

VI

HIV-2/SIV Proteins

Contents

VI-1	Introduction	377
VI-2	Annotated features	378
VI-3	Sequences	379
VI-4	Alignments	384
VI-4.1	Gag	384
VI-4.2	Pol	388
VI-4.3	Vif	395
VI-4.4	Vpx	397
VI-4.5	Vpr	398
VI-4.6	Tat	399
VI-4.7	Rev	400
VI-4.8	Env	402
VI-4.9	Nef	408

VI-1 Introduction

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

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

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

VI-2 Annotated features

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

Feature	Protein	Location	Page
Gag p15 start	Gag	1	384
p15 end	Gag	135	384
p27 start	Gag	136	384
p27 end	Gag	364	386
p2 start	Gag	365	386
p2 end	Gag	381	386
p8 start	Gag	382	386
p8 end	Gag	433	386
p1 start	Gag	434	386
p1 end	Gag	447	386
p6 start	Gag	448	386
PTAP motif	Gag	458-461	386
PSAP in HIV-2 B, U	Gag	476-479	386
p6 end	Gag	511	387
Gag end	Gag	511	387
Pol p15 start	Pol	1	388
p15 end	Pol	67	388
protease start	Pol	68	388
protease end	Pol	166	389
p51 RT start	Pol	167	389
D catalytic site	Pol	276	389
DD catalytic site	Pol	351	390
p51 RT end	Pol	605	391
p15 RNase H start	Pol	606	391
p15 RNase H end	Pol	725	392
p31 Integrase start	Pol	726	392
p31 Integrase end	Pol	1020	394
Pol end	Pol	1020	394
Vif start	Vif	1	395
Vif end	Vif	215	396
Vpx start	Vpx	1	397
Vpx end	Vpx	113	397
Vpr start	Vpr	1	398
Vpr end	Vpr	102	398
Tat start	Tat	1	399
exon 1 end	Tat	99	399
exon 2 start	Tat	100	399
Tat end	Tat	131	399
Rev start	Rev	1	400
exon 1 end	Rev	24	400
exon 2 start	Rev	25	400
Rev end	Rev	108	401
Env start	Env	1	402
signal peptide end	Env	22	402
gp120 start	Env	23	402
V1	Env	113-167	402
V2	Env	169-211	403
V3	Env	311-344	404

Feature	Protein	Location	Page
V3 tip	Env	328-334	404
V4	Env	402-432	404
V5	Env	472-477	405
gp120 end	Env	525	405
gp41 start	Env	526	405
Env end	Env	880	407
gp41 end	Env	880	407
Nef start	Nef	1	408
R17Y mutation	Nef	17	408
max HIV-1 similarity	Nef	153-182	408
premature stop in Mac239	Nef	93	408
normal Nef end	Nef	264	409

VI-3 Sequences

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

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
MAC.US.x.239	M33262	All	Kestler, H.	<i>Science</i> 248 (4959):1109-1112 (1990)
A.CI.88.UC2	U38293	All	Barnett, S.W.	<i>Virology</i> 222 (1); 257-61 (1996)
A.DE.x.BEN	M30502	All	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> 177 (1):305-311 (1990)
A.DE.x.PEI2_KR_KRCG	U22047	All	Kraus, G.	<i>ARHR</i> 14 (1); 65-77 (1998)
A.FR.00.LA38	KY025539	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.01.LA42	KY025543	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.02.LA36GomM	KU168287	All	Berg, M.G.	<i>J Clin Microbiol</i> 54 (4); 868-82 (2016)
A.FR.93.LA37	KY025538	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.96.LA40	KY025541	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.98.LA39	KY025540	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.FR.98.LA41	KY