 01 AB. CI. 90. 7312A	-AT -AC -A -G -ATGG -AGGCT -A -AA -A -A -C -CAGA -TAGACAGGA -CAGCAGCATAAA .....	GAGGAACTAGCTGACCTGCATAAGAAAAGGAAACTGGCT. -C -T -G -C -	479	
H2 01 AB. JP. 04. NMC307 20	-AT -AC -A -G -ATGG -AGGCG -A -G -AA -A -A -C -CAGA -TAGACAGGA -ACAACAGCATAAA .....	GGGAAGTAGCTGACCTGCATAAGAAAAGGAAACT. -G -C -T -G -C -	479	
H2 01 AB. JP. 07. NMC716 01	-AT -AC -A -G -ATGG -AGGCG -A -AA -A -A -C -CAGA -TAGACAGGA -ACAACAGCATAAA .....	GGGAAGTAGCTGACCTGCATAAGAAAAGGAAACT. -G -C -T -G -C -	479	
H2 01 AB. JP. 08. NMC842_10	-AA -C -AA -G -ATGG -AGGCT -A -G -AA -A -A -C -CAGA -TAGACAGGA -GACAGCAGCATAAA .....	GGGGAAGTAGCTGACACTGCATAAGAAAAGGAAACT. -G -C -T -G -C -	480	
U. CI. 07. 07IC TNP3			0	
U. FR. 96. 12034			0	
U. US. 08. NMC8			0	
MAC. US. x. 17EC1		AAACTCGCTGA	436	
MAC. US. x. 251 1A11		AAACTAGATGA	435	
MAC. US. x. 251 32H PJ5	-C	AAACTCGCTGA	436	
MAC. US. x. 251 BK28		G -AAACTCGCTGA	435	
MAC. US. x. MM142 IVMXX		G -T	435	
MNE. US. 82. MNE 8			0	
MNE. US. x. MNE027			0	
SMM. CI. 79. SIVsmCI2			0	
SMM. LR. 89. SIVsmLTB1			0	
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A			0	
SMM. SL. 92. SL92B			0	
SMM. US. 04. G078			0	
SMM. US. 04. G932			0	
SMM. US. 04. M919			0	
SMM. US. 04. M922			0	
SMM. US. 04. M923			0	
SMM. US. 04. M926			0	
SMM. US. 04. M934			0	
SMM. US. 04. M935			0	
SMM. US. 04. M940			0	
SMM. US. 04. M946			0	
SMM. US. 04. M947			0	
SMM. US. 04. M949			0	
SMM. US. 04. M950			0	
SMM. US. 04. M951			0	
SMM. US. 04. M952			0	
SMM. US. 05. D215			0	
SMM. US. 06. FTQ			0	
SMM. US. 11. SIVsmE660_FL10	-T -AA -AG -A -A -AAACAAGCTGA	G -C	437	
SMM. US. 86. CFU212	-T -A -AG -A -AAACAAGCTGA	G -C	435	
SMM. US. x. F236 H4			0	
SMM. US. x. H9			0	
SMM. US. x. PBJA	-T -A -G -CAG -T -A -A -AAACAAGCTAA	GACAGCAGGGACTTTCC. AC -G -A	214	
SMM. US. x. PGM53	-T -G -A -AG -T -A -A -AAACGAGCTGA	G -G -A	363	
SMM. US. x. SME543	-T -G -A -AG -A -TA -A -G -AAACAAGCTGA	GACAGCAGGGACTTTCC. AC -G -C	450	
SMM. US. x. pE660_CG7G	A -T -A -AG -A -A -A -AAACAAGCTGA	G -G	436	
STM. US. 89. STM_37_16		A -G -A -AACAAGCTGA	G -C	109

	NF-κ-B-1	TATA Box	5' LTR U3 end	TAR element start	+1 mRNA start site	5' LTR R repeat begin	
MAC.US.x.239	TAC . GGGGAGTACTGGGGAGGAGCGGTGGGAAACGCCCACTTTCTTGATGTATAAATATCACTGCAATTCGGCTCTGATT . CAGTCGCTCTGGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCAGTACGAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAG						603
A.CI.88.UC2	A - CAA - - - - G - AT - - - - T - G - - - - - T - A - A - AC - - - - - G - AC - C - T - CC - - - - A - - - - - T - C - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - -						640
A.DE.x.BEN	A - CAA - - - - G - AT - - - - T - G - - - - - T - A - A - AC - - - - - G - AC - C - T - C - T - AT - - - - - C - - - - - A - - - - - T - C - - - - - AT - - - - -						640
A.DE.x.PET2 KR KRCC	A - CA - - - - G - GT - - - - A - G - - - - - T - A - A - C - - - - - G - AC - C - TGC - T - AT - - - - - C - - - - - C - - - - - C - - - - -						620
A.FR.00.LA38	A - CGA - - - - G - AT - - - - T - G - - - - - T - A - A - TC - - - - - G - AC - C - TC - C - AT - - - - - C - T - - - - - C - - - - -						640
A.FR.01.LA42	A - CA - - - - G - AT - - - - TT - G - - - - - T - A - A - C - TC - - - - - G - AC - C - TGC - T - CT - - - - - C - - - - - A - - - - -						630
A.FR.02.LA36GomM	A - CAT - - - - G - AT - - - - TT - G - - - - - T - A - A - C - TC - - - - - G - AC - C - TGC - T - AT - - - - - T - - - - -						630
A.FR.93.LA37	A - CAA - - - - G - AT - - - - T - G - - - - - T - A - A - TC - - - - - G - AC - C - TGC - T - AT - - - - - C - T - - - - -						631
A.FR.96.LA40	A - CA - - - - G - AT - - - - A - T - GA - - - - - T - A - A - TC - - - - - G - AC - C - TGC - T - A - - - - -						638
A.FR.98.LA39	A - CA - - - - G - AT - - - - A - - - - - C - A - A - TC - - - - - G - AC - C - TGC - T - A - - - - - A - T - - - - -						303
A.FR.98.LA41	A - CA - - - - G - AT - - - - A - - - - - C - A - A - TC - - - - - G - AC - C - TGC - T - AT - - - - - C - T - - - - -						633
A.GH.x.GH1	.....						85
A.GM.87.D194	.....						85
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	.....						85
A.GM.x.MCN13	.....						84
A.GW.86.FG c1one NIHZ	.....						651
A.GW.87.CAM2CG	AC - AG - - - - G - TAT - - - - T - G - - - - - T - A - A - C - TC - - - - - TCAC - C - TGC - T - AT - - - - - C - T - - - - -						85
A.GW.x.MDS	.....						634
A.IN.07.NVVA	A - CA - - - - G - AT - - - - T - G - - - - - T - A - ATC - TC - - - - - G - AC - C - TGC - T - AT - - - - - C - T - - - - -						386
A.IN.95.CR1K 147	A - CA - - - - G - AT - - - - T - G - - - - - T - A - ATC - TC - - - - - G - AC - C - TGC - T - AT - - - - - C - T - - - - -						638
A.JP.08.NMC786 c1one 41	A - CAA - - - - G - AT - - - - T - G - - - - - T - A - A - AC - - - - - G - AC - C - T - C - T - - - - -						636
A.PT.x.ALT1	A - CA - - - - A - G - AT - - - - T - G - - - - - T - A - A - C - CC - - - - - G - AC - C - TGC - T - AT - - - - -						85
A.SN.85.R0D	.....						85
A.SN.86.ST JSP4_27	.....						85
B.CI.88.UC1	A - AT - - - - G - AT - - - - TT - T - - - - - T - AAA - CTC - - - - - G - AC - C - T - C - T - AT - - - - -						643
B.CI.x.20 56	A - AA - - - - A - AT - - - - T - G - - - - - T - AAAAATC - - - - - G - AC - C - T - CT - AT - - - - - AC - - - - -						641
B.CI.x.EH0	A - AGT - - - - G - AT - - - - A - GA - - - - - TCAAGACTC - - - - - G - AC - C - T - GT - AT - - - - -						643
B.FR.00.LA44	A - A - - - - A - AT - - - - T - G - - - - - T - AAA - CTC - - - - - G - AC - C - T - CT - AT - - - - - AC - - - - -						642
B.FR.98.LA43	A - AT - - - - GG - AT - - - - TT - T - - - - - T - AAA - CTC - - - - - G - AC - C - T - C - T - A - - - - -						644
B.GH.86.D205 ALT	A - AT - - - - AG - AA - - - - G - TT - T - - - - - T - AAA - CTC - - - - - G - AC - C - T - C - AT - - - - -						646
B.JP.01.IMCJ KR020_1	.....						0
G.CI.92.Abt96	.....						7
AB.CM.03.03CM 510 03	.....						0
H2 01 AB.CI.90.7312A	A - AGT - - - - G - AT - - - - TT - G - - - - - T - AAGCCTC - - - - - G - AC - C - T - C - T - AT - - - - -						648
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	A - AGT - - - - G - AT - - - - TT - G - - - - - T - AAT - CTC - - - - - G - AC - C - T - C - T - AT - - - - -						648
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	A - AGT - - - - G - AT - - - - TT - G - - - - - T - AAT - CTC - - - - - G - AC - C - T - C - T - AT - - - - -						648
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	A - AGT - - - - G - GT - - - - T - G - - - - - T - AAT - CTC - - - - - G - AC - C - T - C - T - AT - - - - -						649
U.CI.07.07IC TNP3	.....						113
U.FR.96.12034	.....						136
U.US.08.NMK08	.....						68
MAC.US.x.I7EC1	.....						603
MAC.US.x.251 Ia11	.....						602
MAC.US.x.251 32H PJ5	.....						603
MAC.US.x.251 BK28	.....						591
MAC.US.x.MM142 IVMXX	.....						85
MNE.US.82.MNE 8	.....						85
MNE.US.x.MNE027	.....						85
SMM.CI.79.SIVsmC12	.....						0
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	.....						0
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	.....						0
SMM.SL.92.SL92B	.....						84
SMM.US.04.G078	.....						0
SMM.US.04.G932	.....						0
SMM.US.04.M919	.....						0
SMM.US.04.M922	.....						0
SMM.US.04.M923	.....						0
SMM.US.04.M926	.....						0
SMM.US.04.M934	.....						0
SMM.US.04.M935	.....						0
SMM.US.04.M940	.....						0
SMM.US.04.M946	.....						0
SMM.US.04.M947	.....						0
SMM.US.04.M949	.....						0
SMM.US.04.M950	.....						0
SMM.US.04.M951	.....						0
SMM.US.04.M952	.....						0
SMM.US.05.D215	.....						0
SMM.US.06.FTQ	.....						0
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	C - T - - - - - T - CT - - - - - AT - CTC - - - - - A - - - - -						603
SMM.US.86.CFU212	.....						0
SMM.US.x.F236 H4	C - T - - - - - T - CT - - - - - AT - CTC - - - - - CA - - - - -						600
SMM.US.x.H9	.....						86
SMM.US.x.PBJA	.....						380
SMM.US.x.PGM53	.....						529
SMM.US.x.SME543	.....						616
SMM.US.x.pE660.CG76	C - T - - - - - T - CT - - - - - AT - CTC - - - - - CA - - - - -						602
STM.US.89.STM_37_16	A - A - - - - GA - GTACT - - - - T - G - - - - - TT - A - TC - - - - - CA - C - T - A - A - - - - A - - - - -						276

	TAR element end	Poly-A signal 5' LTR R repeat end	5' LTR U5 start	
MAC.US.x.239	ACTCTCACCAGCACTTGGCCGGTGGTGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTGCTT...	AAAGCCCTCTTCAATAAA.GCTGCCATTTTAGAAGTAAGCTA..GTGTGTGTTCCCATCTCTCTAGCCGCCGCTGTGTC.	AACTCGTACTCAATAAT.AAGAA.....	758
A.CI.88.UC2	-----TG-C-----CA-----C-G-----A-----A-----C-T-A-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----	-----TTCC-TGTTTCATC-G-GT-C-----	794
A.DE.x.BEN	-----T-----A-----C-G-----A-----G-----C-----T-A-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----	-----TTCC-TGTTTCATC-G-GT-C-----	795
A.DE.x.PET2 KR KRCCG	-----T-----A-----C-G-----A-----G-----C-----T-A-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----	-----TTCC-TGTTTCATC-G-GT-C-----	774
A.FR.00.LA38	-----TG-----CA-----C-G-----AAA-G-C-T-AA-----T-----A-----G-----C-----T-A-----C-----T-----	-----GCTGC-A-----A-----C-----T-A-----C-----T-----	-----T-CG-TGTTTCACC-GTAT-C-----	794
A.FR.01.LA42	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----C-----T-----	-----GCTGC-A-----A-----C-----T-A-----C-----T-----	-----TTCC-TGTTTCACC-G-GT-C-----	783
A.FR.02.LA36gomM	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----C-----T-----	-----GCTGC-A-----A-----C-----T-A-----C-----T-----	-----TTCC-TGTTTCACC-G-GT-C-----	783
A.FR.93.LA37	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----GCTGC-AT-----C-----T-A-----G-----T-----	-----TTCC-TGTTTCACC-G-AT-C-----	784
A.FR.96.LA40	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----GCTGC-AG-----C-----T-A-----G-----T-----	-----TTCC-TGTTTCATC-G-GT-C-----	791
A.FR.98.LA39	-----G-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----GCTGC-A-----C-----T-A-----G-----T-----	-----TTCC-TGTTTCACC-G-AT-C-----	656
A.FR.98.LA41	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----GCTGC-AG-----C-----T-A-----G-----T-----	-----TTCC-TGTTTCACC-G-GT-C-----	786
A.GH.x.GH1	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----GCTGC-A-----C-----T-A-----G-----T-----	-----TTCC-TGTTTCATC-G-AT-C-----	790
A.GM.07.D194	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----G-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----TTCC-TGTTTCATC-G-GT-C-----	239
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----TTCC-TGTTTCATC-G-GT-C-----	240
A.GM.x.MCN13	G-TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----TTCC-TGTTTCATC-G-AT-C-----	240
A.GW.06.FG c1one NIHZ	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----T-CG-TGTTTCACC-GTAT-C-----	238
A.GW.07.CAM2CG	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----TTCC-TGTTTCACC-G-AT-C-----	805
A.GW.x.MDS	-----TG-----CA-----C-G-----T-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----G-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----TTCC-TGTTTCACC-G-AT-C-----	239
A.IN.07.NNVA	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----GTCG-TGTTTCACC-G-GT-C-----	789
A.IN.95.CR1K 147	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----G-----T-----	-----TTCC-TGTTTCATC-G-AT-C-----	540
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CTCG-TGTTTCATC-G-GT-C-----	792
A.PT.x.ALI	-----TG-----CA-----C-G-----C-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----C-----	-----G-----G-----C-----T-A-----AG-----C-----	-----TTCC-TGTTTCACC-G-GT-C-----	790
A.SN.85.R0D	-----TG-----CA-----C-G-----C-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----C-----	-----G-----G-----C-----T-A-----AG-----C-----	-----TTCC-TGTTTCACC-G-GT-C-----	239
A.SN.86.ST JSP4_27	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----C-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----C-----	-----TTCC-TGTTTCATC-AGT-AC-A-----	241
B.CI.88.UC1	-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TTCAATGCTC-C-AGT-A-----	795
B.CI.x.20 56	-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TTCA-TGCTC-C-G-GTTCA-----	793
B.CI.x.EH0	-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TTCC-TGCTC-C-AGT-----	791
B.FR.00.LA44	-----C-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CTGC-A-----A-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CTCG-TGCTC-C-GGAGT-----	793
B.FR.98.LA43	-----C-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CTGC-A-----A-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CT-G-TGCTC-C-AGT-----	793
B.GH.86.D205 ALT	-----C-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CTGC-A-----A-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CTCG-TGCTC-C-G-A-----	792
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-----G-----Y-----G-----AC-----A-----AA-----A-----GT-----T-----	-----AA-----A-----GT-----T-----	-----ACCTCG-TGTTTCGCG-GCA-----	163
G.CI.92.Abt96	-----G-----Y-----G-----AC-----A-----AA-----A-----GT-----T-----	-----AA-----A-----GT-----T-----	-----ACCTCG-TGTTTCGCG-GCA-----	0
AB.CM.03.03CM 510 03	-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CTCG-TGTTTCAGC-G-AT-AG-----	801
H2 01 AB.CI.90.7312A	-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TTCC-TGT-CAGC-TTAG-----	797
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TTCC-TGT-CAGC-TTAG-----	797
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TTCC-TGT-CAGC-TAG-----	798
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TTCC-TGT-CAGC-TAG-----	798
U.CI.07.07IC TNP3	-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TTCC-TGTTTCATC-GGCT-C-----	267
U.FR.96.12034	-----T-----A-----A-----CA-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----ATT-GGA-ATTCACTC-T-A-----	287
U.US.08.NMK08	TG-T-----A-----A-----CA-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----GA-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----ATT-GGT-C-GGC-CGAGGTCTCGGTATCA-----	228
MAC.US.x.17EC1	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-CTCG-TACTCA-----	758
MAC.US.x.251 1A11	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-CTCG-TACTCGG-----	757
MAC.US.x.251 32H PJ5	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-CTCG-TACTCGG-----G-----	758
MAC.US.x.251 BK28	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-CTCG-TACTCGG-----	746
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-CTCG-TACTCGG-----A-GACCCTG-----	246
MNE.US.02.MNE 8	-----T-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-CTCG-TACTCG-----	239
MNE.US.x.MNE027	-----T-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-CTCG-TACTCA-----	239
SMM.CI.79.SIVsmC12	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----ATT-GG-C-CG-G-CG-----	232
SMM.LR.09.SIVsmL1B1	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCTTG-G-AT-AG-A-----	25
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----A-CAGCAACA-G-CA-TGCT-GTAGAC-G-----GA-----G-----A-C-----C-----TC-A-----A-----T-----T-----	-----GA-----G-----A-C-----C-----TC-A-----A-----T-----T-----	-----ATT-GG-C-CG-G-CG-----	0
SMM.US.04.G078	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCTTG-G-AT-AG-A-----	25
SMM.US.04.G932	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CCTCG-TACTCG-TAC-----	16
SMM.US.04.M919	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCG-AC-----	22
SMM.US.04.M922	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCG-AC-----	22
SMM.US.04.M923	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCG-AC-----	22
SMM.US.04.M926	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCG-AC-----	22
SMM.US.04.M934	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCG-AC-----	22
SMM.US.04.M935	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCG-AC-----	22
SMM.US.04.M940	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCTTG-G-AT-AG-A-----	23
SMM.US.04.M946	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCG-AC-----	22
SMM.US.04.M947	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCG-AT-----	22
SMM.US.04.M949	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CCTCG-TACTCTTGAT-----	23
SMM.US.04.M950	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CCTCG-TACTCGT-C-----	22
SMM.US.04.M951	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCTTGAT-----	22
SMM.US.04.M952	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----CCTCG-TACTCG-AC-----	22
SMM.US.05.D215	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCGT-C-G-T-A-----	20
SMM.US.06.F1q	-----A-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCAC-T-G-C-A-----	19
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG-CAC-----	758
SMM.US.86.CFU212	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----TCTCG-TACTCGCTA-CAG-----	21
SMM.US.x.F236 H4	-----R-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG-CAC-----	755
SMM.US.H9	-----R-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG-AC-----	241
SMM.US.x.PBJA	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG-AC-----	534
SMM.US.x.PGM53	-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----GC-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG-AC-A-----	684
SMM.US.x.SME543	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG-CAC-A-----	772
SMM.US.x.pE660_C67G	-----G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----ATCTCG-TACTCG-CAC-----	757
STM.US.89.STM_37_16	-----A-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----T-TAT-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----	-----A-CTCG-TACTCA-----	422



Table with columns for sample names (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2) and their corresponding nucleotide sequences. The sequences are aligned across multiple rows, showing variations between different HIV-2 strains.

Gag and Gag-Pol start

MAC. US. x. 239	ATAGAGTGGGAGATGGGCGTGAGAACTCCGTCTTGTCAGGGAAGAAAGCAGATGAATAGAAAAAATAGGCTACGACCCCAACGGAAAGAAAATGACATGTTGAAGCATGTAGTATGGGCAGCAAAATGAATTAGATAGATTTGGATTAGCAGAAAGCTGTTGGAGAA	1210
Gag	M G V R N S V L S G K K A D E L E K I R L R P N G K K K Y M L K H V V W A A N E L D R F G L A E S L L E N	
A. CI. 88. UC2	..TT.....C..AG..A..G..C.....T..G..GG.....G..A..A..A..T..G.....G..C.....G..C.....CA.....TC	1260
A. DE. x. BEN	..TT.....C..AG..A..A..C.....G..T..G..GG.....G..A..A..A..T..G.....G..C.....A..C.....G..G.....TC	1260
A. FR. 09. PE12 KR KRCC	..TT.....C..G.....AG..A..T.....G..T..G..GG.....G..A..T..GAC..A..A..T..G.....G..GC..A..C.....G.....TC	1228
A. FR. 01. LA42	..TT.....C..G.....C..AG..A..GCT.....G..T..G..GG.....G..G.....CGC..A..A..T..G.....G..C.....C.....C.....TC	1241
A. FR. 02. LA36gomM	..TT.....C..G.....CG..A..A..T.....C..T..G..GG.....G..GA..A..A..A..T..G.....G..C.....C.....G..A.....TC	1249
A. FR. 93. LA37	..TT.....C..G.....AG..A.....G.....G..T..G..GG.....G..GA..A..A..A..T..G.....G..C.....A..C.....TC	1240
A. FR. 96. LA40	..TT.....C.....AA..A.....C.....G..T..G..GG.....G..A..T..GAC..A..A..T..G.....G..C.....C.....G..T.....TC	1255
A. FR. 98. LA39	..TT.....C.....AA..A..TT.....C..T..G..GG.....G..A..TCA..A..A..T..G.....G..C.....G.....G..G.....TC	1151
A. FR. 98. LA41	..TT.....C.....AG..A.....C.....G..T..G..GG.....G..A..TGA..A..A..T..G.....G..C.....C.....A.....TC	1250
A. GH. x. GH1	..TT.....C.....AG..A.....G.....G..T..G..G.....G..G..C..A..A..A..T..G.....G..C.....C.....G..G.....TC	701
A. GM. 87. D194	..TT.....C.....AG..A..C.....G..T..G..GG.....G..GA..G..A..A..T..G.....G..C.....C.....G..G.....TC	704
A. GM. x. ISY SBL 6669 85	..TT.....C..A.....AG..A..G.....G..T..G..GG.....G..A..GA..A..A..T..G.....G..C.....C.....A..G.....TC	704
A. GM. x. MCN13	..TT.....C.....AA..A.....C.....C..T..G..GG.....G..A..G..C..A..A..T..G.....G..C.....C.....G.....TC	705
A. GW. 86. FG clone NIHZ	..TT.....C.....AG..A.....C.....G..T..G..GG.....G..A..A..A..A..T..G.....G..C.....C.....G.....TC	704
A. GW. 87. CAM2CG	..TT.....C.....AG..A..C.....G..T..G..GG.....G..A..A..A..A..T..G.....G..C.....C.....G..G.....ATC	1269
A. GW. x. MDS	..TT.....C..G.....AG..A..C.....G..T..G..GG.....G..A..G..A..A..T..G.....G..C.....C.....C.....G.....ATC	704
A. IN. 07. NNVA	..TT.....C..AG..G.....C..AG..A..T.....G..T..G..GG.....G..A..GAG..A..A..T..G.....G..C.....C.....A.....ATC	1254
A. IN. 95. CR1K 147	..TT.....C..AG..G.....C..AG..A..T.....G..T..G..GG.....G..A..GAC..A..A..T..G.....G..C.....C.....A.....ATC	1005
A. JP. 08. NMC786 clone 41	..TT.....C.....CG..A.....C.....G..T..G..GG.....G..A..A..A..A..T..G.....G..C.....C.....G.....TC	1256
A. PT. x. ALT	..TT.....C.....AG..GA.....C.....G..T..G..GG.....G..A..TCA..A..A..T..G.....G..C.....C.....G.....ATC	253
A. SN. 85. ROD	..TT.....C.....AG..A.....C.....G..C..T..G..GG.....G..G..C..A..A..T..G.....G..A..G..C.....C.....G.....TC	703
A. SN. 86. ST JSP4_27	..TT.....C.....AG..A.....C.....G..T..G..GG.....G..A..TGC..A..A..T..G.....G..C.....C.....G.....TC	705
B. CI. 88. UC1	..TA.....C.....G.....A.....G..T..G..GG.....G..TTGTC..A..A..A.....TG..C.....C.....G.....ATC	1241
B. CI. x. 20 56	..TA.....C..GG.....A.....G..T..G..GG.....G..TTGTC..A.....TG..C.....G.....A.....G..C.....TC	1239
B. CI. x. EHO	..TA.....C..GG.....GA.....GG..T..G..GG.....G..GA..C..A..A..A.....TG..C.....G.....G.....G.....GATC	1237
B. FR. 00. LA44	..TA.....C.....G.....A.....G..T..G..GG.....C.....G..T..A..C..A..A..A.....TG..C.....G.....A.....G.....ATC	1241
B. FR. 98. LA43	..TA.....C..GG.....A.....G..T..G..GG.....G.....G..T..C..A..A..A.....TG..C.....C.....C.....G.....ATC	1239
B. GH. 86. D205 ALT	..TA.....C..GG.....C.....A.....G..T..G..GG.....G.....G..T..C..A..A..A.....TG..C.....C.....C.....G.....ATC	1236
B. JP. 01. IMCJ KR020_1	..TA.....C..GG.....A.....A.....G..T..G..GG.....G.....G..TTGTC..A.....TG..C.....G.....C.....A.....G.....TC	382
G. CI. 92. Abt96	..T.....C.....G.....C.....A..T.....G..T..G..GG.....G.....G..T..A..A..T..G.....G..C.....G.....C.....ATC	623
AB. CM. 03. 03CM 510 03	..TA.....C..G.....G.....A.....A.....G..T..G..GG.....G..T.....A..A.....TG..C.....G.....C.....G.....ATC	375
H2 01 AB. CI. 90. 7312A	..TA.....C..GG.....C.....A..GA.....G..T..G..GG.....G.....A..A..A.....C.....C.....G.....A.....ATC	1242
H2 01 AB. JP. 04. NMC307_20	..TA.....C..GG.....C.....A..GA.....G..T..G..GG.....G.....A..A..A.....C.....C.....C.....G.....ATC	1242
H2 01 AB. JP. 07. NMC716_01	..TA.....C..G.....C.....G..A.....G..T..G..GG.....G.....G.....A..A..A.....C.....C.....G.....ATC	1241
H2 01 AB. JP. 08. NMC842_10	..TA.....C..GG.....A..GA.....G..T..G..GG.....G.....G.....A..A..A.....C.....C.....A.....ATC	1241
U. CI. 07. 071C TNP3	..TT.....C.....C.....C.....A..T.....GG..T..G.....G.....G.....C.....A..T..R.....G..C.....G.....G.....ATC	728
U. FR. 96. 12034	..TT.....C.....C.....T.....A.....T.....G..T..G..GG.....G.....T.....A..A..A.....G..A..G..C.....C.....G.....GA.....A.....GC	1359
U. US. 08. NWK08	..T..C.....C.....T.....A.....T.....G..T..G..GG.....G.....T.....A..A..A.....G..A..G..C.....C.....G.....GA.....A.....664	
MAC. US. x. 17EC1	.....C.....	1210
MAC. US. x. 251 1A11	.....C.....	1209
MAC. US. x. 251 32H PJ5	.....C.....	1211
MAC. US. x. 251 BK28	.....C.....	1198
MAC. US. x. MM142 IVMXX	.....C.....A.....	708
MNE. US. 82. MNE 8	.....C.....GG.....G.....	690
MNE. US. x. MNE027	.....C.....GG.....G.....	690
SMM. CI. 79. SIVsmCI2	..G..T.....C..G.....G.....G.....G.....A..G.....A..A..C..T..G.....G..C.....G.....C.....T.....TC	306
SMM. 89. SIVsmLIB1	..TA..T.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....T.....G.....C.....G.....C.....TC	295
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A	..-ATTT.....A.....C..G.....A.....A.....C.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....A..GA..T.....G..C.....G.....C.....C.....ATC	303
SMM. SL. 92. SL92B	..-A..C.....C.....GG.....A.....A.....C.....G.....T..TT.....G.....G.....G.....GA.....T.....A..A..TA.....G.....G.....TC	476
SMM. US. 04. G078	..-AG.....C.....G.....A.....A.....C.....G.....T.....T.....G.....G.....G.....GA.....G.....G.....G.....C.....ATC	468
SMM. US. 04. G932	.....C.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....A..T.....GA..G..GA.....A.....A.....G.....G.....C.....C.....C.....C.....TC	473
SMM. US. 04. M919	.....C.....C.....C.....G.....T.....G.....A.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....TC	474
SMM. US. 04. M922	.....C.....C.....C.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....TC	474
SMM. US. 04. M923	.....C.....C.....C.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....TC	473
SMM. US. 04. M926	.....C.....C.....C.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....G.....G.....G.....G.....A..G.....TC	471
SMM. US. 04. M934	.....C.....C.....C.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....TC	474
SMM. US. 04. M935	.....C.....C.....C.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....TC	474
SMM. US. 04. M940	..-AG.....C.....G.....A.....A.....G.....T.....G.....G.....GA..G..A..T.....G.....G.....C.....G.....C.....TC	476
SMM. US. 04. M946	.....C.....C.....C.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....TC	472
SMM. US. 04. M947	.....C.....C.....C.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....TC	473
SMM. US. 04. M949	..-AG.....C.....G.....A.....A.....G.....T.....G.....G.....GA..G..T.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....TC	464
SMM. US. 04. M950	.....C.....C.....C.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....TC	472
SMM. US. 04. M951	..-AG.....C.....G.....A.....A.....G.....T.....G.....G.....GA..G..T.....C.....A.....G.....C.....G.....C.....TC	472
SMM. US. 04. M952	.....C.....C.....C.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....A.....G.....G.....G.....C.....TC	472
SMM. US. 05. D215	.....C.....C.....GTG.....A.....A.....G.....T.....G.....G.....A..G..A..T.....A.....G.....G.....G.....G.....A.....TC	470
SMM. US. 06. FTQ	..TA.....C.....G.....A..GA.....GG..T.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....C.....G.....TC	483
SMM. US. 11. SIVsmE660 FL10	.....C.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....T.....G.....G.....G.....C.....C.....C.....G.....G.....TC	1209
SMM. US. 86. CFU212	..A.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....T.....G.....G.....G.....C.....C.....C.....G.....G.....AR	462
SMM. US. x. F256_H4	.....C.....C.....C.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....T.....G.....G.....G.....C.....C.....C.....G.....G.....TC	1206
SMM. US. x. H9	.....T.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....C.....A.....A.....G.....C.....C.....G.....C.....TC	692
SMM. US. x. PBJA	.....T.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CA..C.....A.....G.....C.....C.....G.....C.....TC	985
SMM. US. x. PGM53	.....T.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....T.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....TC	1136
SMM. US. x. SME543	.....T.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....T.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....TC	122
SMM. US. x. PE60. CG7G	.....T.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....T.....T.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....TC	1208
STM. US. 89. STM_37_16	..-AG.....C.....G.....A.....A.....G.....T.....G.....GG.....G.....A.....A.....G.....C.....G.....C.....G.....TC	866

MAC.US.x.239
Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA366omM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 c1one 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.R0D
A.SN.86.ST JSP4\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EHO
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.87.071C TNP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.GU212
SMM.US.x.F258\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.SME60.C67G
STM.US.89.STM\_37\_16

Table with 10 columns: Reference sequence (CAAGAAGGATGTC...), individual sequence identifiers (e.g., A.CI.88.UC2), sequence alignment (A---T-C-Q-K-I-L-S-V-L-A-P-L-V-P-T-G-S-E-N-L-K-S-L-Y-N-T-V-C-V-I-W-C-I-H-A-E-E-K-V-K-H-T-E-E-A-K-Q-I-V-Q-R-H-L-V), and position numbers (1430, 1430, 1398, 1431, 1418, 1419, 1410, 1425, 1391, 1420, 871, 874, 874, 875, 874, 1439, 874, 1424, 1175, 1426, 1423, 873, 875, 1411, 1409, 1407, 1411, 1409, 1406, 552, 793, 542, 1412, 1412, 1411, 1411, 898, 909, 834, 1380, 1379, 1381, 1368, 878, 860, 860, 476, 465, 473, 820, 646, 638, 643, 644, 643, 643, 641, 644, 646, 642, 643, 634, 642, 643, 642, 640, 653, 1379, 632, 1376, 862, 1155, 1306, 1392, 1378, 1036).

Gag p17 Matrix end\_Gag p24 Capsid start

TGGAACAGGAAACAACAGAAAACATGCCAAAACAAGTAGACCAACGACCCATCTAGCGGCCAGAGGAGGAAATACCACAGTACAACAATA...GGTGGAACATATGCCACTGCCATTAAGCCCGAGAAACATTAATGCTGGGTAATAATGATAGAGAAAAGAAA 1547  
 V E T G T T E T M P K T S R P T A P S S G R G G N Y P V Q O I . G G N Y V H L P L S P R T L N A W V K L I E E K K  
 A.CI.88.UC2  
 A.DE.x.BEN  
 A.FR.00.PE12 KR KRCC  
 A.FR.01.LA42  
 A.FR.02.LA36gomM  
 A.FR.03.LA37  
 A.FR.96.LA40  
 A.FR.98.LA39  
 A.FR.98.LA41  
 A.GH.x.GH1  
 A.GM.87.D194  
 A.GM.x.ISY.SBL.6669.85  
 A.GM.x.MCN13  
 A.GW.86.FG.clone.NIHZ  
 A.GW.87.CAM2CG  
 A.GW.x.MDS  
 A.IN.07.NNVA  
 A.IN.95.CRIK.147  
 A.JP.08.NMC786.clone.41  
 A.PT.x.ALT  
 A.SN.85.ROD  
 A.SN.86.ST.JSP4.27  
 B.CI.88.UC1  
 B.CI.x.20.56  
 B.CI.x.EHO  
 B.FR.00.LA44  
 B.FR.98.LA43  
 B.GH.86.D205.ALT  
 B.JP.01.IMCJ.KR020.1  
 G.CI.92.Abt96  
 AB.CM.03.03CM.510.03  
 H2.01.AB.CI.90.7312A  
 H2.01.AB.JP.04.NMC307.20  
 H2.01.AB.JP.07.NMC716.01  
 H2.01.AB.JP.08.NMC842.10  
 U.CI.87.071C.TNP3  
 U.FR.96.12034  
 U.US.08.NWK08  
 MAC.US.x.17EC1  
 MAC.US.x.251.IA11  
 MAC.US.x.251.32H.PJ5  
 MAC.US.x.251.BK28  
 MAC.US.x.HM142.IVMXX  
 MNE.US.82.MNE.8  
 MNE.US.x.MNE027  
 SMM.CI.79.SIVsmCI2  
 SMM.89.SIVsmLIB1  
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A  
 SMM.SL.92.SL92B  
 SMM.US.04.G078  
 SMM.US.04.G932  
 SMM.US.04.M919  
 SMM.US.04.M922  
 SMM.US.04.M923  
 SMM.US.04.M926  
 SMM.US.04.M934  
 SMM.US.04.M935  
 SMM.US.04.M940  
 SMM.US.04.M946  
 SMM.US.04.M947  
 SMM.US.04.M949  
 SMM.US.04.M950  
 SMM.US.04.M951  
 SMM.US.04.M952  
 SMM.US.05.D215  
 SMM.US.06.FTQ  
 SMM.US.11.SIVsmE660.FL10  
 SMM.US.86.CFU212  
 SMM.US.x.FZ58.H4  
 SMM.US.x.H9  
 SMM.US.x.PBJA  
 SMM.US.x.PGM53  
 SMM.US.x.SHE543  
 SMM.US.x.RF60.C67G  
 STM.US.89.STM.37.16



MAC.US.x.239
Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.03.LA37
A.FR.06.LA40
A.FR.08.LA39
A.FR.08.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.07.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.06.FG clone NIHZ
A.GW.07.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST JSP4\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.08.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307\_20
H2 01 AB.JP.07.NMC716\_01
H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.06.12034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 IA11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.02.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.FR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.06.CFU212
SMM.US.x.F258\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SHE543
SMM.US.x.SHE60\_C67G
STM.US.89.STM\_37\_16

Table with 10 columns: Strain name, Nucleotide sequence (GAGAEVVP...), and Reference position (1711). The table lists various HIV-2 strains and their corresponding nucleotide sequences at a specific reference position.

MAC.US.x.239	ACCACGCTCCA...CAACAAGGACAACCTAGGGAGCGCTGAGGATCAGATATTTGACGGAACAACACTGTTCCAGTAGAGTAAACAATCCAGTGGATGACAGACAACAGAACCCATACCCAGTAGGCAACATTTACAGGAGATGGTCCAACTGGGGTTGCAAAAAATGTGTCA	1878
Gag	P A P . Q Q G G L R E P S G S D I A G T T S S V D E O I Q W M Y R Q O N P I P V G N I Y R R W I Q L G L Q K C V	
A.CI.88.UC2	GC-CTTA-C-GC-G-G-A-C-AAGG-G-T-C-A-A-CA--G-G--G-G-A-T-G-G-G-G-G-C-T-A--GA-A-C--G-G--	1931
A.DE.x.BEN	GC-CTTA-C-GC-G-G-C-A-C-AAG-G-T-C-A-A-CA--G-G--G-G-A-T-G-G-G-G-G-C-T-A--GA-A-C--G-G--	1931
A.DE.x.PE12 KR KRCC	GC-CTTG-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--A-G--TT-GC-A-T-T-G--G-G-C-T-A--GA-A-AC--G-G-C	1899
A.FR.00.LA38	GC-CTTA-C-GC-G-G-C-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--G-G--TT-GC-A-T-T-G--G-G-C-T-A--GA-A-AC--G-G-C	1932
A.FR.01.LA42	GC-CCTG-C-GC-G-G-A-A-ACGG-G-T-C-A-G-A-CA--G-G--TT-GGC-A-T-TG-C-A-C-T-A--GA-A-C-A-G-G-C	1910
A.FR.02.LA366omM	GC-CTTA-C-GC-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--G-A-G-G--TT-GC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A--G-G--	1920
A.FR.03.LA37	GC-CTTA-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-G-A-CA--A-G-G--TT-GGC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-C--G-G-C	1911
A.FR.96.LA40	GC-CTTA-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--C-G--TT-GC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-C-A-G-G-C	1926
A.FR.98.LA39	C-GC-CTTA-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--G-G--TT-GGC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-C--G-G-C	1792
A.FR.98.LA41	GC-CTTA-C-GCG-G-G-A-R-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--G-G--TT-GC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-C--G-G-C	1921
A.GH.x.GH1	GC-CTTA-C-GC-G-G-A-C-AAGG-G-T-C-A-G-A-CA--A-G-G--TT-GC-A-T-TG-G-G-G-G-C-T-A--GA-A-C-A-G-G-C	1375
A.GM.87.D194	GC-CTTA-C-GC-G-G-A-C-AAGG-G-T-C-A-G-A-CA--G-G--TT-GC-CA-T-TG-G-G-G-G-C-T-A--GA-A-C-A-G-G-C	1375
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	GC-CTTA-C-GCG-G-G-C-A-T-ACG-T-C-A-G-A-CA--G-G-G-A--TT-G-G-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-AC--G-G--	1375
A.GM.x.MCN13	GC-CTTA-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--G-G--TT-GC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-AC--G-G-C	1376
A.GW.86.FG c1one NIHZ	GC-CTTA-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--A-G-G--TT-GC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-AC--G-G-C	1369
A.GW.87.CAM2CG	GC-CTTA-C-GCG-G-G-C-A-C-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--A-G-G--TT-GGC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-C--G-G--	1940
A.GW.x.MDS	GC-CTTA-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--G-G--TT-GGC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-C--G-G--	1375
A.IN.07.NNVA	GC-CTTA-C-GC-G-G-C-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--A-G-G--TT-GC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-C--G-G--	1925
A.IN.95.CRIK 147	GC-CTTA-C-GC-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--G-G--TT-GC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-AC--G-G--	1676
A.JP.08.NMC786 c1one 41	GC-CTTA-C-GC-G-G-C-A-C-AAGG-G-T-C-A-G-A-CA--A-GC--TT-G-G-CA-T-TG-G-G-G-C-T-A--GA-A-C-A-G-G--	1927
A.PT.x.ALT	GC-CTTA-C-GC-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA--A-G-G--TT-GC-A-T-TG-G-G-G-G-C-T-A--GA-A-C-A-G-G--	1924
A.SN.85.RDD	GC-CTTA-C-GCG-G-G-A--AAGG-T-C-A-G-A-CA--A-G-G--TT-GC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-A-G-G--	1374
A.SN.86.ST JSP4_27	GC-CTTA-C-GCG-G-G-C--AAGG-T-C-A-G-A-CA--A-G-G--TT-GC-A-T-TG--G-G-C-T-A--GA-A-C-A-G-G-C	1376
B.CI.88.UC1	G-CTG-C-GC--C-CAG-G-G--A-C-C-CA--G-G--A-GGC-A-T-TG-T-G-G-G--A--T-A-A-C-G-G--C	1897
B.CI.x.20 56	G-CTG-C-GC--C-CAG-G-G--A-C-C-CA--G-G--A-GGC-A-T-TG-T-G-G-G--A--T-A-A-C-G-G--C	1895
B.CI.x.EHO	G-ATG-C-GC-G-G-C-A-AAG-G-G-C-A-G-C-C-CA--A-G-G--CC-A-T-TG-C-G-A-C-T-A-G--T-GT-A-C-A-G--C	1893
B.FR.00.LA44	G-CTG-C-GC-G-G-C-A-AAG-G-G-C-A-G-C-C-CA--G-G-A--GGC-A-T-TG-T-G-G-G--A--T-A-C--G-G--C	1897
B.FR.98.LA43	GC-CTG-CGCG-G-G-C-A-C-AAGG-G-G-C-A-G-C-C-CA--G-G-A--C-GGC-A-T-T-G-G-G--A--T-A-A-G-G--C	1895
B.GH.86.D205 ALT	GC-ATG-CGCG-G-G-C-A-AAG-G-G-C-A-G-C-C-CA--G-G-G-A--GGC-A-T-TG-C-G-A--T-A--T-T-A-A-G-G--C	1892
B.JP.01.IMCJ KR020_1	G-GC-ATG-C-GC--G-C-AAG-G-G-C-A-G-C-C-CA--G-G-G-G-A--G-CC-A-T-T-C--G-A--T-A--T-GT-A-C-G-G--C	1038
G.CI.92.Abt96	A-GG-GCCG-C-GC--M-C-A-A-A--A-G-C-C-A-A-A-T--CAC-G-G-A-T--A-A-T-Y-T-A--RT-A-AC-T--	1294
AB.CM.03.03CM 510 03	GC-CTG-CGCG-G-G-A-A-AAGG--A-G-C-C-CA--G-G-G-A--GGGG-A-T-T-C--G-A--T-A--T-A--C-G-G--C	1028
H2 01 AB.CI.90.7312A	G-CTG-C-GC--C-CAG--A-G-C-C-CA--G-G-G-A--GGGT-A-GT-T-C--G-G--T-A--T-G-A-A-G-G--C	1898
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20	G-CTG-C-GC--A-C-CAG--A-G-C-C-CA--G-G-A--GGGT-A-TT-C--G-G--T-A--T-A-A-G-G--C	1898
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01	G-CTG-C-GC--C-A-C-CAG--A-G-C-C-CA--G-G-A--GGGT-A-TT-G-C--G-G--T-A--T-A-A-G-G--C	1897
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	G-CTG-C-GC--A-C-CAG--A-G-C-C-CA--G-G-A--GGGT-A-TT-G-C--G-G--T-A--T-A-A-G-G--C	1903
U.CI.07.071C TNP3	T-GC-CTA-C-GC-G-G-A-A-TAGG-G-G-C-A--C-C-CA-G-G-A-G-G-A--T-G--A-T-T-G--G-A-C--T-T-A-AC-C--	1399
U.FR.96.12034	C-A-GC-CCA-C-GC-G-G-A-A-AAG-T-T--A--C-C-CA--G-G-A-G-G-A--G-CG-A-T-A-G-G-T-C-TG--T-T-A-C-A--	1410
U.US.08.NWK08	G-AGCTA-G...G-CTCCGGG-GC-C-C--AAG--G--A--C-C-A-T--A-G--AG--T--GGA-T-TG-C--AC-A--T-G-A-A-A--A-1326	1326
MAC.US.x.17EC1		1878
MAC.US.x.251 1A11		1877
MAC.US.x.251 32H PJ5		1879
MAC.US.x.251 BK28		1866
MAC.US.x.MM142 IVMXX		1376
MNE.US.82.MNE 8		1358
MNE.US.x.MNE027		1358
SMM.CI.79.SIVsmCI2	TGT-GG-TTG-CGCG-GT-G-A-A-AGT-C-C-C-A-A-G-G-G-A--G-A-TG-T-G-C-T-T--T--C-A-G--	977
SMM.CI.89.SIVsmLIB1	AGC-ATG-C-GC-G-G-A-CG-T-C-C-A-T-C-C-A--A-G-G-G-A--G-A-T-T-A--T--T-AA-C-A-G--	966
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	G-G-CTC-C-GC-G-G-C-A-AAG-T-A-T-C-C-A--CA--G-G-A--GGCTGCC--C-G-G-AG-C-C-C--T-A-T-A--T	974
SMM.SL.92.SL92B	AGC-GG-GCAA-CGGCT-GGG-A-A-A--T-C-A-G-C-CA-CCC-AG--G-AG-A--T-GGC-A-AG-C-AG-C-T-A-G--G-AC-C--C	1321
SMM.US.04.G078	GC-CTA-C-GC-G-G-C-A-A-AAGG-C-T-A--C-C-A--G-G-A--G-A--T-G-A--G-T-A--T--AC-G--	1147
SMM.US.04.G932	GC-ATA-C-GC-G-G-C-A-AAG-G-G-C-A--G-A--T-G-G-T--G-G-T--G-A-T-C-A--T-A--T-A--G--T	1139
SMM.US.04.M919	GC-ATA-C-GC-G-G-C-A-AAG-G-G-C-A--G-A--T-G-G-T--G-G-T--G-A-T-C-A--T-A--T-A--G--T	1144
SMM.US.04.M922	GC-G-CTA-C-GC-G-G-A--AAG--T-A--T-A--G-A-G-T--T-G--G-A--T--G-A-C--T-A--T-A--G--G--	1145
SMM.US.04.M923	GC-G-GCTA-C-GC-G-G-G-A-AAG-C--C-CA--A-G-T--T-G-G-A-T--T-C-A-G--GT-A-C-G-G-A-1144	1144
SMM.US.04.M926	GC-G-TTG-C-GC-G-G-C-A-AAG-G-C--T-CA--C-G-T--T-G--G-A-T--T-G-A-C-A-G--T-T-C-A-G--	1144
SMM.US.04.M934	GC-TTA-C-GC-G-G-C-A-AAG-G--C-A--G-A--T-A--T-G--T-T--G-A-T--G-A-T-C-A--G--T-C-A-G--	1142
SMM.US.04.M935	GC-ATA-C-GC-G-G-A-T-AAG--T-A--G-A-G-T--T-G--G-A-T--G-A-T--G-A-T--T-A--T--A--G--	1145
SMM.US.04.M940	G-A-GC-GTTA-C-GC-G-G-C-A-AAGG-C-T-C-A--C-C-A--G-A-G--A--T-G-G-A--T--G-T-G--T-A--C-G-G--	1147
SMM.US.04.M946	GC-G-TTG-C-GC-G-G-A-AAG-G--C-A--G-A-G--T-G--G-A--T--G-G-A--T--G-T-G--T-A--G--T-C-A-G--	1143
SMM.US.04.M947	GC-G-ATA-C-GC-G-G-A-T-AAG-C-C-C-A--T-CA--G-A-G--T-A--T-G-G-A-T-T--G-T--T-A-G--T-A-C--A-1144	1144
SMM.US.04.M949	GC-G-CTA-C-GC-G-G-C-A-AAGG-C-T-C-A--C-C-A--G-A-G--A--T-G-G-A--T--G-T-G--T-A--C--G-G--T	1135
SMM.US.04.M950	GC-G-TTG-C-GC-G-G-C-A-AAG-C-T-C-A--C-C-A--G-A-G--A--T-G-G-A--T--G-T-G--T-A--G--G--	1143
SMM.US.04.M951	GGT-GC-CTA-C-GC-G-G-C-A-AAG-C-T-C-A--C-C-A--G-A-G--A--T-G-G-A--T-G-G--T-A--T-AC-G-G--	1144
SMM.US.04.M952	GC-G-TTG-C-GC-G-G-C-A-AAG-G-T-C--C-C-A--G-A-G--T--T-G--T-T-G-G--T-A--T-A--G--	1143
SMM.US.05.D215	GC-GC-GCTA-C-GC-G-G-C-A-AA-G-T-C--C-C-A--G-G-G-A--T-G-G-A--T-G--A--G--T--A--G--T--A--	1141
SMM.US.06.FTq	GATG-GC-ATA-C-GC-G-G-C-A-C-AGG--T-C-CA--G-G-G-AG-A--T-G-G-A-T-T--T-C-A-G--G-T-C-A--	1157
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	GC-G-CCA-C-GC-G-G-A--AAG--C--T-A--T-A--G-A--T-A--G-A--T-G--G-A--C-T-A-G--T-A-C-G--A	1880
SMM.US.86.CFU212	GC-ATA-C-GC-G-G-C-AAG-R-C-A--T-C-A--G-A--T-A--G-G-A--T-G--G-A--C-T-A-G--T-T-A-C-G--	1133
SMM.US.x.F256_H4	GC-G-CTA-C-GC-G-G-A-AAG-R-C-A--T-C-A--G-A--T-A--G-G-A--T-G--G-A--C-T-A-G--T-T-A-C-G--	1877
SMM.US.x.H9	GC-G-ATA-C-GC-G-G-A--AAGR-C-C--T-CA-S-C--T-A--Y-G-G-A-T--C-R-G--T-A-C-G-G--C-A-1363	1363
SMM.US.x.PBJA	GC-G-GATA-C-GC-G-G-A-AAG-C-C--T-CA-C-T-A--Y-G-G-A-T--T-C-A-G--T-C-A-G--A-C-G--A-1656	1656
SMM.US.x.PGM53	GC-G-ATA-C-GC-G-G-C-A-T-AAG--T--T-A--G-A-G-T--T-G--G-A--G-A--T--G--T--T-A--G--	1807
SMM.US.x.SHE543	GC-CTG-C-GC-G-G-A-AAG--C--T-A--G--G--A--T-G--G-A--T--G--T--T-A--G--T-A--G--	1893
SMM.US.x.SHE60_C67G	GC-CTA-C-GT-G-G-A-AAG--C--T-A--G--G--A--T-G--G-A--T--G--T--T-A--G--T-A--G--	1879
STM.US.89.STM_37_16	G-G-GCTG-C-GC-G-G-A-A-AAGC-G--A--G-T-C-CC-G--T-A--C-G-G-A-T-T--G--A--C-T-A-G--T-A--C-A--	1540



Gag p24 Capsid end Gag p2 Spacer start Gag p2 Spacer end Gag p8 Nucleocapsid start

MAC. US. x. 239	CTAGTGTGAGGGGGTGGGTGAATCCCACCTGAGAAGAAATGCTGACGGCTTTGCAAGGAGTAGGGGGGGGGGACAGAAGGCTAGATTAATGGCAGAAGCCCTGAAAGAGGCCCTCGCACCAGTCCCAATCCCTTTTGCAGCAGCCCAACAGAGG...GGACCAAG	2215
Gag	L V L K G L G V N P T L E E M L T A C Q G V G G P G Q K A R L M A E A L K E A L A P V P I P F A A A Q Q R R G P R	
A.CI.88.UC2	T - A - A - A - AA	2260
A.DE.x.BEN	T - A - A - A - GA	2260
A.DE.x.PE12 KR KRCC	T - A - A - A - GA T T G G	2228
A.FR.00.LA38	T - A - A - A - GA T T G G	2237
A.FR.01.LA42	T - A - A - A - GA T T G G	2242
A.FR.02.LA36omM	T - A - A - A - GA C T T G G	2252
A.FR.03.LA37	T - A - A - A - GA T T G G	2243
A.FR.96.LA40	T - A - A - A - GA T T G G	2258
A.FR.98.LA39	T - A - A - A - GA T T G G	2254
A.FR.98.LA41	T - A - A - A - GA T T G G	2253
A.GH.x.GH1	T - A - A - A - GA T T G G	1704
A.GM.87.D194	T - A - A - A - GA T T G G	1704
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	T - A - A - A - GA T T G G	1701
A.GM.x.MCN13	T - A - A - A - GA T T G G	1705
A.GW.86.FG c1one NIHZ	T - A - A - A - GA T T G G	1698
A.GW.87.CAM2CG	T - A - A - A - GA T T G G	2269
A.GW.x.MDS	T - A - A - A - GA T T G G	1704
A.IN.07.NNVA	T - A - A - A - GA T T G G	2254
A.IN.95.CRIK 147	T - A - A - A - GA T T G G	2005
A.JP.08.NMC786 c1one 41	T - A - A - A - GA T T G G	2256
A.PT.x.ALT	T - A - A - A - GA T T G G	2253
A.SN.85.R0D	T - A - A - A - GA T T G G	1703
A.SN.86.ST J5P4_27	T - A - A - A - GA T T G G	1705
B.CI.88.UC1	T - A - A - A - GA T T G G	2234
B.CI.x.20 56	T - A - A - A - GA T T G G	2232
B.CI.x.EH0	T - A - A - A - GA T T G G	2230
B.FR.00.LA44	T - A - A - A - GA T T G G	2237
B.FR.98.LA43	T - A - A - A - GA T T G G	2235
B.GH.86.D205 ALT	T - A - A - A - GA T T G G	2229
B.JP.01.IMCJ KR020_1	T - A - A - A - GA T T G G	1375
G.CI.92.Abt96	T - A - A - A - GA T T G G	1634
AB.CM.03.03CM 510 03	T - A - A - A - GA T T G G	1365
H2 01 AB.CI.90.7312A	T - A - A - A - GA T T G G	2235
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	T - A - A - A - GA T T G G	2235
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	T - A - A - A - GA T T G G	2234
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	T - A - A - A - GA T T G G	2240
U.CI.87.071C TNP3	T - A - A - A - GA T T G G	1739
U.FR.96.12034	T - A - A - A - GA T T G G	1780
U.US.08.NWK08	T - A - A - A - GA T T G G	1666
MAC.US.x.17EC1	T - A - A - A - GA T T G G	2215
MAC.US.x.251 1A11	T - A - A - A - GA T T G G	2214
MAC.US.x.251 32H PJ5	T - A - A - A - GA T T G G	2216
MAC.US.x.251 BK28	T - A - A - A - GA T T G G	2203
MAC.US.x.MM142 IVMXX	T - A - A - A - GA T T G G	1713
MNE.US.82.MNE 8	T - A - A - A - GA T T G G	1695
MNE.US.x.MNE027	T - A - A - A - GA T T G G	1695
SMM.CI.79.SIVsmC12	T - A - A - A - GA T T G G	1317
SMM.89.SIVsmLIB1	T - A - A - A - GA T T G G	306
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	T - A - A - A - GA T T G G	1311
SMM.SL.92.SL92B	T - A - A - A - GA T T G G	1655
SMM.US.04.G078	T - A - A - A - GA T T G G	1487
SMM.US.04.G932	T - A - A - A - GA T T G G	1476
SMM.US.04.M919	T - A - A - A - GA T T G G	1481
SMM.US.04.M922	T - A - A - A - GA T T G G	1482
SMM.US.04.M923	T - A - A - A - GA T T G G	1481
SMM.US.04.M926	T - A - A - A - GA T T G G	1481
SMM.US.04.M934	T - A - A - A - GA T T G G	1479
SMM.US.04.M935	T - A - A - A - GA T T G G	1482
SMM.US.04.M940	T - A - A - A - GA T T G G	1487
SMM.US.04.M946	T - A - A - A - GA T T G G	1480
SMM.US.04.M947	T - A - A - A - GA T T G G	1481
SMM.US.04.M949	T - A - A - A - GA T T G G	1475
SMM.US.04.M950	T - A - A - A - GA T T G G	1480
SMM.US.04.M951	T - A - A - A - GA T T G G	1484
SMM.US.04.M952	T - A - A - A - GA T T G G	1480
SMM.US.05.D215	T - A - A - A - GA T T G G	1481
SMM.US.06.FTq	T - A - A - A - GA T T G G	1494
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	T - A - A - A - GA T T G G	2217
SMM.US.86.GU212	T - A - A - A - GA T T G G	1470
SMM.US.x.F258 H4	T - A - A - A - GA T T G G	2214
SMM.US.x.H9	T - A - A - A - GA T T G G	1900
SMM.US.x.PBJA	T - A - A - A - GA T T G G	1993
SMM.US.x.PMG53	T - A - A - A - GA T T G G	2144
SMM.US.x.SHE543	T - A - A - A - GA T T G G	2230
SMM.US.x.SHE60.GG7G	T - A - A - A - GA T T G G	2216
STM.US.89.STM_37_16	T - A - A - A - GA T T G G	1877

MAC.US.x.239
Pol
Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA44
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY 5BL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG.clone\_NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NMVA
A.IN.95.CR1K 147
A.JP.08.NMC786.clone\_41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST\_JSP4\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM\_510\_03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307\_20
H2.01.AB.JP.07.NMC7165\_01
H2.01.AB.NC.08.NMC842\_10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.L2034
U.US.08.NMK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMMX
MNE.US.02.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FT0
SMM.US.11.SIVsmE660\_FL10
SMM.US.86.FU212
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGN53
SMM.US.x.SNE543
SMM.US.x.pE660.C67G
STM.US.89.STM\_37\_16

AAAG.....CCAATTAAGTGTGGAATGTGGGAAGAGGGCACTCTGCAAGGCAATGCAGAGCCCAAGAAGACAGGGATGCTGAAATGTGAAAAATGGACATGTATTGGCCAAATGCCAGACAGACGGCGGTTTTTTGGCCCTTGGTCATGGG 2373
K P I K C W N C G K E G H S A R Q C R A P R R Q G C W K C G K M D H V M A K C P D R Q A G F F R P W S M G
-G-.G-.A-.G-.C-.G-.G-.G-.AA-.G-.C-.A-.T-.C-.G-.C-.GCCA-GA-CA-C-.A-.T-.G-.A-.A-.G-.G-.CT-.C-. 2417
A-.G-.G-.G-.A-.C-.A-.G-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.C-.GCCA-GA-CA-C-.A-.C-.G-.A-.A-.G-.G-.CT-.G-.C-. 2417
-G-.A-.C-.C-.C-.A-.G-.A-.G-.G-.A-.C-.G-.T-.C-.G-.T-.G-.T-.C-.G-.C-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.A-.T-.G-.G-.A-.C-. 2385
A-.G-.A-.C-.A-.G-.A-.G-.G-.A-.C-.G-.T-.C-.G-.T-.G-.T-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.A-.T-.G-.G-.A-.C-. 2418
G-.A-.C-.A-.G-.G-.G-.A-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 2396
G-.C-.C-.A-.G-.A-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 2406
A-.C-.C-.C-.A-.G-.A-.A-.A-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 2397
A-.C-.C-.C-.A-.G-.A-.A-.A-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 2412
A-.C-.C-.C-.AAA-.G-.A-.G-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 2378
A-.A-.C-.C-.A-.A-.G-.A-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 2407
A-.GH-.x-.GH1-.GT-.G-.C-.A-.G-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 1861
A-.GM-.87-.D194-.G-.G-.G-.A-.G-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 1861
A-.GM-.x-.ISY 5BL 6669 85-.G-.G-.G-.A-.G-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 1858
A-.GM-.x-.MCN13-.A-.G-.A-.C-.A-.G-.A-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 1862
A-.GW-.86-.FG.clone\_NIHZ-.A-.T-.C-.C-.A-.G-.A-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 1855
A-.GW-.87-.CAM2CG-.A-.G-.A-.C-.A-.G-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 2426
A-.GW-.x-.MDS-.G-.G-.G-.A-.G-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 1861
A-.IN-.07-.NMVA-.A-.G-.C-.C-.A-.G-.A-.A-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.T-.G-.C-.GCCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 2411
A-.IN-.95-.CR1K 147-.A-.A-.G-.C-.C-.A-.G-.A-.A-.A-.C-.A-.T-.G-.C-.T-.G-.C-.GCCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.T-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 2162
A-.JP-.08-.NMC786.clone\_41-.G-.T-.G-.C-.C-.A-.G-.A-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.C-.G-.C-.G-.C-.GCCA-GA-CA-C-.T-.A-.C-.A-.A-.G-.A-.C-. 2413
A-.PT-.x-.ALI-.G-.A-.C-.C-.A-.G-.A-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.C-.A-.C-.G-.C-.GCCA-GA-CA-C-.A-.C-.A-.C-.A-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 2410
A-.SN-.85-.ROD-.A-.T-.A-.C-.C-.A-.G-.A-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.C-.A-.T-.G-.C-.G-.T-.GCA-GA-CA-C-.A-.C-.T-.A-.G-.G-.C-.T-. 1860
A-.SN-.86-.ST\_JSP4\_27-.G-.G-.A-.C-.C-.A-.G-.A-.G-.G-.A-.G-.C-.A-.T-.G-.C-.A-.C-.G-.C-.GCCA-GA-CA-C-.A-.C-.A-.T-.G-.G-.G-.A-.C-. 1862
G-.GAGGG-.A-.GG-.G-.CA-.C-.C-.C-.G-.TA-.A-.A-.C-.A-.G-.T-.T-.G-.C-.CAA-GA-CA-C-.T-.A-.A-.G-.A-.T-.GT-.A-.A-.C-. 2395
G-.G-.A-.A-.CA-.C-.C-.C-.G-.GA-.C-.A-.A-.C-.A-.G-.AG-.T-.T-.G-.C-.CCA-GA-CA-C-.T-.AC-.T-.T-.G-.A-.T-.AT-.C-.A-.C-. 2390
G-.G-.A-.G-.CA-.C-.C-.C-.G-.GA-.C-.A-.A-.C-.A-.G-.AG-.T-.T-.G-.C-.CCA-GA-CA-C-.T-.AC-.T-.T-.G-.A-.T-.AT-.C-.A-.C-. 2388
GGG-.A-.G-.CA-.C-.C-.C-.G-.C-.A-.C-.A-.C-.A-.C-.G-.T-.T-.G-.C-.CCA-GA-CA-C-.CAAC-.T-.AC-.A-.A-.T-.AT-.A-.C-. 2395
GGG-.A-.G-.CA-.C-.C-.C-.C-.CA-.A-.A-.C-.A-.G-.T-.T-.G-.C-.CCA-GA-CA-C-.T-.A-.A-.A-.T-.AT-.A-.C-. 2393
G-.GAGGG-.A-.G-.G-.CA-.C-.C-.C-.C-.ATA-.A-.A-.C-.T-.A-.T-.G-.C-.G-.C-.CAA-GA-CA-C-.T-.A-.A-.A-.T-.AT-.A-.C-. 2390
G-.GAGGA-.G-.G-.G-.CA-.C-.C-.C-.G-.A-.A-.G-.A-.G-.T-.A-.T-.G-.C-.G-.C-.CAA-GA-CA-C-.T-.A-.A-.A-.T-.AT-.C-.C-. 1536
-G-.AGC-.A-.A-.A-.C-.C-.G-.GCCA-G-.CA-.TA-.TT-.A-.G-.T-.G-.G-.GCCA-G-.CA-.T-.A-.T-.G-.A-.A-.GT-.A-.A-.T-. 1795
G-.GAGGG-.A-.G-.G-.CA-.C-.C-.C-.G-.A-.A-.C-.A-.G-.AG-.T-.T-.G-.C-.CAA-GA-CA-C-.T-.A-.A-.T-.G-.A-.A-.GT-.A-.A-.C-. 1526
-GAGGG-.A-.G-.G-.CA-.C-.C-.C-.G-.TA-.A-.C-.A-.G-.G-.T-.T-.G-.C-.CCA-GA-CAAC-.A-.T-.T-.A-.A-.T-.G-.A-.A-.C-. 2396
G-.GAGGG-.A-.T-.G-.CA-.C-.C-.C-.G-.TA-.A-.C-.A-.G-.T-.T-.G-.C-.CA-GA-CAAC-.A-.T-.T-.A-.A-.T-.G-.A-.A-.C-. 2396
G-.GAGGG-.A-.T-.G-.CA-.C-.C-.C-.G-.TA-.AK-.C-.A-.G-.T-.G-.G-.G-.C-.CA-GA-CAAC-.A-.T-.T-.R-.A-.A-.GT-.A-.C-. 2395
-GAGGG-.A-.T-.G-.CA-.C-.C-.C-.G-.TA-.A-.C-.A-.G-.T-.G-.G-.G-.C-.CA-GA-CAAC-.A-.T-.T-.G-.A-.A-.GT-.A-.C-. 2401
G-.AGC-.ATG-.A-.A-.C-.C-.C-.G-.A-.A-.A-.G-.C-.C-.A-.C-.G-.T-.G-.C-.GCCA-GA-CA-C-.G-.A-.A-.GT-.C-.C-. 1900
G-.G-.G-.G-.CA-.C-.C-.C-.G-.A-.A-.A-.G-.T-.A-.T-.G-.C-.G-.C-.GCCA-GA-CAAC-.T-.GC-.A-.CCA-.T-.A-.G-.G-.C-.T-. 1908
-TCA-.A-.T-.GA-.C-.TT-.CCA-.C-.A-.C-.AA-.T-.G-.A-.A-.G-.G-.GGAA-.GA-.GCAA-.A-.C-.A-.CA-.G-.GT-.A-.A-. 1824
..... 2373
..... 2372
..... 2374
..... 2361
..... C-T 1871
..... C-T 1853
..... C-T 1853
G-G-AGG-.C-A-.G-A-.AG-.T-.T-AG-.A-T-G-.C-T-.C-TCA-G-.CA-C-.T-.T-.A-.T-.AT-.C-. 1478
G-G-.A-G-G-.C-.A-G-A-.T-.T-AG-.A-C-G-.G-.C-.G-C-CA-G-.CA-C-.A-.G-.T-.AT-.T-. 1464
C-.AA-G-C-GA-C-.C-.A-G-A-G-.G-T-A-A-C-.G-A-.C-.G-.T-.G-GAA-G-A-CA-.C-.A-CAGA-.T-.AT-.T-. 1466
CC-AGGGAATAAGCCTATC-C-G-TT-C-A-GACA-.G-A-G-.T-AG-.T-C-GA-.G-GA-G-A-CA-.C-.A-CAGA-.T-.AT-.T-. 1825
A-G-A-C-.C-.A-G-TA-.A-G-T-AG-.T-G-T-.C-G-.C-CA-G-.C-.A-C-.G-.GT-.C-. 1645
G-.C-.C-.A-.G-.T-.G-.A-.G-.T-.G-.C-.C-.C-.G-.C-CA-G-.C-.A-C-.A-.G-.GT-.C-. 1634
A-.G-.A-.G-.C-.A-.G-.A-.G-.A-.T-.T-.G-.C-.C-.G-.C-CA-G-.C-.A-C-.A-.G-.G-.C-. 1639
-G-.A-.G-.A-.G-.A-.AA-.A-.T-.G-.C-.G-.C-CA-G-.C-.T-.C-.A-.G-.G-.C-.G-. 1640
A-.C-.C-.A-.G-.A-.G-.AA-.A-.T-.G-.C-.G-.C-CA-G-.C-.T-.C-.A-.G-.G-.C-.G-. 1639
A-.C-.C-.A-.G-.A-.G-.AA-.A-.T-.G-.C-.G-.C-CA-G-.C-.T-.C-.A-.G-.G-.C-.T-. 1637
-G-.A-.A-.C-.C-.A-.G-.TA-.A-.G-T-AG-.G-.G-.C-.G-C-CA-G-.C-.T-.C-.A-.G-.G-.C-. 1640
A-.G-A-A-C-.C-.C-G-TA-.A-G-T-AG-.T-G-C-.G-C-CA-G-.C-.T-.A-.G-.GT-.C-. 1645
A-.C-.C-.A-G-A-G-.A-.A-G-.T-.C-G-.C-.G-C-CA-G-.C-.T-.A-.G-.GT-.C-.T-. 1638
-G-.A-A-C-.A-G-.AA-.A-.T-.G-.C-.G-.G-GCA-G-.T-.T-C-.A-.G-.G-.C-. 1639
A-.G-A-A-.C-.A-G-TA-.A-G-T-AG-.G-.C-.G-.G-CA-G-.T-.T-.A-.A-.GT-.C-. 1633
A-.C-C-.A-G-A-.A-G-TA-.A-G-T-AG-.G-.G-.C-T-GG-C-CA-G-.A-C-.T-.A-.A-.GT-.C-. 1642
A-.A-A-C-.C-.A-G-A-G-.A-.A-G-.T-.G-.C-T-GG-C-CA-G-.A-C-.T-.A-.A-.GT-.C-. 1642
SMM.US.04.M952-.A-.C-.C-.A-G-A-G-.A-.A-G-.T-.G-.C-T-GG-C-CA-G-.A-C-.T-.A-.A-.GT-.C-.T-. 1638
SMM.US.05.D215-.ATG-.A-C-C-C-G-A-.A-G-.G-.G-.C-T-GG-C-CA-G-.A-C-.T-.A-.A-.GT-.C-.T-. 1639
G-GACAT-.A-G-A-.C-.C-.A-G-.AA-.A-.G-.T-G-.A-.C-.G-G-G-C-.C-.G-C-.T-.G-.T-. 1655
G-G-.A-C-.A-.A-G-.T-.A-.A-G-T-A-.G-.T-.R-.C-.GGG-.C-.C-.G-C-.T-.A-.A-.A-.GT-.C-. 2375
-AAGA-.A-G-C-A-.A-G-.T-.A-.A-G-T-A-.G-.T-.R-.C-.GGG-.C-.C-.G-C-.T-.A-.A-.A-.GT-.C-. 1631
G-.A-.C-.A-G-.A-.AA-.A-.G-.T-.R-.C-.G-.G-.C-.GT-.T-.A-.A-.A-.GT-.C-. 2372
SMM.US.x.H9-.AT-W-R-C-R-A-G-A-.A-T-.R-.C-.G-.G-.G-.CA-G-.T-.C-.A-.A-.GT-.C-. 1858
SMM.US.x.PBJA-.AT-.C-.A-G-A-.A-.A-.T-.R-.C-.G-.G-.G-.CA-G-.T-.C-.A-.A-.GT-.C-. 2151
SMM.US.x.PGN53-.A-.C-.A-G-.C-.AA-.A-.G-.T-.R-.C-.G-.G-.G-.CA-G-.T-.C-.A-.A-.GT-.C-. 2302
SMM.US.x.SNE543-.A-.C-.A-G-.C-.AA-.A-.G-.T-.R-.C-.G-.G-.G-.C-.GT-.T-.A-.A-.GT-.C-. 2388
G-G-.A-C-.A-G-.A-.A-.G-.T-.R-.C-.G-.G-.G-.C-.GT-.T-.A-.A-.GT-.C-. 2374
G-G-.A-C-.A-G-.A-.A-.G-.T-.R-.C-.G-.G-.G-.C-.GT-.T-.A-.A-.GT-.C-. 2374
G-.A-G-A-A-C-.CA-G-A-.AA-G-T-A-G-G-.A-T-T-.C-CA-G-.CAG-.A-T-.T-.C-. 2032

Gag p1 spacer end, Gag p6 start

MAC. US. x. 239	Pol	Gag	G A A G A A G C C C C G C A A T T C C C A T G G C T C A A G T G C A T C A G G G G C T G A T G C C A A C T G T C C C C C A . . . . .	G A G G A C C C A G C T G G G A T T G C T A A A G A A C T A C A T G C A G T T G G G C A A G C A G 2489
MAC. US. x. 239	Pol	Gag	G K E A P Q F P H G S S A S G A D A N C S P P . . . . .	R G P S C V D L L K E L H A V L G Q A . . . . .
MAC. US. x. 239	Pol	Gag	G K K P R N F M A Q V H Q G L M P T A P P . . . . .	E D P P A V D L L K E L H A V L G Q A . . . . .
A. CI. 88. UC2			-----C-----G-----C-----CT-----C-----A-----A-----A-----	-----CA-----T-----G-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----TT-----CA-----G-----GAA-----2533
A. DE. x. BEN			-----T-----C-----G-----A-----C-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----G-----	-----CA-----T-----A-----C-----A-----T-----GG-----GA-----T-----CAA-----G-----GAA-----2533
A. DE. x. PE12 KR KRCC			-----T-----C-----G-----A-----C-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----G-----	-----CA-----T-----A-----C-----A-----T-----GG-----GA-----T-----CAA-----G-----GAA-----2501
A. FR. 00. LA38			-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	-----ATA-----T-----A-----C-----A-----GG-----A-----T-----CAA-----G-----GAA-----2534
A. FR. 01. LA42			-----C-----C-----C-----CG-----A-----A-----CA-----A-----G-----	-----AT-----T-----A-----A-----GG-----A-----CAA-----G-----A-----2512
A. FR. 02. LA36gomM			-----C-----G-----C-----T-----CG-----A-----A-----A-----A-----A-----	-----ATA-----T-----A-----A-----C-----A-----GG-----A-----T-----CAA-----G-----GAAG-----2522
A. FR. 93. LA37			-----C-----G-----C-----T-----CG-----A-----A-----A-----A-----A-----	-----GCACCCCA-----T-----T-----A-----C-----A-----GG-----A-----T-----CAA-----G-----AA-----2522
A. FR. 96. LA40			-----C-----TG-----C-----GA-----C-----CA-----A-----A-----A-----A-----	-----GCACCCCA-----T-----T-----G-----A-----C-----A-----GG-----G-----C-----CAA-----G-----AA-----2528
A. FR. 98. LA39			-----G-----C-----G-----C-----T-----CG-----A-----A-----A-----A-----A-----	-----GCACCCCA-----T-----T-----G-----A-----C-----A-----GG-----A-----T-----CAA-----G-----GAA-----2403
A. FR. 98. LA41			-----C-----G-----C-----T-----T-----CA-----A-----CA-----A-----A-----	-----GCACCTCA-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----GG-----GA-----T-----CAA-----A-----GAAG-----2532
A. GH. x. GH1			-----C-----G-----C-----CT-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----	-----CA-----T-----A-----A-----AT-----GG-----A-----GA-----T-----CA-----G-----GAG-----1977
A. GM. 87. D194			-----C-----GC-----C-----CT-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----	-----ATA-----T-----A-----C-----T-----GG-----A-----T-----CAA-----G-----GAA-----1977
A. GM. x. ISY 5BL 6669 85			-----C-----G-----TC-----C-----AGTT-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----	-----AT-----T-----A-----C-----A-----GG-----G-----T-----CAA-----G-----GAA-----1974
A. GM. x. MN13			-----C-----G-----C-----C-----CG-----A-----CA-----A-----A-----A-----	-----TA-----T-----A-----C-----A-----GG-----T-----T-----CAA-----A-----AAGA-----1978
A. GW. 86. FG clone NIHZ			-----G-----C-----GC-----C-----C-----CG-----A-----CA-----A-----A-----A-----	-----TT-----T-----A-----C-----A-----GG-----A-----T-----CAA-----A-----AAG-----1971
A. GW. 87. CAM2CG			-----C-----G-----C-----T-----CA-----A-----CA-----A-----A-----A-----	-----TT-----T-----A-----A-----A-----GG-----A-----T-----CAA-----G-----AAG-----2542
A. GW. x. MDS			-----C-----G-----C-----G-----T-----CG-----A-----CA-----A-----A-----A-----	-----CA-----T-----A-----C-----A-----GG-----A-----T-----CAA-----G-----GAA-----1977
A. IN. 07. NNVA			-----C-----G-----C-----A-----C-----CG-----A-----CA-----A-----A-----A-----	-----AT-----T-----A-----C-----AT-----GG-----A-----T-----CAA-----G-----GAA-----2527
A. IN. 95. CR1K 147			-----T-----C-----G-----C-----T-----CA-----A-----A-----A-----A-----T-----	-----AT-----T-----A-----C-----A-----GG-----A-----T-----CAA-----G-----GAA-----2278
A. JP. 08. NMC786 clone 41			-----T-----C-----G-----C-----CT-----C-----A-----A-----A-----A-----	-----CA-----T-----A-----A-----C-----T-----GG-----G-----T-----CAA-----G-----GAAG-----2529
A. PT. x. ALI			-----T-----C-----G-----AA-----C-----G-----T-----CG-----AT-----A-----CA-----A-----A-----	-----CA-----G-----A-----C-----C-----GG-----C-----G-----T-----CA-----G-----GAA-----2526
A. SN. 85. ROD			-----C-----G-----C-----T-----CG-----CA-----A-----A-----A-----A-----	-----T-----T-----A-----A-----GG-----A-----T-----CAA-----G-----AAGA-----1976
A. SN. 86. ST_JSP4_27			-----TG-----C-----A-----C-----CG-----CA-----A-----A-----A-----G-----	-----ATA-----TA-----A-----C-----A-----G-----G-----CAA-----G-----AAG-----1978
B. CI. 88. UC1			-----T-----C-----A-----C-----AG-----CA-----T-----A-----A-----A-----	-----GATGGACCCAGCAGAGGCGATGACACCTCGGGGGGGCACACCATCTGCGCCCCCT-----CA-----T-----A-----GA-----G-----A-----G-----A-----G-----GAA-----2565
B. CI. x. 20 56			-----T-----C-----G-----C-----A-----G-----CA-----T-----A-----A-----A-----	-----GATGGACCCAACACAGGACATGACACCTCAGGGTTCGACTCATCTGACACCCCT-----CA-----T-----A-----GA-----G-----A-----G-----A-----G-----GAA-----2560
B. CI. x. EHO			-----T-----C-----G-----C-----G-----CA-----A-----A-----A-----A-----	-----GATGAACCCAGCATTGGCCATGACACCTCAGGGTTCGACTCATCTGACACCCCT-----CA-----T-----A-----GA-----G-----A-----G-----A-----G-----GAA-----2555
B. FR. 00. LA44			-----T-----C-----G-----A-----G-----CA-----T-----A-----A-----A-----	-----GATGGACACAGCAATGGCCATGACACCTCAGAGTGCACACTTCATCTGCGCCCCCT-----CA-----T-----A-----GA-----G-----AG-----A-----R-----G-----GAA-----2565
B. FR. 98. LA43			-----T-----C-----A-----C-----A-----C-----AG-----G-----T-----A-----	-----GATGAATTCAGCAGAGGCCAACAACCCAGGGTGTGACACCATCTGCGCCCCCT-----CA-----T-----A-----A-----GA-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----2563
B. GH. 86. D205 ALT			-----T-----C-----TG-----A-----C-----AG-----CA-----T-----A-----A-----A-----	-----GATGAACCCAGCAGAGGCGATGACACCTCGGGGGGGCACACCATCTGCGCCCCCT-----CA-----T-----A-----GA-----G-----A-----GT-----A-----G-----GA-----A-----2560
B. JP. 01. IMCJ KR020_1			-----T-----C-----TG-----A-----C-----CA-----CC-----A-----AC-----T-----A-----A-----A-----	-----ATGAACCCAGCAGAGAACATGACACCTCAGGGTTCGACTCATCTGCGCCCCCT-----CA-----T-----A-----GA-----T-----G-----G-----C-----A-----G-----GAA-----1706
G. CI. 92. Abt96			-----T-----C-----A-----C-----C-----T-----CT-----T-----A-----A-----A-----G-----	-----AT-----T-----A-----A-----C-----A-----G-----T-----RC-----G-----A-----G-----A-----1911
AB. CM. 03. 03CM_510_03			-----T-----C-----A-----C-----G-----C-----AG-----CA-----T-----A-----A-----A-----	-----GATGAACCCAGCAGAGRGATGACACCTCAGGGGGTTCACACCATCTGCGCCCCCT-----CA-----T-----A-----GA-----G-----A-----G-----A-----1696
H2 01 AB. CI. 90. 7312A			-----T-----C-----C-----C-----A-----A-----AG-----T-----G-----	-----GATGAACACAGCAGAGGGCAAGACACATCAGGGAGCGATACCATCTGCGCCCCCT-----CA-----T-----G-----A-----GA-----G-----A-----G-----A-----G-----GAA-----2566
H2 01 AB. JP. 04. NMC307_20			-----T-----C-----GC-----C-----A-----G-----G-----T-----G-----	-----GATGGACATAGCAGAGAGCAAGACACATCAGAGGGTTCACACCATCTGCGCCCCCT-----CA-----T-----A-----GA-----A-----A-----AC-----G-----G-----2566
H2 01 AB. JP. 07. NMC716_01			-----T-----C-----GC-----C-----A-----G-----C-----T-----A-----	-----GATGGACACAGCAGAGAGCAAGACATCAGAGGGTTCACACCATCTGCGCCCCCT-----CA-----T-----A-----GA-----A-----A-----C-----AC-----G-----G-----2565
H2 01 AB. JP. 08. NMC842_10			-----T-----C-----GC-----C-----A-----G-----C-----T-----G-----	-----GATGGACACAGCAGAGAGCAAGATACATCAGAGGGTTCACACCATCTGCGCCCCCT-----CA-----T-----A-----GA-----A-----A-----AC-----G-----G-----2571
U. CI. 07. 071C TNP3			-----T-----C-----A-----C-----GA-----C-----T-----CA-----A-----G-----	-----CA-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----A-----2016
U. FR. 96. 12034			-----A-----A-----T-----C-----C-----CG-----A-----CC-----A-----C-----T-----	-----GCAGAACCAGCAGTGGATCTGCTGACCCCACAGCCCCCTCA-----C-----A-----A-----G-----G-----ACA-----A-----A-----2066
U. US. 08. NWK08			-----T-----C-----AGA-----GA-----CAG-----A-----CC-----T-----A-----C-----T-----G-----	-----A-----CA-----AA-----CG-----G-----G-----T-----AA-----G-----AAGT-----1937
MAC. US. x. 17EC1			-----C-----	-----A-----A-----2489
MAC. US. x. 251 1A11			-----C-----	-----C-----2488
MAC. US. x. 251 32H P35			-----C-----	-----C-----2490
MAC. US. x. 251 BK28			-----C-----	-----C-----2477
MAC. US. x. MN142 IVMXX			-----C-----	-----A-----A-----1987
MNE. US. 82. MNE 8			-----C-----A-----C-----CA-----	-----A-----A-----1969
MNE. US. x. MNE827			-----C-----A-----C-----CA-----	-----A-----A-----1969
SMM. CI. 79. SIVsmCI2			-----T-----C-----A-----C-----C-----G-----CA-----G-----G-----ATGGATCCAGCT-----GTGGCGGCCCCCAAT-----T-----CA-----T-----G-----TC-----A-----AC-----A-----TC-----A-----1621	
SMM. LR. 89. SIVsmLIB1			-----T-----A-----C-----A-----C-----CA-----CA-----G-----G-----	-----CA-----G-----G-----T-----A-----A-----1580
SMM. SL. 92. SIVsmSL92A			-----T-----C-----C-----A-----C-----C-----CA-----G-----A-----C-----	-----C-----A-----CCGGA-----AG-----C-----G-----G-----TC-----AG-----AAA-----CAC-----AG-----1932
SMM. SL. 92. SL92B			-----T-----C-----CAGAC-----ACATCA-----T-----CA-----GT-----A-----A-----	-----T-----T-----G-----A-----C-----A-----G-----A-----1761
SMM. US. 04. 6078			-----C-----C-----A-----C-----A-----T-----G-----G-----	-----C-----A-----G-----A-----1750
SMM. US. 04. 6932			-----C-----C-----GA-----C-----C-----CA-----	-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----AA-----1755
SMM. US. 04. M919			-----C-----C-----GA-----C-----C-----CA-----	-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----GAAG-----1755
SMM. US. 04. M922			-----C-----C-----GA-----C-----C-----CA-----	-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----A-----TC-----A-----1755
SMM. US. 04. M923			-----C-----C-----A-----C-----A-----CA-----	-----CA-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----A-----TC-----A-----1753
SMM. US. 04. M934			-----C-----C-----GA-----A-----C-----CA-----	-----T-----G-----A-----A-----GT-----A-----A-----G-----A-----1756
SMM. US. 04. M935			-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----CA-----T-----A-----	-----T-----G-----A-----A-----GT-----A-----A-----G-----A-----1761
SMM. US. 04. M940			-----C-----C-----A-----A-----A-----CA-----T-----A-----	-----CA-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----TC-----T-----A-----1754
SMM. US. 04. M946			-----C-----C-----GA-----C-----CA-----	-----T-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----GAAG-----1755
SMM. US. 04. M947			-----T-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----	-----T-----A-----A-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----1749
SMM. US. 04. M949			-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----A-----	-----CA-----T-----G-----G-----G-----A-----A-----TC-----A-----1754
SMM. US. 04. M950			-----T-----C-----C-----A-----C-----A-----C-----	-----T-----G-----A-----G-----T-----G-----G-----G-----A-----1758
SMM. US. 04. M951			-----T-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----	-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----TCG-----G-----A-----1754
SMM. US. 04. M952			-----C-----C-----A-----A-----C-----G-----C-----T-----G-----	-----C-----T-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----1755
SMM. US. 05. D215			-----T-----C-----A-----C-----GA-----C-----T-----C-----G-----C-----T-----G-----	-----T-----G-----G-----A-----CT-----G-----GG-----CA-----G-----A-----1783
SMM. US. 06. FTQ			-----T-----C-----C-----GA-----C-----C-----A-----A-----	-----T-----G-----G-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----GAA-----2491
SMM. US. 11. SIVsmE660_FL10			-----T-----C-----C-----GA-----C-----C-----A-----A-----	-----CA-----T-----A-----Y-----T-----G-----A-----A-----ACA-----G-----A-----1747
SMM. US. 86. CFU212			-----C-----GA-----C-----C-----A-----A-----	-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----GAA-----2488
SMM. US. x. F236_H4			-----C-----GA-----C-----C-----A-----A-----	-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----GAAG-----1974
SMM. US. x. H9			-----C-----GA-----C-----C-----CA-----Y-----	-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----GAAG-----2267
SMM. US. x. PBJA			-----C-----GA-----C-----C-----CA-----	-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----GAA-----2418
SMM. US. x. PGM53			-----C-----GA-----C-----C-----CA-----	-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----GAA-----2504
SMM. US. x. SNE343			-----C-----GA-----C-----C-----CA-----	-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----GAA-----2490
SMM. US. x. pE660_C67G			-----C-----GA-----C-----C-----CA-----	-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----GAA-----2490
STM. US. 89. STM_37_16			-----A-----C-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----T-----	-----A-----C-----G-----GA-----GT-----C-----A-----2148

	CAGAGAGAAAGCAGAGAGAAAGCAGAGAGAGCCTTCAAGGAG.....	GTGACAGAGATTGCTGCACCTCAATTCTCTTTGGAGGAGACCAGTAGTCACTGCTCATATTGAAGGA 2605
MAC.US.x.239	A E R K A E R K O R E A L O G	G D R G F A A P O F S L W R R P V V T A H I E G
Pol	Q R E K Q R E S R E K P Y K E	V T E D L L H L N S L F G G D O *
Gag		
A.CI.88.UC2	.....G-G.....CAG-G-GA-A	.....C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.DE.x.BEN	.....G-G.....CAG-G-GA-A	.....C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.DE.x.PE12 KR KRCC	.....A-G.....CAG-A-AT-GA-A	.....A-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.FR.00.LA38	.....-A-G.....CAG-GA-A	.....AC-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.FR.01.LA42	.....-G-G.....CAG-GC-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.FR.02.LA36gomM	.....-G-G.....CAG-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.FR.93.LA37	.....AG-G.....CAG-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.FR.96.LA40	.....-G-G.....CAG-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.FR.98.LA39	.....-G-G.....CAG-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.FR.98.LA41	.....-G-G.....CAG-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.GH.x.GH1	.....-G-G.....CAG-G-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.GM.87.D194	.....-G-G.....CAG-G-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.GM.x.ISY 5BL 6669 85	.....-G-G.....CAG-C-A-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.GM.x.MCN13	.....-A-G.....CAG-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.GW.86.FG clone NIHZ	.....-A-G.....CAG-G-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.GW.87.CAM2CG	.....-G-G.....CAG-C-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.GW.x.MDS	.....-G-G.....CAG-G-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.IN.07.NNVA	.....-G-G.....CAG-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.IN.95.CRIK 147	.....-G-G.....CAG-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.JP.08.NMC786 clone 41	.....-G-G.....CAG-G-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.PT.x.ALI	.....-A-G.....CAG-G-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.SN.85.ROD	.....-G-G.....CAG-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
A.SN.86.ST 35P4 27	.....-G-G.....CAG-G-GA-A	.....-C-C.....AA-A-A-C-C-G-AT
B.CI.88.UC1	.....-G-G.....C-GA-C	.....-A-A.....GA-ATG-C-G-T
B.CI.x.20 56	.....-G-G.....C-GA-C	.....-A-A.....GA-ATG-C-G-T
B.CI.x.EHO	.....-AG-G.....A-GA-C	.....-A-A.....AA-ATG-C-G-T
B.FR.00.LA44	.....-G-G.....C-GA-C	.....-A-A.....AA-ATG-C-G-T
B.FR.98.LA43	.....-G-G.....C-GA-C	.....-A-A.....AA-ATG-C-G-T
B.GH.86.D205 ALT	.....-G-G.....C-GA-C	.....-A-A.....AA-ATG-C-G-T
B.JP.01.IMCJ KR020 1	.....-A-GG.....G-G-A-C	.....-A-A.....T-AA-ATG-C-G-T
G.CI.92.Abt96	.....-A-AG.....CAG-A-C-A-C	.....R-H.....-GC.....-AC.....AT-C-A-A-T
AB.CM.03.03CM 510 03	.....-G-G.....C-GA-C	.....-A-A.....GR-ATG-C-G-T
H2 01 AB.CI.90.7312A	.....-G-G.....-AGCAG-G-G-C	.....-A-A.....CAA-AT-C-G-T
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	.....-G-G.....-AGCA-G-GA-C	.....-A-A.....CAA-AT-C-G-T
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	.....-G-G.....-AGCA-G-GA-C	.....-A-A.....CAA-AT-C-G-T
H2 01 AB..08.NMC842_10	.....-G-G.....-AGCA-G-GA-C	.....-A-A.....CAA-AT-C-G-T
U.CI.07.071C TNP3	.....-A-AG.....G-G-A-GA-A	.....-A-A.....-AC.....AT-C-A-A-G-T
U.FR.96.12034	.....-A-AG.....A-GA-A	.....-A-A.....AA-C-A-A-G-T
U.US.08.NMK08	.....-G-G.....CAG-G-GA-A	.....-G-C.....-G.....AA-A-A-AT-A-G-AT
MAC.US.x.17EC1	.....A	.....A
MAC.US.x.251 1A11	.....A	.....A
MAC.US.x.251 32H P35	.....A	.....A
MAC.US.x.251 BK28	.....A	.....A
MAC.US.x.MM142 IVMXX	.....G	.....G
MNE.US.02.MNE 8	.....-A-AG.....A	.....-A-A.....-G.....-G-AT
MNE.US.x.MNE027	.....-A-AG.....A	.....-A-A.....-G.....-G-AT
SMM.CI.79.SIVsmCI2	.....-G-G.....-G-A-A-G-A	.....-A-G-A-C.....-AC.....AT-C-A-A-G-T
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	.....-G-G.....A-A-GA-C	.....-AC.....A-C-C-G-T
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	.....-A-G.....GA-A	.....-G-C.....A-A-A-G-T
SMM.SL.92.SL92B	.....G-A-AGAC.....-G-AGGC-G	.....-G-C.....GA-A-TA-A-G-T
SMM.US.04.G078	.....-G-G.....-A-GA-C	.....-G-C.....-A-T-C-G-T
SMM.US.04.G932	.....-G-G.....A-GA-C	.....-G-C.....-T-C-A-G-T
SMM.US.04.M919	.....-G-G.....A-GA	.....-G-C.....-CT-C-A-1859
SMM.US.04.M922	.....-G-G.....A-GA	.....-G-C.....-CT-C-A-1860
SMM.US.04.M923	.....-G-G.....A-GA	.....-G-C.....-CT-C-A-1859
SMM.US.04.M926	.....-G-G.....A-GAG-A	.....-G-C.....-T-C-G-1859
SMM.US.04.M934	.....-A-G.....A-GAG	.....-A-A.....-A-1857
SMM.US.04.M935	.....-G-G.....A-GA	.....-G.....-CT-C-A-1860
SMM.US.04.M940	.....-G-G.....A-GA-C	.....-A-A.....A-CT-C-G-T
SMM.US.04.M946	.....-A-G.....GAG-G	.....-G-C.....-AC.....T-C-G-1858
SMM.US.04.M947	.....-G-G.....A-GA	.....-G.....-AC.....T-C-G-1859
SMM.US.04.M949	.....-A-G.....GAG-GA-C	.....-G.....-AC.....A-CT-CG-G-T
SMM.US.04.M950	.....-G-G.....A-GAG-C	.....-G.....-AC.....T-C-G-1858
SMM.US.04.M951	.....-G-G.....A-GAG-C	.....-G.....-A-CT-C-G-T
SMM.US.04.M952	.....-G-G.....A-GAG-G	.....-AC.....-C.....-T-C-G-1858
SMM.US.05.D215	.....-G-G.....A-GA	.....-A-A.....A-CT.....T 1859
SMM.US.06.FT0	.....-G-G.....A-GA	.....-GG.....G.....-A-C.....T 1887
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	.....-G-G.....A-GA	.....-G.....-A-C.....CT-C-A-2595
SMM.US.86.CFU212	.....-G-G.....A-GA	.....-G.....-AC.....G-A-G-GG-C-G-T
SMM.US.x.F236_H4	.....-G-G.....A-GA	.....-A-A.....-CT-C-A-2592
SMM.US.x.H9	.....-G-G.....A-GA	.....-A-G.....-CT-C-A-2078
SMM.US.x.PBJA	.....-G-G.....A-GA	.....-A-G.....-G-CT-C-A-2371
SMM.US.x.PGM53	.....-G-G.....A-GA	.....-G.....-A-CT-C-A-2522
SMM.US.x.SW5343	.....-G-G.....A-GA	.....-G.....-CT-C-A-2608
SMM.US.x.pE660.C67G	.....-G-G.....A-GA	.....-A-A.....-CT-C-A-2594
STM.US.89.STM_37_16	.....-G-G.....-GA-CA-C	.....-A-A.....-A-C.....-G-T 2522

Table with columns for source (e.g., MAC.US.x.239, Pol) and sequence alignment (Q P V E V L L D T G A D D S I V T G I E L G P H Y T P K I V G G I G G F I N T K E Y K N V E I E V L G K R I K G T) and a column for reference position (2775 down to 2422).



MAC.US.x.239
Pol
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA366omM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 c1one 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.R0D
A.SN.86.ST JSP4\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EHO
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.07.071C TMP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.GU212
SMM.US.x.F236\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SHE543
SMM.US.x.SHE60\_C67G
STM.US.89.STM\_37\_16

Table with 50 columns representing amino acid positions and rows for various HIV-2 sequences. The header row is labeled 'Pol Protease end\_Pol p66 and p51 RT start' and contains the sequence: AATCATGACAGGGGACCCCGGTAATCAATTTTGGTAGAAAATTTGGCTAACAGCTCTGGGGATGCTCTAAATTTCCCATAGCTAAAGTAGAGCCTGTAAGGTCGCTTAAAGCCAGGAAAGGATGGACCAAATTTGAAGCAGTGGCCATTATCAAAAAGAAAGATG 2945. The table lists sequences such as A.CI.88.UC2, A.DE.x.BEN, A.FR.00.LA38, etc., with their corresponding amino acid alignments.

MAC.US.x.239  
 PoI  
 A.CI.88.UC2  
 A.DE.x.BEN  
 A.DE.x.PE12 KR KRCC  
 A.FR.00.LA48  
 A.FR.01.LA42  
 A.FR.02.LA36gomM  
 A.FR.03.LA37  
 A.FR.06.LA40  
 A.FR.08.LA39  
 A.FR.08.LA41  
 A.GH.x.GH1  
 A.GM.07.D194  
 A.GM.x.ISY SBL 6669 85  
 A.GM.x.MCN13  
 A.GW.06.FG c1one NIHZ  
 A.GW.07.CAM2CG  
 A.GW.x.MDS  
 A.IN.07.NNVA  
 A.IN.95.CRIK 147  
 A.JP.08.NMC786 c1one 41  
 A.PT.x.ALT  
 A.SN.85.R0D  
 A.SN.86.ST JSP4\_27  
 B.CI.88.UC1  
 B.CI.x.20 56  
 B.CI.x.EH0  
 B.FR.00.LA44  
 B.FR.08.LA43  
 B.GH.86.D205 ALT  
 B.JP.01.IMCJ KR020\_1  
 G.CI.92.Abt96  
 AB.CM.03.03CM 510 03  
 H2 01 AB.CI.90.7312A  
 H2 01 AB.JP.04.NMC307\_20  
 H2 01 AB.JP.07.NMC716\_01  
 H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10  
 U.CI.07.071C TNP3  
 U.FR.06.12034  
 U.US.08.NWK08  
 MAC.US.x.17EC1  
 MAC.US.x.251 IA11  
 MAC.US.x.251 32H PJ5  
 MAC.US.x.251 BK28  
 MAC.US.x.MM142 IVMXX  
 MNE.US.02.MNE 8  
 MNE.US.x.MNE027  
 SMM.CI.79.SIVsmCI2  
 SMM.CI.89.SIVsmLIB1  
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A  
 SMM.SL.92.SL92B  
 SMM.US.04.G078  
 SMM.US.04.G932  
 SMM.US.04.M919  
 SMM.US.04.M922  
 SMM.US.04.M923  
 SMM.US.04.M926  
 SMM.US.04.M934  
 SMM.US.04.M935  
 SMM.US.04.M940  
 SMM.US.04.M946  
 SMM.US.04.M947  
 SMM.US.04.M949  
 SMM.US.04.M950  
 SMM.US.04.M951  
 SMM.US.04.M952  
 SMM.US.05.D215  
 SMM.US.06.FTq  
 SMM.US.11.SIVsmE660 FL10  
 SMM.US.06.GU212  
 SMM.US.x.F256\_H4  
 SMM.US.x.H9  
 SMM.US.x.PBJA  
 SMM.US.x.PGM53  
 SMM.US.x.SHE543  
 SMM.US.x.SHE60\_C67G  
 STM.US.89.STM\_37\_16

TTGCATTAAGAGAAATCTGT.GAAAGATGGAAAAGGATGGTCAGTTGGAGGAAGCTCCCGACCAATCCATCAACACCCCCACATTTTGTCTATAAAGAAAAAGGATAGAACAAATGGAGAATGCTGATAGATTTTAGGGAACATAATAGGGTCACTCAGGACTTTAC 3114  
 V A L R E I C # E K M E K D G Q L E E A P P T N P Y N T P T F A I K K K D K N K W R M L I D F R E L N R V T O D F T  
 AA ---AG-G---A---G---G---AC-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T---A-T---C---G---A---A---C---G---A---T---C--- 3197  
 AA -C-A-G---A---A---G---C---C-A-A-G-A-T-A-T-T-T-T---A-T---C---G---A---A---A---G---A---T---C--- 3197  
 AG -C-A---A---A---GA-A-C---C-A---A---T---A---T---T---T---A---T---C---A---G---A---A---A---G---C--- 3165  
 AA -C-A---A---A---A---C---C-A---A---T---A---T---T---T---A---T---C---A---G---A---A---A---G---C--- 3178  
 AG -C-A-G---G---A---A---A---C---AC-A---A---T---A---T---T---T---A---G---GA---C---A---G---A---A---C--- 3176  
 AA -C-A-G---A---A---G---GA-A-C---C-A---A---T---A---T---C---T---T---T---A---G---G---C---A---G---A---A---C--- 3186  
 AA -C-A-G---A---A---GA-G---C---C-A---A---T---A---T---T---T---T---TA-C---G---C---A---G---A---A---A---C--- 3186  
 AG -C-A---A---A---G---GA-G---C---C-A---G---A---T---A---T---T---T---A---C---C---A---A---A---A---C--- 3192  
 AA -C-A---A---A---A---G---C---C-A---A---T---A---T---T---T---A---T---C---A---A---C---A---A---A---T--- 3197  
 AA -C-A-G---GA---A---G---C---C-A---A---T---A---T---T---T---A---T---C---A---A---C---A---A---A---T--- 3196  
 AA -C-A---C---A---A---G---C---AC-A-A-G-A---T---A---T---T---T---A---T---C---A---A---C---A---A---T--- 2641  
 AA -C-A---T---A---G---G---C---AC-A-A---T---A---T---T---T---A---T---C---A---A---C---A---A---A---T--- 2641  
 AA -C---A---A---GA---A---C---C-A---A---G---T---A---T---C---T---T---T---A---T---C---A---A---A---A---T--- 2638  
 AG -C-A---A---A---GA---A---C---C-A---A---G---T---A---T---T---T---A---C---C---A---T---G---A---A---A---T--- 2642  
 AA -C-A---A---A---A---C---C-A---A---A---T---A---T---T---T---A---C---C---A---T---G---A---C---A---A---T--- 2635  
 AA -C-A-G---A---A---A---C---C-A---A---T---A---T---T---T---A---C---G---C---A---G---A---A---A---C---A---T--- 3206  
 AA -C-A-G---A---A---GA---A---C---C-A---A---T---A---T---T---T---A---C---G---C---A---T---G---A---A---T--- 2641  
 AG ---AG---A---GA---G---C---C-A---A---T---A---T---T---T---A---C---GA---C---A---T---G---A---C---A---T--- 3191  
 AA -A-G---A---A---G---A---C---A---A---A---T---A---T---C---T---T---T---A---C---C---T---G---A---C---A--- 2942  
 AG -C-A---A---A---G---C---AC-A-A---A---T---A---T---T---T---A---C---C---A---T---G---G---A---C---A--- 3193  
 AG -C-A---A---C---GA---A---C---A---A---G---A---T---A---T---C---T---T---T---A---T---G---C---A---T---C--- 3190  
 AA -C-A---A---A---A---C---C-A---A---T---A---T---T---T---A---C---C---A---G---A---A---C---A---A---T--- 2643  
 AG -C-A-G---G---A---GA-G---C---C-A---G---A---T---A---T---T---T---A---C---C---A---A---T---A---C--- 2642  
 -G-CC-C-AG---A---G---A---C---A---A---G---T---T---A---C---C---A---G---GA---A---A---A---A---T---A---G---C---A--- 3178  
 -G-CC-C-AG---A---G---A---C---A---A---G---T---T---A---C---C---A---G---A---A---A---A---A---GT---C---A---A--- 3173  
 -A-CC-C-A---A---A---G---A---A---A---G---T---T---TT-G---C---C---A---G---A---C---A---G---A---A---C---A---A--- 3168  
 -R-CC-C-A---A---G---A---AC-A-A---G---T---T---TT-G---C---C---A---G---A---A---A---A---A---A---A---A--- 3178  
 -A-CC-T-A---A---G---G---A---A---A---AT---T---T---A---C---C---A---G---A---A---A---C---A---T---AA-A-C---A--- 3176  
 -A-CC-C-A---A---G---A---A---A---A---T---T---A---C---C---C---G---A---A---C---A---GT---C---A---A---C--- 3173  
 -G-CC-T-A-G---GA---A---A---A---AC-A---G---T---T---C---A---C---C---A---G---GA---C---A---T---C---A---A---C--- 2320  
 AA -C-C-G---T---C---A---C---A---G---A---A---A---C---G---T---A---C---A---C---G---C---A---T---A---C---C---A---C--- 2524  
 -A-CC-Y-A---A---R---G---G---A---A---A---A---C---T---Y---A---C---C---G---A---C---A---A---C---R---T---C---A---C--- 2309  
 -G-CC-T---G---A---G---G---C---A---A---AT---T---C---T---A---C---C---G---G---A---A---C---C---A---T---A---A---C---A--- 3179  
 -G-CC-T---G---A---G---G---C---A---A---A---T---C---T---A---C---C---G---G---A---A---C---C---A---T---A---A--- 3178  
 -G-CC-T---G---A---G---G---AC-A---A---T---C---T---A---C---C---GA---C---A---T---A---C---T---A---A---C---A--- 3184  
 AA -C-T-A---T---GC---G---A---A---A---G---T---T---T---A---T---C---G---G---C---A---T---T---A---C---A---T---C--- 2629  
 AA ---A-G-A---T---G---A---A---A---G---C---T---T---T---A---T---C---C---G---A---A---A---A---A---A---G--- 3679  
 AA -C-G-C---C---A---G-GA-A-A-C-A---G---C-A---C---T---T---T---A---T-G-G---C---A---GT---T---A---C---A---GT---A---C--- 2550  
 .....A..... 3114  
 .....A..... 3113  
 .....C..... 3115  
 .....A..... 3090  
 .....A..... 2600  
 .....C..... 2582  
 .....A..... 2582  
 AG -C-C-G---A---A---A---A---A---A---T---C---T---T---A---T---C---A---A---G---A---C---A---G---A---A---CC---AA-A-C---A---A--- 2234  
 AG -C-AG-G---A---A---A---A---A---A---T---A---T---C---A---A---G---A---C---A---G---A---G---A---A---T---G---A---A--- 2193  
 AA -C-A-G---T---A---A---G---A---A---G---C---A---A---T---T---T---A---T---C---C---A---G---C---A---G---G---T---A---A---T---G---C---A---A---A--- 2195  
 AA -C-C-G---C---G---A---G---A---A---ACG---C---T---A---T---T---A---G---C---T---A---G---A---G---G---C---C---A---T---C---AAA-G---A---A---C--- 2545  
 AG -C-A---T---A---G---C---A---A---A---G---C---T---A---G---C---T---A---G---A---G---G---G---T---A---A---T---G---A---A---A---T--- 2374  
 SMM.US.04.G932  
 SMM.US.04.M919  
 SMM.US.04.M922  
 SMM.US.04.M923  
 SMM.US.04.M926  
 SMM.US.04.M934  
 SMM.US.04.M935  
 SMM.US.04.M940  
 SMM.US.04.M946  
 SMM.US.04.M947  
 SMM.US.04.M949  
 SMM.US.04.M950  
 SMM.US.04.M951  
 SMM.US.04.M952  
 SMM.US.05.D215  
 SMM.US.06.FTq  
 SMM.US.11.SIVsmE660 FL10  
 SMM.US.06.GU212  
 SMM.US.x.F256\_H4  
 SMM.US.x.H9  
 SMM.US.x.PBJA  
 SMM.US.x.PGM53  
 SMM.US.x.SHE543  
 SMM.US.x.SHE60\_C67G  
 STM.US.89.STM\_37\_16

MAC.US.x.239  
 Pol  
 A.CI.88.UC2  
 A.DE.x.BEN  
 A.DE.x.PE12 KR KRCC  
 A.FR.00.LA48  
 A.FR.01.LA42  
 A.FR.02.LA36comM  
 A.FR.93.LA37  
 A.FR.96.LA40  
 A.FR.98.LA39  
 A.FR.98.LA41  
 A.GH.x.GH1  
 A.GM.87.D194  
 A.GM.x.ISY SBL 6669 85  
 A.GM.x.MCN13  
 A.GW.86.FG c1one NIHZ  
 A.GW.87.CAM2CG  
 A.GW.x.MDS  
 A.IN.07.NNVA  
 A.IN.95.CRIK 147  
 A.JP.08.NMC786 c1one 41  
 A.PT.x.ALT  
 A.SN.85.ROD  
 A.SN.86.ST JSP4\_27  
 B.CI.88.UC1  
 B.CI.x.20 56  
 B.CI.x.EH0  
 B.FR.00.LA44  
 B.FR.98.LA43  
 B.GH.86.D205 ALT  
 B.JP.01.IMCJ KR020\_1  
 G.CI.92.Abt96  
 AB.CM.03.03CM 510 03  
 H2 01 AB.CI.90.7312A  
 H2 01 AB.JP.04.NMC307 20  
 H2 01 AB.JP.07.NMC716 01  
 H2 01 AB.JP.08.NMC842 10  
 U.CI.07.071C TNP3  
 U.FR.96.12034  
 U.US.08.NWK08  
 MAC.US.x.17EC1  
 MAC.US.x.251 IA11  
 MAC.US.x.251 32H PJ5  
 MAC.US.x.251 BK28  
 MAC.US.x.HM142 IVMXX  
 MNE.US.82.MNE 8  
 MNE.US.x.MNE027  
 SMM.CI.79.SIVsmCI2  
 SMM.LR.89.SIVsmLIB1  
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A  
 SMM.SL.92.SL92B  
 SMM.US.04.G078  
 SMM.US.04.G932  
 SMM.US.04.M919  
 SMM.US.04.M922  
 SMM.US.04.M923  
 SMM.US.04.M926  
 SMM.US.04.M934  
 SMM.US.04.M935  
 SMM.US.04.M940  
 SMM.US.04.M946  
 SMM.US.04.M947  
 SMM.US.04.M949  
 SMM.US.04.M950  
 SMM.US.04.M951  
 SMM.US.04.M952  
 SMM.US.05.D215  
 SMM.US.06.FTQ  
 SMM.US.11.SIVsmE660 FL10  
 SMM.US.06.GU212  
 SMM.US.x.F258\_H4  
 SMM.US.x.H9  
 SMM.US.x.PBJA  
 SMM.US.x.PGM53  
 SMM.US.x.SME543  
 SMM.US.x.PE600.CG7G  
 STM.US.89.STM 37\_16

```

GGAGTCCAAATTAGGAATACCACCCCTGCGAGCTAGCAAAAGGAAAAAGAAATACAGCTACTGGATATAGTGTGATCATATTCTCCATACCTCTAGATGAAGAAATTTAGGCGATACACTGCCTTTACTTTACCATCAGTAAATAATGCAGAGCCAGGAAAAACGATACA 3284
E V Q L G I P H P A G L A K R K R I T V L D I G D A Y F S I P L D E E F R Q Y T A F T L P S V N N A E P G K R Y
A - A - T - GC - T - T - C - A - G - G - C - T - A - T - T - C - T - A - A - CC - T - A - C - C - A - A - A - T - A - C - C - A - G - C - A - T - G - C - A - T - A - T - 3367
A - A - T - GC - T - T - G - C - A - G - G - CT - TA - A - G - G - C - T - A - C - T - A - C - G - T - A - A - T - A - C - C - G - A - C - C - ATG - A - A - A - T - 3367
A - A - T - G - T - A - T - C - G - AA - G - G - T - A - G - G - C - C - T - A - C - G - C - A - A - T - A - C - C - G - G - C - A - A - G - G - A - T - GA - A - T - 3335
A - A - T - G - T - A - GT - G - C - A - G - G - T - A - G - G - T - A - G - G - C - C - T - A - C - G - C - A - A - T - A - C - C - G - C - A - A - A - T - 3365
A - A - T - G - T - A - GT - T - A - G - G - T - A - G - G - T - A - G - G - A - T - C - T - A - GC - T - A - T - A - C - C - T - A - A - T - 3346
A - A - T - G - T - A - GT - G - T - G - A - G - C - T - A - G - G - T - C - T - A - C - A - T - A - C - C - G - C - T - A - A - T - 3356
A - A - G - G - T - A - T - T - G - A - G - GT - A - G - G - C - T - C - T - A - C - G - C - A - A - T - A - C - C - G - C - T - A - A - T - 3356
A - A - G - G - T - G - T - C - G - A - G - G - T - G - A - CG - G - T - C - T - A - GC - G - T - A - A - T - A - C - C - AC - C - T - A - A - T - 3362
A - A - T - G - T - G - C - G - A - G - G - T - A - G - G - T - A - G - G - T - AT - C - G - T - C - A - A - A - A - C - C - G - C - A - A - T - 3367
A - A - T - G - T - G - C - G - A - G - G - T - A - G - G - T - A - G - G - T - AT - C - G - T - C - A - A - A - A - C - C - G - C - A - A - GA - A - T - 3366
A - A - T - GC - T - T - G - T - C - A - A - G - G - C - T - A - G - G - G - C - T - A - G - C - T - C - A - T - A - C - C - G - C - A - A - T - 2811
A - A - T - GC - T - T - G - T - C - A - G - G - T - A - G - G - G - C - T - A - G - C - T - A - C - T - A - T - A - C - C - G - C - A - A - T - 2811
A - G - T - G - T - A - T - C - G - AA - G - G - T - GT - A - G - A - C - C - T - A - C - T - G - T - A - T - A - C - G - C - A - A - A - T - 2808
A - A - T - G - T - A - T - G - C - G - AA - G - T - A - G - G - T - C - T - A - C - C - C - A - T - A - C - A - T - A - C - C - A - A - A - T - 2812
A - A - T - G - T - A - T - G - C - A - G - G - T - A - G - G - T - C - T - A - C - G - C - A - T - A - C - A - T - A - C - C - A - A - T - 2805
A - A - G - G - T - A - T - T - G - C - A - GG - T - A - G - G - T - T - A - G - G - T - AT - C - C - A - A - A - A - C - C - G - C - A - A - T - 3376
A - A - T - G - T - A - G - G - C - G - A - G - G - T - A - G - G - T - C - T - A - GC - C - A - A - A - C - C - G - G - G - C - A - A - T - 2811
A - A - T - GC - T - T - G - T - G - C - G - AA - G - C - T - A - G - G - T - C - T - A - GC - G - C - A - A - T - A - C - C - G - G - C - A - A - T - 3361
A - A - T - G - T - A - T - G - C - G - A - G - G - C - T - A - G - G - T - C - T - A - GC - G - C - A - T - A - C - C - G - G - G - C - A - A - T - 3112
A - A - T - GC - T - T - GT - C - A - G - G - T - A - G - G - T - C - T - A - G - T - A - GC - T - A - T - A - C - C - AC - C - A - A - T - 3363
A - GA - T - G - G - T - T - A - GT - C - A - G - G - C - T - G - A - G - G - T - C - T - A - GC - GAGC - A - T - A - A - C - C - AC - C - A - A - T - 3360
A - A - T - G - T - A - GT - G - C - G - A - G - G - T - A - G - G - T - C - T - A - C - G - G - C - A - CA - T - A - C - C - G - C - A - A - T - 2813
A - A - G - G - T - A - T - G - C - G - A - C - T - C - A - G - G - G - T - C - T - A - C - G - T - A - C - A - T - A - C - C - A - C - T - A - A - T - 2812
A - - - - - C - G - T - C - C - G - GT - G - G - AA - GG - A - A - A - G - G - A - C - C - AGT - C - A - CC - A - C - A - T - A - A - C - C - G - A - C - GA - GA - 3348
A - - - - - GC - G - T - T - C - G - T - G - G - G - AA - G - A - T - A - A - G - A - C - C - AGT - C - A - CCC - T - C - A - A - A - A - C - G - C - G - T - GA - A - 3343
A - G - - - - GC - G - T - T - A - G - - - - TC - A - G - A - A - A - G - A - C - C - AGTG - C - A - CCC - C - C - A - A - T - A - A - C - G - G - G - A - GA - TC 3338
A - - - - - C - G - T - C - C - G - G - - - - AA - G - A - - - - A - A - G - A - C - C - AGT - C - A - CCC - T - C - A - A - T - A - A - C - G - G - A - GA - 3348
A - - - - - C - G - T - C - C - G - GT - G - G - AA - GG - AT - - - - A - G - A - C - C - AGT - C - A - CCC - A - C - A - T - A - A - C - C - G - A - C - T - GA - 3346
A - - - - - C - G - T - C - C - G - G - G - AA - GG - A - A - A - G - G - A - C - C - AGT - C - A - CC - A - C - A - T - A - A - C - C - G - A - GA - 3340
A - - - - - GC - G - T - C - G - G - G - A - A - A - A - C - C - AGT - C - A - CC - T - C - A - A - T - A - A - C - C - G - G - A - GA - 2490
T - - - - - G - G - C - T - TT - G - G - AA - GG - A - A - A - G - G - G - C - C - AG - T - - - - T - T - C - A - T - C - C - A - GA - 2694
AB.CM.03.03CM 510 03 A - - R - G - T - C - C - G - GT - G - G - A - GG - A - A - A - G - G - A - C - C - AGT - C - A - CC - R - Y - C - A - T - A - A - C - CY - G - AC - C - YA - GA - 2479
H2 01 AB.CI.90.7312A A - - - - - C - T - T - C - G - G - G - AA - GG - A - GA - A - G - A - C - C - AGTG - C - A - CCC - C - C - A - T - A - A - C - G - A - A - G - 3349
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20 A - - - - - C - G - T - C - A - T - G - G - AA - GG - AT - - - - A - G - A - C - C - AGTG - C - A - CCC - C - C - A - T - A - A - C - C - G - A - A - G - 3349
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01 A - - - - - C - T - T - C - A - T - G - G - A - GG - AT - G - A - G - A - C - C - AGTG - C - A - CCC - C - C - A - T - A - A - C - G - A - A - G - 3348
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10 A - G - - - - GC - T - T - C - G - G - G - A - G - AT - - - - A - G - A - C - C - AGTG - C - A - CCC - C - C - A - T - A - A - C - G - A - A - G - 3354
U.CI.07.071C TNP3 A - G - G - - - T - - - - - T - G - AA - G - A - - - - CG - A - C - AG - T - - - - C - CA - A - T - C - C - - - - CA - T - C - A - GA - 2799
U.FR.96.12034 T - - - - - G - T - C - A - TG - G - AA - G - G - A - T - A - G - G - C - C - AG - C - G - GTG - C - C - A - T - - - - T - C - G - G - CA - T - GA - 2849
U.US.08.NWK08 A - A - G - - - G - T - G - A - C - TC - G - AA - C - C - T - C - G - G - C - C - T - AG - CT - GT - G - G - C - A - T - A - T - C - G - G - C - CATGAG - T - A - G - TG 2720
A - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - 3284
A - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - 3283
A - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - 3285
A - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - 3260
MNE.US.82.MNE 8 A - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - 2770
MNE.US.x.MNE027 A - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - - 2752
SMM.CI.79.SIVsmCI2 T - G - T - GC - - - - - A - - - - - T - G - G - A - G - - - - A - - - - - T - A - C - - - - - A - - - - - TAGT - T - AT - TGG - G - - - - A - A - T - A - A - CG - C - C - T - - - - C - C - A - T - A - G - T - 2404
SMM.LR.89.SIVsmLIB1 A - A - T - G - G - C - - - - - A - - - - - T - G - G - G - - - - - A - - - - - GT - A - G - A - - - - C - - - - - T - T - G - - - - G - C - C - A - - - - A - - - - - GA - TG 2363
SMM.SL.92.SIVsmSL92A A - A - T - G - C - T - A - - - - G - CAGC - - - - - GG - C - - - - T - A - G - A - - - - T - T - C - AT - G - CCG - C - - - - A - T - A - T - G - T - T - G - G - T - A - - - - GA - G - T - 2365
SMM.SL.92.SL92B A - A - GC - G - T - C - T - G - C - - - - AAGG - T - G - G - A - - - - G - A - G - G - G - - - - T - AG - C - - - - CCC - C - - - - A - A - A - A - C - A - - - - G - C - C - A - - - - GA - G - TG 2544
SMM.US.04.G078 A - - - - - A - G - G - - - T - G - C - - - - T - A - G - C - - - - T - A - G - G - - - - T - AG - AT - G - G - C - A - - - - A - - - - - CC - T - C - C - A - - - - GA - G - 2533
SMM.US.04.M919 A - - - - - A - G - G - - - T - A - G - C - - - - T - G - G - - - - T - G - G - - - - G - C - C - A - - - - A - - - - - T - - - - - C - A - - - - A - - - - - G - 2538
SMM.US.04.M922 A - - - - - A - G - G - - - G - G - C - - - - T - G - G - - - - T - G - G - - - - C - A - - - - A - - - - - T - - - - - G - C - A - - - - A - - - - - A - - - - - 2539
SMM.US.04.M923 A - - - - - A - G - G - - - G - A - G - G - C - - - - T - G - G - - - - T - G - G - - - - C - A - - - - A - - - - - T - - - - - G - C - A - - - - A - - - - - A - - - - - 2538
SMM.US.04.M926 A - G - G - - - T - A - G - - - - T - G - G - G - C - - - - G - G - - - - C - C - T - - - - T - CT - G - - - - C - A - - - - A - T - - - - A - - - - - G - 2538
SMM.US.04.M934 A - G - G - - - G - - - - - T - G - A - G - C - - - - T - G - G - - - - C - C - T - - - - CT - G - - - - C - A - - - - A - - - - - T - - - - - A - - - - - G - 2536
SMM.US.04.M935 A - - - - - A - G - G - - - G - G - C - - - - T - G - G - - - - T - G - G - - - - G - G - - - - C - A - - - - A - - - - - T - - - - - G - C - A - - - - A - - - - - 2539
SMM.US.04.M940 A - GA - T - - - - T - G - C - - - - T - G - G - C - - - - T - A - G - G - - - - T - G - G - - - - T - AT - G - G - G - - - - A - - - - - C - CC - - - - G - C - A - - - - GA - G - TG 2544
SMM.US.04.M946 A - G - - - - G - C - A - - - - T - G - G - C - - - - T - G - G - - - - C - C - C - T - - - - CT - G - G - G - - - - C - A - - - - A - T - - - - C - C - A - - - - G - G - 2537
SMM.US.04.M947 A - - - - - A - G - G - - - G - G - A - G - G - C - - - - T - A - G - G - - - - T - G - G - - - - T - G - G - - - - C - A - - - - A - - - - - T - - - - - C - A - - - - C 2538
SMM.US.04.M949 A - A - T - G - T - G - C - - - - T - G - A - G - C - - - - T - A - G - G - - - - T - - - - - AT - G - G - T - - - - T - A - T - - - - C - C - - - - T - C - A - - - - GA - G - TG 2532
SMM.US.04.M950 A - G - - - - T - G - C - A - - - - T - G - A - G - C - - - - A - G - G - - - - C - C - T - - - - AT - G - G - G - - - - T - G - G - - - - C - C - - - - T - C - A - - - - G - G - TG 2537
SMM.US.04.M951 A - - - - - A - T - G - C - - - - CT - T - G - A - G - C - - - - A - - - - - G - G - - - - T - G - G - - - - T - G - G - - - - T - G - G - - - - A - - - - - G - G - TG 2541
SMM.US.04.M952 A - G - - - - G - A - - - - T - G - A - G - C - - - - C - C - C - T - - - - CT - G - A - C - - - - A - T - A - T - - - - C - C - G - - - - T - C - A - - - - G - G - 2537
SMM.US.05.D215 A - - - - - G - G - T - A - - - - G - A - G - G - - - - T - A - G - G - A - - - - C - T - AT - G - GA - C - - - - A - T - A - T - - - - CC - G - - - - C - A - - - - A - 2538
SMM.US.06.FTQ A - - - - - T - C - - - - A - - - - - G - A - G - - - - T - A - G - G - C - - - - C - T - A - G - CCC - C - A - A - T - - - - CC - G - - - - T - C - A - - - - GA - 2566
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10 A - - - - - A - G - G - - - T - A - - - - T - G - G - A - GG - G - C - - - - T - G - G - - - - G - - - - - T - C - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - 3274
SMM.US.06.GU212 A - - - - - G - G - - - T - A - - - - T - G - G - A - GG - G - C - - - - C - - - - - T - CT - - - - G - C - C - - - T - T - C - CC - - - - G - - - - - A - - - - - T - 2550
SMM.US.x.F258_H4 A - - - - - A - G - G - - - T - A - - - - T - G - G - A - GG - G - C - - - - T - G - G - - - - G - - - - - T - CT - - - - G - C - C - - - T - T - C - CC - - - - G - - - - - A - - - - - T 3271
SMM.US.x.H9 A - - - - - A - G - - - - G - R - - - - G - A - G - G - C - - - - GT - G - G - - - - T - - - - - C - A - - - - C - G - C - - - G - C - A - - - - A - - - - - A - 2757
SMM.US.x.PBJA A - - - - - A - G - G - - - G - A - G - G - C - - - - GT - G - G - - - - T - - - - - C - A - - - - C - G - C - - - G - C - A - - - - A - - - - - A - 3050
SMM.US.x.PGM53 A - - - - - A - G - G - - - G - A - G - G - C - - - - T - G - G - - - - T - - - - - C - A - - - - T - C - G - C - - - G - C - A - - - - A - - - - - A - 3201
SMM.US.x.SME543 A - - - - - A - G - G - - - G - A - G - G - C - - - - T - G - G - - - - T - - - - - C - A - - - - T - C - G - C - - - G - C - A - - - - A - - - - - A - 3287
SMM.US.x.PE600.CG7G A - - - - - A - G - G - - - G - A - G - G - C - - - - T - G - G - - - - T - - - - - C - A - - - - T - C - G - C - - - G - C - A - - - - A - - - - - A - 3273
STM.US.89.STM 37_16 A - - - - - A - T - GC - - - - - T - - - - - G - G - - - - C - - - - - T - G - G - - - - T - - - - - C - - - - - G - GC - - - - - T - - - - - T - C - C - - - - C - A - - - - A - - - - - A - 2931

```

	TTTTATAGGTTCTGCCTCAGGATGGAAGGGGTACACGCCACTCTTCCAATACACTAGAGACATGTGCTAGAACCTTCAGGAGGCAAAATCCAGATGTGACCTTAGTCCAGTATATGGATGACATCTTAAATAGCTAGTGACAGGACAGACCTGGAAACATGACAGGGTA	3454
	I Y K V L P Q G W K G S P A I F Q Y T M R H V L E P F R K A N P D V T L V Q Y M D D I L I A S D R T D L E H D R V	
A.CI.88.UC2	-A-CT-A-A-A-G-A-A-A-T-T-A-G-GA-CT-T-A-A-C-C-TTC-CA-C-T-A-G-GTT-A-G-AA-G-3537	
A.DE.x.BEN	-A-A-CT-A-A-A-A-A-T-T-T-A-G-GA-CT-T-A-A-C-C-TTC-CA-C-T-A-G-GTT-A-G-AA-G-3537	
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-A-A-C-A-A-A-A-A-G-A-T-T-C-A-G-G-CT-G-A-A-A-C-C-TTC-CA-C-T-A-G-GTT-A-G-AA-G-3537	
A.FR.00.LA38	-A-A-CT-A-A-A-A-A-A-T-T-C-A-G-GA-CT-T-A-A-A-GAG-C-TTA-CA-T-CG-T-A-G-AA-G-3518	
A.FR.01.LA42	-A-C-CT-A-A-A-A-A-A-T-T-A-G-G-CT-T-A-A-A-GAG-C-TTA-CA-T-CG-T-A-G-AA-G-3516	
A.FR.02.LA36gomM	-A-A-CT-A-A-A-A-A-A-T-T-C-A-G-GA-TT-A-A-A-C-AG-C-TTA-CA-T-C-T-T-A-G-AA-G-3526	
A.FR.93.LA37	-A-C-A-CT-G-A-A-A-A-A-T-T-A-G-G-A-A-A-A-C-C-TTA-CA-T-C-T-C-G-C-C-TT-A-G-AA-G-3526	
A.FR.96.LA40	-A-A-CT-A-G-A-A-A-A-T-T-GC-A-A-GA-CT-T-A-A-A-G-C-TTC-CA-T-C-T-T-A-G-AA-G-3532	
A.FR.98.LA39	-A-A-CT-AAT-G-A-A-A-T-T-C-A-G-AA-A-A-A-A-A-AG-C-TTA-CA-T-C-T-C-AA-G-AA-G-3537	
A.FR.98.LA41	-A-A-C-G-A-A-A-A-A-A-T-T-C-A-G-GA-CT-T-A-A-A-A-AG-C-TTA-CA-T-C-T-C-AA-G-AA-G-3536	
A.GH.x.GH1	-A-CT-A-A-A-A-A-A-T-T-C-A-G-AA-CT-T-A-A-A-C-C-TTC-CA-A-C-T-T-GTT-A-G-AA-2981	
A.GM.87.D194	-A-CT-A-A-A-A-A-A-T-T-TG-A-AA-CT-T-A-A-A-C-C-TTC-CA-A-C-T-T-G-GTT-A-G-AA-2981	
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-A-C-A-CT-A-A-A-A-T-T-T-A-G-GA-CT-T-A-A-A-C-T-TTA-C-T-C-T-T-TT-AA-AA-2978	
A.GM.x.MCN13	-A-A-CT-A-A-A-A-T-T-A-G-G-CT-T-A-A-A-C-T-TTA-CA-T-C-T-C-TT-A-AA-G-2982	
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-A-C-A-C-A-A-G-A-A-A-T-T-A-G-GA-CT-T-A-A-A-CGAG-C-TTA-CA-T-C-T-C-C-TT-AA-G-2975	
A.GW.87.CAM2CG	-A-A-CT-A-G-A-A-A-T-T-G-A-G-G-CT-G-A-A-A-CT-C-TTA-CA-T-C-T-TT-AA-G-AA-G-3546	
A.GW.x.MDS	-A-A-CT-A-A-A-A-T-T-T-A-G-TT-T-A-A-A-C-AG-C-TTA-CA-T-C-T-T-C-TT-AA-AA-2981	
A.IN.07.NNVA	-A-C-CT-A-A-A-A-T-T-A-GA-GA-CT-G-A-A-A-C-AG-C-TTA-CA-T-A-C-T-T-C-TT-AA-AA-3531	
A.IN.95.CRIK 147	-A-A-CT-A-A-A-A-T-T-A-G-GA-CT-G-A-A-A-C-AG-C-TTA-CA-T-C-T-TT-AA-AA-3282	
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-A-A-CT-A-A-A-A-T-T-C-A-G-GA-CT-T-A-A-A-C-C-TTA-CA-A-C-T-T-GTT-A-G-AA-3533	
A.PT.x.ALT	-A-A-CT-A-G-A-A-A-T-T-C-A-GA-CT-G-A-A-A-C-AG-C-TTC-CA-T-A-C-T-TT-AA-G-AA-G-3530	
A.SN.85.R0D	-A-A-CT-A-A-A-A-T-T-C-A-G-AT-T-A-A-A-CAAG-C-TTA-CA-T-C-T-TT-AA-T-AA-2983	
A.SN.86.ST JSP4_27	-A-A-CTCA-A-A-A-A-T-T-G-A-G-G-CT-T-A-A-A-C-G-A-C-TTC-CA-T-C-T-T-G-C-C-TT-AA-A-G-2982	
B.CI.88.UC1	-A-A-A-A-A-C-A-T-T-T-C-GA-G-AT-T-T-A-A-C-CAGC-C-TTA-A-T-C-C-T-TG-A-A-A-GT-T-A-G-3518	
B.CI.x.20 56	-C-A-C-A-A-T-C-A-A-T-T-C-G-GA-G-A-C-TT-A-A-C-CGAT-C-A-A-C-T-TG-A-A-A-GT-T-A-G-3513	
B.CI.x.EHO	-C-A-C-A-A-A-A-C-A-T-T-G-C-GC-A-G-A-C-T-T-A-A-C-CAAT-C-TA-A-C-C-T-CG-A-A-A-GC-T-A-G-3508	
B.FR.00.LA44	-A-A-A-A-A-G-A-A-C-A-T-T-T-C-G-GA-G-A-C-T-T-A-A-C-GAT-TT-A-A-T-A-T-A-B-A-G-3518	
B.FR.98.LA43	-A-A-A-A-A-G-A-A-C-A-T-T-T-C-G-AT-C-T-A-A-C-CAAC-C-TTA-T-C-TT-AA-G-AA-G-3516	
B.GH.86.D205 ALT	-A-A-A-A-A-G-A-A-GT-A-T-GT-T-C-A-G-AT-T-T-T-A-C-CAGC-C-TTA-A-T-C-C-TT-AA-AA-G-3510	
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-C-C-A-A-A-G-A-C-A-T-T-T-CG-AG-GA-A-A-C-TT-A-A-C-GAT-C-A-C-TG-G-A-A-GC-T-A-G-2660	
G.CI.92.Abt96	-C-C-C-A-G-A-C-T-T-C-T-A-GA-G-A-C-TT-A-A-C-GAG-R-A-TTA-YA-A-T-TG-G-C-A-T-TT-AA-TCAA-2864	
AB.CM.03.03CM 510 03	-A-A-A-R-R-C-A-T-T-T-T-C-GA-G-AT-T-T-A-A-C-CAGC-GA-TA-A-T-C-TT-AA-A-GT-T-G-2649	
H2 01 AB.CI.90.7312A	-A-C-A-A-A-C-A-T-T-T-C-A-G-A-C-A-G-C-CAAT-C-A-A-C-C-TG-G-A-C-T-A-GT-T-A-T-A-3519	
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20	-C-A-A-A-A-C-A-T-T-C-A-G-A-C-A-A-C-CAAT-C-A-A-C-C-TG-G-A-T-A-GT-T-A-G-T-A-3519	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-C-C-A-A-A-A-C-A-T-T-T-GA-G-A-C-A-A-C-CAAT-C-A-A-C-C-TG-G-A-T-A-GT-TT-A-G-T-A-3518	
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-C-C-A-A-A-A-C-A-T-T-T-C-A-G-A-C-A-A-C-CAAT-C-A-A-C-C-TG-G-A-C-T-A-GT-TT-A-G-T-A-3524	
U.CI.07.071C TNP3	-C-C-A-A-G-A-A-A-A-T-T-G-T-T-A-A-A-C-TT-A-A-C-CGAG-A-TA-CA-C-TT-C-TG-C-A-GT-T-A-G-2069	
U.FR.96.12034	-G-A-AT-A-A-A-G-A-A-A-T-T-T-A-GA-CC-A-G-A-T-A-GA-CTGT-A-A-T-TT-T-C-TG-T-A-AT-TT-A-G-TCA-T-3019	
U.US.08.NWK08	-G-A-AT-A-A-A-G-A-A-C-G-GGC-A-GCTAGC-A-G-A-T-A-T-C-TTC-G-A-A-C-C-GC-G-A-T-ACACAGCA-TCA-A-G-2890	
MAC.US.x.17EC1		3454
MAC.US.x.251 1A11		3453
MAC.US.x.251 32H PJ5		3455
MAC.US.x.251 BK28		3430
MAC.US.x.HM142 IVMXX		2940
MNE.US.82.MNE 8		2922
MNE.US.x.MNE027		2922
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-C-C-A-A-A-A-A-T-T-G-T-C-GA-G-T-T-A-A-T-GAG-CT-TA-CA-A-A-T-C-C-A-T-AT-TT-A-G-CAAC-G-2574	
SMM.SL.89.SIVsmLIB1	-G-C-C-A-A-A-A-A-A-T-T-G-TT-A-A-G-A-C-T-TA-AA-C-TT-A-A-A-C-A-T-A-G-AA-G-2533	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-C-C-A-C-A-A-A-A-C-T-A-T-T-GC-T-C-A-CT-G-T-A-A-T-A-C-T-T-C-A-TT-CG-A-TT-AA-G-T-A-2535	
SMM.SL.92.SL92B	-C-C-A-C-A-A-A-A-T-T-T-T-GGCA-C-G-AT-T-A-A-T-C-CTTC-C-TT-AC-G-AGGCCTAAC-A-G-AAA-G-2885	
SMM.US.04.G078	-C-C-A-C-A-A-A-A-T-T-T-T-GC-T-A-G-AT-G-C-A-A-CC-A-T-GA-T-A-C-TT-C-C-T-A-G-T-A-2714	
SMM.US.04.G932	-C-C-CT-A-A-G-A-A-T-T-GC-T-C-A-CT-T-A-A-C-A-A-C-C-TT-C-GA-A-C-TT-A-G-T-A-2703	
SMM.US.04.M919	-C-C-AT-A-A-G-A-A-T-T-T-GC-T-A-A-CT-T-T-A-A-C-C-GA-A-C-TT-A-G-TT-A-G-2708	
SMM.US.04.M922	-C-C-AT-A-A-G-A-A-T-T-T-GC-T-A-A-CT-T-T-A-A-C-C-GA-A-C-TT-A-T-TT-A-2709	
SMM.US.04.M923	-C-C-AT-A-A-G-A-A-T-T-T-GC-T-A-A-CT-T-T-A-A-C-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-2708	
SMM.US.04.M926	-C-C-AT-A-A-G-A-A-T-T-T-GC-T-A-A-CT-T-T-A-A-C-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-2708	
SMM.US.04.M934	-C-C-T-A-A-T-A-A-T-T-T-GC-T-A-A-AT-T-T-A-A-C-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-2706	
SMM.US.04.M935	-C-C-AT-A-A-G-A-A-T-T-T-GC-T-A-A-CT-G-T-A-A-C-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-2709	
SMM.US.04.M940	-G-C-C-A-A-A-G-A-A-A-T-T-T-GC-T-A-G-AT-G-C-TT-A-A-TC-C-A-G-T-A-C-TT-A-G-TT-AA-2714	
SMM.US.04.M946	-C-C-T-T-C-T-A-A-T-T-T-GC-T-A-A-AT-T-T-A-A-C-TC-A-A-C-TT-A-G-TT-A-G-2707	
SMM.US.04.M947	-C-C-AT-A-A-G-A-A-T-T-T-GC-T-A-A-CT-T-T-A-A-C-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-2708	
SMM.US.04.M949	-G-C-A-A-A-A-T-A-T-T-T-T-A-G-A-AT-G-C-T-T-A-A-CC-C-A-A-C-GA-T-A-C-TT-C-GG-C-TT-A-TT-AA-G-2702	
SMM.US.04.M950	-C-C-A-T-A-A-T-A-T-T-T-GC-T-A-A-AT-T-T-A-A-C-TC-GA-A-C-TT-G-C-TT-A-G-TT-AA-G-2707	
SMM.US.04.M951	-G-C-A-A-A-A-T-A-T-T-T-GC-T-A-G-MACAT-G-C-TT-A-A-CC-C-A-C-TT-G-C-TT-A-TT-AA-G-2711	
SMM.US.04.M952	-C-C-T-T-T-T-A-A-T-T-G-C-A-A-AT-TT-A-A-C-TT-A-A-C-TT-A-TT-A-2707	
SMM.US.05.D215	-C-C-A-A-G-A-A-A-A-T-T-G-A-A-A-G-A-TT-A-C-TC-A-A-C-TT-A-C-TT-A-G-TT-A-2708	
SMM.US.06.FTq	-C-C-CT-A-A-A-A-G-T-T-C-A-A-A-AT-G-G-TT-A-C-A-A-TT-A-C-TT-A-TT-A-G-2736	
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	-C-C-AT-A-A-A-G-A-A-T-T-T-T-G-T-A-A-AT-TT-A-A-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-G-3444	
SMM.US.86.GU212	-C-C-AT-A-A-A-G-A-A-A-T-T-T-T-T-GG-AT-G-G-A-TT-A-A-C-A-T-T-C-TT-A-TT-A-G-2700	
SMM.US.x.F256_H4	-C-C-AT-A-A-A-G-A-A-T-T-T-T-G-TT-A-A-AT-TT-A-A-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-G-3441	
SMM.US.x.H9	-C-C-AT-A-A-A-G-A-A-T-T-T-T-RC-T-R-A-AT-T-TT-A-A-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-2927	
SMM.US.x.PBJA	-C-C-AT-A-A-A-G-A-A-T-T-T-T-GC-T-A-A-CT-TT-A-A-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-3220	
SMM.US.x.PGM53	-C-C-AT-A-A-A-G-A-A-T-T-T-T-GC-T-A-A-CT-G-TT-A-A-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-G-3371	
SMM.US.x.SHE543	-C-C-AT-A-A-A-G-A-A-T-T-T-T-G-TT-A-A-AT-TT-A-A-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-G-3457	
SMM.US.x.SHE60_G67G	-C-C-AT-A-A-A-G-A-A-T-T-T-T-G-TT-A-A-AT-TT-A-A-C-GA-A-C-TT-A-TT-A-G-3443	
STM.US.89.STM_37_16	-C-C-A-A-A-A-A-T-T-T-T-A-A-A-TT-G-A-GA-C-C-A-TC-GA-A-C-TT-G-C-C-A-TT-A-G-3101	

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2) and their corresponding nucleotide alignments. The table includes a reference sequence at the top and numerous individual sequence entries with their respective mutations and positions.

- MAC.US.x.239
- Pol
- A.CI.88.UC2
- A.DE.x.BEN
- A.DE.x.PE12 KR KRCC
- A.FR.00.LA48
- A.FR.01.LA42
- A.FR.02.LA36gomM
- A.FR.03.LA37
- A.FR.96.LA40
- A.FR.98.LA39
- A.FR.98.LA41
- A.GH.x.GH1
- A.GM.87.D194
- A.GM.x.ISY SBL 6669 85
- A.GM.x.MCN13
- A.GW.86.FG clone NIHZ
- A.GW.87.CAM2CG
- A.GW.x.MDS
- A.IN.07.NNVA
- A.IN.95.CRIK 147
- A.JP.08.NMC786 clone 41
- A.PT.x.ALT
- A.SN.85.R0D
- A.SN.86.ST JSP4\_27
- B.CI.88.UC1
- B.CI.x.20 56
- B.CI.x.EH0
- B.FR.00.LA44
- B.FR.98.LA43
- B.GH.86.D205 ALT
- B.JP.01.IMCJ KR020\_1
- G.CI.92.Abt96
- AB.CM.03.03CM 510 03
- H2 01 AB.CI.90.7312A
- H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
- H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
- H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10
- U.CI.87.071C TNP3
- U.FR.96.12034
- U.US.08.NWK08
- MAC.US.x.17EC1
- MAC.US.x.251 1A11
- MAC.US.x.251 32H PJ5
- MAC.US.x.251 BK28
- MAC.US.x.MM142 IVMXX
- MNE.US.82.MNE 8
- MNE.US.x.MNE027
- SMM.CI.79.SIVsmCI2
- SMM.FR.89.SIVsmLIB1
- SMM.SL.92.SIVsmSL92A
- SMM.SL.92.SL92B
- SMM.US.04.G078
- SMM.US.04.G932
- SMM.US.04.M919
- SMM.US.04.M922
- SMM.US.04.M923
- SMM.US.04.M926
- SMM.US.04.M934
- SMM.US.04.M935
- SMM.US.04.M940
- SMM.US.04.M946
- SMM.US.04.M947
- SMM.US.04.M949
- SMM.US.04.M950
- SMM.US.04.M951
- SMM.US.04.M952
- SMM.US.05.D215
- SMM.US.06.FTQ
- SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
- SMM.US.86.CFU212
- SMM.US.x.F258\_H4
- SMM.US.x.H9
- SMM.US.x.PBJA
- SMM.US.x.PGM53
- SMM.US.x.SHE543
- SMM.US.x.SHE60\_C67G
- STM.US.89.STM\_37\_16

GAAGTTAGTAGGAGATATAAAATGGGCAGCTCAAATTTATCCAGGTATAAAAAACCAACATCTGTAGTTAATAGAGGAAAAATGACTCTAACAGAGGAAGTTTCAGTGGACTGAGATGCCAGAAAGCAATATGAGGAAAAATAAAATTTCTCAGTCAGGAACAAG 3794

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

A--AC--G--A--C-----G--A--C-----C-----A-----C-----G--C-----A--C-----A--G--G-----A--T--A-----GCTA--A--G--C--G--T--C--AGAC--G--3877
A--C--G--T--C-----G--A--C--T--A-----C-----CTA--A--AC-----A--C--A--A--G-----A--AC--A-----GCTA--A--G--C--T--CT--G--C-----G--3877
A--AC--G--T--CC-----A--C--C--G-----G-----CTA--C-----A--C--G--A--A-----A--AC--A-----G--CTA--A--G--C--T--CT--G--C-----G--3845
A--AC--G--T--CC-----A--C--C--G-----G-----G--CTA--C-----C-----A--C--A--A-----A--AT--A-----GCTA--A--C--T--CT--A--C-----G--3875
A--C--G--T--CC-----A--C--C--G-----G-----G--CTA--C-----C-----A--C--A--A-----A--AT--A-----GCTA--A--C--T--CT--A--C-----G--3856
A--C--G--T--CC-----A--C--C--G-----G-----G--CTA--C-----C-----A--C--A--A-----A--AT--A-----GCTA--A--C--G--T--CT--A--C-----G--3866
A--AC--G--T--CC-----G--C--C--C--G-----G-----G--CTA--C-----C-----A--C--A--A-----A--T--G--G-----GCTA--A--C--T--CT--A--C-----G--3866
A--AC--G--T--CC-----A--C--C--G-----G-----G--CTA--C-----C-----A--C--A--A-----A--T--A-----GCTA--A--C--T--CT--A--C-----G--3872
A--A--G--T--CC-----A--C--C--G-----G-----G--CTA--C-----AC-----A--C--T--A--GA-----A--AT--A-----GCTA--A--C--G--T--CT--A--C-----G--3747
A--C--G--T--CC-----T-----A--C--C-----G-----G--CTA--C-----A-----A--C--T--A--G-----A--AT--A-----GCTA--A--C--T--CT--A--C-----G--3876
---C--G--G--T--C-----G--A--C-----A-----T--G--C-----C--A-----A--C--A--G-----A--T--A-----GCTA--A--C--T--CT--A--C-----G--3321
A--AC--G--T--C-----G--G--G--C-----G-----G--T--A--AA--G-----A--C-----A-----A-----A--T--A-----GCTA--A--C--T--CT--A--C-----G--3321
A--AC--G--T--CC-----G--A--C-----C-----A-----G-----CTA--A--A-----C-----G-----A--CC--G--A-----A-----A--AT--A-----GCTG-----GCTA--A--C-----G--3318
A--C--G--T--C-----A--C--C--G-----G-----G--CTA--A-----A-----G-----A--C-----A-----A-----AC--A-----G--G--G--TA-----A--G--C--G--T--CT--A--C-----G--3322
A--C--G--T--CC-----A--C--C--G-----G-----G--CTA--A-----A-----A-----A-----A-----A-----GCTA--A--C-----G--T--CT--A--C-----G--3315
A--C--G--T--CC-----A--C--C--G-----G-----G--CTA--A-----A-----A-----A-----A-----A-----GCTA--A--C-----G--T--CT--A--C-----G--3886
A--AC--G--T--CC-----A--C--C--A-----G-----A-----T-----A-----G-----A--C--G--A--A-----A-----T-----GCTA--A--C-----G--G--T--CT--G--C-----G--3321
A--C--G--T--CC-----G--A--C-----C-----A-----G-----A-----CTA-----A-----C-----G-----T-----A-----C-----A-----GCTA--A--C-----G--3871
A--C--G--T--CC-----A--C--C--A-----G-----A-----G-----A-----G-----CTA-----A-----C-----G-----T-----A-----C-----GCTA--A--C-----G--3622
A--C--G--T--CC-----A--C--C--A-----G-----A-----G-----A-----G-----CTA-----A-----AC-----C-----G-----T-----A-----C-----GCTA--A--C-----G--3873
A--ACAT--G--T--CC-----A--C--C--A-----G-----A-----G-----A-----G-----CTA-----A-----AC-----C-----G-----T-----A-----C-----GCTA--A--C-----G--3870
---C--G--T--CC-----A--C--C--G-----G-----G-----CTA-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----GCTA--A--C-----G--T--CT--A--C-----G--3323
A--AC--G--T--CC-----A--C--C--G-----G-----G--G--A--CTA-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----GCTA--A--C-----GCTA--A--C-----G--3322
A--AC--G-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----T-----G-----A-----GG-----CA-----A-----AA-----C-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----AT-----A-----G-----G-----TAC-----G-----C-----C-----T-----AGAA-----G-----3858
A--A--G-----C-----C-----T-----GC-----T-----A-----T-----G-----A-----GG-----CA-----A-----C-----AA-----C-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----AC-----G-----CT-----C-----C-----C-----AGAG-----G-----3853
---A--G-----GC-----T-----C-----TC-----G-----T-----G-----GG-----A-----A-----AA-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----A-----AT-----G-----TCC-----C-----C-----C-----AGAA-----A-----G-----G-----3848
---AC--G-----A-----A-----C-----A-----T-----G-----A-----GG-----CA-----A-----C-----A-----C-----R-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----AT-----G-----R-----TA-----A-----G-----C-----C-----C-----AGAG-----A-----G-----G-----3858
---AC--G-----C-----A-----A-----C-----A-----T-----G-----A-----GG-----CA-----A-----AA-----C-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----TAC-----G-----C-----C-----AGAA-----G-----3856
A--AC--G-----C-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----T-----G-----A-----GG-----CA-----A-----CA-----C-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----GCTAC-----G-----C-----C-----CT-----AGAA-----3850
A--AC--G-----C-----C-----C-----C-----T-----T-----G-----T-----G-----A-----GG-----A-----A-----C-----AC-----C-----G-----G-----CT-----G-----A-----A-----A-----A-----AT-----A-----G-----T-----C-----C-----T-----CT-----AGAA-----A-----G-----3000
A--AC--G-----C-----G-----Y-----GC-----A-----A-----C-----A-----C-----G-----Y-----AA-----T-----R-----CT-----G-----G-----A-----A-----A-----AT-----TGC-----A-----C-----G-----T-----C-----ARAA-----R-----G-----3204
A--AC--G-----C-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----C-----R-----A-----GG-----CA-----G-----C-----RAC-----G-----G-----C-----A-----R-----A-----A-----AT-----A-----G-----G-----TAC-----G-----Y-----C-----CT-----AGAA-----2989
---AC--G-----C-----C-----C-----C-----TC-----C-----A-----C-----A-----GG-----CA-----C-----AC-----G-----C-----AG-----G-----C-----G-----G-----G-----A-----AC-----A-----G-----GATGC-----C-----C-----C-----AG-----A-----G-----3859
---AC--G-----C-----C-----C-----C-----TC-----C-----A-----C-----A-----G-----CA-----C-----AC-----G-----C-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----G-----A-----AC-----A-----G-----GATGC-----C-----C-----C-----GGAA-----G-----3858
---AC--G-----G-----C-----C-----C-----TC-----T-----A-----C-----A-----G-----CA-----C-----AAC-----C-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----A-----A-----AC-----A-----G-----GATGC-----C-----G-----C-----GGAA-----G-----3864
A--C-----R-----GC-----C-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----CT-----A-----CA-----AC-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----AT-----G-----GCTGC-----G-----C-----CT-----AGAA-----A-----G-----3309
---AC--G-----TC-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----C-----T-----AA-----G-----AG-----G-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----CA-----C-----CA-----G-----T-----T-----ACAA-----A-----T-----3230
-----C-----T-----C-----G-----CA-----AA-----G-----AG-----A-----CA-----A-----CA-----C-----CA-----G-----T-----T-----ACAA-----A-----T-----3794
-----C-----T-----C-----G-----CA-----AA-----G-----AG-----A-----CA-----A-----CA-----C-----CA-----G-----T-----T-----ACAA-----A-----T-----3793
-----C-----T-----C-----G-----CA-----AA-----G-----AG-----A-----CA-----A-----CA-----C-----CA-----G-----T-----T-----ACAA-----A-----T-----3795
-----C-----T-----C-----G-----CA-----AA-----G-----AG-----A-----CA-----A-----CA-----C-----CA-----G-----T-----T-----ACAA-----A-----T-----3770
-----C-----T-----C-----G-----CA-----AA-----G-----AG-----A-----CA-----A-----CA-----C-----CA-----G-----T-----T-----ACAA-----A-----T-----3280
-----C-----T-----C-----G-----CA-----AA-----G-----AG-----A-----CA-----A-----CA-----C-----CA-----G-----T-----T-----ACAA-----A-----T-----3262
-----C-----T-----C-----G-----CA-----AA-----G-----AG-----A-----CA-----A-----CA-----C-----CA-----G-----T-----T-----ACAA-----A-----T-----3262
A--A--G--G--C-----C-----T-----A-----GT-----A-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----A-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----AT-----TG-----CA-----C-----G-----C-----GGAG-----A-----G-----G-----2914
A--A--G-----G-----C-----A-----GG-----T-----A-----T-----G-----A-----GG-----CA-----A-----C-----A-----C-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----TA-----CA-----G-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----2873
---A--G-----G-----C-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----AA-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----TA-----CA-----G-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----2875
A--AC--G-----TC-----A-----G-----A-----G-----T-----A-----A-----C-----G-----AAA-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----AT-----A-----G-----G-----TA-----CA-----G-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----3225
---A--G-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----AC-----G-----A-----AT-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----3054
A--A--G-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----3043
A--A--G-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----3048
A--A--G-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----3049
A--A--G-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----3048
---C-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----3046
A--A--G-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----3049
---C-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----3054
A--A--G-----GC-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----3047
A--A--G-----GC-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----3048
A--A--G-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----T-----AA-----G-----A-----AT-----A-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----3042
---C-----G-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----AAC-----C-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----TT-----A-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----3047
---AC--G-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----AAC-----C-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----3051
SMM.US.04.M952
---AC--G-----G-----G-----A-----G-----T-----T-----C-----AAC-----C-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----G-----T-----TT-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----3047
SMM.US.05.D215
---AC--G-----G-----G-----A-----G-----T-----T-----C-----AAC-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----3048
SMM.US.06.FTQ
A--A--G-----GC-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----AC-----C-----G-----G-----AT-----G-----A-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----C-----T-----A-----A-----3076
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
A--A--G-----GC-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----AC-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----3784
A--A--G-----GC-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----AC-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----3040
SMM.US.x.F258_H4
A--A--G-----GC-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----AC-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----3781
SMM.US.x.H9
A--A--G-----GC-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----C-----3267
SMM.US.x.PBJA
A--A--G-----GC-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----C-----3560
SMM.US.x.PGM53
A--A--G-----GC-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----AA-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----3711
SMM.US.x.SHE543
A--A--G-----GC-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----AC-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----3797
SMM.US.x.SHE60_C67G
A--A--G-----GC-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----AC-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----3783
STM.US.89.STM_37_16
A--AC--G-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----AA-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----CA-----T-----G-----G-----3441

MAC.US.x.239
PoI
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA366omM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 c1one 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.R0D
A.SN.86.ST.JSP4\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EH0
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020\_1
G.CI.92.Abct96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307\_20
H2 01 AB.JP.07.NMC716\_01
H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NMK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 IAl1
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.FR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.06.GFU212
SMM.US.x.F258\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SHE543
SMM.US.x.SHE60\_C67G
STM.US.89.STM\_37\_16

AAGGATGTTATTACCAAGAAGCAAGCCATTAGAAGCCAGGTAATAAAGAGTCAGGACAATCAGTGGTCTTTAAAAATCCACAAAGAACAAAATA.CTGAAGTAGGAAAATTTGCAAGATAAAGAATACACATACCAATGGAGTGAGACTATTAGCACATGTAAT 3963
E G C Y Y Q E G K P L E A T V I K S Q D N Q W S Y K I H O E D K I # L K V G K F A K I K N T H T N G V R L L A H V I
---CAC---AG-AGA-G-G-A-A-CCA-A-A-A---A-A-A---G-C-A-A-A-C-G-C-T-C---G-G-4046
---A---AA-AGA-G-A-AA-CCA-A-C-A-GAC-A-A-A-C-A-A-G-G-G-C-A---G-A---A-C---G-C-T-C---G-G-4046
-G-C---G---AA-GA---A-A-CCA-GA-A-A---A-A---G-A---G-G-G-G-C-A---A---A---G-C-T-G---G-G-4014
---CAC---G---AA-AGAG---A-A-CCAG-AGA-A---A-A---G-A---G-G-G-G-T-A-G---A---GA-C-C---G-C-T-G---G-G-4044
-G-CAC---G-AA-AGAG---A-A-CCA-GA-A---A-A---G-A---G-G-G-G-T-A-G---C-A---A---G-C-T-G---G-G-4025
-G-CAC---G-AA-GA---A-A-CCAG-GA-A---A-A---GG-A-G-G-G-T-A---C-A---G-A---C-C---C-T-G---G-G-4035
-G-C---C---AA-AGA---A-A-CCA-GA-A---A-A---G-A---G-G-G-G-G-C-A-G---G-A---G-A---C-C---C-T-G---G-G-4035
-G-C---C---G-AA-GA-C-G-A-A-CCA-AGA-A-T-A---A-A---G-A---G-G-A-G-T-A-G---G-A---G-A---C-C---C-T-G---G-G-4041
-G-CAC---C---G-AG-GA---A-A-CCA-GA-A---A-A---G-A---G-G-A-G-T-A---A---AG-A---C---G-C-T-G---G-G-4041
---CAC---G-AA-AGA---A-A-CC-AGA-A---A-A---G-A---G-G-G-G-T-A---A---A---A---G-C-T-G---G-G-4048
-G-AC---AA-AGA-G-A-AA-CCA-A-A-A---A-A-C---A-G-G-G-C-A---G-A---A---C---G-C-T-C---G-G-4048
-G-CC-C-T-G-AA-AGA-C---A-A-C-C-A-C-A---G-A-C---A-G-G-G-GGG-T-A---G-A-G---A---T---G-C-T-C---G-G-4048
-G-CAC---G-AA-AGAG---A-A-TCA-GA-A---A-A---G-A---G-G-G-G-T-A---A---A---C---C---G-C-GT-G-G---G-G-4047
-G-CAC---G-AA-AGAG---A-A-CCA-GA-A---A-A---G-A---G-G-G-G-T-A---G-A---G-A---C---C---G-C-T-G---G-G-4047
---CAC---G-AA-AGAG---A-A-CCA-AGA-A---A-A---G-A---G-G-G-G-TCA-G-G---G-A---A---C---C---G-C-T-G---G-G-4042
-G-CAC-C-G-AA-GAG---A-A-TCA-GA-A---A-A---G-A---G-G-G-G-T-A---A---A---A---AC-C---C-A-T---G-G-4055
-G-CAC---G-AA-AGA---A-A-CCA-GA-A---A-A---G-A---G-G-G-A-CT-A---A---G-A---C-C---C---C-T-G---G-G-4040
-G-CAC---A-G-AA-AGA-C-G-A-A-CCA-AGAC-A---A-G-C-GG-A-T-G-G-A-C---A---G-A---G-A---G-C---G-C-T-C---G-G-4040
-G-CAC---G-AA-GAGC---A-A-CCA-AGAC-A---A-A---G-A---G-G-A-C---A---G-A---G-A---G-C---G-C-T-GC---G-G-4040
---G-C---G-AA-AGA---A-A-CCA---A---A-A---G-A---G-G-G-G-T-A---G-A-G-A---A-G-A-C---C---G-C-T-G---G-G-4042
-G-GCAC---AA-GAG---A-A-CCA-AGA-A---A---A---G-A---G-G-A-T-A---G-A-G-A---A-G-A-C---C---G-C-T-G---G-G-4039
-G-CAC---AA-AGAG---A-A-CCA-GA-A-G---A-A---A---G-A---G-G-A-T-A---G-A-G-A---G-G-A-C---C---A-C-T-G---G-G-4039
---C---G-AA-GAGC---A-A-CCA-AGA-A---A-A---G-A---G-G-GA-T-A---A---G-A---G-A---C-C---C---C---C---A-G-4042
---CC-C-A-G---GGTA-C---A-A-A-CAG-A-AC-TA-CA---A-A-C---T-G-G-A-T-G-T-A---A---G-T-A-C-C---C-G-A---C-G-4027
-G-CC-C-A-AGTA-TC---G-A-A-GCAG-A-A-TA-CA-C---A-A-C---T-G-GGA-T-GG-CC---A---G-T-A-C-C---C-G-A---C-G-4022
---CC-A---GGTA-T---A-A-GCAG-A-A-TA-CA---A-A-C---T-G-G-T---C-A---A---G-T-A-C-T-C---A---A---G-T---G-G-4017
-G-C---AG-AGT-TC---A-A-GCAG-A-A-TA-CA-C---A-A-C---G-T-G-G-T---G-T-A---G---A---T-A-C-C---A---A---G-T---G-G-4027
---CC-C-A-G-G-TA-C---A-A-GCAG-A-AC-TA-CA---A-A-C---T-G-G-G---G-T-A---A---T-A-C-C---C-G-A---C-G-4025
---CC-C-A-G-A-GGTA-GC---A-A-CAG-A-AC-TA-CA---A-A-C---T-G-G-A-T-G-C-A---A---G-T-A-C-G-C---C-G-A---C-G-4019
-G-CC-C-TA-G-A-TA-TC---A-A-CAG-A-AC-TA-CA---A-A-C---C-T-G-G-G-G-C-A-G---A---G-T-A-C-C---C-A---C-G-4019
---CGCC---A---RAG---T-R---T-CAG-A-A-TTA---A-A-C-G-T-G-A-G-G-C-A---T-A---A---C-A---A---T-G-T---G-G-4027
---CC-C-A-G---GGTA---A-A-A-CAG-A-AC-TA-CA---A-A-C-G-T-G-G-A-Y-G-G-T-A---A---G-T-A-C-C---C-G-A-RA-RC-G-4027
---CC-C-A---GGTA-TC---A-A-GCAG-A-AC-TA-CA-C---A-A-C---T-G-G-A-T-G-C-A---A---G-T-A-C-C---C-A---A-C---G-4028
---CC-C-A---GGTA-TC---A-A-GCAG-A-AC-TA-CA-C---A-A-C---T-G-G-T-G-C-A---A---G-C-A-C-C---G-A---A-C---G-4028
-G-C-C-A---AGTA-TC---A-A-CAG-A-AC-TA-CA-C---A-A-C---T-G-G-T-G-C-A---A---G-C-A-C-C---G-A---A-C---G-4027
---CC-C-A---GGTA-TC---A-A-GCAG-A-AC-TA-CA-C---A-A-C---T-G-GG-T-G-C-A-G---A---G-C-A-C-C---A---A---G-4033
---CACCA-C-AG---GG-A-T---A-A-GCAG-A-TA---C---A-A---G-C-T-G-GCA-T---C-T-A---A---C-A---G-A-T---G-T---G-4047
-G-GCC---AGG---AAG-AAATC---A-A-GC-T-A-A-A-T---A-A-C-C-G-C-T-G-GT-GG-C-T-A---A---C---C---C---A---G-T---G-T---G-4047
-G-GA-A-C-A-G-G-AG---C-T---A-A-GG---AGCA-GA---CC---GGC---A---GTTTC-G-G-C-A-G---C-G---AG-C-A---C-C-T-C-ATC-C-T-C-G-CAG---G-4039

MAC.US.x.239  
PoL  
A.CI.88.UC2  
A.DE.x.BEN  
A.DE.x.PE12 KR KRCC  
A.FR.00.LA43  
A.FR.01.LA42  
A.FR.02.LA36gomM  
A.FR.03.LA37  
A.FR.96.LA40  
A.FR.98.LA39  
A.FR.98.LA41  
A.GH.x.GH1  
A.GM.07.D194  
A.GM.x.ISY SBL 6669 85  
A.GM.x.MCN13  
A.GW.86.FG clone\_NIHZ  
A.GW.87.CAM2CG  
A.GW.x.MDS  
A.IN.07.NNVA  
A.IN.95.CR1K 147  
A.JP.08.NMC786 clone\_41  
A.PT.x.ALT  
A.SN.85.ROD  
A.SN.86.ST J5P4\_27  
B.CI.88.UC1  
B.CI.x.20 56  
B.CI.x.EHO  
B.FR.00.LA44  
B.FR.98.LA43  
B.GH.86.D205 ALT  
B.JP.01.IMCJ KR020\_1  
G.CI.92.Abt96  
AB.CM.03.03CM 510 03  
H2 01 AB.CI.90.7312A  
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20  
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01  
H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10  
U.CI.07.071C TNP3  
U.FR.96.12034  
U.US.08.NWK08  
MAC.US.x.17EC1  
MAC.US.x.251 1A11  
MAC.US.x.251 32H PJ5  
MAC.US.x.251 BK28  
MAC.US.x.HM142 IVMXX  
MNE.US.82.MNE 8  
MNE.US.x.MNE027  
SMM.CI.79.SIVsmCI2  
SMM.89.SIVsmLIB1  
SMM.SL.92.SIVsmSL92A  
SMM.SL.92.SL92B  
SMM.US.04.G078  
SMM.US.04.G932  
SMM.US.04.M919  
SMM.US.04.M922  
SMM.US.04.M923  
SMM.US.04.M926  
SMM.US.04.M934  
SMM.US.04.M935  
SMM.US.04.M940  
SMM.US.04.M946  
SMM.US.04.M947  
SMM.US.04.M949  
SMM.US.04.M950  
SMM.US.04.M951  
SMM.US.04.M952  
SMM.US.05.D215  
SMM.US.06.FTq  
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10  
SMM.US.86.GFU212  
SMM.US.x.F258\_H4  
SMM.US.x.H9  
SMM.US.x.PBJA  
SMM.US.x.PGM53  
SMM.US.x.SHE543  
SMM.US.x.SHE60\_CG7G  
STM.US.89.STM\_37\_16

ACAGAAAATAGGAAAGGAAGCAATAGTGATCTGGGGACAGGTCACAAATCCACTTACCAAGTTGAGAAAGGTATGTGGGAACAGTGGTGGACAGACTATTGGCAGGTAACCTGGATACCGGAATGGGATTTATCTCAACACCACCGCTAGTAAGATTAGTCTTCAATC 4133  
Q K I G K E A I V I W G O V P K F H L P V E K D V W E Q W W T D Y W Q V T W I P E W D F I S T P P L V R L V F N

T ..... C ..... G - A - A ..... G - A - GACC - G ..... GATA - C ..... G - A - C - A - G ..... C - CG - A - T - C ..... A - G - C - G - GACA - T - C ..... 4216  
T ..... - A - G ..... C - T ..... G - A - A ..... T - C ..... G - G - G - A - GACC - G ..... GATA - C ..... A - G - A - C - A - G ..... C - G - A - T - C ..... A - G - C - G - ACA - T - C ..... 4216  
T - A ..... - A - G ..... C - T ..... GAA - A ..... T - C ..... - A - A - GACC - G ..... GATA - C ..... A - G - A - C - A - C ..... C - G - A - T - C ..... A - G - C - G - CA - T - C ..... 4184  
T ..... - A - G ..... C - T ..... GAA - A ..... T - G ..... - A - A - GACC - G ..... GAT - C ..... A - G - A - C - A - C ..... C - G - G - T - C ..... A - G - C - G - CA - T - C ..... 4214  
T ..... - A - G - TC - C - T ..... G - A - A ..... T - T - G ..... - A - A - GACC - G ..... GAT - C ..... A - G - A - C - A - C ..... C - G - G - T - C ..... A - G - C - G - CA - T - C ..... 4195  
T ..... - A - G - TC - C - T ..... G - A - A ..... T ..... - A - GA - AACC - G ..... GACA - C ..... G - A - C - A - G ..... C - CG - G - C - C ..... A - G - C - GC - CA - T - C ..... 4205  
C - A ..... - A - G - T - C - T ..... AG - A - A ..... T - C ..... - A - GA - AACC - G ..... GAT - C ..... A - A - C - A - C ..... C - G - A - T - C ..... A - G - C - G - CA - T - C ..... 4205  
T - A ..... - A ..... C - T ..... GAA - A ..... T ..... G - A - GA - ACC - G ..... GATA - C ..... G - A - C - A - C ..... C - CG - A - T - C ..... A - G - C - G - CA - T - C ..... 4211  
T ..... - A ..... C - T ..... AGAA - A ..... T ..... C ..... - A - A - GACC - G ..... GAT - C ..... A - G - A - C - A - C ..... C - CG - G - T - C ..... A - G - C - G - CA - T - C ..... 4088  
T ..... - A ..... C - T ..... G - A - A ..... T ..... C ..... - A - GA - ACC - G ..... GATA - C ..... A - G - A - C - A - C ..... C - CG - G - C - C ..... A - G - C - G - CA - T - C ..... 4212  
T ..... - A ..... C - C ..... G - A - A ..... T ..... G - G ..... - A - GA - GACC - G ..... GATA - C ..... G - A - C - A - G ..... C - CG - A - T - C ..... A - G - C - G - ACA - T - C ..... 3660  
C - A ..... - A ..... C - G - C - T ..... GA - G ..... T - C ..... G - A - GA - CACC - G - A ..... GATA - C ..... A - A - G - C - A - G ..... C - CG - A - T - C ..... A - G - C - G - GACA - T - C ..... 3660  
T ..... - A ..... C - C - T ..... GAA - A ..... T - C ..... - A - A - GA - GACC - G ..... GATA - C ..... A - G - A - C - A - C ..... C - CG - A - T - C ..... T - G - C - G - CA - T - C ..... 3657  
T - A - G ..... - A ..... C - A - C - T ..... GAA - A ..... T - C ..... - A - A - GACC - G ..... GAT - C ..... A - G - A - C - A - C ..... C - CG - A - T - C ..... G ..... A - G - C - G - CA - T - C ..... 3661  
T - A ..... - A ..... C - T ..... G - A - A ..... T - C ..... - A - GA - ACC - G ..... GATA - C ..... A - G - A - C - A - C ..... C - CG - A - T - C ..... A - G - C - G - CA - T - C ..... 3654  
T - A ..... - A ..... C - T - A - A ..... GAA - A ..... T - C ..... - A - GA - G - C - G ..... GATA - C ..... G - A - C - A - C ..... C - CG - A - T - C ..... A - G - C - C - CA - T - C ..... 4225  
T ..... - A ..... C - C - T ..... GAA - A ..... T - C ..... G - A - GA - AA - C - G ..... GAT - C ..... G - A - C - A - C ..... C - CG - A - T - C ..... A - G - C - G - CA - T - C ..... 3660  
T ..... - A ..... C - C - T ..... G - GAA - A ..... T - C ..... - A - A - GA - AACC - G ..... GAT - T - C ..... G - A - C - A - C ..... C - CG - A - T - C ..... A - G - C - C - CA - T - C ..... 4210  
T ..... G ..... - A ..... C - C ..... GAA - A ..... T - C ..... - A - GA - AACT - G ..... GAT - C ..... A - A - C - A - C ..... C - G - A - T - C ..... A - G - C - C - CA - T - C ..... 3961  
T - A ..... - A ..... C - T ..... GAA - A ..... G - T - C ..... G - GA - AACC - G ..... GATA - C ..... A - G - A - C - A - C ..... C - CG - A - T - C ..... G - A - G - C - G - CA - T - C ..... 4212  
T ..... - A ..... C - C - T ..... GAA - A ..... T - C ..... - A - A - GA - ACC - G ..... GATA - C ..... A - G - A - C - A - C ..... C - CG - G - T - C ..... A - G - C - G - CA - T - C ..... 3662  
T - A ..... - A ..... C - T ..... GAA - A ..... T - C ..... - A - A - GA - ACC - G ..... GATA - C ..... A - G - A - C - A - C ..... C - C - A - T - C - G - A - G - C ..... A - T - C ..... 3661  
T ..... - A ..... CC - C ..... G - A - A - GT ..... TC - G ..... - A - A - GA - GACC - C ..... T - C ..... A - T - C - A - A ..... G ..... C - AT ..... C - C - A - C ..... 4197  
C ..... - A ..... T - T ..... G - AA - A - TG ..... TC - G - G ..... - A - GA - GACC - G ..... A - T - C - A - A ..... T - C - A - A ..... T - C - A - A ..... C - A - C ..... 4192  
C - A ..... - T - G - C ..... G - A - A - TG ..... TC - G ..... - A - A - GA - GACC - T ..... T - C ..... A - T - C - A - A ..... G ..... C - AT - A - C - C - A - C ..... 4187  
C ..... - A - CC - C ..... G - A - A - TG ..... TC - G ..... - A - GA - AAC - C ..... T - C ..... A - T - C - A - A ..... T - C ..... A - G - G - C - A - G ..... G ..... C - AT - G ..... 4197  
T ..... - A ..... CC - C ..... G - A - A - GTG ..... TC - G ..... - A - A - GA - AAC - C ..... T - C ..... A - T - C - A - A ..... T - C ..... A - G - G - C - A - G ..... C - G - G - C - A - T - C ..... 4195  
T ..... C - A - CC - C ..... G - A - A - GTG ..... TC - G ..... - A - A - GA - GACC - C ..... T - C ..... A - T - C - A - A ..... T - C ..... A - G - G - C - A - G ..... C - G - G - C - A - C ..... 4189  
B.JP.01.IMCJ KR020\_1  
T ..... - A ..... C - G - T - T ..... G - AA - A - TG ..... TC - G ..... - A - A - GA - GACC - T - A ..... T - C ..... A - T - C - A - A ..... T - C ..... A - G - G - C - A - C ..... AT - GA - C - A - T - C ..... 3339  
C - A - R ..... - A ..... C - A - A - A - AT - A - CTTC - T - TC - G ..... - A - A - G - CACC - A ..... A ..... A - T - C - A - T - C - G - G - T - G - AT - G ..... A - G - C - A - C ..... 3543  
T ..... - A ..... CC - C ..... G - A - A - T - T ..... TC - G ..... - A - R - GA - AAC - C ..... A ..... T - Y - A - G ..... C - A - G ..... C - G - G - G - C ..... AT - A - C - C - A - C ..... 3328  
C - A ..... - A ..... T - G - T - T ..... AA - A - TG ..... TC - G ..... - A - GA - GACC - C - A ..... T - C ..... A - G - T - C - A - A ..... C - G - G - C - C - A - C ..... 4198  
C - A ..... - A ..... T - G - T - T ..... AA - A - TG ..... TC - G ..... - A - A - GA - AAC - C - A ..... AT - T - C ..... A - G - T - C - A - A ..... C - G - G - C - AT - G ..... C - C - A - C ..... 4198  
C - A ..... - A ..... T - G - T - T ..... AA - A - TG ..... TC - G ..... - A - A - GA - AAC - C - A ..... T - C ..... A - T - C - A - A ..... T - C ..... A - G - G - C - A - G ..... C - G - G - GC - C - A - C ..... 4197  
T ..... - A ..... C - G - T - T ..... AA - A - TG ..... T - G ..... - A - GA - AAC - C - A ..... T - C ..... A - T - C - A - A ..... T - C ..... A - G - G - C - A - A ..... C - C - A - C ..... 4203  
T - A - G ..... - A ..... C - A - A - GA - A - G - TC ..... C - G ..... G - GA - AAC - C ..... T - C ..... A - G ..... T - A - G ..... G - A - T - T - G ..... G - G - C - A - AT - C ..... 3648  
T ..... G ..... - A ..... C - A - A - A - AT - T - TG ..... TC - G ..... - A - A - GA - G - C ..... A ..... T ..... A - G ..... G - C - TA - C ..... G - A - C - G - G - G - G - GA - AT - C ..... 3698  
T ..... G ..... - C - GAGCC - A - A ..... - AT - A - T - T - C ..... - A - GA - AACT - TCA ..... A - C - G ..... T - T ..... A - C - C ..... AT - GA - G - G - A ..... 3569  
..... 4133  
..... A ..... A ..... A ..... G ..... 4132  
..... T ..... G ..... A ..... G ..... A ..... 4134  
..... G ..... G ..... G ..... AT ..... 4109  
..... C ..... A ..... A ..... 3619  
..... A ..... A ..... G - G ..... 3601  
..... C ..... A ..... G - G ..... 3601  
..... A ..... A ..... G - G ..... 3253  
T - A ..... - A ..... T - G - T ..... AA - A - A - GTTC ..... TC - G ..... - A - A - GA - A ..... G - A ..... A ..... C - A - T ..... G - A - C ..... C - AT - G - C - G - A ..... C ..... 3212  
T - A - G - T ..... - A ..... T - A - A - G - A - T - G ..... G ..... - A - A - GA - GC - G - A ..... T ..... A - G - A ..... C - A - G ..... C - G - A - C - C - A - A - GA - G - CT - T - T ..... 3214  
T - A - G - T ..... - A ..... AGTC - A - A - ACA - TTT - T - C - T ..... - A - A - G - G - T - T - A ..... T ..... A - CT - T - G - T - T - A - G ..... C - G - C - C - T - A - C - G - G - T ..... 3564  
C - A ..... - A ..... A - T ..... A - G - T ..... T - TA - G ..... A - GA - AACT - A ..... T - C ..... A - G - A ..... C ..... C - CG - G - G - C - T - T - T - G - T ..... 3393  
G ..... - A ..... G ..... A - T ..... T ..... T - G ..... A - GA - AA - T ..... A ..... T ..... A - G ..... C ..... C - G - T ..... AT - G - C - G - A - T ..... 3382  
G ..... - A ..... G ..... A - T ..... T ..... T - G ..... A - A - G - AA - T ..... A ..... T ..... A - G ..... A ..... C - G - G ..... T - CT - C ..... 3387  
G ..... - A ..... G ..... A - T ..... G - G - T - G - A - T ..... A ..... T ..... A - G ..... A ..... C - G - G ..... T - CT - C - C - T ..... 3387  
G ..... - A ..... G ..... A - T ..... C - G ..... C - GA - T - G - A ..... A ..... G - T ..... T ..... C - G - G ..... C - AT - G ..... 3387  
G ..... - A ..... G ..... A - T ..... G ..... T ..... A - A - GA - GA - T ..... A ..... T ..... A - G - T ..... T ..... C - G - G ..... T - CT - C ..... 3388  
C ..... - A ..... A ..... T ..... A - G - T ..... T - TA - G ..... G ..... GA - AACT - A ..... T - C ..... A - G - A ..... A ..... C - CG - G - C - T - C ..... G ..... 3393  
SMM.US.04.M946  
C ..... - A ..... A ..... T ..... A - G ..... T - T - G ..... - C - A - GA - G - G - G - A ..... T ..... C ..... G - G ..... T - C - G - G - C - AT - G ..... 3386  
G ..... - A ..... A ..... T ..... G ..... T - T - G ..... - A - A - GA - AA - T ..... A ..... T ..... A - G - A ..... A ..... C - G - A ..... T - CT - C ..... 3387  
C - A ..... - A ..... A ..... T ..... A - G - T ..... T - TA - G ..... A ..... GA - AA - C ..... G - A ..... T - C ..... A - G - A ..... A ..... C - G - G - G - C - T - T - C ..... G ..... 3381  
SMM.US.04.M949  
C ..... - A ..... A ..... T ..... A - G - T ..... T - TA - G ..... C - A - GA - AA - C ..... G - A ..... T - C ..... A - G - A ..... T ..... C - G - G ..... C - AT - G ..... 3386  
SMM.US.04.M950  
C ..... G ..... - A ..... T ..... A - G - T ..... T - TA - G ..... A ..... GA - AA - C ..... G - A ..... T - C ..... A - G - A ..... A ..... C - G - G ..... C - T - T - C ..... 3390  
SMM.US.04.M952  
G ..... - A ..... A ..... T ..... A ..... G ..... T ..... G ..... C - A - GA - G - G ..... G ..... A ..... T ..... A ..... C ..... G - G - G - C - A - T ..... T ..... 3386  
SMM.US.05.D215  
G ..... - A ..... G ..... A - T ..... A - G ..... T - C - G - G - A - GA - A - T ..... G ..... C ..... C - T ..... A - G ..... C - G - G - C - A - A ..... C ..... 3387  
SMM.US.06.FTq  
G - A - G ..... - A ..... A - T ..... A - A - G - T ..... T - TA - G ..... A ..... A - GA - AA - T ..... G ..... A ..... A - A ..... A ..... C - A - C - TT - T - GC - G - T ..... 3415  
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10  
G - A - G ..... - A ..... C - A - T ..... G ..... G ..... T ..... G ..... A - A - GA - AA - T ..... A ..... T ..... C - A - G ..... A - T ..... C - G - G ..... T - CT - C ..... 4123  
SMM.US.86.GFU212  
G - A - G ..... - G - T ..... - G - A ..... T ..... TC - G ..... - A - GA - AA - C ..... G - A ..... T ..... C ..... A - G ..... A - C ..... C - G - A ..... C - TT - G - C ..... T ..... 3379  
SMM.US.x.F258\_H4  
G ..... - A ..... C - A - T ..... G - G ..... T - T - G ..... A - A - GA - AA - T ..... A ..... T ..... G ..... A ..... T ..... A ..... C - G - G ..... T - CT - C ..... 4120  
G ..... - A ..... A - A - T ..... G - G ..... T - T - G ..... - A - RA - AA - T ..... A ..... T ..... A ..... A ..... T ..... A ..... C - G - G ..... T - CT - C - C - T ..... 3606  
SMM.US.x.PBJA  
G ..... - A ..... A ..... T ..... G - G - G - T - T - G ..... A ..... GA - AA - T ..... A ..... T ..... A ..... T ..... A ..... C - G - G ..... T - CT - C ..... 3899  
CG ..... - A ..... A ..... T ..... G - G ..... T - T - G ..... - A - G - AA - T ..... A ..... T ..... A ..... A ..... T ..... C - G - G ..... T - CT - C ..... 4050  
G ..... - A ..... C - A - T ..... G ..... G ..... T - T - G ..... - A - A - GA - AA - T ..... A ..... T ..... A ..... G ..... T ..... A ..... C - G - G ..... T - CT - C ..... 4122  
T ..... G ..... G - A ..... - A ..... - A ..... G - A - G - G - C ..... A ..... G - T ..... A ..... A ..... A ..... G - A - C - T - TT ..... T ..... 3780



Strain	Pol RT end_Pol p15 RNase H start	4303
MAC.US.x.239	Pol	
A.CI.88.UC2	AGGA-T-CCACACG-TTC	AGGA-T-CCACACG-TTC
A.DE.x.BEN	AGGA-T-CCACACG-TTC	AGGA-T-CCACACG-TTC
A.DE.x.PE12 KR KRCC	A-A-T-CCA-T-G-TTC	A-A-T-CCA-T-G-TTC
A.FR.00.LA38	AGGA-G-CCA-CTC-G-TTC	AGGA-G-CCA-CTC-G-TTC
A.FR.01.LA42	G-AGGA-T-CCA-C-C-G-TTC	G-AGGA-T-CCA-C-C-G-TTC
A.FR.02.LA36gomM	AGGA-C-CCA-C-C-G-TTC	AGGA-C-CCA-C-C-G-TTC
A.FR.03.LA37	G-AGG-CCA-T-T-TTC	G-AGG-CCA-T-T-TTC
A.FR.96.LA40	G-A-A-T-CCA-C-C-G-TTC	G-A-A-T-CCA-C-C-G-TTC
A.FR.98.LA39	A-A-T-CCA-CAC-G-TTC	A-A-T-CCA-CAC-G-TTC
A.FR.98.LA41	A-T-CTA-C-C-G-TTC	A-T-CTA-C-C-G-TTC
A.GH.x.GH1	AGGA-T-CCA-C-C-G-TTC	AGGA-T-CCA-C-C-G-TTC
A.GM.87.D194	G-AGGA-T-CCA-CAC-G-TTC	G-AGGA-T-CCA-CAC-G-TTC
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	G-A-A-T-CCA-C-C-G-TTC	G-A-A-T-CCA-C-C-G-TTC
A.GM.x.MCN13	G-AGGA-G-CCA-AC-G-TTC	G-AGGA-G-CCA-AC-G-TTC
A.GW.86.FG clone NIHZ	G-AGGA-G-CCA-C-C-TTC	G-AGGA-G-CCA-C-C-TTC
A.GW.87.CAM2CG	AGG-T-CCA-CAC-G-TTC	AGG-T-CCA-CAC-G-TTC
A.GW.x.MDS	A-A-T-CCA-T-C-TTC	A-A-T-CCA-T-C-TTC
A.IN.07.NNVA	A-A-T-CCA-C-C-G-ATC	A-A-T-CCA-C-C-G-ATC
A.IN.95.CRIK 147	A-A-T-CCA-CAC-TTC	A-A-T-CCA-CAC-TTC
A.JP.08.NMC786 clone 41	G-AGGA-T-CCA-AT-C-TTC	G-AGGA-T-CCA-AT-C-TTC
A.PT.x.ALT	A-A-T-CTA-C-C-G-TTC	A-A-T-CTA-C-C-G-TTC
A.SN.85.ROD	G-AGG-T-CCA-T-C-G-TTC	G-AGG-T-CCA-T-C-G-TTC
A.SN.86.ST JSP4_27	G-A-T-C-CTA-C-C-TTC	G-A-T-C-CTA-C-C-TTC
B.CI.88.UC1	C-A-CC-AAAG-TG	C-A-CC-AAAG-TG
B.CI.x.20 56	C-CC-AAAG-TG	C-CC-AAAG-TG
B.CI.x.EHO	C-C-CC-A-T-TTC	C-C-CC-A-T-TTC
B.FR.00.LA44	C-A-CC-AAAG-T	C-A-CC-AAAG-T
B.FR.98.LA43	C-A-CC-AAAG-T	C-A-CC-AAAG-T
B.GH.86.D205 ALT	C-A-CC-G-A-GAG	C-A-CC-G-A-GAG
B.JP.01.IMCJ KR020_1	C-A-CC-G-T-G-C	C-A-CC-G-T-G-C
G.CI.92.Abt96	C-A-A-C-CAGAC-G	C-A-A-C-CAGAC-G
AB.CM.03.03CM 510 03	C-A-C-RA	C-A-C-RA
H2 01 AB.CI.90.7312A	C-CC-AAAG-T	C-CC-AAAG-T
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	G-C-CC-AAAG-T	G-C-CC-AAAG-T
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	G-C-CC-AAAG-T	G-C-CC-AAAG-T
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	G-C-CC-AAA-T	G-C-CC-AAA-T
U.CI.07.071C TNP3	T-C-A-G-C-AC-TG	T-C-A-G-C-AC-TG
U.FR.96.12034	A-A-A-AT-CTA	A-A-A-AT-CTA
U.US.08.NWK08	A-A-C-C-A-C-GT	A-A-C-C-A-C-GT
MAC.US.x.17EC1		
MAC.US.x.251 IA11		
MAC.US.x.251 32H PJ5		
MAC.US.x.251 BK28		
MAC.US.x.MM142 IVMXX		
MNE.US.82.MNE 8		
MNE.US.x.MNE027		
SMM.CI.79.SIVsmCI2	G-C-A-T-C-CCA-G	G-C-A-T-C-CCA-G
SMM.CI.89.SIVsmLIB1	CG-A-G-CC-TC	CG-A-G-CC-TC
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	G-A-T-C-CCA-G	G-A-T-C-CCA-G
SMM.SL.92.SL92B	A-A-T-A-AAAG-G	A-A-T-A-AAAG-G
SMM.US.04.G078	G-A-T-T-A-C	G-A-T-T-A-C
SMM.US.04.G932	G-A-A-C-A-G	G-A-A-C-A-G
SMM.US.04.M919	G-A-A-G-C-G	G-A-A-G-C-G
SMM.US.04.M922	A-A-G-C-G	A-A-G-C-G
SMM.US.04.M923	A-A-G-C-G	A-A-G-C-G
SMM.US.04.M926	A-A-G-C-G	A-A-G-C-G
SMM.US.04.M934	A-A-G-C-G	A-A-G-C-G
SMM.US.04.M935	A-A-G-C-G	A-A-G-C-G
SMM.US.04.M940	A-A-T-C-T-AA-G	A-A-T-C-T-AA-G
SMM.US.04.M946	A-A-G-C-A	A-A-G-C-A
SMM.US.04.M947	A-A-G-C-A	A-A-G-C-A
SMM.US.04.M949	G-A-A-T-C-AA-G	G-A-A-T-C-AA-G
SMM.US.04.M950	A-A-G-C-A	A-A-G-C-A
SMM.US.04.M951	G-A-T-C-C-A-G	G-A-T-C-C-A-G
SMM.US.04.M952	A-A-G-C-A	A-A-G-C-A
SMM.US.05.D215	T-A-A-A-G	T-A-A-A-G
SMM.US.06.FTQ	G-A-A-A-G-C	G-A-A-A-G-C
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	A-A-G-C-A-G	A-A-G-C-A-G
SMM.US.86.CFU212	A-A-T-C-T-A	A-A-T-C-T-A
SMM.US.x.F256_H4	A-A-G-C-C	A-A-G-C-C
SMM.US.x.H9	A-A-G-C-C	A-A-G-C-C
SMM.US.x.PBJA	A-A-G-C-C	A-A-G-C-C
SMM.US.x.PGM53	A-A-A-C-G	A-A-A-C-G
SMM.US.x.SHE543	A-A-G-C-A	A-A-G-C-A
SMM.US.x.SHE60_C67G	A-A-G-C-A	A-A-G-C-A
STM.US.89.STM_37_16	A-A-A-CT-G-A-AC	A-A-A-CT-G-A-AC



Accession	Sequence	Position
MAC.US.x.239	Pol	
A.CI.88.UC2	...TT-A-G-C-C-...T-C-G-A-...T-C-G-A-...A-CA-C-A-A-...A-4725	
A.DE.x.BEN	...TT-A-G-C-C-...AT-A-C-...C-T-G-...G-A-T-T-C-T-A-...C-AACCCAT-...A-CTTC-A-A-...A-4725	
A.FR.00.LA38	...T-G-G-T-TT-A-G-C-C-...AT-A-C-A-A-...C-T-G-...G-T-T-C-...ATCCCAT-...C-G-A-C-...A-A-...A-4693	
A.FR.01.LA42	...G-T-G-G-T-TT-A-G-C-C-...AT-A-C-A-G-A-...A-T-G-...A-T-T-C-...TCCCAT-...G-A-AGC-G-...A-A-...A-4723	
A.FR.02.LA36gomM	...T-G-GG-TT-A-G-C-C-...AT-G-C-A-...C-T-G-...A-T-C-...C-ATCCCAT-...G-G-A-C-G-A-...A-A-...A-4704	
A.FR.03.LA37	...T-G-G-T-TT-A-G-C-C-...AT-G-T-C-G-A-...A-C-T-G-...A-T-C-...C-ATCCCAT-...A-ACC-A-A-...A-4714	
A.FR.96.LA40	...T-G-G-T-TT-A-G-C-C-...AT-A-C-A-A-...C-T-G-...A-G-T-C-...C-ATCCCAT-...C-G-A-C-A-A-...A-4720	
A.FR.98.LA39	...T-G-G-T-TT-A-G-C-C-...CA-A-G-C-A-A-...C-T-G-...G-A-T-T-C-...GC-ATCAT-...A-ATC-A-A-...A-4595	
A.FR.98.LA41	...T-G-G-T-TT-A-G-C-C-...AT-G-C-A-G-...C-T-G-...G-A-T-T-C-...G-TCCAT-...A-ACC-A-A-...A-Y 4724	
A.GH.x.GH1	...T-G-G-TT-A-G-C-C-...AT-G-C-A-G-...C-C-...G-A-T-C-A-G-...C-AACCCAT-...A-CA-C-A-...A-4169	
A.GM.87.D194	...T-G-G-TT-A-G-C-C-...AT-A-C-...C-T-...C-A-T-C-A-...C-AACCCAT-...A-CA-C-A-...A-4169	
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	...T-T-TT-A-G-C-C-...AT-A-C-G-GA-...C-T-G-...GA-T-T-C-...C-A-CCCAT-...G-ACC-G-A-A-...A-4166	
A.GM.x.MCN13	...G-T-G-GG-T-TT-A-G-C-C-...GT-G-C-A-...C-T-G-...G-T-T-C-...C-ATCCCAT-...G-A-T-A-A-...A-4170	
A.GW.86.FG.clone_NIHZ	...G-G-G-T-TT-A-G-C-C-...AT-A-C-A-G-A-...C-T-G-...A-T-T-C-...C-ATCCAT-...A-AGC-A-A-...A-4163	
A.GW.87.CAM2CG	...G-G-G-T-TT-A-G-C-C-...A-G-C-A-...T-T-G-...A-T-T-C-...GC-ATGCCAT-...ATA-CA-C-A-...A-4734	
A.GW.x.MDS	...T-G-G-T-TT-A-G-C-C-...AT-G-C-A-A-...C-T-...A-T-T-C-...C-ATCCCAT-...CA-C-A-...A-4169	
A.IN.07.NNVA	...T-G-GG-T-TT-A-G-C-C-...AT-G-C-A-A-...C-T-...A-T-AC-...G-C-ATCCCA-...A-C-A-...A-4719	
A.IN.95.CRIK_147	...T-G-GG-T-TT-A-G-C-C-...AT-G-C-A-A-...C-T-...G-A-T-T-C-...C-ATCCCAT-...A-A-C-A-...A-4470	
A.JP.08.NMC786.clone_41	...G-T-G-G-TT-A-G-C-C-...GA-AT-A-C-A-A-...G-T-G-...A-G-T-C-CA-...C-AACCCAT-...A-CAGC-A-A-...A-4721	
A.PT.x.ALT	...T-G-G-TT-A-G-C-C-...AT-G-T-C-A-A-...T-G-...A-G-T-C-...G-C-ATCCCAT-...A-ATC-G-A-...A-4718	
A.SN.85.RDD	...G-T-G-G-TT-A-G-C-C-...GT-G-C-A-...C-T-G-...A-T-T-C-...C-TCCAT-...A-ATT-A-G-A-...A-4171	
A.SN.86.ST.JSP4_27	...T-G-GG-T-TT-A-G-C-C-...AT-A-C-A-G-A-...A-C-T-G-...A-T-T-C-...C-ATCCCAT-...C-G-A-T-A-A-...A-4170	
B.CI.88.UC1	...T-T-T-G-G-...A-G-A-G-G-...A-C-A-A-...A-G-G-C-...A-TCAT-...C-C-ACAGT-...A-A-A-...A-4706	
B.CI.x.20_56	...T-T-T-G-G-...A-G-A-C-G-G-...A-C-A-A-...A-G-G-C-...A-TCAT-...A-C-ACAGT-...A-A-A-...A-T 4701	
B.CI.x.EHO	...T-T-T-G-G-...G-C-A-...A-C-A-T-A-A-...A-T-...A-G-T-A-...C-A-CCAT-...GA-T-ACA-T-...A-A-...A-T 4696	
B.FR.00.LA44	...T-T-T-G-G-...A-C-...A-C-...A-T-A-A-...A-T-...A-G-T-A-...C-A-TCAT-...A-C-ACTGT-...A-A-...A-4706	
B.FR.98.LA43	...G-T-T-T-G-G-T-T-A-...A-C-G-...C-G-...A-C-G-...G-A-T-T-C-...C-CCAT-...C-A-T-ACA-T-...A-A-...A-T 4704	
B.GH.86.D205_ALT	...G-T-T-T-G-G-...A-...A-C-...C-T-...A-A-...A-C-G-...G-A-T-T-G-C-...C-CCAT-...C-A-T-ACA-T-...A-A-...A-T 4698	
B.JP.01.IMJC.KR020_1	...G-T-T-T-G-G-...A-C-...CA-C-G-T-C-A-T-A-...G-...A-T-T-G-...A-TCAT-...A-T-ACA-T-...A-A-...A-3848	
G.CI.92.Abt96	...T-T-T-GG-RT-A-C-G-A-...A-A-...R-A-...A-T-T-...A-R-TT-...G-AACTCAT-G-...CA-T-TCA-T-...A-A-...A-T 4052	
AB.CM.03.O3CM_510_03	...T-T-T-G-...A-A-C-...G-CT-G-...A-A-...A-T-G-...R-T-T-G-C-...MC-CCAT-...Y-M-C-ACA-T-...R-A-...A-T 3837	
H2_01_AB.CI.90_7312A	...T-T-T-G-G-...A-...A-G-...A-C-A-...A-C-G-G-...A-T-T-G-C-...GC-TCAT-...A-T-ACA-C-...A-A-...A-4707	
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	...T-T-T-G-G-...A-A-G-...A-C-A-...A-C-G-...A-T-T-G-C-...C-TCAT-...C-T-ACA-C-...A-A-...A-4707	
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	...T-T-T-G-G-...A-...A-G-...A-T-C-A-...A-...C-G-T-G-C-...GC-A-TCAT-...A-T-ACA-...A-A-...A-4706	
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	...T-T-T-G-G-...G-C-...A-G-...A-T-C-A-...A-...A-T-T-G-C-...GC-TCAT-...C-T-ACACC-...A-A-...A-4712	
U.CI.07.071C_TNP3	...C-TTT-GG-T-TT-G-...G-A-C-...G-T-A-C-A-A-...A-T-G-...C-TT-...GC-A-C-...CA-A-A-T-...A-A-...G-T 4157	
U.FR.96.L2034	...T-T-T-G-T-TT-G-...G-A-G-...A-G-T-C-A-...GC-A-T-G-...A-T-T-G-...GC-ACAGCAT-...TA-ACA-T-...A-A-...A-T 4204	
U.US.08.NMK08	...G-T-G-G-A-A-...C-...G-A-G-T-C-A-...GC-A-T-G-...A-T-T-C-...G-G-...ACCCAT-...CA-C-ACAGC-...A-A-...A-T 4078	
MAC.US.x.17EC1	...	4642
MAC.US.x.251_Ia11	...	4641
MAC.US.x.251_32H_PJ5	...	4643
MAC.US.x.251_BK28	...	4618
MAC.US.x.HM142_IVMXX	...	4128
MNE.US.82.MNE_8	...	4110
MNE.US.x.MNE027	...	4110
SMM.CI.79.SIVsmCI2	...C-G-G-T-T-G-...A-A-G-...C-G-T-C-T-C-A-...A-A-G-...G-A-G-T-T-C-...C-GC-G-A-GCA-...A-CA-CA-T-A-...GA 3762	
SMM.SL.89.SIVsmLIB1	...T-T-GG-T-TT-G-...A-A-G-A-CT-A-G-A-A-...A-C-G-...G-G-T-C-A-...CA-CA-T-A-...T-A-A-...A-3720	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	...G-A-T-GG-TT-G-...A-C-G-...A-A-G-...A-C-...G-...C-T-C-...A-...C-AT-...TA-C-...T-A-T-A-...A-T 3722	
SMM.SL.92.SL92B	...G-A-T-GG-TT-G-...A-A-G-...C-G-C-A-GT-...C-C-T-C-...G-G-A-CTCAG-...A-AAACA-C-ACA-T-...A-T-A-...A-T 4073	
SMM.US.04.G078	...T-T-T-G-T-G-...G-CT-G-...C-A-A-...T-...C-...C-T-...GA-...T-G-A-...A-A-...G-T 3902	
SMM.US.04.G932	...T-T-T-G-T-G-...G-...C-A-A-...A-...G-...A-T-T-C-...C-...T-...TA-...T-G-A-...A-A-...T 3891	
SMM.US.04.M919	...T-T-T-G-T-G-...A-...A-A-...A-...G-C-A-G-...C-...A-...TA-...T-GC-...A-A-...A-3896	
SMM.US.04.M922	...T-T-T-G-T-G-...A-AG-A-...A-A-...A-...G-A-G-...C-...A-...TA-...T-GC-...A-A-...A-3897	
SMM.US.04.M923	...T-T-T-G-T-G-...C-A-...A-A-...A-...G-...G-A-...C-...A-...TA-...T-GC-...A-A-...A-3896	
SMM.US.04.M926	...T-T-T-G-T-G-...G-A-G-...A-...A-...G-A-G-...C-...A-...A-...T-T-...A-...A-...T 3896	
SMM.US.04.M934	...T-T-T-G-T-G-...G-A-G-...A-...A-...G-A-...C-...A-...AC-...GA-...T-T-G-...A-...A-...3894	
SMM.US.04.M935	...T-T-T-G-T-G-...G-A-G-...C-A-...A-A-...A-...G-A-G-...C-...A-...TA-...T-GC-...A-A-...A-3897	
SMM.US.04.M940	...G-T-T-T-G-T-G-...G-...G-CT-G-...C-A-...A-...T-...G-A-...T-C-...C-...C-T-...A-...A-...G-T 3902	
SMM.US.04.M946	...T-T-T-G-T-G-...G-...A-A-...A-...T-...G-C-A-G-...C-...A-...A-...GA-...T-T-...A-...A-...3895	
SMM.US.04.M947	...T-T-T-G-T-G-...G-A-G-...A-...A-...G-...A-G-...C-...G-...C-...T-GC-...A-A-...A-3896	
SMM.US.04.M949	...G-T-T-T-G-T-G-...A-G-CT-G-...C-A-...A-C-...G-C-A-...C-...C-T-...GA-...T-GC-...A-A-...A-T 3890	
SMM.US.04.M950	...G-T-T-T-G-T-G-...G-A-G-...G-...G-A-...G-...G-G-...C-...A-...GA-...T-T-...A-A-...A-A-...T 3895	
SMM.US.04.M951	...T-T-T-G-T-G-...G-...G-CT-G-...C-G-A-...A-C-...G-C-A-...T-C-...A-...C-T-...A-...GA-...T-T-...A-A-...A-T 3899	
SMM.US.04.M952	...T-T-T-G-T-G-...G-A-G-...G-...G-A-...G-...G-A-G-...C-...C-...GA-...T-T-...A-A-...A-A-...G-T 3895	
SMM.US.05.D215	...G-T-T-T-G-T-G-...G-A-C-...A-T-C-A-A-...A-T-G-G-T-...A-G-...C-...G-G-...T-A-CA-...A-A-AG-...A-3896	
SMM.US.06.FTq	...T-T-T-TT-...C-G-T-C-A-G-A-...A-...G-...G-...C-...G-...C-...G-...A-CA-...T-A-AG-...A-T-T 3924	
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	...T-T-T-TT-...C-G-A-C-...C-A-...A-A-...A-...G-A-G-...C-...G-...A-T-...TC-...A-A-A-...A-4632	
SMM.US.86.GU212	...T-T-T-TT-...C-G-A-C-...AT-G-T-C-A-...A-T-...G-A-G-...C-...G-...A-T-...TC-...A-A-A-...A-T 3888	
SMM.US.x.F236_H4	...C-T-T-T-G-T-G-...C-G-A-C-...AT-A-T-AAA-...A-T-...G-A-G-...C-...G-...A-T-...TC-...A-A-A-...A-4630	
SMM.US.x.H9	...A-T-T-T-T-...AA-...C-A-...A-A-...G-G-...G-A-...C-...A-...R-T-...T-GC-...A-A-A-...A-4115	
SMM.US.x.PBJA	...T-T-T-T-T-...C-A-...A-A-...A-G-G-...G-A-...C-...A-...T-T-...TC-...A-A-A-...A-4408	
SMM.US.x.PGM53	...T-T-T-T-T-...C-A-...A-A-...A-A-...G-A-G-...C-...A-...T-T-...TC-...A-A-A-...A-4559	
SMM.US.x.SHE543	...T-T-T-T-T-...C-G-A-...C-A-...A-A-...G-A-G-...C-...A-...T-T-...TC-...A-A-A-...A-4645	
SMM.US.x.SHE60_C67G	...T-T-T-T-T-...C-G-A-...C-A-...A-A-...G-A-G-...C-...A-...T-T-...TC-...A-A-A-...A-4631	
STM.US.89.STM_37_16	...T-T-T-TT-...G-A-...G-A-...C-A-...A-A-...T-T-...G-A-...T-T-...C-G-...GC-A-C-...G-CA-...A-GC-...A-A-AG-...A-G-T 4289	

MAC.US.x.239	ACCTGTGATAAATGTCATCAGAAAGGAGGCGTATACATGGCCAGGCAAAATTCAGATCTAGGGACTTGGCAAATGGATTTGTACCCATCTAGAGGGAAAAAATCATAGTTGCAGTACATGTAGCTAGTGATTTCATAGAAGCAGAGGTAATTCACCAAGAGACAGGAAG	4812
Pol	T C D K C H Q K G E A I H G Q A N S D L G T W Q M D C T H L E G K I I V A V H V A S G F I E A E V I P Q E T G R	
A.CI.88.UC2	-A-CCC-C-A-----C-----A-T-G-AA-CGT	4895
A.DE.x.BEN	-A-CCC-C-A-----A-C-----A-T-G-AA-CGT	4895
A.FR.00.A38	-A-CCC-C-A-----G-A-----A-T-G-A-G-C	4863
A.FR.01.LA42	-A-CCC-G--A-----G-A-----A-T-G-A-G-C	4893
A.FR.02.LA366omM	-A-CCC-C-A-----G-A-----A-T-G-AT-C-C	4874
A.FR.03.LA37	-A-CCC-C-A-----G-A-----A-T-G-AT-C-G	4884
A.FR.96.LA40	-A-CACCC-C-A-----A-----A-T-G-AT-C-G	4884
A.FR.98.LA39	-A-CCC-C-A-----G-CC-----A-T-G-AG-C	4890
A.FR.98.LA41	-A-CCC-C-A-----G-----A-T-G-A-C	4894
A.GH.x.GH1	-A-CCC-C-A-----G-----T-G-AA-TGTC	4339
A.GM.87.D194	-A-CCC-C-A-----A-C-----A-T-G-AA-CGT	4339
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-A-CCC-G-C-A-A-----G-A-----A-T-G-A-C-C	4336
A.GM.x.MCN13	-A-CCC-C-A-----G-----A-T-G-AT-C	4340
A.GW.86.FG_c1one_NIHZ	-A-CCC-TGTG-A-----G-----A-T-G-AA-TGTC	4891
A.GW.87.CAM2CG	-A-CCC-A-A-----G-----A-T-G-AG-G-C-C	4904
A.GW.x.MDS	-A-CCC-A-----A-----A-T-G-CT-C	4339
A.IN.07.NNVA	-A-CCC-A-----G-----A-A-T-G-AT-C-G	4889
A.IN.95.CR1K_147	-A-CCC-A-----A-----A-T-G-A-T	4640
A.JP.08.NMC786_c1one_41	-A-CCC-A-A-----C-----A-T-G-AA-TGTC	4891
A.PT.x.ALT	-A-CCC-G--A-G-----G-----A-TG-G-A-C	4888
A.SN.85.R0D	-A-CCC-A-----G-A-----A-T-G-A-C	4341
A.SN.86.ST_JSP4_27	-A-CACCC-G-----G-A-----A-T-G-AT-C	4340
B.CI.88.UC1	T-----C-A-A-G-A-G-T-A-T-G-A-A-A-G	4876
B.CI.x.20_56	T-----C-A-A-G-A-T-A-T-G-A-A-A-G	4871
B.CI.x.EHO	T-----C-A-A-G-A-T-A-T-G-A-A-A-G	4866
B.FR.00.LA44	T-----C-A-A-G-A-G-T-A-T-G-A-A-A-G	4876
B.FR.98.LA43	T-----C-A-A-G-A-T-A-T-G-A-A-A-G	4874
B.GH.86.D205_ALT	T-----C-A-A-G-A-T-A-T-G-A-A-A-G	4868
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	T-----C-A-A-G-A-C-A-TG-G-A-A-G	4018
G.CI.92.Abt96	T-A-ACC-C-GT-C-A-----A-C-T-A-T-G-AT-G-T	4222
AB.CM.03.03CM_510_03	T-Y-----C-C-A-R-R-A-----A-T-G-A-A-G	4007
H2_01_AB.CI.90.7312A	T-----A-A-A-----A-G-T-A-T-G-A-A-A	4877
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	T-----A-A-G-----A-G-T-A-T-G-A-A-A	4877
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	T-T-----A-A-A-----A-G-T-A-T-G-A-A-A	4876
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	T-----G-C-A-A-G-----A-G-T-A-T-G-A-A-A	4882
U.CI.07.071C_TNP3	-T-----C-A-G-----A-C-----A-T-A-A-A	4327
U.FR.96.12034	-T-C-GTT-C-G-----A-C-G-----A-T-G-AA-TGTC	4374
U.US.08.NWK08	-A-CCC-A-A-----A-A-C-----A-T-G-G-TCAG	4248
MAC.US.x.17EC1		4812
MAC.US.x.251_1A11		4811
MAC.US.x.251_32H_PJ5		4813
MAC.US.x.251_BK28		4788
MAC.US.x.MM142_IVMXX		4298
MNE.US.82.MNE_8		4280
MNE.US.x.MNE027		4280
SMM.CI.79.SIVsmCI2	---CAC-C-G-----G-----A-A-C-A-T-G-A-A-C	3932
SMM.89.SIVsmLIB1	---C-----C-A-----A-A-C-A-T-G-AT-A-C	3890
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	---C-----C-G-A-----G-A-T-A-T-G-GA-C-A-A	3892
SMM.SL.92.SL92B	G-T-A-C-----C-A-----G-A-G-T-A-T-G-GG-C-A-A	4243
SMM.US.04.G078	---C-----C-G-----G-A-A-T-C-AT-G-AGTC	4072
SMM.US.04.G932	-A-----C-----C-A-----A-A-T-G-A	4061
SMM.US.04.M919	-A-----C-----A-C-----A-A-T-G-A	4066
SMM.US.04.M922	-A-----C-----C-A-----A-A-T-G-A	4067
SMM.US.04.M923	-A-----C-----C-A-----A-A-T-G-A	4066
SMM.US.04.M926	-A-----G-C-----A-G-A-----A-T-----T-A	4066
SMM.US.04.M934	-A-----C-----C-A-----G-A-----A-T-----C-A	4064
SMM.US.04.M935	-A-----C-----C-A-----A-C-----A-T-----G-A	4067
SMM.US.04.M940	-A-----C-----C-G-----A-----A-T-----CA-GT-AGT	4072
SMM.US.04.M946	-A-----C-----C-A-----G-A-----A-T-----C-A	4065
SMM.US.04.M947	-A-----C-----C-A-----A-C-----A-A-T-----G-A	4066
SMM.US.04.M949	-A-----A-----C-----A-----A-T-----CA-GT-AGT	4060
SMM.US.04.M950	---C-----C-A-----G-A-----A-T-----C-AT-AGT	4065
SMM.US.04.M951	---C-----C-G-A-----A-G-----A-T-----CA-AT-AGT	4069
SMM.US.04.M952	-A-----C-----C-A-----G-A-----A-T-----CT-A-C	4065
SMM.US.05.D215	-A-----C-----C-C-----A-G-A-----A-ATC-G-AT-A-C	4066
SMM.US.06.FTQ	-T-----C-----C-C-----A-G-A-----A-A-T-G-GT	4094
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-A-----C-----C-C-----A-G-A-----A-A-T-G-A	4802
SMM.US.86.CFU212	-A-----C-----C-C-----A-G-A-----A-A-T-G-A	4058
SMM.US.x.F256_H4	-A-----C-----C-C-----A-G-A-----A-A-T-G-A	4800
SMM.US.x.H9	-A-----C-----C-T-----A-Y-----A-T-G-R-RA	4285
SMM.US.x.PBJA	-A-----C-----C-C-----A-C-----A-A-T-G-A	4578
SMM.US.x.PGM53	-A-----A-----C-----C-----A-A-T-G-A	4729
SMM.US.x.SHE543	-A-----G-----C-----C-----A-A-T-G-A	4815
SMM.US.x.SHE60_C67G	-A-----C-----C-C-----A-C-----A-A-T-G-A	4801
STM.US.89.STM_37_16	-A-----C-----G-C-----C-----A-A-T-G-GT	4459

MAC.US.x.239  
 Pol  
 A.CI.88.UC2  
 A.DE.x.BEN  
 A.DE.x.PE12 KR KRCC  
 A.FR.00.LA38  
 A.FR.01.LA42  
 A.FR.02.LA366omM  
 A.FR.93.LA37  
 A.FR.96.LA40  
 A.FR.98.LA39  
 A.FR.98.LA41  
 A.GH.x.GH1  
 A.GM.87.D194  
 A.GM.x.ISY SBL 6669 85  
 A.GM.x.MCN13  
 A.GW.86.FG c1one NIHZ  
 A.GW.87.CAM2CG  
 A.GW.x.MDS  
 A.IN.07.NNVA  
 A.IN.95.CRIK 147  
 A.JP.08.NMC786 c1one 41  
 A.PT.x.ALT  
 A.SN.85.R0D  
 A.SN.86.ST JSP4\_27  
 B.CI.88.UC1  
 B.CI.x.20 56  
 B.CI.x.EH0  
 B.FR.00.LA44  
 B.FR.98.LA43  
 B.GH.86.D205 ALT  
 B.JP.01.IMCJ KR020\_1  
 G.CI.92.Abt96  
 AB.CM.03.03CM 510 03  
 H2 01 AB.CI.90.7312A  
 H2 01 AB.JP.04.NMC307 20  
 H2 01 AB.JP.07.NMC716 01  
 H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10  
 U.CI.07.071C TNP3  
 U.FR.96.12034  
 U.US.08.NWK08  
 MAC.US.x.17EC1  
 MAC.US.x.251 1A11  
 MAC.US.x.251 32H PJ5  
 MAC.US.x.251 BK28  
 MAC.US.x.MM142 IVMXX  
 MNE.US.82.MNE 8  
 MNE.US.x.MNE027  
 SMM.CI.79.SIVsmCI2  
 SMM.SL.89.SIVsmLIB1  
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A  
 SMM.SL.92.SL92B  
 SMM.US.04.G078  
 SMM.US.04.G932  
 SMM.US.04.M919  
 SMM.US.04.M922  
 SMM.US.04.M923  
 SMM.US.04.M926  
 SMM.US.04.M934  
 SMM.US.04.M935  
 SMM.US.04.M940  
 SMM.US.04.M946  
 SMM.US.04.M947  
 SMM.US.04.M949  
 SMM.US.04.M950  
 SMM.US.04.M951  
 SMM.US.04.M952  
 SMM.US.05.D215  
 SMM.US.06.FTQ  
 SMM.US.11.SIVsmE660 FL10  
 SMM.US.86.CFU212  
 SMM.US.x.FZ36\_H4  
 SMM.US.x.H9  
 SMM.US.x.PBJA  
 SMM.US.x.PGM53  
 SMM.US.x.SME543  
 SMM.US.x.SF600.C67G  
 STM.US.89.STM\_37\_16

ACAGACGACACTATTTCGTGTAATAATGGCAGGCAGATGGCCATATTACACATCTACACACAGATAAAGTGGTAACTTTGCTCCGAAAGTAAGATGGTTCATGGTGGGAGGGATAGAGCACACCTTTGGGGTACCATAACAATCCACAGAGTCAGGGAGTAGTGG 4982  
 Q T A L F L L K L A G R W P I T H L H T D N G A N F A S Q E V E K M V A W W A G I E H T F G V P Y N P Q S Q G V V  
 G-----C-----C-----CA-T-G-----A-A-----CT-G-----C-----CC-C-----CA-A-G-----A-G-----T-----T-----A-----AT-----A-----T-----C-----A-----C-----A-----5065  
 G-----C-----C-----CA-T-G-----A-A-----G-----CT-G-----C-----CC-C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----AT-----A-----T-----C-----A-----C-----A-----5065  
 G-----A-----C-----A-----C-----CA-T-G-----A-A-----C-----G-----C-----C-----CA-C-A-G-----A-----G-----A-----T-----T-----A-----AT-----A-----T-----A-----C-----A-----A-----5033  
 G-----A-----T-----C-----TC-----C-----CA-T-G-----A-A-----C-----G-----C-----C-----CA-C-A-G-----G-----G-----A-----A-----AT-----T-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----A-----A-----5063  
 G-----A-----C-----C-----C-----CA-T-G-----A-A-----CT-G-----C-----C-----CA-A-G-----G-----A-----A-----AT-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----C-----A-----G-----A-----5044  
 G-----A-----C-----C-----C-----TA-----A-----A-----C-----G-----C-----C-----CA-C-A-G-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----G-----A-----T-----C-----A-----C-----A-----5054  
 G-----A-----C-----C-----A-----GC-----TA-----T-----A-----A-----G-----CT-G-----C-----C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----A-----T-----C-----A-----A-----5054  
 G-----A-----C-----C-----A-----CA-T-G-----A-A-----G-----CT-G-----T-----C-----C-----CA-C-A-G-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----AT-----C-----A-----T-----A-----C-----A-----5060  
 G-----A-----C-----C-----C-----CA-T-G-----A-A-----CT-G-----C-----C-----CA-C-A-G-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----AT-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----A-----5065  
 G-----A-----C-----C-----G-----C-----CA-T-G-----A-A-----CT-G-----C-----C-----CA-C-A-G-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----AT-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----A-----5064  
 G-----A-----G-----C-----A-----C-----CA-T-G-----A-A-----CT-----C-----CT-C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----AT-----T-----A-----AT-----A-----T-----C-----A-----C-----A-----5059  
 G-----A-----C-----C-----C-----CA-T-G-----A-A-----CT-G-----C-----CC-C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----AT-----T-----A-----AT-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----5059  
 G-----A-----C-----C-----A-----C-----CA-T-G-----A-A-----CT-G-----C-----C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----AT-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----5066  
 G-----A-----C-----C-----C-----CA-T-G-----A-A-----CT-G-----C-----C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----AT-----A-----T-----A-----T-----C-----A-----T-----A-----5061  
 G-----A-----G-----CT-AC-G-----C-----CA-T-G-----A-A-----C-----G-----C-----C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----T-----C-----A-----G-----T-----A-----5074  
 G-----A-----C-----C-----C-----TA-----G-----A-----A-----CT-----C-----C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----C-----A-----5074  
 G-----A-----C-----C-----C-----TA-T-G-----A-A-----CT-G-----C-----C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----AT-----T-----A-----AT-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----5059  
 G-----A-----C-----C-----A-----GC-----TA-----T-----A-----A-----C-----G-----A-----CA-A-G-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----AT-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----A-----5059  
 G-----A-----C-----C-----C-----A-----TA-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----AT-----T-----A-----AT-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----5061  
 G-----A-----C-----C-----C-----CA-T-G-----A-A-----CT-G-----C-----C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----AT-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----T-----A-----5061  
 G-----A-----C-----C-----A-----C-----TA-T-G-----A-A-----CT-G-----C-----G-----CT-C-----CA-C-A-G-----G-----G-----A-----TT-----T-----A-----AT-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----5058  
 G-----A-----C-----C-----A-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----A-----CT-G-----T-----C-----C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----AT-----T-----A-----AT-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----5058  
 G-----A-----G-----C-----C-----AC-----C-----CA-T-G-----A-A-----T-----G-----C-----C-----CA-A-G-----G-----G-----A-----AT-----T-----A-----AT-----C-----A-----T-----A-----C-----A-----5058  
 -----A-----T-----C-----C-----CA-----C-----C-----C-----C-----C-----CA-C-A-----C-----G-----C-----CG-C-----AT-----A-----A-----C-----C-----C-----T-----C-----A-----A-----5046  
 -----A-----T-----C-----C-----CA-----C-----C-----C-----C-----C-----CA-C-A-----T-----G-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----5041  
 -----T-----C-----C-----GC-----CA-----C-----C-----C-----C-----C-----CA-A-----T-----G-----A-----CA-----C-----AT-----A-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----5036  
 -----T-----C-----C-----G-----CA-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----CA-C-A-----C-----G-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----C-----G-----A-----5046  
 -----T-----T-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----C-----C-----C-----CA-C-A-----C-----G-----G-----C-----A-----C-----A-----A-----C-----T-----C-----A-----C-----5044  
 -----T-----C-----C-----AC-----G-----CA-----C-----C-----C-----C-----C-----CA-C-A-----C-----AGT-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----T-----C-----A-----5038  
 -----T-----C-----C-----G-----CA-----C-----C-----C-----C-----C-----CA-C-A-----C-----G-----A-----CA-----C-----AT-----AG-----A-----G-----C-----A-----T-----T-----A-----A-----5038  
 G-----A-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----CA-C-A-----G-----G-----A-----C-----T-----C-----C-----AG-A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----5046  
 -----T-----C-----C-----G-----CA-----R-----C-----C-----G-----C-----C-----CA-C-A-----T-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----C-----T-----C-----A-----A-----5047  
 -----A-----T-----C-----C-----GC-----A-----C-----CT-G-----C-----C-----C-----A-----A-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----5047  
 -----A-----C-----C-----G-----GC-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----CA-C-A-----T-----G-----A-----G-----C-----T-----A-----A-----AT-----A-----C-----C-----A-----5046  
 -----A-----C-----C-----G-----GC-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----CA-C-A-----T-----G-----A-----G-----C-----T-----A-----A-----AT-----A-----C-----C-----A-----5046  
 -----A-----C-----C-----G-----GA-----C-----C-----C-----C-----C-----CA-C-A-----C-----G-----C-----T-----A-----A-----AT-----A-----C-----C-----A-----C-----5052  
 -----G-----C-----C-----C-----ACT-----CT-----T-----G-----T-----C-----C-----CA-C-T-----GA-----G-----A-----T-----T-----C-----C-----AT-----A-----G-----C-----T-----Y-----A-----5047  
 G-----A-----C-----G-----C-----AC-----GC-----A-----G-----CT-----T-----G-----T-----C-----C-----CA-A-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----C-----G-----A-----C-----A-----G-----A-----5041  
 -----A-----G-----C-----C-----A-----G-----AATT-----C-----AC-----A-----C-----T-----T-----C-----A-----A-----CCAA-----TA-----G-----GC-----AAAC-----G-----G-----A-----T-----A-----C-----A-----G-----C-----C-----A-----C-----A-----T-----A-----4982  
 -----G-----C-----4981  
 -----G-----C-----4983  
 -----G-----C-----4958  
 -----A-----G-----4468  
 -----A-----G-----4450  
 -----A-----T-----G-----T-----C-----A-----T-----A-----C-----CT-----G-----C-----A-----C-----CA-----C-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----4102  
 G-----A-----T-----G-----T-----C-----A-----T-----A-----C-----C-----CT-----G-----C-----A-----C-----CA-----C-----G-----A-----AAC-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----4060  
 G-----A-----CT-----G-----CT-----A-----T-----CA-----G-----A-----AG-----C-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----T-----CA-----T-----G-----G-----G-----A-----TT-----AG-----G-----A-----GT-----A-----G-----T-----C-----A-----T-----T-----A-----4062  
 -----A-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----CA-----G-----A-----AG-----C-----G-----T-----C-----C-----T-----CA-----C-----G-----G-----G-----A-----TT-----AG-----G-----A-----GT-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----4413  
 -----A-----T-----G-----C-----G-----A-----CA-----G-----C-----C-----C-----G-----T-----A-----C-----CA-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----4242  
 -----A-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----G-----A-----A-----C-----T-----A-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----4231  
 -----A-----G-----C-----C-----CA-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----G-----C-----A-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----4236  
 -----A-----G-----C-----C-----A-----TA-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----C-----G-----T-----T-----A-----C-----A-----G-----4237  
 -----A-----G-----C-----C-----A-----CA-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----G-----A-----C-----T-----T-----A-----G-----C-----T-----T-----A-----C-----A-----G-----4236  
 G-----A-----G-----C-----A-----CA-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----C-----CA-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----A-----G-----4236  
 -----A-----G-----CT-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----T-----T-----C-----C-----CA-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----A-----G-----4234  
 -----A-----G-----CT-----C-----G-----AA-----T-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----4237  
 -----A-----T-----G-----CT-----C-----G-----A-----TA-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----G-----C-----T-----CA-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----C-----A-----4242  
 -----A-----T-----G-----CT-----C-----G-----A-----G-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----C-----T-----A-----C-----A-----4235  
 G-----A-----G-----C-----C-----A-----CA-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----T-----A-----G-----T-----A-----C-----A-----4236  
 -----A-----T-----G-----CT-----C-----G-----A-----TA-----G-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----4230  
 -----A-----T-----G-----CT-----C-----G-----A-----TA-----G-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----4235  
 -----A-----T-----G-----C-----A-----TA-----G-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----4235  
 -----A-----T-----G-----CT-----C-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----C-----CA-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----T-----T-----C-----A-----C-----A-----4236  
 -----A-----T-----G-----C-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----C-----T-----CA-----C-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----4264  
 -----A-----T-----G-----C-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----C-----T-----CA-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----AAT-----T-----A-----G-----G-----T-----T-----C-----A-----4972  
 -----A-----T-----C-----G-----A-----T-----T-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----C-----T-----CA-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----AAT-----T-----A-----G-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----4970  
 -----A-----G-----C-----G-----A-----CA-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----R-----T-----A-----G-----R-----T-----T-----C-----AR-----G-----4455  
 -----A-----G-----C-----C-----A-----CA-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----G-----C-----A-----C-----A-----4748  
 G-----A-----G-----C-----A-----TA-----C-----C-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----T-----A-----G-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----4899  
 -----A-----G-----C-----GC-----A-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----T-----CA-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----4985  
 -----A-----G-----C-----G-----A-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----C-----T-----CA-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----4811  
 -----T-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----C-----CA-----C-----G-----G-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----4629

MAC.US.x.239 Pol	AAGCAATGAATCACCACTGAAAATCAAAATAGATAGAATCAGGGAACAGCAAATTCAGTAGAACCATAGTATTAAATGGCAGTTCATTGCATGAATTTAAAGAAGGGGAGGAATAGGGGATGACTCCAGCAGAAAAGATTAAATTAACATGATCACTACAGAACAA	5152
	E A M N H L K N O I D R I R E O A N S V E T I V L M A V H C M N F K R R G G I G D M T P A E R L I N M I T T E Q	
A.CI.88.UC2	.....-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-.....	5235
A.DE.x.BEN	.....-A-G-G-AG-T-A-G-T-A-G-A-C-G-.....	5235
A.DE.x.PE12 KR KRCC	.....-T-A-C-G-AGC-T-A-G-G-A-A-G-A-.....	5203
A.FR.00.LA38	.....-T-A-C-G-AGC-A-A-G-G-A-A-G-A-.....	5233
A.FR.01.LA42	.....-T-A-C-G-AGC-A-A-G-G-A-A-G-AG-C-.....	5214
A.FR.02.LA36gomM	.....-C-T-A-C-G-AGC-A-A-G-G-A-A-G-A-C-.....	5224
A.FR.03.LA37	.....-T-A-C-G-AGC-T-A-G-G-A-A-G-A-C-.....	5224
A.FR.96.LA40	.....-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-CA-A-G-G-A-.....	5230
A.FR.98.LA39	.....-T-A-C-G-AG-T-A-C-G-A-A-G-A-.....	5105
A.FR.98.LA41	.....-T-A-C-G-AG-T-A-C-G-CA-A-G-A-.....	5234
A.GH.x.GH1	.....-T-A-G-G-AG-T-A-G-G-A-A-A-.....	4679
A.GM.87.D194	.....-T-A-G-G-AG-T-A-G-G-A-A-A-.....	4679
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	.....-T-A-G-G-AG-T-A-G-G-A-A-G-A-.....	4676
A.GM.x.MCN13	.....-T-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-A-A-A-.....	4680
A.GW.86.FG clone NIHZ	.....-T-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-A-A-A-.....	4673
A.GW.87.CAM2CG	.....-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-A-A-A-.....	5244
A.GW.x.MDS	.....-C-T-A-C-G-AG-T-A-T-G-A-A-A-.....	4679
A.IN.07.NNVA	.....-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-A-A-A-.....	5229
A.IN.95.CRIK 147	.....-T-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-A-A-A-.....	4980
A.JP.08.NMC786 clone 41	.....-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-G-CA-A-G-A-.....	5231
A.PT.x.ALT	.....-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-A-A-G-A-.....	5228
A.SN.85.ROD	.....-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-A-A-A-.....	4681
A.SN.86.ST JSP4_27	.....-T-A-C-G-AGC-T-A-G-G-CA-A-A-C-.....	4680
B.CI.88.UC1	.....-C-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-TA-A-G-AG-T-.....	5216
B.CI.x.20 56	.....-C-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-TA-A-G-AG-T-.....	5211
B.CI.x.EHO	.....-C-T-T-A-C-G-AG-T-A-T-G-GTA-A-G-AG-T-.....	5206
B.FR.00.LA44	-R.....-C-T-T-A-G-C-G-AG-T-A-T-G-GTA-A-G-AG-T-.....	5216
B.FR.98.LA43	.....-C-T-T-A-G-C-G-AG-T-A-T-G-GTA-A-G-AG-T-.....	5214
B.GH.86.D205 ALT	.....-C-T-T-A-C-G-AG-T-A-T-G-GTA-A-G-AG-T-.....	5208
B.JP.01.IMCJ KR020_1	.....-C-T-T-A-C-G-AG-T-A-T-G-GTA-A-G-AG-T-.....	4358
G.CI.92.Abt96	-T.....-T-T-A-G-A-A-T-A-T-A-T-A-A-.....	4562
AB.CM.03.03CM 510 03	.....-C-T-A-C-G-AGC-T-A-Y-GTR-A-G-AG-T-.....	4347
H2 01 AB.CI.90.7312A	.....-T-T-A-C-G-AG-T-A-T-G-GTA-A-AG-T-.....	5217
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20	.....-C-T-T-A-C-G-AG-T-A-T-G-GTA-A-G-AG-T-.....	5217
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01	-G.....-C-T-T-A-C-G-AG-T-A-T-G-GTA-A-G-AG-T-.....	5216
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	.....-C-T-T-A-C-G-AG-T-A-T-G-GTA-A-G-AG-T-.....	5222
U.CI.07.071C TNP3	.....-C-T-T-A-C-G-AG-T-A-T-G-C-A-G-G-A-.....	4667
U.FR.96.12034	.....-C-T-T-A-G-G-AG-T-A-G-G-A-A-G-A-.....	4714
U.US.08.NWK08	.....-C-T-A-T-A-G-T-A-G-G-AA-C-G-A-.....	4588
MAC.US.x.17EC1	.....CG.....C.....	5152
MAC.US.x.251 IA11	.....CG.....C.....	5151
MAC.US.x.251 32H PJ5	.....CG.....C.....	5153
MAC.US.x.251 BK28	.....CG.....C.....	5128
MAC.US.x.MM142 IVMXX	.....CG.....C.....	4638
MNE.US.82.MNE 8	.....T-A-C-G-AG-T-A-G-G-TA-A-G-.....	4620
MNE.US.x.MNE027	.....T-A-C-G-AG-T-A-G-G-TA-A-G-.....	4620
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-GT-C.....-T-T-G-C-C-A-T-A-G-A-G-.....	4272
SMM.SL.89.SIVsmLIB1	-G.....-C-T-T-G-CC-C-A-T-A-G-A-G-.....	4230
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	.....-C-T-T-C-G-AG-T-A-T-GTA-CC-G-AG-.....	4232
SMM.SL.92.SL92B	-C-G-CTTA.....-T-T-G-AA-C-A-A-A-G-G-G-.....	4583
SMM.US.04.G078	.....-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-G-C-A-.....	4412
SMM.US.04.G932	.....-C-T-T-A-C-G-AG-T-A-G-G-A-G-.....	4401
SMM.US.04.M919	.....-C-T-T-A-CC-G-T-A-G-G-A-G-T-.....	4406
SMM.US.04.M922	.....-C-T-T-A-CC-G-T-A-G-G-A-G-T-.....	4407
SMM.US.04.M923	.....-C-T-T-A-CC-G-T-A-G-G-A-G-T-.....	4406
SMM.US.04.M926	.....-T-T-A-G-G-T-A-G-G-A-G-G-.....	4406
SMM.US.04.M934	.....-T-T-A-G-G-T-A-G-G-A-G-G-.....	4404
SMM.US.04.M935	.....-C-T-T-A-CC-G-T-A-G-G-A-G-T-.....	4407
SMM.US.04.M940	.....-T-T-A-G-G-G-T-A-G-G-G-A-.....	4412
SMM.US.04.M946	.....-T-T-A-G-G-G-T-A-G-G-G-A-.....	4405
SMM.US.04.M947	.....-C-T-T-A-C-G-G-T-A-G-G-A-T-.....	4406
SMM.US.04.M949	.....-T-T-A-G-G-G-T-A-G-G-C-A-.....	4400
SMM.US.04.M950	.....-T-T-A-G-G-G-T-A-G-G-C-A-.....	4405
SMM.US.04.M951	.....-T-T-A-G-G-A-T-A-G-G-C-A-.....	4409
SMM.US.04.M952	.....-T-T-T-G-G-A-T-A-G-G-G-A-.....	4405
SMM.US.05.D215	.....-T-T-A-G-CC-C-G-A-T-G-A-TG-C-.....	4406
SMM.US.06.FTQ	.....-T-T-A-G-CC-C-G-A-T-G-A-TG-C-.....	4434
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	.....-C-T-T-A-CC-G-C-T-A-G-C-A-G-T-.....	5142
SMM.US.06.GU212	.....-T-C-T-T-A-CC-G-C-T-A-G-C-A-G-T-.....	4398
SMM.US.x.F256_H4	.....-G-C-T-T-A-CC-G-T-A-G-C-A-G-T-.....	5140
SMM.US.x.H9	.....-G-C-T-T-A-CC-G-T-A-G-C-A-G-T-.....	4625
SMM.US.x.PBJA	.....-G-C-T-T-A-CC-G-T-A-G-C-A-G-T-.....	4918
SMM.US.x.PGM53	.....-C-T-T-A-CC-G-T-A-G-C-A-G-T-.....	5069
SMM.US.x.SME543	.....-C-T-T-A-CC-G-T-A-G-C-A-G-T-.....	5155
SMM.US.x.PE600.CG7G	.....-C-T-T-A-CC-G-T-A-G-C-A-G-T-.....	5141
STM.US.89.STM_37_16	.....-C-T-T-A-G-CC-G-C-T-A-T-CA-TG-C-.....	4799

MAC.US.x.239 Pol	GAGATACAATTTCAACAACTCAAAAACTCAAAATTTAAAAATTTTCGGGTCTATTACAGAGAAGGCAGAGATCAACTGTGGAGGGACCCGGTGGAGCTATTGTGAAAGGGGAAGGAGCAGTCATCTTAAAGGTAGGGACAGACATTAAAGGTAGTCCAGAGAAGAAAGGC 5322	E I Q F Q Q S K N S K F K N F R V Y Y R E G R D Q L W K G P G E L L W K G E G A V I L K V G T D I K V V P R R K A		
A.CI.88.UC2	-A-C-T-C-A-G-T-T-C-A-C-A-C	G-A-C-T-A-A-C-G-A-G	AG-C-G	4505
A.DE.x.BEN	-A-C-T-C-A-G-T-T-T-A-C-A	G-A-T-T-A-C-G-A-G	AG-C-G	4505
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-A-C-T-C-C-G-T-A-C-T	G-A-T-T-G-A-C-G-A-T	AG-C-G	5373
A.FR.00.LA38	-A-C-T-C-A-C-T-T-AC-C	G-A-T-G-A-C-G-A-C	AG-C-G	5386
A.FR.01.LA42	-A-C-T-C-G-T-T-AC-C-A	G-A-T-G-A-C-G-A-C	AG-C-G	5384
A.FR.02.LA36comM	-A-C-T-C-G-C-T-A-C-T	G-T-A-T-G-A-C-G-A-C	AG-C-G	5394
A.FR.03.LA37	-A-C-T-C-G-T-T-A-C-T	G-G-A-T-G-C-G-A-C	AG-C-G	5394
A.FR.96.LA40	-A-C-T-C-G-T-T-C-T	G-G-A-T-T-G-C-G-A-C	AG-C-G	5400
A.FR.98.LA39	-A-C-T-C-A-C-T-T-C	G-G-A-T-T-G-A-C-G-A-C	AG-C-G	5375
A.FR.98.LA41	-A-C-T-C-G-C-T-T-C	G-G-A-T-T-G-A-C-G-A-C	AG-C-G	5404
A.GH.x.GH1	-A-C-T-C-A-G-T-T-T-C-C-A	G-G-A-T-T-A-A-C-G-A-C	AG-C-G	4849
A.GM.87.D194	-A-C-T-C-A-G-T-T-T-A-C-A	G-G-A-T-T-A-C-G-A-C	AG-C-G	4849
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-A-C-T-C-G-T-T-A-C-T	A-G-C-A-T-T-G-C	AG-C-G	4846
A.GM.x.MCN13	-A-C-T-C-G-C-T-T-A-C-T	G-G-A-T-T-G-A-C-G-A-C	AG-C-G	4850
A.GW.86.FG clone NIHZ	-A-C-T-C-G-T-T-A-C-T	G-G-A-T-T-G-A-G-C-G-A-C	AG-C-G	4843
A.GW.87.CAM2CG	-A-C-T-C-G-C-T-T-A-C-T	G-T-A-T-T-G-A-C-G-A-C	AG-C-G	5414
A.GW.x.MDS	-A-C-T-C-G-C-T-T-A-C-T	G-T-A-T-T-G-C-G-A-C	AG-C-G	4849
A.IN.07.NNVA	-A-C-T-C-G-C-T-T-A-C-T	G-T-A-T-T-G-A-C-G-T-C	AG-C-G	5399
A.IN.95.CRIK 147	-A-C-T-C-G-C-T-T-A-C-T	G-T-A-T-T-G-A-C-G-A-C	AG-C-G	5150
A.JP.08.NMC786 clone 41	-A-C-T-C-A-G-T-T-T-C-A	G-G-A-T-T-A-C-G-A-C	AG-C-G	5401
A.PT.x.ALT	-A-C-T-C-A-T-T-TG-C-C	G-G-A-T-T-A-C-G-C	AG-T-G	5398
A.SN.85.RDD	-A-C-T-C-G-C-T-T-A-G	G-T-A-T-T-G-A-C-G	AG-C-G	4851
A.SN.86.ST JSP4_27	-A-C-T-C-G-T-T-AC-C	G-G-A-T-T-G-A-C-G	AG-C-G	4850
B.CI.88.UC1	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A	C-C-A-T-T-C-A	G-C-A-A	5386
B.CI.x.20 56	-A-CTTC-G-T-T-C-C-A	C-C-A-T-T-C-G	G-C-A-A	5381
B.CI.x.EHO	-A-C-T-C-A-T-T-C-C	C-C-A-T-T-T	A-C-A-A	5376
B.FR.00.LA44	-A-CTTC-A-T-T-C-C-A	C-C-A-T-T-T	G-C-A-A	5386
B.FR.98.LA43	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A	C-C-A-T-T-T	G-C-A-A	5384
B.GH.86.D205 ALT	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A	C-C-A-T-T-A	A-C-A-A	5378
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-A-C-T-C-A-T-T-G-T-C	C-C-A-T-T-T	A-C-A-A	4528
G.CI.92.Abt96	-A-CTTC-A-T-T-C-C-A	C-G-C-A-T-T	A-C-A-T	4732
AB.CM.03.03CM 510 03	-A-G-CTTC-G-T-T-C-C-A-Y	C-C-A-T-T-A	R-A-C-A	4517
H2 01 AB.CI.90.7312A	-A-CTTC-G-T-T-C-C-A	C-C-A-T-T-A	G-G-C-A	5387
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-A-CTTC-G-T-T-C-C-A	C-C-A-T-T-G	G-G-C-A	5387
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-A-CTTC-G-T-T-C-C-A	C-C-A-T-T-G	G-G-C-A	5386
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-A-CTTC-A-T-T-C-C-A	C-C-A-T-T-T	G-G-C	5392
U.CI.07.071C TNP3	-A-C-C-A-T-T-C-C	C-C-A-G-C-A	A-A-A	4837
U.FR.96.12034	-A-C-T-C-T-T-T-C-A	C-A-C-A-CA-CT-C-A	G-C-T-A-T	4884
U.US.08.NMK08	-A-C-A-T-T-AA-T	G-C-A-C-A-CA-T-T-C-A	G-AA-T	4758
MAC.US.x.17EC1	-A			5322
MAC.US.x.251 IA11	-A			5321
MAC.US.x.251 32H PJ5	-A			5323
MAC.US.x.251 BK28	-A			5298
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-A			4808
MNE.US.82.MNE 8	-A			4790
MNE.US.x.MNE027	-A			4790
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-A-C-T-C-A-C-T-C	T-C-G-C-A-C-T-C-T	A-T-A-T	4442
SMM.LI.89.SIVsmLIB1	-A-C-T-C-A-C-T-C	T-C-G-C-A-C-T-C-T	T-T-A-A-T	4400
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-A-ACC-ACTT-A-T-C-T	C-A-A-C-T-T-C	AA-AT-T-A-A-A-T	4402
SMM.SL.92.SL92B	-A-ACC-ACTT-A-T-C-T	C-A-A-C-T-T-C	A-G-T-TG-AA-T	4753
SMM.US.04.G078	-A			4582
SMM.US.04.G932	-A			4571
SMM.US.04.M919	-A			4576
SMM.US.04.M922	-A			4577
SMM.US.04.M923	-A			4576
SMM.US.04.M926	-A			4576
SMM.US.04.M934	-A			4574
SMM.US.04.M935	-A			4577
SMM.US.04.M940	-A			4582
SMM.US.04.M946	-A			4575
SMM.US.04.M947	-A			4576
SMM.US.04.M949	-A			4570
SMM.US.04.M950	-A			4575
SMM.US.04.M951	-A			4579
SMM.US.04.M952	-A			4575
SMM.US.05.D215	-A			4576
SMM.US.06.FTQ	-A			4604
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	-A			5312
SMM.US.06.GU212	-A			4568
SMM.US.x.F258_H4	-A			5310
SMM.US.x.H9	-A			4795
SMM.US.x.PBJA	-A			5088
SMM.US.x.PGM53	-A			5239
SMM.US.x.SME543	-A			5325
SMM.US.x.PE600.CG7G	-A			5311
STM.US.89.STM_37_16	-A			4969





MAC. US. x. 239	CCCCATTTTAAAGTTCGGATGGCGATGGTGGACCTGCAGCAGAGTAATCTTCCACTACAGGAAGGAACCCATTTAGAAGTACAAGGGTATTGGCCATTTGACACCAGAAAAGGGTGGCTCAGTACTTATGCAAGTGGAGATAACCTGGTACTCAAAAGAACTTTTGGACAGA	5635
Vif	P H F K V G W A W W T C S R V I F P L Q E G S H L E V Q G Y W H L T P E K G W L S T Y A V R I T W Y S K N F W T D	
A.CI.88.UC2	CCAC G G T G A A G C A T C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G C T A G A G C C	5718
A.DE.x.BEN	CCAC G G T G A A G C A A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G C T A G A G C C	5718
A.DE.x.PE12 KR KRCC	CCA G G T G A A G C A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G C T A G A G C C	5686
A.FR.01.LA42	CCA G G T G A A G C A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G C T A G A G C C	5717
A.FR.02.LA36gomM	CCA G G T G A A G A A C T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5697
A.FR.03.LA37	CCA G G T G A A G A A C T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5707
A.FR.96.LA40	CCA G G T G A A G A A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5713
A.FR.98.LA39	CCA A A T G A A A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5588
A.FR.98.LA41	CCA A A T G A A A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5714
A.GH.x.GH1	CCAC G G T G A A G A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5162
A.GM.87.D194	CAC A A T G A A A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5162
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	CCA G G T G A A G A A C T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5159
A.GM.x.MCN13	CCA A A T G A A A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5163
A.GW.86.FG clone NIHZ	CCA A A T G A A A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5163
A.GW.87.CAM2CG	CCA A A T G A A A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5727
A.GW.x.MDS	CCA G G T G A A G A A C T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5162
A.IN.07.NNVA	CCA G G T G A A C A A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5712
A.IN.95.CRIK 147	CCA G G T G A A C A A T C C A G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5463
A.JP.08.NMC786 clone 41	CCA G G T G A A A A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5711
A.PT.x.ALT	CCA G G T G A A A A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5711
A.SN.85.R0D	CCA G G T G A A A A A C T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5164
A.SN.86.ST J5P4_27	CCA G G T G A A G A T C C G A G C A A C C A G T C T A A C T C T A A G A G C C	5163
B.CI.88.UC1	T-CCAC G G T G A C A A A G C A T C G C G A C C G G A T C T G C T C T A A C C A T A A G G A T	5699
B.CI.x.20 56	CCAC A A C T A C A A G C A T C C G C G A C C G G A C T C T A T C T A A C A A A G G G A C	5694
B.CI.x.EH0	T-CCA A A T G A A G C A A G C A C C C G G A T C T G T C T A A C C A T G A G G G A T	5689
B.FR.00.LA44	T-CCA A A T G A A G C A A G C A C C C G G A T C T G T C T A A C C A T A A G G G A C	5699
B.FR.98.LA43	T-CCA A A T G A A G C A A G C A C C C G G A C T C T A C T A A C A T A A G G A T	5697
B.GH.86.D205 ALT	T-CCAC A A T G A A G C A A G C A T C C G A A C C A C G G A T C T G C T C T A A C C A T G A G G	5691
B.JP.01.IMCJ KR020_1	T-CCA A A T G A A G C A A G C A C A C C C G G G A T C T G C T C T A A C C A T A A G A G T C A T	4841
G.CI.92.Abt96	T-CCA C A T T G A A T C A C A A G C A G A G A C C C T G G A T C A C C A G A A T A G A A A T	5045
AB.CM.03.03CM 510 03	T-CCAC R T T T A T C G C A R G C A Y C C R C A A C C A C G G A C T C T G C C T A A C C A Y G A G A T	4830
H2 01 AB.CI.90.7312A	CCAC G C T T A C C A A G C A T G C C G C A C C G G A T C T G T C T A A T A T G A G G A C	5700
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	CCAC G C T T A C C A A G C A T G C C G C A C C G G A T C T G T C T A A T A T G A G G A C	5700
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	CCAC G C T T A C C A A T A G C A T G C C G C A C C G G A T C T G T C T A A T A T G A G G A C	5699
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	CCAC G C T T A C A A G A A G C A T G C C G C A C C G G A T C T G T C T A A T A T A A G G G A C	5705
U.CI.07.071C TNP3	CAC A A C T G A A T C T G G A G A T C A G C C A G G A T T C A A C A T A G G A C T G	5150
U.FR.96.12034	CAC A A T G A A T T A A A T C A G G C C A G G A A T C T A A T T A G A G G T T	5196
U.US.08.NWK08	CCAC A G T A G C A T C A A C T T A G A C C G A A G C A A C C A C C G G G T C A C C A T T A A T A G T C A T	5071
MAC.US.x.17EC1		5635
MAC.US.x.251 1A11		5634
MAC.US.x.251 32H PJ5		5636
MAC.US.x.251 BK28		5611
MAC.US.x.MM142 IVMXX		5121
MNE.US.82.MNE 8		5103
MNE.US.x.MNE027		5103
SMM.CI.79.SIVsmCI2		4755
SMM.CI.89.SIVsmLIB1		4713
SMM.SL.92.SIVsmSL92A		4715
SMM.SL.92.SL92B		5069
SMM.US.04.G078		4895
SMM.US.04.G932		4884
SMM.US.04.M919		4889
SMM.US.04.M922		4890
SMM.US.04.M923		4889
SMM.US.04.M926		4889
SMM.US.04.M934		4887
SMM.US.04.M935		4890
SMM.US.04.M940		4895
SMM.US.04.M946		4888
SMM.US.04.M947		4889
SMM.US.04.M949		4883
SMM.US.04.M950		4887
SMM.US.04.M951		4892
SMM.US.04.M952		4888
SMM.US.05.D215		4889
SMM.US.06.FTQ		4917
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10		5625
SMM.US.86.CFU212		4881
SMM.US.x.F258_H4		5623
SMM.US.x.H9		5108
SMM.US.x.PBJA		5401
SMM.US.x.PGM53		5552
SMM.US.x.SHE543		5638
SMM.US.x.SHE60.C67G		5624
STM.US.89.STM_37_16		5282



Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, Vpx, Vif) and their corresponding nucleotide alignments. The alignments are shown as lines of characters (A, C, G, T) with dashes indicating gaps. A reference sequence is shown at the top: TAAGCGATGTCAGA...TCCCAGGGAGAGAAATCCACCTGGAAACAGTGGAGAGACAATAGGAGAGCCCTTCAATGGCTAAACAGAACAGTAGAGAGAGATAAACAGAGAGCGGTAAACACCTCAACAGGGAGCTAATTTTCAGGTTTGGCAAAGGCTTGTG 5969



Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2), Vpx end, Vpr start, and sequence alignment. The alignment shows conserved regions with gaps and specific nucleotide variations across different HIV-2 strains.

	Tat exon 1 start																								Vpr end																								
	AATAGACATGGAGACACCTTTGAGGGGACAGGAGAACTCATTAGAATCTTCAACGAGCGCTCTTATGCAATTCAGAGGCGGATGCATCTCACTCCAGAATCGGCCAACCTGGGGAGGAAATCTCTTCAGCTATACCCGCCTCTAGAAGCATGCTATAAACCATGCT 6464																																																
	N R H G D T L E G A G E L I R I L Q R A L F M H I F R E A D A I S T P E S A N L G G E E I L S Q L Y R P P L S R E A C M L * Y N T C																																																
Tat exon 1	M E T P L R E Q E N S L E S S N E R S S C I S E A D A S T P E S A N L G G E E I L S Q L Y R P P L S R E A C M L * Y N T C																																																
MAC.US.x.239	.....A.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6503
A.CI.88.UC2	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6504
A.DE.x.BEN	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6506
A.DE.x.PE12 KR KRCG	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6535
A.FR.00.LA38	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6559
A.FR.01.LA42	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6540
A.FR.02.LA36gomM	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6550
A.FR.93.LA37	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6550
A.FR.96.LA44	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6556
A.FR.98.LA39	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6431
A.FR.98.LA41	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6560
A.GH.x.GH1	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6005
A.GM.87.D194	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6005
A.GM.x.ISY 5BL 6669 85	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6002
A.GM.x.MCN13	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6006
A.GW.86.FG clone NIHZ	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5999
A.GW.87.CAM2CG	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6570
A.GW.x.MDS	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6005
A.IN.07.NNVA	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6556
A.IN.95.CRIK 147	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6306
A.JP.08.NMC786 clone 41	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6557
A.PT.x.ALI	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6554
A.SN.85.ROD	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6007
A.SN.86.ST_JSP4_27	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6006
B.CI.88.UC1	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6545
B.CI.x.20 56	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6540
B.CI.x.EH0	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6535
B.FR.00.LA44	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6545
B.FR.98.LA43	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6543
B.GH.86.D205 ALT	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6537
B.JP.01.IMCJ KR020_1	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5687
G.CI.92.Abt96	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5880
AB.CM.03.03CM 510_03	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5676
H2_01_AB.CI.90_7312A	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6546
H2_01_AB.JP.04_NNC307_20	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6546
H2_01_AB.JP.07_NNC176_01	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6505
H2_01_AB.FR.88_NNC842_10	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6531
U.CI.07.07IC TNP3	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5979
U.FR.96.12034	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6024
U.US.08.NWK08	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5894
MAC.US.x.17EC1	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6464
MAC.US.x.251 IA11	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6463
MAC.US.x.251 32H P35	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6465
MAC.US.x.251 BK28	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6440
MAC.US.x.MM142 IVMXx	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5950
MNE.US.82.MNE 8	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5932
MNE.US.x.MNE027	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5932
SMM.CI.79.SIVsmCI2	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5590
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5538
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5540
SMM.SL.92.SL92B	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5897
SMM.US.04.G078	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5724
SMM.US.04.G932	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5713
SMM.US.04.M919	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5717
SMM.US.04.M922	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5720
SMM.US.04.M923	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5719
SMM.US.04.M926	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5719
SMM.US.04.M934	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5716
SMM.US.04.M935	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5720
SMM.US.04.M940	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5724
SMM.US.04.M946	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5717
SMM.US.04.M947	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5719
SMM.US.04.M949	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5712
SMM.US.04.M950	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5716
SMM.US.04.M951	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5721
SMM.US.04.M952	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5717
SMM.US.05.D215	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5718
SMM.US.06.F10	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5746
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6455
SMM.US.86.CFU212	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5713
SMM.US.x.F236_H4	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6417
SMM.US.x.H9	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																5938
SMM.US.x.PBJA	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6231
SMM.US.x.PGN53	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6383
SMM.US.x.SW5343	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6438
SMM.US.x.pE660_C67G	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6454
STM.US.89.STM_37_16	.....-A-C CA -G-.....-A-C A-.....-C-C CC -TG- G-T-G- G-A-.....-T-T-A AA- A-A-C TG-C C-A-C G-.....-AC-C																																																6112



	Env signal peptide end	Env gp120 start	
MAC.US.x.239	TTATCGCCATCTTGCTTTAAAGTGTCTATGGATCTATTGT	ACTCTATATGTACAGCTCTTTATGGTGTACACGCTTGGAGGAATGCAGCAATTCCTCCCTTTTGTGCAACCAAGAATAGGGATACTTGGGGAACAACCTCAGTGCCTACCAGATA	6786
Env	L I A I L L L S V Y G I Y C	T L Y V T V F Y G V P A W R N A T I P L F C A T K N R D T W G T T Q C L P D N	
A.CI.88.UC2	-GCT-T-T-AT-AAC-CT-GCTTA-A-C-	-AA-A-G-T-T-C-C-G-TG-A-AT-T-C-A-A-A-G-T-T-G-C-TA-T-G-C-	6825
A.DE.x.BEN	-G-T-T-T-A-AAC-CT-GCTTAG-A-	-GC-AG-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6886
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-G-T-T-T-A-AACT-CT-GCTTA-A-C-	-G-C-A-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6848
A.FR.00.LA38	-TTTG-C-CT-A-AGCT-CT-GCTTA-A-C-	-G-C-A-A-T-T-C-CA-C-A-R-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6881
A.FR.01.LA42	-G-TA-T-T-AGCT-CT-GCTAG-A-C-	-CAAATCCAAACCC-A-A-A-T-T-C-A-C-G-A-AT-CG-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6874
A.FR.02.LA36gomM	-T-T-AA-AACT-CT-GCTT-A-C-CAAA	-AG-A-A-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6875
A.FR.03.LA37	-G-T-T-T-AT-AGCT-CT-GCTT-A-C-C-	-AAGAC-A-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6870
A.FR.96.LA40	-T-G-AGCT-CT-GCTT-A-C-	-GGGA-G-T-T-C-A-G-T-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6879
A.FR.98.LA39	-G-T-T-T-AGCT-CT-GCTT-A-C-	-C-A-A-T-T-C-CA-C-A-R-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6873
A.FR.98.LA41	-G-T-T-T-AGCT-CT-GCTT-A-C-	-C-A-A-T-T-C-CA-C-A-R-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6882
A.GH.x.GH1	G-G-T-T-G-AGCT-CT-GCTAG-A-C-	-C-A-G-T-T-C-C-G-C-TG-A-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6327
A.GM.87.D194	-G-T-T-T-AT-AACT-CT-GCTTA-A-C-	-AA-A-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6327
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-G-T-T-T-TC-AACT-CT-GCTTA-A-C-	-CAA-G-T-T-C-A-C-TG-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6324
A.GM.x.MCN13	-G-T-T-T-AGCT-CT-GCTT-A-C-	-CAAT-G-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6328
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-G-T-T-TG-A-AGCT-CT-GCTA-AC-C-	-AG-A-T-G-T-T-C-C-A-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6321
A.GW.87.CAM2CG	-T-T-CA-AGCT-CT-GCTTA-A-CAGA	-CAA-A-G-T-T-C-C-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6895
A.GW.x.MDS	-T-T-T-A-AACT-CT-GCTTA-A-CAAA	-CCACAA-A-A-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6333
A.IN.07.NNVA	-G-T-T-T-AACT-CT-GCTTA-A-CAAA	-CAA-A-A-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6881
A.IN.95.CRIK 147	-T-T-T-AT-AACT-CT-GCTTA-A-C-	-AA-A-A-T-T-C-CA-C-G-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6628
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-G-T-T-T-AGCT-CT-GCTAG-A-CAAA	-AAACAA-A-G-T-T-C-C-G-C-TG-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6885
A.PT.x.ALT	-G-TA-T-T-A-AGCT-CT-GCTAG-A-C-	-AA-A-G-T-T-C-C-G-A-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6876
A.SN.85.R0D	-T-T-T-AT-AGCT-CT-GCTAG-A-C-	-C-A-A-T-T-C-C-CA-G-AA-A-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6320
A.SN.86.ST J5P4_27	-G-T-T-G-A-AGCT-CT-GCTTA-A-C-	-GTC-A-G-T-T-C-C-G-C-TG-AA-AT-T-C-T-A-T-A-A-C-G-C-TA-T-G-C-	6328
B.CI.88.UC1	-TTTG-C-A-A-T-TCTGG-CAT	-AAG-AAAAC-T-T-C-CA-T-A-C-A-GG-T-C-CA-C-C-TGTA-C-C-	6867
B.CI.x.20 56	-TT-AC-C-A-A-TGTATG	-AA-A-T-T-C-CA-T-A-C-A-GG-T-C-GCA-C-C-TGTTG-C-G-	6856
B.CI.x.EHO	-G-TA-AC-C-A-A-TATATGG-C-	-AGAAG-T-T-C-A-C-A-AA-AT-T-C-T-GA-C-A-C-TGTA-A-C-	6851
B.FR.00.LA44	-TTTG-C-C-A-A-TATG	-AG-AG-T-T-C-CA-T-A-C-ATG-C-T-C-T-GA-C-A-C-TGTA-A-C-	6861
B.FR.98.LA43	-T-TA-GC-A-A-G-TGTG	-CAGAA-A-T-T-C-CA-T-A-A-C-A-G-C-C-CA-C-C-TGTTG-C-C-	6859
B.GH.86.D205 ALT	-T-T-GC-C-A-G-A-AG-TGTGA	-AA-A-T-T-C-CA-C-A-C-A-G-A-CA-C-C-TGTA-T-C-C-	6853
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-GCT-AC-C-A-A-CTATGG-C-	-GAGGAT-T-T-C-CA-A-A-A-G-C-A-C-TGTTG-A-C-C-	6003
G.CI.92.Abt96	-A-C-R-C-ACT-T	-CAA-T-T-T-CA-C-A-C-GG-A-T-C-T-A-C-A-C-T-A-T-T-	6199
AB.CM.03.03CM 510 03	-A-GC-C-C-A-G-T-TACA-Y-	-AA-A-A-Y-T-T-C-CA-C-G-RA-AT-Y-Y-G-Y-T-A-A-G-C-TA-T-G-C-	5986
H2 01 AB.CI.90.7312A	-G-T-T-G-AGCT-CT-GCTTA-A-C-	-CAA-G-T-T-C-C-G-C-TG-A-AT-C-T-A-C-A-C-TA-T-G-C-	6862
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-G-T-T-G-A-AGCT-CT-GCTTA-A-CACC	-AAAA-G-T-T-C-C-G-C-TG-A-AT-C-T-A-C-A-G-C-TA-T-G-C-	6865
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-G-T-T-G-A-AGCT-CT-GCTTA-A-CGCC	-AAA-A-G-T-T-C-A-G-C-TG-A-AT-C-T-A-C-A-C-TA-T-G-C-	6864
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-C-T-T-G-A-AGCT-C-CT-GCTTA-A-CACC	-AAAA-G-T-T-C-A-G-C-TG-A-AT-C-T-A-C-A-C-TA-T-G-C-	6870
U.CI.07.071C TNP3	-TC-ATGC-A-CA-GC-T-A-	-A-T-T-C-CA-C-T-A-C-A-G-A-C-T-A-A-T-C-	6295
U.FR.96.12034	-TC-A-TG-A-CA-GC-T-A-	-AG-T-T-C-CA-T-A-C-GG-A-C-A-A-C-A-A-C-T-A-T-	6340
U.US.08.NWK08	-A-G-TG-A-TACA-CT-GG-C-	-GG-G-A-T-T-C-A-C-A-A-C-GG-A-T-A-A-C-G-T-A-A-G-T-	6213
MAC.US.x.17EC1			6786
MAC.US.x.251 IA11			6785
MAC.US.x.251 32H PJ5			6787
MAC.US.x.251 BK28			6762
MAC.US.x.MM142 IVMXX			6274
MNE.US.82.MNE 8			6254
MNE.US.x.MNE027			6252
SMM.CI.79.SIVsmCI2	TG-AG-T-G-GG-C-	-AG-T-T-C-CA-C-C-A-GCC-A-A-T-C-G-A-C-G-T-A-A-C-C-	5909
SMM.SL.89.SIVsmLIB1	AG-CT-A-G-	-AG-T-T-C-CA-T-A-C-T-A-C-C-T-A-A-T-C-C-	5851
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	AG-CT-CA-A-TC-C-	-A-AG-A-T-T-C-T-T-A-C-T-A-C-C-A-A-T-G-C-	5865
SMM.SL.92.SL92B	A-A-T-G-TA-C-GG-C-	-G-A-AG-A-A-A-T-T-A-C-T-G-C-C-G-C-A-C-A-G-CGT-T-G-	6213
SMM.US.04.G078	-G-C-T-T-C-	-A-A-A-C-A-T-A-A-C-G-T-T-G-	6046
SMM.US.04.G932	-A-CT-T-C-	-T-A-A-T-C-A-AA-C-G-C-T-G-	6035
SMM.US.04.M919	-C-C-T-C-	-A-T-T-C-A-AA-C-C-C-T-G-	6039
SMM.US.04.M922	-C-C-T-C-	-C-AG-T-T-C-A-A-C-C-C-T-G-	6042
SMM.US.04.M923	GC-A-CT-TA-T	-GT-A-A-A-A-C-A-G-C-T-A-A-T-G-C-	6035
SMM.US.04.M926	-C-C-T-C-	-A-T-T-G-A-A-C-C-A-TT-T-G-	6041
SMM.US.04.M934	-A-C-T-C-	-A-T-T-A-A-C-C-T-A-A-T-G-	6038
SMM.US.04.M935	-G-C-T-C-	-A-T-T-A-A-C-C-G-T-A-T-G-	6042
SMM.US.04.M940	GC-T-AG-CT-T-C-	-AG-T-T-A-A-C-G-T-A-A-G-	6046
SMM.US.04.M946	-A-C-T-C-	-A-T-T-A-A-C-T-A-A-T-G-	6039
SMM.US.04.M947	GC-A-CT-TA-T	-GT-A-A-A-G-C-A-A-C-G-C-T-A-A-T-G-	6035
SMM.US.04.M949	GC-T-AG-C-T-C-	-A-T-T-A-A-C-G-T-A-A-T-G-	6034
SMM.US.04.M950	-C-C-T-C-	-A-T-T-C-A-T-A-C-G-T-A-T-G-	6038
SMM.US.04.M951	GC-AG-C-T-C-	-A-T-T-A-A-C-T-A-A-T-G-	6043
SMM.US.04.M952	C-T-A-C-CT-T-GG-C-	-G-A-T-T-T-A-A-A-C-T-T-T-A-T-G-	6039
SMM.US.05.D215	-A-A-AG-CT-G-T-GG-C-	-A-A-A-T-T-A-A-C-G-A-C-TTC-A-T-T-G-C-	6040
SMM.US.06.FTQ	GC-AC-CT-GCTC-A-C-	-AGAA-A-T-T-C-CA-T-C-A-C-G-C-TA-T-G-	6065
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	GC-AG-CT-TA-A-T	-GT-A-A-A-C-T-A-A-C-G-T-A-A-T-G-	6771
SMM.US.06.CFU212	GC-AG-CT-TA-A-T	-G-A-A-A-C-T-A-A-C-G-T-A-A-T-G-	6029
SMM.US.x.F256_H4	GC-AG-CT-TA-A-T-G	-GT-A-A-A-C-T-A-A-C-G-T-A-A-T-G-	6733
SMM.US.x.H9	GC-C-A-Y-CT-CA-T	-GT-A-A-A-C-T-A-A-C-G-T-A-A-T-G-	6254
SMM.US.x.PBJA	GC-A-CT-CA-T	-GT-A-A-A-C-T-A-A-C-G-T-A-A-T-G-	6547
SMM.US.x.PGM53	GC-CT-CA-T	-GT-A-A-A-C-T-A-A-C-G-T-A-A-T-G-	6705
SMM.US.x.SHE543	GC-AG-CT-TA-A-T-G	-GT-A-A-A-C-T-A-A-C-G-T-A-A-T-G-	6784
SMM.US.x.RF60.CG7G	GC-AG-CT-TA-A-T	-T-A-A-A-C-T-A-A-C-G-T-A-A-T-G-	6740
STM.US.89.STM_37_16	T-A-CT-GCTT-C-C-	-AG-G-A-A-A-G-C-T-A-T-G-	6428



MAC.US.x.239 Env
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA3660m
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 c1one 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.RDD
A.SN.86.ST JSP4\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EHO
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.87.071C TNP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 1A11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.GU212
SMM.US.x.F256\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SHE543
SMM.US.x.SHE60\_CG7G
STM.US.89.STM\_37\_16

Genomic alignment table with columns for reference sequence (G D Y S E V A L N V T E S F D A W N N T V T E Q A I E D V W Q L F E T S I K P C V K L S P L C I T M R C N K S E T) and corresponding nucleotide sequences for various HIV-2 strains. The table includes a 'V1 loop start' marker and ends with a '6956' column index.

MAC.US.x.239  
 Env  
 A.CI.88.UC2  
 A.DE.x.BEN  
 A.DE.x.PE12 KR KRCC  
 A.FR.00.LA38  
 A.FR.01.LA42  
 A.FR.02.LA36gomM  
 A.FR.93.LA37  
 A.FR.96.LA40  
 A.FR.98.LA39  
 A.FR.98.LA41  
 A.GH.x.GH1  
 A.GM.87.D194  
 A.GM.x.ISY SBL 6669 85  
 A.GM.x.MCN13  
 A.GW.86.FG c1one NIHZ  
 A.GW.87.CAM2CG  
 A.GW.x.MDS  
 A.IN.07.NNVA  
 A.IN.95.CR1K 147  
 A.JP.08.NMC786 c1one 41  
 A.PT.x.ALT  
 A.SN.85.ROD  
 A.SN.86.ST JSP4\_27  
 B.CI.88.UC1  
 B.CI.x.20 56  
 B.CI.x.EHO  
 B.FR.00.LA44  
 B.FR.98.LA43  
 B.GH.86.D205 ALT  
 B.JP.01.IMCJ KR020\_1  
 G.CI.92.Abt96  
 AB.CM.03.03CM 510 03  
 H2 01 AB.CI.90.7312A  
 H2 01 AB.JP.04.NMC307 20  
 H2 01 AB.JP.07.NMC716 01  
 H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10  
 U.CI.87.07TC TNP3  
 U.FR.96.12034  
 U.US.08.NWK08  
 MAC.US.x.17EC1  
 MAC.US.x.251 1A11  
 MAC.US.x.251 32H PJ5  
 MAC.US.x.251 BK28  
 MAC.US.x.MM142 IVMXX  
 MNE.US.82.MNE 8  
 MNE.US.x.MNE027  
 SMM.CI.79.SIVsmCI2  
 SMM.89.SIVsmLIB1  
 SMM.SL.92.SIVsmSL92A  
 SMM.SL.92.SL92B  
 SMM.US.04.G078  
 SMM.US.04.G932  
 SMM.US.04.M919  
 SMM.US.04.M922  
 SMM.US.04.M923  
 SMM.US.04.M926  
 SMM.US.04.M935  
 SMM.US.04.M940  
 SMM.US.04.M946  
 SMM.US.04.M947  
 SMM.US.04.M949  
 SMM.US.04.M950  
 SMM.US.04.M951  
 SMM.US.04.M952  
 SMM.US.05.D215  
 SMM.US.06.FTq  
 SMM.US.11.SIVsmE660 FL10  
 SMM.US.86.FU212  
 SMM.US.x.F258\_H4  
 SMM.US.x.H9  
 SMM.US.x.PBJA  
 SMM.US.x.PMG53  
 SMM.US.x.SHE503  
 SMM.US.x.SF600\_C67G  
 STM.US.89.STM\_37\_16

AGATAGATGGGGATTGACAANAATCAATAACA.....ACAACAGCATCAACAATCAACGACAGGATCAGCAAAGTAGACATGGTCAATGAGACTAGTTCTTGTATAGCCAGGATAATTC...ACAGGCT 7081  
 D R W G L T K S I T T T A S T S T T A S A K V D M V N E T S S C I A O D N C T G  
 GA--ACACCAATGCC--GCCAAC--CC--C.....G-G-C-G-C--T-C-CAACC-TT-T-CC-TAC--AA-A--A-G-TC-A-C-G-G-G-GCA-C--A--A-7111  
 GA--CCAC-ACCCC--ATCCAGG-CCT-G.....AGT-C--C-G-GAC-C-CA-T-CGC--CCTC--AA-A--A-TC-AAC-C--AAA-CA-C-CA--G--A-7175  
 -G--CA-TAACAG--GTGAGGG-GC.....A-GTCCC--G-AT-A-C-A--A--C--A--A-CA-C-GC--T-AT-7110  
 CACAG-GAACAGCAG--CGG--GGT-C.....C-GTC--ATGGC-A-CA-CAA--GG-CA-ACA-CC-A--C-CTT-C-A-A-CGC-CAA--C-C-G-7170  
 CA-C-C-ACCAT-GCC--CCCA-GCCT-T.....C-GAA-A-A-C-C-CCCA-GGA-A-A--ACTC-A-A-CG-GAAGCAA-C-C--T-A-7085  
 G-CG-AGACCAC-ACT.....T-C--C-T-G-C-TC-AACATA-A--C-A-TT-C-A-CG-AAGA-TA-C-C--T-A-7158  
 CTCA-C-AACTC-ACC.....CAT-AC-ATGACT--CCCC--GGT-T-A--GA-TC-TA-C--AA-GCAAGC--C--G-A-7147  
 -A-GTCAACAACACAG-C-A-CCCT-A.....-A-C-A-AGCA-A-AG-GAGCC--C-A--T-ACTC-A-C-CG-ACA-C--C--T-GA-7036  
 -A-CG-CAG--ACA--C--C-GCTT-G.....C-CA-AT-A-CG-AG-GCAC-ACAGCC-A-C-A-AY-C--A-C-CAAGGA-C-C--T-G-7174  
 CA-C-C-ACCAC-ACAGGG-GCA--C-GGG.....CA-C-AT-A-CG-AG-GCAC-ACAGCC-A-C-A-AY-C--A-C-CAAGGA-C-C--T-G-7174  
 GAC--CCGC-ACCCC--GTCC-C--AC-TT.....ACA-AA-AG--A-A-TC-A-C--G-G-CA-C-C--T-A-6580  
 GAGGCG-GTT-C-ACT--GCC-TCTGG.....CCT-T-A-A-A--T-GA-C-A-C--CAATT-A-C--T-AC-6580  
 -AGG-ACACAACACAC-C-C-A-GC-T-C.....C-CGTA-AT-AA-CCC--GACAGA-A-A-G--A-TCC--A-C--CG-GCAA-C--C--T-A-6602  
 CACAT-GACA--GAG--G-CA-CCA-AT.....AGCA--T--AG-CACCAA-A-G-G-CA-TC-C--C--CG-ACAA-C-C--T-A-7163  
 T--C-C-ACTATGA-A-GG-C-A-C-C-C-C.....GGCACCAGC-A--CA--TC-G-G-C-A-CAT-G-C--GGAACACA-CCA-A-G--A-TC-C-A-C--CG-GCA-C-C--T-AC-6637  
 CAGCCG-A-CAC-AG-AC-C-A-C-C-AC.....-GG-ACGTAATG-GAC-ACTGA-A-A-G--AC-C-A-C--CG-CG-GGA-C-C--T-A-7155  
 -GG-ACGCAACACCA-C-C-G-C-C.....CACA-CCACAACCGCAC-C-C-AGC-C-GT.....G-GGG-GC--CA-C-C--CCATA-A--AC-C-A-C--GCA-GCAA-C-C--T-A-6908  
 CCA-C-CACACC-GCAGGC-C-A--AGT-C.....AGCA--CTCAA-CC-C-A-A--GCGA-C-A-C--AAGGCA-C-C--CCC-GG-AC-7144  
 -G-CACAACACAT-CCCGAGCCC-GGG.....CAGC-C-G--AACAC--CC--AG-GC.....A-AGC--CA--C-C-CA--ACC-G-AGC-AGA-A-A-G--GA-C-C-A-CGC-CG-ACA-C-C--T-A-6609  
 CAGC-C-G--AACAC--CC--AG-GC.....A-A-ACACAACC-CC--CC-A--CC-C-C.....A--A-GC-AACACA-CAA-AGGA--A-TC--A-C--CG-ACA-C-C--T-A-6593  
 A-SN.86.ST JSP4\_27  
 CA--CTACTACTAAAC-T-TTA-T-C-C-T.....ATT-T-TA-TAA-C-TC-A-A-T-AC--C-C-A-C-A--TAAAA-T-C-CC--C-G-AA-7144  
 -AGA-CTAACATACT-TGC--T-CT-T.....TGTTAAT-TA-T-C-CC-ATAG-A--AG-A-T-C-A-G-TAAAGTCA-C--T-G-AA-7130  
 CTGACGTA-CAA-GA--C-CTA-GTCT-C.....G-GT-CCTCAG--TT-T-CTCAGAC-C-AC--AGA--CAAA--TCAA-T-C-GC--T-G--GA-7128  
 -GAGCAATACAC-TCTG-A-C-C-TC.....G-C-TA-T-T-T-C-CA-CAATGCCAACCTTC-A-T-C--AC-ACA-A-G-CAAA-T-C-GC--T-G--GA-7144  
 G-GGGCCAATA-CACTGTC-CCC-TCCGG-T.....G-C-CA-CA-CAATGCCAACCTTC-A-T-C--AC-ACA-A-G-CAAA-T-C-GC--T-G--GA-7133  
 -A-CCC-G--AATGCC-GT-GTA-T-CC-C.....T-AGC-T-T-CA-C-TCGTGGGC-GA-A-C-A-T-C-A-AGACC-A-C-AAAA-T-C-GC--T-G--GA-7136  
 CACAGCCAACACACC--GCCAAC-AC-TC.....C-TAAG-CA-AGT--C--GA-A-GAC-A--CCGAG-T-C-C--TA-6274  
 -A-C-A-----TC-A--GGGA-C-CC-T.....GT--CC-TG--GTTCC-C-A-TAA-ATG-TG-C-CT-AC-A-G-AGC--CCAG-CT-ATGT-C--T--TA-6494  
 CACACCCCA-AATACC--C-CGG-AT-C.....ACA-AA-AG-G-T-A-GACC--AGTAGAA-C-C--A-6239  
 CACC-CTACACC-CCA-GC-CCA-T-AC-AC.....CA--AGAGC-CA-A-GG-GGCCAGA-A-A--A-TT-C-A-C--GCG-ACA-C-C--A-7145  
 CA-C-C-AACAC-CCA-CCCT--AC-T.....A-GGGCCACAC--A-A--A-TC-C-A-C--CGAA-TA-C-GC--T-G--GA-7127  
 CA-C-C-AACAC-CCA-CTCT-AC-T.....A-GGGCCACAC--A-A--A-TC-C-A-C--CGAA-TA-C-GC--T-G--GA-7126  
 CA-C-C-AACAC-CAG-CTCT-CCC--C.....T-TC-A-C-C-A-GGC-A-A--A-TC-C-A-C--CGAA-TA-C-GC--T-G--GA-7138  
 -C-A-----G-A--GG-A-G-G.....ACAACA--GTC-A--AC--A-G-ACAT-A-G-G-T-G-AGAAA--GA-AGA-C--AG-C-A--A-6596  
 -A-A-----T-A--CAAGCA-AC.....ACAACCAACA--CGCA-A--CAGC-AC-CA-CA--A--G-A-GGAAA-T-G-GC-A-GAAA--C-AATG-CA--C-G--A-6520  
 -A-----G-----G-----7081  
 -A-----TC-----CA-G-G-C--A-G-ATG--A--A--A-----TT-T-----7077  
 -A-----T-----A-G-C--G-C-A-G--G-T--A-----A-T-T-----7079  
 -A-----TC-----ACAATA-----G-C--G-AC-T--A--A-----T-T-A-----7063  
 -A-----TC-----ACAACAGCAT--A-A--A-G-A-A-T-GT-AG-C-AG--A-----C-G-TT-T-----6576  
 -A-----TC-----C--G-AT-C-A-AA-G-AGC-A-A-AG-----A-C-----AAT-T-----6549  
 -A-----TC-----G-----AA-A--A-A-AAGG-A--AG-----A-A-----AAT-GT-----6552  
 -A-----G-----GG-AAC-CG-G.....CGACACCTACAACCACGCAACAACA--G--T-A-G--G-GTA-A--GG-G--TA-A--T--C-GAA--AGGA-T-G--T-C-AC-6231  
 -A-----G-----G-----A-A-C-T-A--C-AGA-AAT-T-C-AT-GAA-A--A-TC-A-AG-CA-A-T-C-T-T-A-6140  
 -AGA-----T-A--GG-GGG-C-G-T.....ACAACACTAGCTAG-T-A-TA--AGG--T-TT-A--TCCCT-TA-GAAT-A-C--A--TC--GA-AA-T--C-T-C--AA-6169  
 -C-----G-----G-G-GCT-T.....ACTACTAGCTACCA--T-TA-TAGCC-CTT-A-TG-TG-TAGCC-T-GG-AG-A-C-T-C--TG--C-AAGA-CA-C--T-T-A-6223  
 -C-----A-----GGGA-C.....ACAACACAAAAACAACAACAGGCC--A-G-AA-T-AG-A-GC-T-GC--AG-T-G-C-T-G--G-AGGA-CA--G-T-A-6365  
 -CCA-----C-----GGGT-T.....ACAATAAAC-----AT-GT-G-C-A-TT-A-G-A-G--CT-AA-CCGAAT-A-A-AGA-C-----AAA-T-----A-6339  
 -C-----A-----GG-AT-C-C.....ACACTCT--A-A--CA--T-A--A--AAT-C-AC--AG-TA-A--A-G-----AAATC-----T-A--C-6340  
 -C-----T-----GAATG.....ACAGCAAGGAATGCAACAGCAACAACACAG--A-AA-C-G--AGT-AT-A-T-C-CC-A-G-T-A--A-GACA--G-AAA-CA--C--C--C-6367  
 -C-----T-----G-A-C-G.....TCAACAACAATCAAAAAT--A-G--C--A-T-CAGG-T-GC-A-A-GG-T-A--C-G-C-C-----AAA-T--G-T--T-6348  
 -A-----A-----GGCATGGC.....ACC6CAACACCCCA--G-A-T-A--A-AAG-T-C-AAT-TTGA-A--T-ATCA--G-AAA-TA-C--T-----C-6351  
 -A-----A-----GG-A-CCC-T.....ACA-----C--CTGA-A--A--ATCA-----AGGA-T--G-T-----A-6324  
 -C-----A-----GGGAT-C.....ACA-----A-T-T-G--AG-A-G-T--CGCC-A-A-T-A--G-GACC--G-AA-CA-----T-----6340  
 -A-----A-----GC-A--GGGAC-C-GA-ACAGGGAACACAAACAGCAACAACCACTACGACACCTAC--A-AG-AC--A-GGA-ACA-A-T-G-GAAT--GGAAA-A-GG-CA-A-GA-A--C--AGGA-T-C--T-----A-6383  
 -A-----A-----GGGGCC-T.....ACAACAACCCCAT--T-A-AGT-A--GA-G-A-A-CG-T-CC-----TGA-C-A--ATCA-----G-AGGA-T-C--T-----A-6346  
 -A-----C-----GG-A-CG.....ACAATGAAACCAACAACAACAGAG--A-A-GGG--G--C-A-A-C-AT-C-C-A-AG-TT-A--A-G-GA-C-A--AGTTTA-----T-A--A-6354  
 -A-----A-----GGGA-GCT-T.....ACAACACCTACAC--A-AGT--AA-AT-GGA-A--A-C-G-ATCGGGACC-AG-G-T-A--A--C--AGGA-T--CA-T--G-T--A-6341  
 -A-----A-----GGGA-CCC-T.....ACA-----A-G-C-T--A--AG--A--C-GC--TTGA-A--A--AGAC-----AAGA-T-C--T-----A-6336  
 -AG-----A-----GC-A--CT-T.....C-GG-A-A--TTG-TA--GT-GTCT-A-CA--C-CGG-G-CAC-A-CA-GA-A-GAAA--C--AGGA-T-C-GC--T--AG-C-6338  
 -C-----A-----GG-A-CCC-T.....ACA-----AA-GC-A--A-C-A--GT-C--TTGA-A--A--ATCA-----G-AGGA-T-C--T-----A-6337  
 -C-----C-----GG-GT-CAGG.....ACA-----C-A-G-T--C-AGGCTA--A-CA-A-C-T-AC--G-A-G-CAAA-CA--GC-T--C-T-A-6338  
 -A-----C-----GGGCACTCGAC--A-GT--TAGCG-C-A-A-TA-A-G-AA-GTGAAA-A--C-GACC-C-CT-CAAGGTA-C-C--T-----A-6360  
 -G-----T-----GGAACCG-GGG.....ACAACAACA-----A-A--G-G-A-C--AGT-TGGC-A-A-TG-TA-A--A-G-A-C--C-AAAA-TA--G-T--G-----A-7078  
 -C-----G-----GG-A-G-C-G.....CCACCAACA-----AGA-CT-AG--A-T-A--A-AA-C-CC-CT-GAA-A--T-CGAAC-C--G-AAA-TTA-C-C--T-----A-6333  
 -G-----T-----GG-AACCG-GGG.....ACAACA-----AT--A--G-A-C-AGT-T-GC-A-A-TG-TA-A--A-G-A-C--C-AAAA-TA--G-T--G-----A-7034  
 -MC-----T-----AG-65-CC-G.....CCAACA-----CA-A-T--A-C-AC-T-C-AT-T-C-A-GG-T-A--C-G-GA-C--AAGAGTA-----T-----A-6555  
 -C-----T-----GG-A-CC-G.....CCAACAACAACAACAACA--CA-G-T--A-C-A-T-C-AT-C-C-A-GG-T-A--C-G-GA-C--AAAATTA-----T-----A-6863  
 -C-----G-----GAATGA-T.....CCAACAACAACAACAACA--A-A--A-GCC--AAG-A-G-AT-C-C-A-AG-TA-A--A-G-GA-C--AG-A-CA-----T-----A-7015  
 -G-----T-----GG-AG-GC-GAG.....ACAACAACA-----G-A-T-A--T--A--A--A-T-C-CC-A-GG-TA-A--AGG-GA-----C-AAAA-TA--G-T--G-----A-7091  
 -A-----T-----AGCG-GGG.....ACAACAACA-----T-A--A--G-A-C-AGT-T-GC-A-A-TG-TA-A--A-G-A-C--C-AAAA-TA--G-T--G-----A-7074  
 -C-----A-----GGGAA-C-GT.....TGA-----G-G-AG--G-A--G--GCC--GT-A--A--A-A-C-C--G-AGTA-CA-C-C-----T-----A-6723

Table of HIV-2 genome alignments. Columns include strain names (e.g., MAC.US.x.239, Env, A.CI.88.UC2), sequence coordinates (V1 loop end, V2 loop start), and alignment characters (A, C, G, T, -, dashes). Strains listed include MAC.US.x.239, Env, A.CI.88.UC2, A.DE.x.BEN, A.FR.00.LA38, A.FR.01.LA42, A.FR.02.LA36gomM, A.FR.03.LA37, A.FR.96.LA40, A.FR.98.LA41, A.GH.x.GH1, A.GM.87.D194, A.GM.x.ISY.SBL.6669.85, A.GM.x.MCN13, A.GW.86.FG.c1one.NIHZ, A.GW.87.CAMZCG, A.GW.x.MDS, A.IN.07.NNVA, A.IN.95.CRIK.147, A.JP.08.NMC786.c1one.41, A.PT.x.ALT, A.SN.85.RDD, A.SN.86.ST.JSP4.27, B.CI.88.UC1, B.CI.x.20.56, B.CI.x.EHO, B.FR.00.LA44, B.FR.98.LA43, B.GH.86.D205.ALT, B.JP.01.IMCJ.KR020.1, G.CI.92.Abt96, AB.CM.03.03CM.510.03, H2.01.AB.CI.90.7312A, H2.01.AB.JP.04.NMC307.20, H2.01.AB.JP.07.NMC716.01, H2.01.AB.JP.08.NMC842.10, U.CI.07.07IC.TNP3, U.FR.96.1.2034, U.US.08.NMK08, MAC.US.x.17EC1, MAC.US.x.251.1A11, MAC.US.x.251.32H.PJ5, MAC.US.x.251.BK28, MAC.US.x.HM142.IVMXX, MNE.US.82.MNE.8, MNE.US.x.MNE027, SMM.CI.79.SIVsmCI2, SMM.89.SIVsmLIB1, SMM.SL.92.SIVsmSL92A, SMM.SL.92.SL92B, SMM.US.04.G078, SMM.US.04.G932, SMM.US.04.M919, SMM.US.04.M922, SMM.US.04.M923, SMM.US.04.M926, SMM.US.04.M934, SMM.US.04.M935, SMM.US.04.M940, SMM.US.04.M946, SMM.US.04.M947, SMM.US.04.M949, SMM.US.04.M950, SMM.US.04.M951, SMM.US.04.M952, SMM.US.05.D215, SMM.US.06.FTq, SMM.US.11.SIVsmE660.FL10, SMM.US.86.CFU212, SMM.US.x.F236.H4, SMM.US.x.H9, SMM.US.x.PBJA, SMM.US.x.PGM53, SMM.US.x.SHE543, SMM.US.x.SHE60.C67G, STM.US.89.STM.37.16

MAC.US.x.239

Env
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.09.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.09.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG clone NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 clone 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.ROD
A.SN.86.ST JSP4\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EHO
B.FR.09.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.07.071C TNP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 IA11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.HM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.FR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.FZ58\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.SME60.CG7G
STM.US.89.STM\_37\_16

V2 loop end

Sequence alignment table with columns for reference sequence (CACTGTAACACTTCTGTTATCAAGAGTCTTGTGCAACAACTATTGGGATGCTATTAGATTAGTATTGTGCACTCCAGGTTATGCTTGTCTAGATGTAATGACACAAATATTCCAGGCTTTATGCCTAAATGTTCTAAGTGGTGGTCTTTCATGCACAAGGAT 7400) and various sample identifiers. The table shows nucleotide alignments with gaps represented by dashes.



Strain	Sequence Alignment	Position
MAC.US.x.239	TCACCATATGTCTGGATTGGTTTCCACTCACAAACCA . . . . . ATCAATGATAGGCCAAAGCAGGCATGGTGTGGTTGGAGAAATGGAAGGATGCAATAAAGAGGTGAAGCAGACCATTGTCAAACATCCACAGGTAT . . . . . ACTGGA . . . ACTAAC . . .	
Env	V T I M S G L V F H S Q P . . . . . I N D R P K Q A W C W F G G K W K D A I K E V K Q T I V K H P R Y . . . . . T G . . . T N . . .	
A.CI.88.UC2	-A-AC--A-CATAGG-T-T-T-GG-GTC-----CA-AA-T-GA-----C-AA-C-C-A-GA-C-GC-G-----A-C-CAGG-----C-AA-----C-T-----7749	7749
A.DE.x.BEN	-A-AC--A-A-A-G-T-----T-G-----CACA-T-G-----CC-AA-C-G-G-A-C-GC-G-----A-C-AC-----A-C-----AA-----TC-----7798	7798
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-A-AC--G-A-GAGA-G-T-----T-G-GATC-----A-A-C-A-----C-C-TG-T-----A-A-C-GC-G-----A-A-C-G-----GA-----TC-----7742	7742
A.FR.00.LA38	-A-AC--A-A-A-T-----C-G-G-----ACAC-A-C-G-A-----C-AA-C-C-A-GA-C-GC-G-----A-AG-A-C-CAG-T-----A-----AA-----7731	7731
A.FR.01.LA42	-A-AC--A-G-CAAGA-T-----C-GG-GTA-----A-G-AA-T-G-A-----AA-T-C-GC-A-C-GC-G-----A-AG-A-C-C-AG-T-----AAA-GGAGGGAACTTTG-CG-A-7738	7738
A.FR.02.LA36gomM	-G-TAT-TCTGTA--AAGA-AT-T-AC-G-.GTA-.A-AA-T-G-A-----CAA-C-G-A-C-GC-G-----A-C-A-----AA-----C-T-----7793	7793
A.FR.03.LA37	-A-AC--A-G-CAAA-T-----C-GG-GTA-----A-AA-C-GA-A-----C-C-C-G-C-G-A-C-GC-G-----A-A-A-A-----AC-----C-G-----7770	7770
A.FR.96.LA40	-A-AC-C-A-G-A-G-T-----C-G-A-G-----A-C-A-C-G-A-----C-CAA-CC-G-A-A-T-GCT-----G-A-C-C-A-G-----AA-----GGC-G-----7767	7767
A.FR.98.LA39	-A-AC-C-A-CAC-G-----C-G-AG-----A-A-C-G-A-----C-C-A-T-----C-C-GC-G-----A-A-C-CAG-----A-----A-----C-T-----7659	7659
A.FR.98.LA41	-A-AC-C-A-GCAAAGG-----G-C-G-GTG-----AACA-A-C-G-A-----CC-CA-G-C-RC-----A-A-C-G-----T-G-A-C-AMGC-----AA-----G-C-----7806	7806
A.GH.x.GH1	-A-AC-C-A-G-A-G-T-----C-G-AT-----ACA-A-T-G-A-----C-CAA-C-G-G-A-C-GC-G-----A-A-C-A-----AA-----C-T-----7215	7215
A.GM.87.D194	-A-AC--A-GCGAAGG-T-T-GG-GTC-TA-CA-AA-TGG-----CA-C-C-TA-A-C-GCGG-----A-A-C-CA-----C-GGA-----A-T-----7209	7209
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-A-AC-C-A-CCGAGA-T-----C-GAAGATC-.A-AA-C-G-A-----CC-CAA-CG-G-A-C-GC-G-----A-A-C-A-----AA-----C-T-----7215	7215
A.GM.x.MCN13	-A-AC--A-G-AAGG-T-----C-G-GTCC-.A-A-A-C-G-A-----CAA-TG-----GA-C-GC-G-----G-A-C-CA-----AA-----C-T-----7231	7231
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-A-AT--A-G-TAAG-T-----C-G-GTC-.A-AA-C-G-A-----C-A-CC-----A-C-GC-G-----G-G-----C-G-----AA-----G-AC-GGAGC-----7209	7209
A.GW.87.CAM2CG	-A-AC--A-GCAAAGG-T-----C-GG-ATC-.T-A-A-C-G-A-----C-CAA-C-C-CA-A-C-GC-G-----A-A-C-CGG-G-----AA-----C-A-----7804	7804
A.GW.x.MDS	-A-AC--A-A-A-G-T-----C-G-G-----AGA-A-T-G-A-----C-CAAG-C-C-G-AGA-C-GC-G-----A-G-A-A-A-C-----AG-----C-GT-----7272	7272
A.IN.07.NNVA	-A-ACA--C-A-C-A-G-T-----T-C-G-----ACC-A-T-GA-A-----C-CAA-C-G-----A-C-GC-G-----A-A-CAG-C-----GG-----C-T-----7793	7793
A.IN.95.CRIK 147	-A-AC--A-A-ATAAG-T-----T-C-GG-GTA-----ACA-A-T-A-A-----C-CAA-CCGG-----C-C-GC-G-----A-A-A-G-CAG-----G-G-T-----C-G-----7540	7540
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-A-AC-CC-T-A-GCAAAGG-T-----C-G-GTA-----ACAA-T-A-A-----C-CAA-CG-G-AA-G-CTGG-----AG-A-C-AAAG-----AA-----C-T-----7800	7800
A.PT.x.ALT	-A-AC--A-G-AA-A-T-----C-G-I-----A-A-A-C-G-A-----C-CAA-CG-----G-A-A-C-GC-G-----G-A-C-A-----AA-----C-T-----7779	7779
A.SN.85.RDD	-A-TGC--A-CAT-G-T-----C-CTACCAGCG-----A-A-A-C-G-A-----C-CAA-C-----A-C-GC-G-----G-A-C-CA-----GA-----C-T-----7247	7247
A.SN.86.ST JSP4_27	-A-AC-C-A-G-A-G-T-----C-G-----AGA-A-C-G-A-----C-CAA-CG-G-----A-C-G-G-----TA-C-CA-----AA-----C-T-----7225	7225
B.CI.88.UC1	-A-A-C-A-C-A-C-AA-----T-G-G-----ACC-A-C-GA-T-----C-AAG-C-TA-A-C-GG-----A-G-G-CA-----AA-----A-T-----7770	7770
B.CI.x.20 56	-A-A-C-A-C-GCGAAGA-T-----G-GG-TGTT-----G-A-C-GA-T-----C-AG-C-CA-G-C-G-GG-----A-G-G-CA-G-----AA-----TA-----7747	7747
B.CI.x.EHO	-A-GA-CCG--A-TA-TC-C-----T-G-T-----A-A-A-T-A-A-T-----C-AA-C-CA-A-C-G-----AG-----AAA-T-----A-----T-A-----A-CA-----7757	7757
B.FR.00.LA44	-A-A-C-A-GCAAAGG-T-----G-GTATC-C-----ACC-A-C-A-T-----C-AG-G-C-TA-GC-C-G-----A-A-C-----A-----GTA-----7773	7773
B.FR.98.LA43	-A-A-C-A-C-A-G-A-T-----T-G-I-----G-A-C-G-A-T-----C-AAG-T-----A-C-G-----AG-CA-A-G-----C-AATAACTG-G-T-G-A-A-----7783	7783
B.GH.86.D205 ALT	-A-GA-CCG--A-C-AC-----T-G-T-----A-G-A-C-G-A-T-----C-AAG-C-CA-C-G-----AAG-CA-A-C-G-----AA-----GGTG-A-A-----7768	7768
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-A-A-A--A-TC-AA-C-T-----G-T-----T-C-A-A-C-G-A-T-----C-C-CA-C-G-T-G-----G-CA-G-----A-----AA-----6888	6888
G.CI.92.Abt96	-T-T--A-A-GC-A-C-----T-----A-A-C-GA-T-----C-----C-----A-C-GC-G-----A-G-A-G-G-C-----C-----AA-----A-T-----7129	7129
AB.CM.03.03CM 510 03	-A-AC--C-A-C-A-G-T-----T-G-----CCGC-T-GA-----C-A-C-C-CA-A-C-G-G-----A-C-A-G-----A-C-----AG-----C-T-----6877	6877
H2 01 AB.CI.90.7312A	-A-AC-C-A-G-A-G-----T-C-G-T-----A-A-A-T-G-A-----C-CAA-CG-G-G-A-C-GC-G-----A-A-C-A-----AA-----C-T-----7780	7780
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20	-A-AC-C-A-G-A-G-----C-G-----ACA-A-T-G-A-----C-CAA-C-G-----A-C-GC-G-----A-C-A-----AC-----AC-CA-----7762	7762
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01	-A-AC-C-A-G-A-G-----T-C-G-C-----A-C-A-T-G-A-----C-CAA-C-G-G-A-C-GC-G-----A-C-CA-----T-----A-----C-A-----7755	7755
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-A-AC-C-A-G-A-G-----C-G-----A-C-T-GA-A-----C-CAA-C-G-G-A-C-GC-G-----A-C-A-----AC-----AC-A-----7785	7785
U.CI.07.071C TNP3	-A-----A-G-A-----T-G-----A-A-C-A-C-----T-G-GT-----A-G-CC-G-----A-G-A-C-G-A-----A-----TC-----7244	7244
U.FR.96.12034	-A-----A-C-A-G-----T-G-----A-AT-----A-A-T-----A-G-----AA-G-C-CC-G-----AG-C-T-A-CA-C-----A-----CA-----T-----7258	7258
U.US.08.NWK08	-A-----A-----C-T-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----AA-G-C-CC-G-----AG-C-T-A-CA-C-----A-----CA-----T-----7155	7155
MAC.US.x.17EC1	-----CA-----G-----G-----G-----A-----G-----7716	7716
MAC.US.x.251 1A11	-----CA-----T-----G-----A-----A-----7712	7712
MAC.US.x.251 32H PJ5	-----C-----T-----A-----A-----7714	7714
MAC.US.x.251 BK28	-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----7698	7698
MAC.US.x.HM142 IVMXX	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----7211	7211
MNE.US.82.MNE 8	-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----7187	7187
MNE.US.x.MNE027	-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----7187	7187
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-G-C-A-G-A-----C-G-T-----A-A-A-A-T-----G-----G-----GAA-A-C-G-----G-A-C-----C-----AG-GGA-C-T-----6866	6866
SMM.SL.89.SIVsmLIB1	-T-T-A-A-A-A-T-T-C-----G-T-----A-A-A-A-T-----G-----G-----GAA-A-C-G-----C-G-A-T-A-----C-----A-----C-T-----6772	6772
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-T-T-A-A-A-A-T-T-C-----G-T-----A-A-A-A-T-----AA-GG-G-----A-G-T-G-----A-AG-A-C-----C-----A-----C-----A-----T-----6801	6801
SMM.SL.92.SL92B	-A-T-C-T-T-G-----C-----A-G-A-GA-A-----C-----AA-GG-G-----GA-A-T-GC-G-----T-A-A-A-----C-----C-----C-T-----7152	7152
SMM.US.04.G078	-A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-A-----C-----GT-----A-G-C-CC-G-----A-AG-----A-----G-----A-----T-----6997	6997
SMM.US.04.G932	-A-G-C-T-T-G-----T-----A-G-A-A-----C-----CC-AA-----G-C-GA-G-C-G-----C-G-A-AA-T-----A-----A-----T-----6974	6974
SMM.US.04.M919	-A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-A-----C-----AA-----T-CA-G-C-G-----G-A-----A-----C-----A-----6996	6996
SMM.US.04.M922	-A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-A-----C-----GT-----G-C-AC-G-CC-G-----G-A-----A-----C-----AC-----T-----6999	6999
SMM.US.04.M923	-A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-A-----C-----CC-GT-----G-C-A-GG-C-CCGG-A-----G-C-T-G-----G-----T-----6983	6983
SMM.US.04.M926	-A-G-C-T-T-G-----G-----A-G-A-GA-A-----A-----GC-----A-A-C-G-A-----G-A-----A-----A-----T-----6992	6992
SMM.US.04.M934	-A-G-A-C-T-T-G-----G-----A-G-A-GA-A-----C-----GT-----GA-----G-A-----G-A-C-----T-----A-----AATGAA-----A-----G-----6965	6965
SMM.US.04.M935	-G-----A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-GA-A-----C-----G-G-----AC-G-C-CC-G-----A-G-A-----A-----AA-----GGA-----T-----6975	6975
SMM.US.04.M940	-G-----A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-GA-A-----C-----G-G-----GT-----GA-----G-A-C-G-A-----T-GA-----AATAATAA-----C-----T-----7024	7024
SMM.US.04.M946	-G-----A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-GA-A-----C-----GT-----GA-----G-A-C-----T-----A-----A-----CAG-----C-----A-----6990	6990
SMM.US.04.M947	-G-----A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-GA-A-----C-----CC-----CGA-G-C-CC-G-A-----G-A-----T-G-----G-----G-----T-----6986	6986
SMM.US.04.M949	-G-----A-G-C-T-T-G-----G-----A-G-A-A-----A-G-C-T-CA-G-----G-C-----A-A-----CC-G-----C-G-A-----T-G-----G-----G-----C-----T-----6973	6973
SMM.US.04.M950	-G-----A-G-C-T-T-G-----G-----A-G-A-----C-----C-----A-G-----T-----CA-G-----G-A-----C-----G-----A-----A-----AA-----GA-----7698	7698
SMM.US.04.M951	-G-----A-G-C-T-T-G-----G-----A-G-A-----C-----A-G-----GT-----GA-----G-A-----C-----G-----CGC-----A-----G-----CA-----7697	7697
SMM.US.04.M952	-G-----A-G-C-T-T-G-----G-----A-G-A-----C-----G-----GC-----GAA-A-----G-G-A-----G-A-----C-----G-----CA-----7692	7692
SMM.US.05.D215	-G-----A-G-C-A-C-T-TG-----G-----A-G-A-T-G-A-----C-----C-----C-----G-----ATC-G-----G-C-G-A-----T-G-----A-----C-----T-----6973	6973
SMM.US.06.FTq	-G-A-C-A-C-A-C-C-T-T-C-----G-----A-C-A-GA-A-----C-----T-----GC-----ATCA-T-----GC-G-----A-A-----C-----A-----A-----C-----T-----6998	6998
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	-A-----A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-A-----C-----C-----GC-----A-G-C-CC-G-A-----G-A-----T-G-----G-----G-----T-----7710	7710
SMM.US.86.GFU212	-A-----A-G-A-----T-G-----C-----A-G-A-GA-----C-----C-----A-----GC-----AA-G-C-CC-G-A-----G-A-----T-G-----A-----G-----C-----T-----6968	6968
SMM.US.x.F258_H4	-A-----A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-A-----C-----C-----A-----G-----GC-----AA-G-C-CC-G-A-----G-A-----T-G-----A-----G-----T-----7666	7666
SMM.US.x.H9	-A-----A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-A-----C-----C-----G-----A-----G-C-CCG-A-----GMAM-T-G-----AG-----T-----7193	7193
SMM.US.x.PBJA	-A-----A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-A-----C-----C-----G-----AA-G-C-CC-G-A-----G-A-----T-G-----G-----G-----T-----7495	7495
SMM.US.x.PGM53	-A-----A-G-A-----T-G-----C-----A-G-A-A-----A-C-----C-----GT-----GA-----G-C-CC-G-----G-A-----A-----A-----G-----T-----7650	7650
SMM.US.x.SHE543	-A-----A-G-C-T-T-G-----C-----A-G-A-A-----C-----C-----GC-----GA-----G-C-CC-G-----A-----A-----T-G-----G-----T-----7723	7723
SMM.US.x.BE600_C67G	-A-----A-G-C-T-T-G-----C-----T-----G-A-----A-A-----T-----C-----G-----GA-----G-A-----T-----G-----A-----T-----G-----7706	7706
STM.US.89.STM_37_16	-A-C-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----G-----GA-----GA-----T-----G-----A-----T-----G-----A-----C-----T-----7355	7355

MAC.US.x.239
Env
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA48
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 c1one 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.R0D
A.SN.86.ST JSP4\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EHO
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.87.071C TMP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NMK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 IA11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.HM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.FR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SHE543
SMM.US.x.RF600\_C67G
STM.US.89.STM\_37\_16

Table with columns for sequence alignment (A-Z) and a column for position (1-895). Rows correspond to the accession numbers listed on the left. The table shows the alignment of each sequence to a reference sequence, with gaps indicated by dashes. The reference sequence is: AATACTGATAAAATCAATTG...AGGCTCTGGAGGAGGA...GATCCGGGAAGTTACCTCATGTGGACAAATTGCAGAGGAGAGTTCCTCTACTGTAATAAATGGTTTCTAAATGGGTAGTAAGATAGGAATACAGCTAACCAGAA...CC 7865

	V4 loop end	V5 start	
MAC.US.x.239	AAAGGAACAGCATAAAAAGGAATACGTGCCATGT	CATATTAGACAATAATCAACACTTGGCATAAAGTAGGCAAAAATGTTTATTGGCTCCAAGAGAGGGGAGACCTCAGCTGTAACTCCACAGTGACCACTCTCATAGCAACATAGATTGGATTGAT	8025
Env	K E Q H K R N Y V P C H I R Q I I N T W H K V G K N V Y L P P R E G D L T C N S T V T S L I A N I D W I D		
A.CI.88.UC2	C-GC-C-C-T-C	C-A-G-G-T-T-C	G-C-T-A
A.DE.x.BEN	CGGC-C-C-T	C-A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.DE.x.PE12 KR KRCC	CAC-GC-C-T-CA-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.FR.00.LA38	C-GC-C-T-CA-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.FR.01.LA42	C-C-C-C-T-CA-G-G	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.FR.02.LA36gomM	C-GC-C-T-CA-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.FR.03.LA37	C-GC-C-T-CA-G-G	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.FR.96.LA40	C-C-C-T-CA-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.FR.98.LA39	A-G-GTTC-T-CC-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.FR.98.LA41	C-GC-C-T-CA-G-G	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.GH.x.GH1	C-GC-C-T-CA-G-G	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.GM.87.D194	C-GC-C-T-CA-G-G	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	C-GCAT-C-T-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.GM.x.MCN13	C-CC-C-T-A-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.GW.86.FG c1one NIHZ	C-GC-C-T-CA-G-G	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.GW.87.CAM2CG	C-GC-C-T-CA-G-G	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.GW.x.MDS	TGGCAC-T-A-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.IN.07.NNVA	CGCAT-C-T-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.IN.95.CRIK 147	TGGC-C-T-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.JP.08.NMC786 c1one 41	GTGC-C-T-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.PT.x.ALT	C-GC-C-T-CA-G-G	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.SN.85.R0D	C-CC-C-T-CA-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
A.SN.86.ST JSP4_27	C-GCAT-C-T-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
B.CI.88.UC1	C-G-A-T-A-G-C	C-A-G-G-T-T-C	G-G-A
B.CI.x.20 56	C-G-A-T-A-G-C	C-A-G-G-T-T-C	G-G-A
B.CI.x.EHO	G-A-T-C-T-C	C-C-G-G-T-T-C	G-G-A
B.FR.00.LA44	G-T-A-G-C	C-C-G-G-T-T-C	G-G-A
B.FR.98.LA43	C-GC-C-T-CA-G-G	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
B.GH.86.D205 ALT	CGG-A-T-C	C-C-G-G-T-T-C	G-G-A
B.JP.01.IMCJ KR020_1	G-AA-T-G-C	C-C-G-G-T-T-C	G-G-A
G.CI.92.Abt96	GA-A-G-C	C-A-G-G-T-T-C	G-G-A
AB.CM.03.03CM 510 03	CGCAC-T-C	G-C-A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
H2 01 AB.CI.90.7312A	C-GCAC-T-C	G-C-A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	C-GC-C-T-CA-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	C-GC-C-T-CA-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	C-GCAC-T-CA-G-C	A-A-G-G-T-T-C	G-G-A
U.CI.87.071C TNP3	T-GA-G-GA-C	A-C-T-A-T-C	G-G-T-T-A
U.FR.96.12034	G-GA-G-GA-G	C-T-T-C	C-A-G-G-T-T-A
U.US.08.NWK08	GCA-GA-A-G-G	C-T-T-C	C-A-G-G-T-T-A
MAC.US.x.17EC1	A		
MAC.US.x.251 IA11	A		
MAC.US.x.251 32H PJ5	G-G		
MAC.US.x.251 BK28	G-G		
MAC.US.x.MM142 IVMXX	G-G	A	C
MNE.US.82.MNE 8	C		
MNE.US.x.MNE027	C		
SMM.CI.79.SIVsmCI2	GG-A-AA-G-G-CAT	T-CA-C	A-T-C
SMM.FR.89.SIVsmLIB1	C-A-G-GA-G	A-C-T-T-C	C-G-G-T-T-C
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	G-A-AGC	T-A-T-C	C-C-G-G-T-T-C
SMM.SL.92.SL92B	C-A-T-A-T	C-C-G-G-T-T-C	G-G-A
SMM.US.04.G078	G-A-G-AA-G	A-T-A-T	C-G-G-T-T-C
SMM.US.04.G932	GA-A-C	C-T-T-C	A-G-G-T-T-C
SMM.US.04.M919	G-A-GAAG-G	A-G-G	A-A-G-G-T-T-C
SMM.US.04.M922	G-A-GAAG-G	A-G-G	A-A-G-G-T-T-C
SMM.US.04.M923	G-A-GAAG-G	A-G-G	A-A-G-G-T-T-C
SMM.US.04.M926	CGA-GAGAG-G	A-C-T-A	GG-G-G-T-T-C
SMM.US.04.M934	T-A-G-GAA-G	A-T	G-G-T-T-C
SMM.US.04.M935	G-A-GAGAG-G	A-G	G-G-T-T-C
SMM.US.04.M940	A-C-G	C-T-T	A-G-G-T-T-C
SMM.US.04.M946	T-A-G-GAA-G	G-A-T	G-G-T-T-C
SMM.US.04.M947	G-A-TA	A-GG	G-G-T-T-C
SMM.US.04.M949	GA-A-T	AA-C-T	T-T-A-G
SMM.US.04.M950	T-A-G-GA-G	G-AA-T	A-G-G-T-T-C
SMM.US.04.M951	T-C	C-T-T	A-G-G-T-T-C
SMM.US.04.M952	T-GA-GA-AG-G	A-T	A-G-G-T-T-C
SMM.US.05.D215	CGG-A-A-A	CAC-T	G-C-C-T-T-C
SMM.US.06.FTq	GGCA-AA-A	G-C-T-C	T-C-C-G-G-T-T-C
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	G-GA-G-GA-G	G-AA-T	T-C-C-G-G-T-T-C
SMM.US.86.CFU212	T-A-GAG-AGA-G	C-T	C-G-G-T-T-C
SMM.US.x.F258_H4	G-A-G-A-G	G-G-AA	C-T-T-C
SMM.US.x.H9	G-A-GAT-CC-G	AA-T	R-G-G-T-T-C
SMM.US.x.PBJA	G-A-GA-A	G-GA-T	G-G-T-T-C
SMM.US.x.PGM53	GGCA-CG-AA	G-G-A-C	T-G-G-T-T-C
SMM.US.x.SME543	GGCA-G-A	G-GA-T	T-G-G-T-T-C
SMM.US.x.DE600_C67G	G-GA-G-GA-G	AA-T	T-G-G-T-T-C
STM.US.89.STM_37_16	A-A-A-G	T-A-C-C-C	G-G-T-T-A



	V5 end	Rev Responsive Element (RRE) start	
MAC.US.x.239	.....GGAAACCAACTAATATCACCATGAGTGCAGAGGTGGCAACAAGTGTATGCAATGGAAATGGGAGATTATAAATAGTAGAGATCACTCCAATTTGGCTTGGCCCCACAGATGGAAGAGGTACACT...8151		
Env	G N Q T N I T M S A E V A E L Y R L E L G D Y K L V E I T P I G L A P T D V K R Y T		
A.CI.88.UC2	T-G-C-C-T-T-T-T	C-A-T-AG-AA-A-A-TT-C	8163
A.DE.x.BEN	AAATC-G-CT-T-C-T-T-T	C-A-T-CA-GA-TT-C	8209
A.DE.x.PE12 KR KRCC	T-G-A-GC-T-T-T-T	C-A-T-TCA-AA-A-TT-C	8153
A.FR.00.LA38	AAAAAC-TG-T-A-T-T-T-T	C-A-T-TCA-AA-A-TT-C	8223
A.FR.01.LA42		C-A-T-ACA-A-A-TT-C	8155
A.FR.02.LA36gomM	CTAAATGATAATCGGACCAAGGA-TCTT-T-A-T-T-T-T	C-A-T-AA-C-C-GTC	8231
A.FR.03.LA37	AA-GGG-GC-C-T-T-T-TG	C-A-T-TCA-AA-A-TT-C	8199
A.FR.96.LA40	AAGG-G-A-T-T-T-T	C-A-T-TCA-AA-A-TT-C	8181
A.FR.98.LA39	AAAGG-G-A-T-T-T-T	C-A-T-TCA-AA-A-TT-C	8067
A.FR.98.LA41	ACCAAT-G-A-T-T-T-T	T-A-T-AA-AA-A-TT-C	8223
A.GH.x.GH1	AAAGG-G-A-T-T-T-T	C-A-T-GAGA-A-A-TT-C	7629
A.GM.87.D194	T-G-C-C-T-T-T-T	C-A-T-AA-AA-A-TT-C	7623
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	AT-TG-G-A-T-T-T-T	C-A-T-CA-AA-A-TT-C	7629
A.GM.x.MCN13	TA-T-A-T-T-T-T	C-A-T-CA-AA-A-TT-C	7636
A.GW.86.FG c1one NIHZ	TC-A-T-T-T-T-T	C-A-T-TCA-AA-A-TT-C	7620
A.GW.87.CAM2CG	AAATC-GAC-A-T-T-T-T	C-A-T-TCA-AA-A-TT-C	8221
A.GW.x.MDS	T-G-A-A-T-T-T-T	C-A-T-CCA-AA-A-TT-C	7686
A.IN.07.NNVA	T-A-A-G-T-T-T-T	C-A-T-CCA-AA-A-TT-C	8201
A.IN.95.CR1K 147	ATA-AT-AG-G-A-T-T-T-T	C-A-T-TCA-AA-A-TT-C	7966
A.JP.08.NMC786 c1one 41	TC-A-T-T-T-T-T	T-A-T-TCA-AA-A-TT-C	8211
A.PT.x.ALT	T-G-A-T-T-T-T-T	C-A-T-TCA-AA-G-A-TT-C	8193
A.SN.85.R0D	AAAT-T-G-A-C-T-T-T-T	C-A-T-AA-AA-A-TT-C	7655
A.SN.86.ST JSP4_27	T-G-A-T-T-T-T-T	T-A-T-CCA-AA-A-TT-C	7639
B.CI.88.UC1	GATGGCAAT-AT-C-A-G-C-T-T	T-A-T-GA-AA-A-TT-C	8196
B.CI.x.20 56	A-C-G-G-C-T-T-T	T-A-T-AA-AA-A-TT-C	8161
B.CI.x.EH0	AAG-TT-T-T-T-T	T-A-T-AG-AA-A-TT-C	8171
B.FR.00.LA44	GTAATTCACCGAATCGGACTAGCAATCATACCGAAGTACT-C-TTGT-CC-A-T-T-T	T-A-T-CA-AA-A-TT-C	8228
B.FR.98.LA43	G-AACC-C-G-TT-G	T-A-T-AA-AA-A-TT-C	8200
B.GH.86.D205 ALT	AAAC-GTACC-C-TT-TG	C-A-T-AA-AA-A-TT-C	8185
B.JP.01.IMCJ KR020_1	AAATAAT-TAGG-A-T-T	T-A-T-AG-AA-A-TT-C	7302
G.CI.92.Abt96	TCTAAC-T-A-TTT-C	T-A-T-AA-AA-A-TT-C	7570
AB.CM.03.03CM 510 03	T-G-C-C-T-T-T-T	C-A-T-AC-AAAG-TT-C	7288
H2 01 AB.CI.90.7312A	GGTAAT-GG-A-T-T-T-T	C-A-T-TCA-AA-A-TT-C	8200
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	AAATAT-G-A-C-T-T-T-T	C-A-T-GA-AA-A-TT-C	8182
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	AAATA-T-G-G-A-C-T-T-T	C-A-T-GA-AA-A-TT-C	8175
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	AC-T-G-A-C-T-T-T	C-A-T-AG-AA-A-TT-C	8199
U.CI.07.071C TNP3	AC-T-G-A-C-T-T-T	T-T-AG-AA-A-TT-C	7678
U.FR.96.12034	AA-T-A-T-T-T-T	T-T-CCA-AA-A-TT-C	7693
U.US.08.NWK08	AC-T-G-A-C-T-T-T	T-T-AG-AA-A-TT-C	7605
MAC.US.x.17EC1			ACT 8154
MAC.US.x.251 IA11		A-G	ACT 8150
MAC.US.x.251 32H PJ5			ACT 8152
MAC.US.x.251 BK28	G	G	ACT 8136
MAC.US.x.HM142 IVMXX	G	A	ACT 7649
MNE.US.82.MNE 8			ACT 7628
MNE.US.x.MNE027			ACT 7631
SMM.CI.79.SIVsmCI2	ATGGG-T-T-T-T	A-T-A	ACT 7307
SMM.SL.89.SIVsmLIB1	AAT-TG-T-G	A-T	CTCG 7222
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	A-TG-G-C	A	7251
SMM.SL.92.SL92B	AAC-TG-G-C	A	7602
SMM.US.04.G078	AAT-TG-G-C	A	7447
SMM.US.04.G932	AA-T-G-C-T-A	CC	7424
SMM.US.04.M919	AAC-G		CAAC 7449
SMM.US.04.M922	AC-TG-G-C	A	CAAC 7449
SMM.US.04.M923	AA-TG-G-C	A	CAAC 7436
SMM.US.04.M926	AA-TG-G-C	A	CAAC 7445
SMM.US.04.M934	GAGAAG-ACT-C	T	CAAC 7421
SMM.US.04.M935	AC-TG-G-C	A	CAAC 7428
SMM.US.04.M940	AA-TG-G-C	GG-GT-A	ACT 7477
SMM.US.04.M946	CATAAAAAT-AACT-C	A	ACT 7449
SMM.US.04.M947	AACT-TGTG-C	A	CAAC 7433
SMM.US.04.M949	A-T-G-C-T	GG-GT-A	7408
SMM.US.04.M950	AGCAA-TG-G-C	A	CAAC 7436
SMM.US.04.M951	AA-G-T-G-C-C-T-T	GG-GT-A	7426
SMM.US.04.M952	AA-G-T-G-C	A	ACA 7425
SMM.US.05.D215	AACT-TG-G	G-C	7423
SMM.US.06.FTQ	AACT-TG-G	A	CAAG
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	AACT-TG-G	A	T-T-CTCT 7439
SMM.US.06.CFU212	AACT-TG-G	A	CAAC 8163
SMM.US.x.F258_H4	A-C-TG-G-C	A	CACT 7421
SMM.US.x.H9	C-TA-G-C	A	CAAC 8119
SMM.US.x.PBJA	C-TG-G-C	A	CAAC 7945
SMM.US.x.PGM53	C-TG-G-C	CA	CACT 8103
SMM.US.x.SHE543	AACT-TG-G	A	CAAC 8176
SMM.US.x.P690_CG7G	AACT-TG-G	A	CAAC 8199
STM.US.89.STM_37_16	AAT-TG-G-C	TGCA	7805

Accession	Sequence	Position
MAC.US.x.239	ACTGTTGGCACCTCAAGAAATAAAGAGGGGCTTTGTGCTAGGGTCTTGGGTTTCTCGAACCGCAGGTTCTGCAATGGCGCGCGTCTTACGCTGACCGCTCAGTCCCGAACTTTATTGGCTGGGATAGTGCAGCAACAGCAACAGCTGTTGGACGTGGTCAA	8321
Env	T G G T S R N K R G V F V L G F L G F L A T A G S A M G A A S L T L T A Q S R T L L L A G I V Q Q Q Q Q L L D V V K	
A.CI.88.UC2	TCG-C-C-AG-G-G-C-T-G-C-C	8330
A.DE.x.BEN	TCAACTC-AGTG-G-C-T-G-C	8376
A.DE.x.PE12 KR KRCC	TC-CTC-ACAG-G-C-T-G-AG-C	8320
A.FR.00.LA48	TC-CTC-ACAG-G-C-T-G-C	8320
A.FR.01.LA42	TCCCTCAGC-G-G-C-T-G-C	8322
A.FR.02.LA36gomM	TCCAATCA-GAG-CC-T-G-C	8398
A.FR.03.LA37	TT-AC--AAGG-C-C-C-T-CG-C	8366
A.FR.96.LA40	TCC-CTC-AGTG-G-C-G-T-G-C	8348
A.FR.98.LA39	TCAACTC-AAGG-C-C-G-T-G-C	8348
A.FR.98.LA41	T-CTC-CTC-GAGG-C-C-T-G-C	8393
A.GH.x.GH1	TCG-CTC-AGTG-G-C-T-G-C	7796
A.GM.87.D194	TCG-CTC-AGTG-G-C-T-G-C	7790
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	TC-CTC-AGGG-C-C-G-T-GC-C	7796
A.GM.x.MCN13	TC-ACTC-AATG-G-C-G-T-G-C	7803
A.GW.86.FG clone NIHZ	TC-CTCA-CAG-C-C-T-G-C	7787
A.GW.87.CAM2CG	CC-CTCA-GGG-CC-T-CG-A	8388
A.GW.x.MDS	TC-CTCA-GGG-C-C-T-G-C	8753
A.IN.07.NNVA	TT-C-T-AGG-C-A-C-T-G-C	8368
A.IN.95.CRIK 147	G-C-GGG-C-C-T-GC-C	8131
A.JP.08.NMC786 clone 41	TC-ACTC-GGG-C-C-T-GC-C	8378
A.PT.x.ALT	TC-ACTC-AAGG-G-C-T-G-C	8360
A.SN.85.R0D	TC-CTCA-GGG-C-C-T-G-C	7822
A.SN.86.ST JSP4_27	TC-CTC-AGTG-G-C-T-A-C	7806
B.CI.88.UC1	TCAACG-AC-G-G-T-AA-G	8363
B.CI.x.20 56	TCA-CA-AC-G-G-GG-T-AA-G	8328
B.CI.x.EHO	TCA-TG-AC-G-G-T-AC-T	8338
B.FR.00.LA44	TCAACGAAAC-GGG-T-ACC-C	8405
B.FR.98.LA43	TCA-AG-AAC-G-G-T-AA-G	8367
B.GH.86.D205 ALT	TCA-TA-AAC-G-G-T-AA-G	8352
B.JP.01.IMCJ KR020_1	TCA-CG-AC-G-G-T-ACCG-T	7469
G.CI.92.Abt96	TC-TG-AC-G-A-T-A-T	7737
AB.CM.03.03CM 510 03	TCAACTC-AGGG-G-T-A-A	7455
H2 01 AB.CI.90.7312A	TC-ACTC-GGGG-C-T-A-C	8367
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20	TC-CTC-AGGG-C-G-T-ACC-C	8349
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01	TCCTC-AGGG-C-C-ATA-GC-C	8339
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	TC-CTC-AGAG-C-G-T-G-A	8366
U.CI.07.071C TNP3	TCA-CA-AC-G-G-G-A-G	7845
U.FR.96.12034	TCA-TG-AC-G-G-G-A-A	7860
U.US.08.NWK08	TCA-CA-AC-G-G-G-A-C	7772
MAC.US.x.17EC1		8321
MAC.US.x.251 IA11		8317
MAC.US.x.251 32H PJ5		8319
MAC.US.x.251 BK28		8303
MAC.US.x.MM142 IVMXX		7816
MNE.US.82.MNE 8		7795
MNE.US.x.MNE027		7798
SMM.CI.79.SIVsmCI2	CAACGC-TG-C-G-T-A	7474
SMM.SL.89.SIVsmLIB1	ACCA-T-ATG-CCA	7383
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	ACCA-T-AG-G-A-G	7418
SMM.SL.92.SL92B	ACAA-T-AG-G-A-A	7769
SMM.US.04.G078	AC-T-T	7614
SMM.US.04.G932	AC-CT-G-G	7591
SMM.US.04.M919	AC-A-T-G-G	7616
SMM.US.04.M922	C-T-G-G	7616
SMM.US.04.M923	AC-TG-G-G	7603
SMM.US.04.M926	ACCA-TG-G-G	7612
SMM.US.04.M934	C-A-TG-G-G	7588
SMM.US.04.M935	AC-TG-C-G-G	7595
SMM.US.04.M940	A-T-G-G-G	7641
SMM.US.04.M946	C-TG-G-G	7616
SMM.US.04.M947	ACC-TG-C-G	7600
SMM.US.04.M949	A-T-G-G	7575
SMM.US.04.M950	AC-A-TG-G-G	7603
SMM.US.04.M951	GG-ACC TCA-G-G	7596
SMM.US.04.M952	AC-A-TG-G-G	7592
SMM.US.05.D215	ACACAG-C-A-G-A	7590
SMM.US.06.FTq	TAACG-AC-G-G-T-G-C	7606
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	AC-TG-G-G	8330
SMM.US.06.GU212	AC-ACT-GC-G	7588
SMM.US.x.F258_H4	AC-TG-G-G	8286
SMM.US.x.H9	AC-TG-G-G	7810
SMM.US.x.PBJA	AC-TG-G-G	8112
SMM.US.x.PGM53	AC-TG-G-G	8267
SMM.US.x.SME543	AC-TG-G-G	8343
SMM.US.x.PE600.CG7G	AC-TG-G-G	8326
STM.US.89.STM_37_16	AC-A-T-C-G	7972

Table of HIV-2 genome sequences with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239), nucleotide alignments (R, Q, Q, E, L, L, R, L, T, V, W, G, T, K, N, L, O, T, R, V, T, A, I, E, K, Y, L, K, D, Q, A, Q, L, N, A, W, G, C, A, F, R, Q, V, C, H, T, T, V, P, W), and accession numbers (e.g., 8479, 8488, 8534).

MAC.US.x.239	CAAGTCTAACACCAAAGTGGAAACAATGAGACTTGGCAAGAGTGGGAGCAAAAGTTGACTTCTTGGAAAGAAATATAACGCCCTCTAGAGGAGGACAAATTAACAAGAGAAGAACATGTGAATTAACAAAAGTGAATAGCTGGGATGTTTGGCAATGGTTT	8649
Env	A S L T P K W N N E T W Q E W E R K V D F L E E N I T A L L E E A Q I Q Q E K N M Y E L Q K L N S W D V F G N W F	
A.CI.88.UC2	ACTC-T -T-GA -AT -A -G-A -AAA-C-A -CCG -A-C-A -G-C -C-GTCAAAG-T -A -T -A -T -C -C -C	8658
A.DE.x.BEN	ACTC-T -T-GC -A -AT -A -G-A -AA-C-A -CCG -A-C-A -G-C -C-GTCAAAGTT -A -A -C -A -T -A -T -C	8704
A.DE.x.PE12 KR KRCC	AC-CA -GT -TG-T -CAT -G -G-A -A-A-C -AACCC -GA-C-A -G-C -C-GTAGATCGT -C -A -C -A -T -A -T -C	8648
A.FR.00.LA38	AT-CT-G -TG-T -G-A -CAT -A -G-A -A -A -A -CCG -A-C-A -G-C -C-GTCAAAGT -A -A -T -A -T -C	8723
A.FR.01.LA42	AT-CCA -CT -TG-T -CAT -A -A -A -A -AA -CCG -A-C-A -G-C -C-GT-AT-AGT -C -C -A -G -A -T -C	8650
A.FR.02.LA366omM	-TTCCCT -A -TG-T -G -AT -A -GC -A -A -A -C -AA -CCG -A-C-A -G-C -C-GT-AGAG-T -AC -G -A -T -C -C	8726
A.FR.03.LA37	ACTC-T -GCGT -TG-T -CAT -A -A -A -A -C -CG -CA-C-A -G-C -C-GTCAAAGTT -C -G -G -A -T -C -C -G	8694
A.FR.96.LA40	-A-GAC -TGCT -G -CAT -A -C -A -AAACC -A -CCG -A-C-A -G-C -C-GT-TA-AAT -AC -C -G -A -T -C -C	8676
A.FR.98.LA39	ATTCCA -TG-T -C -A -AT -G -G -A -AGA -A -C -CG -A-C-A -G-C -C-GTCAAAGT -AC -A -C -G -A -T -C	8562
A.FR.98.LA41	ACTCCT -TG-T -G -A -CAT -A -G -A -A -A -A -CCG -A-C-A -G-C -C-GTCAAAGT -A -A -C -A -T -C -C	8707
A.GH.x.GH1	ATTCT -T -TG -C -AT -A -G -A -AAA-C-A -CCG -A-C-A -G-C -C-GTCAAAGTT -AC -A -T -A -T -C -C	8124
A.GM.87.D194	ACTCCT -TG-C -AT -A -G -A -AAA-CGA -CC -A-C-A -G-C -C-GTCAAAGTT -AC -C -G -A -T -C -C	8118
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	AC-CCT -TG-T -CAT -A -A -A -A -AC -AA -CCG -A-C-A -G-C -C-GT-AGAGTT -AC -C -G -A -T -C -C	8124
A.GM.x.MCN13	AT-CT -G -TG-T -AT -G -A -A -AG-C-AA -CCG -GA-C -G-C -C-GTCAA-AAT -AC -A -G -A -T -C -C	8131
A.GW.86.FG.c1one NIHZ	AT-CCT -G -TG-T -AT -G -A -A -A -A -A -CCG -A-C -G-C -C-GTCAAAGT -AC -A -G -A -T -C -C	8115
A.GW.87.CAM2CG	AGTC-T -TG-T -AT -A -G -A -A -A -A -A -CCG -A-C -G-C -C-GTCAAAGTT -A -A -C -G -A -T -C -C	8716
A.GW.x.MDS	GTTCCG -GA -TG-T -G -A -AT -G -G -A -A -A -CCG -A-C -G-C -C-GTCAAAGT -A -A -C -G -A -T -C -C	8181
A.IN.07.NNVA	AT-CCT -GT -T -A -AT -G -CA -A -A -A -CCG -CA-C -G-C -C-GTCAAAGTT -AC -C -G -G -A -T -C -C	8696
A.IN.95.CRIK 147	ATTCTCT -G -TG-T -A -AT -A -T -A -A -A -A -CCG -A-C -G-C -C-GTCAAAGTT -AC -C -G -A -G -T -C -C	8459
A.JP.08.NMC786.c1one 41	AC-CT -GT -TG-T -G -T -CAT -A -C -A -A -ACC -AA -CCG -A-C -G-C -C-GT-AAAAAT -AC -A -C -T -A -T -C	8708
A.PT.x.ALT	ACTCCT -A -TG-T -G -CAT -G -G -A -A -A -C -A -CCG -A-C -G-C -C-GT-AA-AGT -ACG -G -A -T -C -C	8688
A.SN.85.ROD	ATTCTCT -G -TG-C -G -AT -G -G -A -AAA-C-A -CCG -A-C -G-C -C-GTAAAAATT -AC -C -G -A -T -C -C	8150
A.SN.86.ST JSP4_27	AC-CCT -G -TG-T -CAT -A -G -A -A -CGAA -CCG-AA-C-A -G-C -C-GT-AAAGTT -AC -C -G -A -T -C -C	8134
B.CI.88.UC1	A -C -C -C -G -C -G -A -CAT -A -C -C -AAAGCGA -CA -T -C -C -CGG -AT -A -A -G -A -A -T -C -C	8691
B.CI.x.20 56	A-TC -C -C -C -C -CAG -CAT -A -GC -A -GAG -CC -A -T -C -CAAT -AT -A -G -A -G -A -G -A -T -C -C	8656
B.CI.x.EHO	A-TCC -T -AG -G -C -T -CAT -A -C -A -A -GC -A -CCG -A -T -C -AAAT -A -A -G -A -A -T -C -C	8666
B.FR.00.LA44	A -C -C -CA -T -T -G -T -CAT -A -GC -A -A -ACC -AA -CCG -A-C -G-C -CAAT -GT -G -A -G -A -T -C -C	8733
B.FR.98.LA43	A -C -CC -CA -G -T -GGT -CAT -A -C -G -A -AAG -C -CA -A -T -C -CAAT -T -G -A -G -A -T -C -C	8695
B.GH.86.D205 ALT	A -CC -C -T -T -T -CAT -A -C -A -AAAG -A -CC -T -C -G -T -GT -A -T -G -A -A -G -A -T -C -C	8680
B.JP.01.IMCJ KR020_1	A -A -T -C -T -C -G -CAT -A -GC -A -AAAC -CCG -T -T -AAAT -AT -A -T -G -A -G -AG -CA -G -G -A -A -C -C -C -A -T -T -C	7797
G.CI.92.Abt96	A -CAT -GGAG -C -A -T -AT -A -A -AAAGC -A -CA -T -G -C -C -C -CGG -AT -A -A -G -A -A -T -G -G -A -A -A -A -T -C -C	8077
AB.CM.03.03CM 510 03	A-TCCT -G -T -C -G -AT -A -GC -A -GA -CCG -GA-C-A -G-C -C-GTCAA -TT -AC -G -A -T -C -C -A -C -C	7783
H2 01 AB.CI.90.7312A	AC -CT -G -TG-T -G -CAT -G -C -A -AAA -C -AA -CCG -GA-C -G-C -C-GT -AAAGT -AC -C -G -A -T -C -C	8695
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	AC-CT -GG -TG-C -G -CAT -G -C -A -AA -C -AA -CCG -A-C -G -C -C-GT -AAAGTT -AC -C -G -A -T -C -C	8677
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	AC -CT -GG -TG-C -G -CAT -G -C -A -AA -C -AA -CCG -A-C -G -C -C-GTATAAGTT -AC -C -G -A -T -C -C	8667
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	AC -T -G -T -A -G -CAT -G -C -A -AAC -C -AA -CCG -A-C -G -C -C-GT -AAAGT -AC -G -C -G -A -T -C -C	8694
U.CI.87.071C TNP3	ATTCT -CA -TG-C -CAT -G -G -A -AGT -A -AA -AGA -G -T -T -T -AT -G -A -A -T -A -A -T -C -G -A -A -A -T -T -C	8173
U.FR.96.12034	AC-CAT -GCA -T -T -G -CAT -G -A -AA -A -A -A -TC -CAC -C -C -AA -T -G -C -A -T -G -A -A -T -C -G -A -A -A -A -C -C -C	8188
U.US.08.NWK08	AC-CAT -GCA -T -T -G -CAT -G -A -AA -A -A -A -TC -CAC -C -C -AA -T -G -C -A -T -G -A -A -T -C -G -A -A -A -A -C -C -C	8100
MAC.US.x.17EC1	-----T-----	8649
MAC.US.x.251 IA11	-----G-----	8645
MAC.US.x.251 32H PJ5	-----G-----	8647
MAC.US.x.251 BK28	-----G-----	8631
MAC.US.x.HM142 IVMXX	-----G-----	8144
MNE.US.82.MNE 8	-----A-----	8123
MNE.US.x.MNE027	-----T-----	8126
SMM.CI.79.SIVsmCI2	AC-C-T-GCA -TG-T -T -AT -A -AAT -A -GAGAGATC -G-C -CT -AATCAT -G -A -A -A -T -G -G -A -A -C -C	7802
SMM.89.SIVsmLIB1	A-CAT-CA -T-T-G-AT -A -AA-G -A -CAGATC -C-T-C -CAAT-AT -A -A -A -A -T -G -G -A -A -C -C	7711
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	ATTCT-G -G-T -T -AT -A -AA-G -G -C -T -G-C -CTGA-GT -A -A -C -A -T -G -G -A -A -C -C	7746
SMM.SL.92.SL92B	AC -TGTC -G-C -AT -A -A -AA -A -A -C -A -C -A -G-C -TCAA-GT -G -A -G -C -A -G -A -A -A -A	8097
SMM.US.04.G078	AT-CT-G -G-T -T -AT -C -A -A -C -A -ATC -A -G-C -T-AGA-GT -G -A -A -G -C -A -T -G -G -A -A	7942
SMM.US.04.G932	AT-C-T -T -TG-C -T -CAT -A -AAA -A -A -TC -A -G-C -T-CTAA-GT -A -A -C -G -A -T -G -G -A -A	7919
SMM.US.04.M919	-CTCCT-GGTC -TG-T -AT -G -A -A -A -C -A -C -C -A -G-C -TCAA-AT -G -A -A -G -A -T -G -G -A -A	7944
SMM.US.04.M922	-CAT-GCTG -T -T -G -A -AT -A -AAA -C -CA -C -A -G-C -TCAA-AT -G -A -A -G -A -T -G -G -A -A	7944
SMM.US.04.M923	AC-C-T-G -TG-C -AT -A -AAA -C -GA -C -A -G-C -TCAA-AT -G -A -A -G -A -T -G -G -A -A	7931
SMM.US.04.M926	AT -G-T -G-C -AT -A -A -A -TC -A -G-C -T-AG -A -A -A -A -T -G -G -A -A -C -C	7940
SMM.US.04.M934	GT -GGTG -G-C -AT -A -A -A -TC -T -G-C -T-AG -A -A -A -T -G -G -A -A -C -C	7916
SMM.US.04.M935	A-CAT-GGTG -T -T -G -AT -G -A -AA -GC -C -A -G-C -TCAA-AT -G -A -A -G -G -C -A -T -G -G -A -A	7923
SMM.US.04.M940	AT-CCT -T -TG-T -T -AT -C -A -A -A -TC -A -G-C -CTTGA-GT -G -A -A -G -GG -C -A -T -G -G -A -A	7969
SMM.US.04.M946	AT -GGT -G-C -AT -A -A -A -TC -T -G-C -T-AG -A -A -A -T -G -G -A -A -C -C	7944
SMM.US.04.M947	A-CAT-G -G -T -T -AT -A -AA -C -C -A -G-C -TCAA-AT -G -A -A -G -C -G -A -T -G -G -A -A	7928
SMM.US.04.M949	AC -T -G -T -TG-T -T -AT -C -GC -A -C -TC -A -G-C -C-G-AT-G -A -A -G -G -C -A -TC -G -G -A -A	7903
SMM.US.04.M950	GT -T -G -TG -G -A -AT -A -A -C -C -T -G-C -T-AG -A -A -A -T -G -G -A -A -C -C	7931
SMM.US.04.M951	AT -T -G -TG-T -T -AT -C -A -A -C -TC -A -G-C -CTTGT -AT -A -G -GG -A -A -T -G -G -A -A	7924
SMM.US.04.M952	AT -GGT -G-C -AT -A -A -C -TC -T -G-C -T-G -A -A -A -A -T -G -G -A -A -C -C	7920
SMM.US.05.D215	AT-CAT-G -T -AT -A -AA -C -T -TC -A -G-C -T-CAA -G -A -A -A -T -G -G -A -A -C -C	7918
SMM.US.06.FTq	ATTCA-CCA -G-C -AT -A -AA -C -A -CT -A -C -G-C -T-CAG-AAT -G -A -A -A -T -A -T -T -G -G -A -A	7934
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	A-CAT-GGTG -T -T -G -AT -A -AA -C -C -A -G-C -TCAA-AT -A -A -G -A -T -G -G -A -A -C -C	8658
SMM.US.86.CFU212	-A-G -G -G -T -T -CAT -C -A -A -C -ATC -A -G-C -GCTT -AT -A -A -G -G -A -A -C -C	7916
SMM.US.x.F258_H4	A-CAT-GGTG -T -T -AT -C -A -A -C -ATC -A -G-C -TCAA-AT -A -A -G -A -T -G -G -A -A -C -C	8614
SMM.US.x.H9	AC-CAT-G -T -RC -AT -Y -AAA -C -GA -C -A -G-C -TSAATYAT -G -A -A -G -AM -T -G -G -A -A -A -C	8138
SMM.US.x.PBJA	AC-CAT-G -T -C -AT -A -AAA -C -GA -C -A -G-C -TCAAATCAT -G -A -A -G -A -T -C -G -G -A -A -A -C	8440
SMM.US.x.PMG53	-CTCAT-GGTG -T -T -AT -A -AA -C -GA -C -A -G-C -TCAGGAT -G -A -A -G -A -T -G -G -A -A -A -C	8595
SMM.US.x.SHE543	ACTCAT-GGTG -T -T -G -AT -A -AG -C -A -G-C -TCAA-AT -A -A -G -A -T -G -G -A -A -A -C	8671
SMM.US.x.SHE60_C67G	A-CAT -T -TG-T -T -AT -A -AA -C -C -A -G-C -TCAA-AT -A -A -G -A -T -G -G -A -A -A -C	8671
STM.US.89.STM_37_16	ATTCT-T-GGT -GG-T -AT -A -A -G -A -A -A -TC -T -G -C -CAA -GT -A -A -T -G -G -A -T -G -G -A -A -A	8300

MAC.US.x.239
Env
Tat exon 2
Rev exon 2
A.CI.88.UC2
B.CI.x.20.56
A.DE.x.PE12\_KR\_KRCG
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY\_SBL\_6669\_85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG.clone\_NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K\_147
A.JP.08.NMC786.clone\_41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RD
A.SN.86.ST.JSP4\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20.56
B.CI.x.EHD
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205\_ALT
B.JP.01.IMCJ\_KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM\_510\_03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307\_20
H2.01.AB.JP.07.NMC716\_01
H2.01.AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.07.071C.TNP3
U.FR.96.L2034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.MM142.IVMXX
MNE.US.02.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660\_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB3A
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SMES43
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM\_37\_16

GACCTTGCTTCTGGATAAAGTATATACAATATGGAGTATATAGTTGTAGGAGTAATACTGTTAAGAATAGTGATCTATATAGTACAATGCTAGTCAAGTAAAGCAGGGGTATAGGCCAGTGTCTCTCCCAACCTCTTATTTCCAGCAGACCATATCCAACA 8819
D L A S W I K Y I Q Y G V Y I V V G V I L L R I V I Y I V Q M L A K L R Q G Y R P V F S S P P S Y F Q Q T H I Q Q
N P I S N T
N P Y P T
--TT-AA-C-C--C-A-T--G--A-A--GCT--CA-A-G-G-T-T-AG-GA-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-C--A-T-----TAC 8828
--T-AA-C-C--G-C-T--T-G--GC--A-G-A--GCT--A-A-G-G-G-T-T-AG-GA-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-C--A-T-----CA 8874
--TT-AA-C-C--T--T-G--G-A-AA--A--GCT--A-A-G-G-T-A-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-A--A-T-----CA 8818
--T-AA-C-T-C--G-C--C--A--A--G-GCT--A--A--G-G-T-A-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-CAC-A-T-G--GAG 8893
--T-AA-C-C--C--T-G--G-A-AA--A--G-GCT--A--A--GCTT-G--A-G-G-C-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-G-A-T-C--TAC 8820
--TA-GA-C-C--C--T--CC-A--A--A--G-A-TC--A-A-G-G-T-AG-GAC-T-A-C-----T-T-C-C--GG-G-A-T-C--CA 8896
--T-GA-C-C--G-C-GA--C--A--A--G-GCT--A--A--G-A-G-T-AG-GAC-T-A-C-----T-T-C-C--GG-A--A-T-C--C-AG 8864
--TT-AA-C-C--C--T-G--A--A--C--A--GCT--A--A--G-G-T-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-C--A-T-----CA 8846
--T-AA-C-C--G-C-A-T-G--C-A--A--G-A-T--CA-A--G-T-AG-G-C-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-G-T-A-T--CA 8732
--G-T-AA-C-C--C-A-T-G--TC-AA--A--G-GCT--A--A--CT-G-T-AG-G-C-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-A--A-T--CA 8891
--TT-AA-C-C--C--T--A--A--G-G-T--CA-A--G-T-T-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-C--A-T--CA 8294
--TT-GA-C-C--C--A-T--CATG--A--A--GGT--CC-A--G-G-T-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-C--A-T--CA 8268
--T-AA-C-C--C--T--CATG--A-AA--A--G-G-TC-T--A--A--G-T-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-CC--A-T--CA 8301
--T-CA-C-C--G-C-G-T--G--A--A--G-GCT--A--A--G-G-T-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-CA--A-T--CA 8285
--T-AA-C-C--C-GC-T--A--A--G-G-T--A--A--G-G-T-AG-G-C-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-A--A-T--CA 8886
--T-AA-C-C--C--T--C--A--A--G-T--A--A--G-G-T-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-A--A-T--CA 8351
--T-AA-C-C--C--T--C--A--A--G-T--A--A--G-G-T-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-A--A-T--CA 8866
--T-AA-C-C--C--T-G--GC--A--A--G-T--A--A--G-G-T-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-A--A-T--CA 8629
--T-AA-C-C--C-GA-T-G--T--AA--C--GCTC-T--A--A--G-G-T-AG-GA-T-AAG-C-----T-T-C-C--GG-C--A-T--CA 8876
--T-AA-CG-C-G-C-T--T--A--A--G-GCTC-T--A--A--G-G-G-T-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-CA--A-T--CA 8858
--T-AA-C-C--G-C-T--GCT--A--A--C--GCT--A--A--G-G-T-AG-G-C-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-A--A-T--CA 8320
--TT-AA-C-C--C--A-T-G--GCT--A--A--A--G-T--A--A--G-G-T-AG-GAC-T-AA-C-----T-T-C-C--GG-C--A-T--CA 8304
--T-CA-C-C--GGCA-C-CAGG-TA--C-A--G--A-C--T--G--A--A--C--TA-G-G--A-GAC-T-A-C-----A-C--T--ACT-A--T-C--GCA 8861
--T-CA-C-C--GGCA-C-CAGG-TA--C-G--G--A--A--T--G--A--A--C--TA-G-G--A-G-C-T-A-C-----A-C--T--ACT-A--T-C--CA 8876
--T-CA-C-C--GGCA-C-CAGG-TA--T-A--A--A--G-G-A--A--A--C--TA-G-G--A-G-C-T-A-C-----A-C--T--ACT-A--T-C--CA 8836
--T-CA-C-C--G-GGA-C-CA-GATA--C-A--G--A--T--G--G--CA--A--C--TA-G-G--A-GAC-T-A-C-----A-C--T--A-T--T-C--GCA 8903
--CA-C-C--C--A-C-T-TA--C-A--CG--AC--GT--GG--AG--A--C--T-G-G--A-GAC-T-A-C-----A-C--T--ACT-A--T-C--GCA 8865
--CA-C-C--C--A-C-T-TA--C-A--A--C--GT--G-G--AG--A--C--T-G-G--A-GAC-T-A-C-----A-C--T--ACT-A--T-C--GCA 8850
--T-CA-C-C--GC-C-ATA--T-A--G--A--A--GT--G-G-AC--A--A--C--TT-G-G--A-GAC-T-AA-C-----A-C--T--GG-T-A-T--C--CA 7967
--AA-C-C--G-T-A-CG-TT-C-TA--CC--G--G-C--G--A--A--C--G--A--G-GAC-T-A-C-----T-T-YT--T--G-T--T--GCA 8247
--TT-AA-C-C--C-GA-T--A-C--G-C--A--C--G-G-TC-T-R--CA--A--C--G--Y--AG-GAC-T-A-C-----T-T--CT--GG--G--A-T--T--CAC 7953
--TT-AA-C-C--G-C-A--T-G--A--A--G-GCTC-C--G--A--A--G--A--G-GAC-T-AAGA-C-----T-T--C--GG-C--A--T--G--CA 8865
--TT-GA-C-C--C--A--T-G--CT--A--A--G-GCTC-T--A--A--A--G--GC--T--G-GAC-T-AAG-C-----T-T--C--GG-C--A--T--G--CA 8897
--TT-GA-C-C--C--A--T-G--CTC--A--A--G-GCTC-T--A--A--A--G--GC--T--G-GAC-T-AAG-C-----T-T--C--GG-C--A--T--G--CA 8837
--TT-AA-G-C--C--A--T-G--CTC--A--A--G-GCTC-T--C--A--A--G--GC--AT--G-GAC-T-AAG-C-----T-T--C--GG-C--A--T--G--CG 8864
--T--A-C-C--G--A--G-T-C-TA--T--G--A--C--A--GGAC-T--G--A--A--G--T--AG-G-C-T-A--A--C-----T--TG--G-T-A--T--C--CG 8343
--T-CA-C-A--G-T-A--G-T-C-TA--C-G--G--A--C--A--A-AC-T--A--G--GC--T--G-GTC-T-A-A-T--C-----T--AC--G-TG-A--T--C--G 8358
--CAGC-C--C-C-C--A--CT--A--A--GGAC-T--AGT--TTA-G-C-T--G-C-----C--C--CG--G-T-A--T--G--G 8270
-----A-----G-----8819
-----A-----T-----8815
-----A-----T-----8817
-----A-----T-----8811
-----A-----T-----8314
-----G-----A-----8293
-----G-----T-----8296
--TT-A-C--G-C-A-C-CT-TATA--T--G--A--A--T--GG--A-AG--CT-A--T-AT--G--C-T-A--C-----T--C--C--G-T--T--CA 7972
--T-GA--G-A-C--G-ATGG--G--A--T--GG--G--A--T--G-A--CT--G-A--A--A--C--T--C--T--CAT--T--G--C--CA 7881
--A-C--G--C--G-TG--G-C--A--TA--G-TT--A--A--G-A--T--AG-G-C-T-CA--A--T--T--C--T--CA--T--T--C--CA 7916
--A-C--G--GA-C--G--C-T--CA--A--G-T--T--AG--G--A--T--T--C--C--A--CAT--T--G--G--G 8267
--C--C--GA-C--G--C--C--A--TT--A--A--C--G--G--T--CAG-GAC-G-TA--A--A--T--T--C--T--CAT--T--C--CA 8089
--A--A--G--T--GCT--C--GG--A--A--G--G--G--G--A--A--G--A--T--G--G--T--T--C--T--G--T--T--CC--CA 8114
--A--A--G--T--GCT--C--GG--A--A--G--G--G--G--A--A--G--A--T--G--G--A--T--T--G--G--T--T--C--GAC 8101
--AA--GA--T--ACTA--T--GGA--A--A--T--G--G--T--A--G--A--C-----T--G--G--T--T--C--GAC 8110
--A--GA--T--ACTA--T--GGA--A--A--G--G--G--T--G--A--A--C-----T--G--G--T--T--C--GAC 8086
--CA--G--GA--G--ACT--C--GG--A--A--G--G--T--GA--A--C-----T--G--G--T--T--C--G--CA 8093
--A--C--A--C--C-T-C--TA--T--G--A--A--G--G--T--G--C--A--A--T--T--G--CAT--T--C--G--A--8139
--A--A--T--A--G--T--ACT--T--GGA--A--A--G--G--T--G--A--A--C-----T--A--A--T--T--C--GA 8114
--A--GA--T--ACT--T--GGA--A--A--G--G--T--G--A--A--C-----T--GT--G-T--T--C--GA 8098
--A--C--A--C--G--T--A--TA--T--C--G--A--A--G--G--T--G--A--A--T--C-----T--GT--G-T--T--C--GT 8073
--A--GA--C--G--T--A--A--T--A--G--G--T--G--A--A--T--C-----T--A--G--T--T--CA 8101
--A--C--GA--C--G--C--C--A--T--C--T--G--G--T--G--A--A--T--C-----T--G--CAT--T--C--G--A--8094
--A--A--G--T--A--G--A--A--T--G--G--A--A--T--T--C--T--A--G--A--T--C--CA 8090
--A--C--GA--C--G--A--ACT--GT--T--G--GGAC--A--A--G--G--T--GGC-A-T--A--A--C-----T--A--CAT--T--CA 8088
--CA-G-A--G--A--G-CT-T-TC--T-C--G--A--C--G--A--A--A--G--G--T--G--A--A--C-----T--C--T--CA 8104
--A--GA--T--ACTA--T--GG--G--A--A--G--G--T--G--A--A--C-----T--G--G--T--T--C--CA 8828
--T-CA-C--G--A--G--A--A--T--T--A--A--G--G--T--G--A--A--T--T--TAA--CG--T--T--CA 8086
--A--GA--T--ACT--C--GG--A--A--G--G--T--G--A--A--T--T--T--G--G--T--T--C--CA 8784
--A--Y--A--T--ACTG--C--GGA--A--A--G--G--T--G--A--T--T--G--R-G-TY--T--C--Y-RAC 8308
--A--A--G--T--ACTG--C--GGA--A--A--G--G--T--G--A--T--T--G--G--T--T--C--GAC 8610
--A--G--T--ACT--C--GG--G--A--A--G--G--T--G--A--T--T--GT--G-T--T--C--CA 8763
--A--GA--T--ACTA--T--GG--G--A--A--G--G--T--G--A--T--T--G--G--T--T--C--CA 8841
--A--GA--T--ACTA--T--GG--G--A--A--G--G--T--G--A--T--T--G--G--T--T--C--CA 8824
--A--C--G--GA--C--A--T--A--T--G--A--G--CA--A--G--T--T--G-C-T--A--A--T--C--T--T--G-CGT--T--C--CA 8470



MAC.US.x.239
Env
Nef
Rev exon 2
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY\_SBL\_6669\_85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG.clone\_NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K\_147
A.JP.08.NMC786\_1clone\_41
A.PT.x.ALI
A.SN.85.RD
A.SN.86.ST.JSP4\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.EHO
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205\_ALT
B.JP.01.IMCJ\_KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM\_510\_03
H2.01.AB.CI.90.7312A
H2.01.AB.JP.04.NMC307\_20
H2.01.AB.JP.07.NMC716\_01
H2.01.AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.07.071C\_TNP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251\_1A11
MAC.US.x.251\_32H\_PJ5
MAC.US.x.251\_BK28
MAC.US.x.MM142\_IVMXX
MNE.US.82.MNE\_8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.LR.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmLIB2
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.6078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660\_FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB3A
SMM.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG7G
STM.US.89.STM\_37\_16

Table with columns for sequence alignment, Rev end, Nef start, and accession numbers. The table contains multiple rows of nucleotide sequences and their corresponding identifiers.

Env gp41, gp160 end

Table showing sequence alignments for Env gp41, gp160 end. Includes reference sequence TGGGAGACTTATGGGAGACTCTTAGGAGAGTGGAAAGTGGACTACTCGCAATCCCAGGAGGATTAGACAAGGGCTTGAGCTCACTCTCTTTGTGAGGGA... and various sample identifiers like MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2, etc.



MAC.US.x.239 Nef
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.FR.00.PE12 KR KRCC
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.03.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CRIK 147
A.JP.08.NMC786 c1one 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.R0D
A.SN.86.ST JSP4\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EHO
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.87.071C TNP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NWK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 IA11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.HM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.SL.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F258\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SHE543
SMM.US.x.SHE60\_C67G
STM.US.89.STM\_37\_16

Table with 3 columns: Sequence identifier, Nucleotide sequence (K L A Y R K Q N M D D I D E \* D D D . . . . . T T G T A G G G G T A T C A G T G . . . . . A G C C A A A A G T T C C C T A A G A A C A A G T T A C A A A T G G C A A T A G A C A T G T C A T T T T A T A A A A A A A A G G G G G A C T G G A A G G 9469), and Position (9466, 9512, 9468, 9510, 9470, 9525, 9514, 9490, 9380, 9508, 9829, 8926, 8911, 8951, 8935, 9515, 8980, 9495, 9258, 9493, 9511, 8949, 8949, 8951, 9424, 9389, 9399, 9466, 9431, 9425, 8530, 8897, 8513, 9428, 9410, 9400, 9427, 8994, 8993, 8941, 9469, 9465, 9467, 9451, 8964, 8943, 8946, 8612, 8525, 8540, 8920, 8762, 8739, 8764, 8743, 8751, 8760, 8736, 8743, 8795, 8764, 8748, 8729, 8751, 8750, 8740, 8735, 8754, 9478, 8736, 9434, 8952, 9406, 9491, 9474, 9120)

Accession	Sequence	Reference
MAC.US.x.239	ATTTATTACAGTGC	9639
Nef	I Y Y S A R R H R I L D I Y L E K E E G I P D W Q D Y T S G P G I R Y P K T F G W L W K L V P V N V S D E A Q E	
A.CI.88.UC2	-G-T-AGGGAT	9633
A.DE.x.BEN	-G-T-AGG-G	9679
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-G-T-AG	9630
A.FR.00.LA38	-G-T-AG	9680
A.FR.01.LA42	-G-T-AG	9631
A.FR.02.LA36gomM	-G-T-AT-G	9695
A.FR.03.LA37	-G-T-AG	9684
A.FR.96.LA40	-G-T-AG	9660
A.FR.98.LA39	-G-T-AG	9541
A.FR.98.LA41	-G-T-AG	9675
A.GH.x.GH1	-G-T-AGGGAT	9096
A.GM.87.D194	-A-T-AGGGAG	9093
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-G-T-AG	9078
A.GM.x.MCN13	-G-T-AG	9118
A.GW.86.FG c1one NIHZ	C-G-T-T-AG	8983
A.GW.87.CAM2CG	C-G-T-T-AG	9685
A.GW.x.MDS	-G-T-AG	9150
A.IN.07.NNVA	-G-T-AG	9662
A.IN.95.CR1K 147	-G-T-AG	9274
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-G-T-AGGGAG	9663
A.PT.x.ALT	-G-T-AG	9678
A.SN.85.R0D	-G-T-AG	9116
A.SN.86.ST JSP4_27	C-G-T-AT-G-G	9118
B.CI.88.UC1	-C-T-AG	9591
B.CI.x.20 56	-C-T-AG	9556
B.CI.x.EH0	-C-T-AG	9566
B.FR.00.LA44	-C-T-AG	9636
B.FR.98.LA43	-A-T-AGGA	9601
B.GH.86.D205 ALT	-G-T-AG	9595
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-C-T-AG-G	8697
G.CI.92.Abt96	-A-AG	9067
AB.CM.03.03CM 510 03	-AG-AA	8683
H2 01 AB.CI.90.7312A	-T-T-AG	9598
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20	-T-T-AG	9580
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01	-A-T-T-AG	9570
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-T-T-AG	9597
U.CI.87.071C TNP3	-A-CA	9154
U.FR.96.12034	-A-T-TTC-CAG	9163
U.US.08.NWK08	-G-T-AG-G-G	9111
MAC.US.x.17EC1	-T-	9639
MAC.US.x.251 1A11	-T-	9635
MAC.US.x.251 32H PJ5	-T-	9637
MAC.US.x.251 BK28	-T-	9621
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-T-	9131
MNE.US.82.MNE 8	-A-AG	9116
MNE.US.x.MNE027	-A-AG	9116
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-A-AG-G	8782
SMM.89.SIVsmLIB1	-C-T-CCAT-G	8695
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-T-T-AG	8710
SMM.SL.92.SL92B	-AG-G	9090
SMM.US.04.G078	-CAG	8932
SMM.US.04.G932	-AG-G	8909
SMM.US.04.M919	-A-AC	8934
SMM.US.04.M922	-AAC	8913
SMM.US.04.M923	-AC-G	8921
SMM.US.04.M926	-AC	8930
SMM.US.04.M934	-CAG	8906
SMM.US.04.M935	-AC	8913
SMM.US.04.M940	-AG-G	8965
SMM.US.04.M946	-CA	8934
SMM.US.04.M947	-AC-G	8918
SMM.US.04.M949	-A-AG	8899
SMM.US.04.M950	-GA-AG-G	8921
SMM.US.04.M951	-AG-G	8920
SMM.US.04.M952	-AG-G	8910
SMM.US.05.D215	-T-C-C	8905
SMM.US.06.FTq	-A-CAG	8924
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	-A-AG-A	9648
SMM.US.86.CFU212	-AG-AG	8906
SMM.US.x.F258_H4	-A-AG	9604
SMM.US.x.H9	-ATT	9122
SMM.US.x.PBJA	-AT	9424
SMM.US.x.PGM53	-AG	9576
SMM.US.x.SME543	-AG-A	9601
SMM.US.x.PE600_C67G	-AG-A	9644
STM.US.89.STM_37_16	-AG	9290

MAC.US.x.239 Nef
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12 KR KRCC
A.FR.00.LA38
A.FR.01.LA42
A.FR.02.LA36gomM
A.FR.93.LA37
A.FR.96.LA40
A.FR.98.LA39
A.FR.98.LA41
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY SBL 6669 85
A.GM.x.MCN13
A.GW.86.FG c1one NIHZ
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.MDS
A.IN.07.NNVA
A.IN.95.CR1K 147
A.JP.08.NMC786 c1one 41
A.PT.x.ALT
A.SN.85.RD
A.SN.86.ST JS54\_27
B.CI.88.UC1
B.CI.x.20 56
B.CI.x.EHO
B.FR.00.LA44
B.FR.98.LA43
B.GH.86.D205 ALT
B.JP.01.IMCJ KR020\_1
G.CI.92.Abt96
AB.CM.03.03CM 510 03
H2 01 AB.CI.90.7312A
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01
H2 01 AB.JP.08.NMC842\_10
U.CI.87.071C TNP3
U.FR.96.12034
U.US.08.NMK08
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 IA11
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.HM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmCI2
SMM.CI.89.SIVsmLIB1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTq
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.06.CFU212
SMM.US.x.F258\_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SHE543
SMM.US.x.SHE600\_C67G
STM.US.89.STM\_37\_16

Table with multiple columns showing sequence alignments for various HIV-2 genomes. The header includes 'TCF-1 alpha binding' and '9796'. The table contains a dense grid of nucleotide letters (A, C, G, T) and dashes representing gaps, with some numbers indicating alignment positions.

Table with 10 columns: Accession ID, Nef end region sequence, NF-κ-B-II region sequence, NF-κ-B-I region sequence, and numeric identifier. The Nef end region is underlined in the original image. Accession IDs include MAC.US.x.x.239, A.CI.88.UC2, etc.

	TATA box	3' LTR U3 end	3' LTR repeat start	TAR element start	
MAC.US.x.239	..GGGGAGTACTGGGAGGAGCCGGTCGGGAACGCC..ACTTCTTGATGTATAAATATC..ACTGCATTTTCGCTCTGTGA..TTCACTCGCTCTCGGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTAGCAGGTAGACGCTGGGTGTTCCCTGCTAGAI0065				
A.CI.88.UC2	CAA-----G-AT-----T-G-----T-A-A-AC-----G-ACC-GCT-CC--A-----T-C-----C-----A-----C-----C-----				10099
A.DE.x.BEN	CAA-----G-AT-----T-G-----T-A-A-AC-----G-ACC-GCT-CC--T-AT-----C-----A-----				10145
A.DE.x.PE12 KR KRCC	CA-----G-GT-----A-G-----T-A-A-C-----G-ACC-GCT-GC-T-AT-----C-----				10080
A.FR.00.LA38	CGA-----G-AT-----T-G-----T-A-A-TC-----G-ACC-GCT-C--AT-----C-----				10143
A.FR.01.LA42	CA-----G-AT-----TT-G-----T-A-A-C-TC-----G-ACC-GCT-GC-T-AT-----C-----				10093
A.FR.02.LA36gomM	CAT-----G-AT-----T-G-----T-A-A-AC-----G-ACC-GCT-C-T-AT-----T-----				10151
A.FR.93.LA37	CAA-----G-AT-----T-G-----T-A-A-TC-----G-ACC-GCT-GC-T-AT-----C-----				10141
A.FR.96.LA40	CA-----G-AT-----A-T-GA-----T-A-A-TC-----G-ACC-GCT-GC-T-A-----				10121
A.FR.98.LA39	CA-----G-AT-----A-----C-A-A-TC-----G-ACC-GCT-GC-T-A-----A-----				9995
A.FR.98.LA41	CAA-----G-AT-----T-G-----T-A-A-TC-----G-ACC-GCT-GC-T-AT-----C-----				10131
A.GH.x.GH1	CAA-----G-AT-----T-G-----T-A-A-AC-----G-ACC-GCT-C-TA-AT-----				9480
A.GM.07.D194	CAA-----G-AT-----T-G-----T-A-AT-CTC-----G-ACC-GCT-C-T-AT-----				9472
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	CA-----G-AT-----T-G-----T-A-A-TC-----G-ACC-GCT-GC--AT-----				9543
A.GM.x.MCN13	CA-----G-AT-----T-G-----T-A-A-TC-----G-ACC-GCT-GC-T-AT-----C-----				9583
A.GW.06.FG c1one NIHZ	CA-A-----G-AT-----T-G-----TT-A-A-TC-----G-ACC-GCT-GC-T-AT-----C-----				9339
A.GW.07.CAN2CG	CA-----G-TAT-----T-G-----T-A-A-C-TC-----TCACC-GCT-GC-T-AT-----C-----				10159
A.GW.x.MDS	CAA-----G-AT-----T-G-----T-A-A-C-TC-----G-ACC-GCT-GC-T-AT-----C-----				9525
A.IN.07.NNVA	CA-----G-AT-----T-G-----T-A-ATC-TC-----G-ACC-GCT-GC-T-AT-----C-----				10122
A.IN.95.CR1K 147	CA-----G-AT-----T-G-----T-A-ATC-TC-----G-ACC-GCT--T-AT-----C-----				9637
A.JP.08.NMC786 c1one 41	CAA-----A-AT-----T-G-----T-A-A-AC-----G-ACC-GCT-C-T-AT-----C-----				10125
A.PT.x.ALI	CA-----A-G-AT-----T-G-----T-A-A-C-C-----G-ACC-GCT-GC-T-AT-----C-----				10140
A.SN.85.R0D	CAA-----G-AT-----T-G-----T-A-AT-CTC-----G-ACC-GCT-GC-T-AT-----C-G-----				9583
A.SN.86.ST JSP4_27	CA-----G-AT-----T-G-----T-A-A-TC-----G-ACC-GCT-AC--AT-----				9584
B.CI.88.UC1	A-T-----G-AT-----TT-T-----T-AAA-CTC-----G-ACC-GCT-C-T-AT-----C-----				10060
B.CI.x.20 56	A-A-----A-AT-----T-G-----T-AAA-CTC-----G-ACC-GCT-CT-AT-----AC-----				10024
B.CI.x.EH0	AGT-----G-AT-----A-GA-----TCAAGACTC-----G-ACC-GCT-GT-AT-----C-----				10035
B.FR.00.LA44	.A-----A-AT-----T-G-----T-AAA-CTC-----G-ACC-GCT-CT-AT-----AC-----				10101
B.FR.98.LA43	.AT-----GG-AT-----TT-T-----T-AAA-CTC-----G-ACC-GCT-C-AT-----C-----				10140
B.GH.86.D205 ALT	A-T-----AG-AA-----G-TT-T-----T-AAA-CTC-----G-ACC-GCT-C-AT-----				10064
B.JP.01.IMCJ KR020_1	A-A-----A-AT-----T-G-----T-AAA-CTC-----G-ACC-GCT-C-TA-AT-----AC-----				9165
G.CI.92.Abt96	AG-----AG-TACTAT-----GA-T-T-----T-AAA-CTC-----G-ACC-GCT-GC-T-AT-----C-----				9493
AB.CM.03.03CM 510 03	A-T-----G-AT-----A-G-TT-T-----T-AAA-CTC-----G-ACC-GCT-C-T-AT-----AC-----				9089
H2 01 AB.CI.90.7312A	AGT-----G-AT-----TT-G-----T-AAGCTC-----G-ACC-GCT-C-T-AT-----				10070
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	AGT-----G-AT-----TT-G-----T-AAT-CTC-----G-ACC-GCT-C-T-AT-----				10051
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	AGT-----G-AT-----TT-G-----T-AAT-CTC-----G-ACC-GCT-C--AT-----				10042
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	AGT-----G-GT-----TT-G-----T-AAT-CTC-----G-ACC-GCT-C-T-AT-----G-----				10069
U.CI.07.07IC TNP3	AA-----AT-T-----T-GA-----T-AAA-CTC-----CAAC-GCT-C-T-AT-----				9540
U.FR.96.12034	C.CA--GA-G-GCAA--GA-GAG-CA-G-----T-AAATGATC-----G-ACC-GCT-C-T-AT-----				9594
U.US.08.NMK08	CAAT--T--AGACT--C-G-GGA-G--A-CGG-----T-A-TA-TC-----T-ACC-GCT--GCT-----A-----AC-----				9480
MAC.US.x.I7EC1	G-----G-----A-----ACTGCA-----				10065
MAC.US.x.251 I111	G-----G-----A-----ACTGCA-----T-A-G-----				10060
MAC.US.x.251 32H PJ5	G-----G-----A-----ACTGCA-----				10063
MAC.US.x.251 BK28	G-----GGG-A-----CC-GTC-----A-----ACTGCA-----				10035
MAC.US.x.MM142 IVMXX	G-----G-----A-----A-----				9557
MNE.US.02.MNE 8	G-----G-----A-----A-----				9539
MNE.US.x.MNE027	G-----G-----T-----A-----				9542
SMM.CI.79.SIVsmC12	AGT-----AT-AA-----G-T-G-----T-A-AA-CTC-----AAGC-----T-G-A-G-A-T-C-----				9147
SMM.LR.09.SIVsmL1B1	A-T-----T-----T-G-----T-CT-TC-----AACC-GCT-ACT-----A-T-----G-----				9122
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	A-T-----A-AT-----G-T-G-----T-AAA-CTC-----C-A-T-----GCACGTGAT-----				9086
SMM.SL.92.SL92B	AA-----AGTCT-----C-G-GG-AA-----CTAAACTC--TA-----ACC-GCTT-GC-----G-----TAGTA-GT-----T-A-A-A-----				9524
SMM.US.04.G078	.....				9157
SMM.US.04.G932	.....				9121
SMM.US.04.M919	.....				9159
SMM.US.04.M922	.....				9138
SMM.US.04.M923	.....				9146
SMM.US.04.M926	.....				9155
SMM.US.04.M934	.....				9131
SMM.US.04.M935	.....				9138
SMM.US.04.M940	.....				9202
SMM.US.04.M946	.....				9159
SMM.US.04.M947	.....				9143
SMM.US.04.M949	.....				9135
SMM.US.04.M950	.....				9146
SMM.US.04.M951	.....				9153
SMM.US.04.M952	.....				9135
SMM.US.05.D215	.....				9128
SMM.US.06.FTQ	.....				9149
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	G-----T-----CT-----AT-CTC-----A-----				10073
SMM.US.86.CFU212	.....				9130
SMM.US.x.F236 H4	.....				10027
SMM.US.x.H9	G-----T-----CT-----AT-CTC-----CA-----A-----				9548
SMM.US.x.PBJA	CG-----T-----CT-----G-AT-CTC-----CA-----A-----				9872
SMM.US.x.PGM53	G-----T-----CT-----AT-TC-----CA-----G-----				10002
SMM.US.x.SME543	G-----T-----CT-----AT-CTC-----CA-----				10100
SMM.US.x.pE660.CG76	G-----T-----CT-----AT-CTC-----A-----				10069
STM.US.89.STM_37_16	A-----AG-A-CTG-TG-----TT-A-TC-----CA-C-T-A-A-----A-----				9719

	TAR element end	Poly-A signal 3' LTR R repeat end 3' LTR U5 start	
MAC.US.x.239	CTCTCA.CCAGCACTTGCCGGTCTGGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTTGCTTA.AAGCCCTCTCAATAAA.GCTGCCATTTAGAAGTAAGCT.AGTGTGTGTTCCCATCTCTCTAGCCCGCCGCTGGTCAACTCGGTA	CTCTCA.CCAGCACTTGCCGGTCTGGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTTGCTTA.AAGCCCTCTCAATAAA.GCTGCCATTTAGAAGTAAGCT.AGTGTGTGTTCCCATCTCTCTAGCCCGCCGCTGGTCAACTCGGTA	10228
A.CI.88.UC2	-----TG-C-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----	-----TG-C-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----	10261
A.DE.x.BEN	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----	10308
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----	10172
A.FR.00.LA38	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	10221
A.FR.01.LA42	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	10255
A.FR.02.LA366omM	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	10313
A.FR.93.LA37	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-AT-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CTGAA-----C-----	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-AT-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CTGAA-----C-----	10303
A.FR.96.LA40	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-AG-----C-----T-A-----G-----T-----GT-----TCT-AG-----C-----	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-AG-----C-----T-A-----G-----T-----GT-----TCT-AG-----C-----	10283
A.FR.98.LA39	-----G-----C-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCCAG-----C-----	-----G-----C-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCCAG-----C-----	10157
A.FR.98.LA41	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-AG-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCCAG-----C-----	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-AG-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCCAG-----C-----	10209
A.GH.x.GH1	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-AG-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCCAG-----C-----	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----C-----GCTGC-AG-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCCAG-----C-----	9480
A.GM.87.D194	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	9472
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	9636
A.GM.x.MCN13	-----G-TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	-----G-TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	9713
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	9431
A.GW.87.CAN2CG	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	10321
A.GW.x.MDS	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAA-----C-----	9525
A.IN.07.NNVA	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	10285
A.IN.95.CR1K 147	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAA-----C-----	-----TG-----CA-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----TCTGAA-----C-----	9799
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----	-----T-----A-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----T-----GT-----TCTGAG-----C-----	10287
A.PT.x.ALI	-----TG-----CA-----C-G-C-----AA-----C-T-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	-----TG-----CA-----C-G-C-----AA-----C-T-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	10302
A.SN.85.ROD	-----TG-----CA-----C-G-C-----AA-----C-T-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	-----TG-----CA-----C-G-C-----AA-----C-T-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----T-----GT-----CCTGAG-----C-----	9671
A.SN.86.ST JSP4_27	-----TG-----CA-----CG-CTC-ACGCT-GCT-GCT-A-----A-----C-----T-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----T-----GT-----TCT-AAA-TA-----	-----TG-----CA-----CG-CTC-ACGCT-GCT-GCT-A-----A-----C-----T-----G-----C-----T-A-----AG-----T-----T-----GT-----TCT-AAA-TA-----	9672
B.CI.88.UC1	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-G-----T-----T-----AA-G-----T-CT-AAA-TA-----	-----TG-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-G-----T-----T-----AA-G-----T-CT-AAA-TA-----	10220
B.CI.x.20 56	-----A-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-G-----T-----T-----AA-G-----C-CTGAG-TC-----	-----A-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-G-----T-----T-----AA-G-----C-CTGAG-TC-----	10184
B.CI.x.EH0	-----A-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-G-----T-----T-----AA-G-----C-CT-G-----A-----	-----A-----C-----C-G-----A-----A-----G-----C-----T-G-----T-----T-----AA-G-----C-CT-G-----A-----	10191
B.FR.00.LA44	-----C-----A-----C-G-----A-----A-----G-----CTGC-A-----C-----T-G-----T-----T-----G-----C-CTGAG-TA-----	-----C-----A-----C-G-----A-----A-----G-----CTGC-A-----C-----T-G-----T-----T-----G-----C-CTGAG-TA-----	10261
B.FR.98.LA43	-----C-----A-----C-G-----A-----A-----G-----CTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----G-----C-CT-AA-----C-G-----	-----C-----A-----C-G-----A-----A-----G-----CTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----G-----C-CT-AA-----C-G-----	9326
B.GH.86.D205 ALT	-----A-----A-----C-G-----A-----A-----G-----CTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----G-----C-CTGA-----T-----	-----A-----A-----C-G-----A-----A-----G-----CTGC-A-----C-----T-A-----T-----T-----G-----C-CTGA-----T-----	10218
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-----A-----A-----C-G-----A-----A-----G-----TA-----C-----T-G-----T-----T-----G-----CTGAG-TA-----	-----A-----A-----C-G-----A-----A-----G-----TA-----C-----T-G-----T-----T-----G-----CTGAG-TA-----	9325
G.CI.92.Abt96	-----C-G-----CA-C-A-----AA-----AA-----GT-----G-----C-----T-G-----T-----T-----G-----CTGAG-TA-----	-----C-G-----CA-C-A-----AA-----AA-----GT-----G-----C-----T-G-----T-----T-----G-----CTGAG-TA-----	9599
AB.CM.03.03CM 510 03	-----C-G-----CA-C-A-----AA-----AA-----GT-----G-----C-----T-G-----T-----T-----G-----CTGAG-TA-----	-----C-G-----CA-C-A-----AA-----AA-----GT-----G-----C-----T-G-----T-----T-----G-----CTGAG-TA-----	9089
H2 01 AB.CI.90.7312A	-----C-G-----A-----A-----G-----TA-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----C-G-----A-----A-----G-----TA-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10231
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-----C-G-----A-----A-----G-----TA-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----C-G-----A-----A-----G-----TA-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10208
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-----A-----C-G-----A-----A-----G-----TA-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----A-----C-G-----A-----A-----G-----TA-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10199
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-----A-----C-G-----A-----A-----G-----TA-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----A-----C-G-----A-----A-----G-----TA-----C-----T-A-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10226
U.CI.07.07IC TNP3	-----AA-G-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----AA-G-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9540
U.FR.96.12034	-----AA-G-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----AA-G-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9607
U.US.08.NMK08	-----AA-G-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----AA-G-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9480
MAC.US.x.I7EC1	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10228
MAC.US.x.251 Ia11	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10223
MAC.US.x.251 32H PJ5	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10226
MAC.US.x.251 BK28	-----A-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----A-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10198
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-----A-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----A-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9646
MNE.US.82.MNE 8	-----T-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----T-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9628
MNE.US.x.MNE027	-----T-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----T-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9664
SMM.CI.79.SIVsmC12	-----G-----G-----A-----T-----GA-----C-----A-----C-----T-----C-----T-----G-----C-----CA-----	-----G-----G-----A-----T-----GA-----C-----A-----C-----T-----C-----T-----G-----C-----CA-----	9147
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	-----G-----G-----A-----T-----GA-----C-----A-----C-----T-----C-----T-----G-----C-----CA-----	-----G-----G-----A-----T-----GA-----C-----A-----C-----T-----C-----T-----G-----C-----CA-----	9224
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-----A-----ACA-----AT-----T-----C-G-----G-----A-----C-----G-----A-----C-----C-----TC-----C-----T-----G-----C-----CA-----	-----A-----ACA-----AT-----T-----C-G-----G-----A-----C-----G-----A-----C-----C-----TC-----C-----T-----G-----C-----CA-----	9086
SMM.SL.92.SL92B	-----A-----ACA-----AT-----T-----C-G-----G-----A-----C-----G-----A-----C-----C-----TC-----C-----T-----G-----C-----CA-----	-----A-----ACA-----AT-----T-----C-G-----G-----A-----C-----G-----A-----C-----C-----TC-----C-----T-----G-----C-----CA-----	9613
SMM.US.04.G078	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9157
SMM.US.04.G932	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9121
SMM.US.04.M919	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9159
SMM.US.04.M922	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9138
SMM.US.04.M923	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9146
SMM.US.04.M926	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9155
SMM.US.04.M934	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9131
SMM.US.04.M935	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9138
SMM.US.04.M940	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9202
SMM.US.04.M946	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9159
SMM.US.04.M947	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9143
SMM.US.04.M949	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9135
SMM.US.04.M950	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9146
SMM.US.04.M951	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9155
SMM.US.04.M952	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9135
SMM.US.05.D215	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9128
SMM.US.06.FTq	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9149
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10236
SMM.US.86.CFU212	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9130
SMM.US.x.F236 H4	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10190
SMM.US.x.H9	-----RG-----G-----A-----G-----G-----C-----A-----C-----T-----C-----T-----G-----C-----CA-----	-----RG-----G-----A-----G-----G-----C-----A-----C-----T-----C-----T-----G-----C-----CA-----	9638
SMM.US.x.PBJA	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	9996
SMM.US.x.PGM53	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10165
SMM.US.x.SME543	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10264
SMM.US.x.pE660 CG76	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	-----G-----C-----T-G-----T-----T-----GT-----GCTGAA-----A-G-----	10252
STM.US.89.STM_37_16	-----A-----T-----G-----T-----TAT-----A-----A-----G-----T-----T-----G-----C-----CA-----	-----A-----T-----G-----T-----TAT-----A-----A-----G-----T-----T-----G-----C-----CA-----	9873

10279  
10312  
10359  
10172  
10221  
10306  
10364  
10354  
10334  
10208  
10209  
9480  
9472  
9636  
9713  
9431  
10372  
9525  
10336  
9851  
10301  
10353  
9671  
9672  
10271  
10235  
10242  
10312  
10277  
10269  
9339  
9599  
9089  
10282  
10222  
10213  
10240  
9540  
9607  
9480  
10279  
10274  
10277  
10249  
9646  
9628  
9664  
9147  
9224  
9086  
9613  
9157  
9121  
9159  
9138  
9146  
9155  
9131  
9138  
9202  
9159  
9143  
9135  
9146  
9155  
9135  
9128  
9149  
10287  
9130  
10241  
9638  
9996  
10184  
10315  
10283  
9892

3' LTR U5 end  
CTGTTAGGACCCTTTCTGCTTTGGGAAA.CCGAAGCAGGAAAATCCCTAGCA  
-----C-C-T-A---G-----  
A.DE.x.BEN-----CTC-----T-A-G-----  
A.DE.x.PET2 KR KRCC-----  
A.FR.00.LA38-----CT-----AG-----  
A.FR.01.LA42-----CT-----G-----  
A.FR.02.LA36GomM-----CT-----G-----G-T-GT-  
A.FR.93.LA37-----CT-----G-----R-----  
A.FR.96.LA40-----CT-----G-----G-T-GT-  
A.FR.98.LA39-----CT-----G-----R-----  
A.FR.98.LA41-----CT-----G-----  
A.GH.x.GH1-----  
A.GM.87.D194-----  
A.GM.x.ISY SBL 6669 85-----  
A.GM.x.MCN13-----  
A.GW.86.FG cLone NIHZ-----CT-----A-G-----  
A.GW.87.CAM2CG-----CT-----A-G-----  
A.GW.x.MDS-----CT-----T-A-G-T-----  
A.IN.07.NNVA-----CT-----C-G-----T-----  
A.IN.95.CR1K 147-----CT-----G-G-----  
A.JP.08.NMC786 cLone 41-----  
A.PT.x.ALT-----  
A.SN.85.R0D-----  
A.SN.86.ST JSP4\_27-----  
B.CI.88.UC1-----C-----C-G-T-G-----  
B.CI.x.20 56-----C-----A-G-----  
B.CI.x.EH0-----CT-----A-G-----  
B.FR.00.LA44-----CT-----AG-----  
B.FR.98.LA43-----CT-----G-----  
B.GH.86.D205 ALT-----CT-----G-----  
B.JP.01.IMCJ KR020\_1-----  
G.CI.92.Abt96-----  
AB.CM.03.03CM 510 03-----  
H2\_01 AB.CI.90.7312A-----CT-----T-----  
H2\_01 AB.JP.04.NMC307 20-----  
H2\_01 AB.JP.07.NMC716\_01-----  
H2\_01 AB.JP.08.NMC842\_10-----  
U.CI.07.07IC TNP3-----  
U.FR.96.12034-----  
U.US.08.NMK08-----  
MAC.US.x.I7EC1-----  
MAC.US.x.251 IA11-----  
MAC.US.x.251 32H PJ5-----  
MAC.US.x.251 BK28-----A-----  
MAC.US.x.MM142 IVMXX-----  
MNE.US.82.MNE 8-----  
MNE.US.x.MNE027-----  
SMM.CI.79.SIVsmC12-----  
SMM.LR.89.SIVsmLTB1-----  
SMM.SL.92.SIVsmSL92A-----  
SMM.SL.92.SL92B-----  
SMM.US.04.G078-----  
SMM.US.04.G932-----  
SMM.US.04.M919-----  
SMM.US.04.M922-----  
SMM.US.04.M923-----  
SMM.US.04.M926-----  
SMM.US.04.M934-----  
SMM.US.04.M935-----  
SMM.US.04.M940-----  
SMM.US.04.M946-----  
SMM.US.04.M947-----  
SMM.US.04.M949-----  
SMM.US.04.M950-----  
SMM.US.04.M951-----  
SMM.US.04.M952-----  
SMM.US.05.D215-----  
SMM.US.06.FTq-----  
SMM.US.11.SIVsmE660\_FL10-----G-----  
SMM.US.86.CFU212-----A-----G-----  
SMM.US.x.F236\_H4-----  
SMM.US.x.H9-----  
SMM.US.x.PBJA-----  
SMM.US.x.PGM53-----G-----  
SMM.US.x.SME543-----G-----  
SMM.US.x.pE660.CG76-----G-----  
STM.US.89.STM\_37\_16-----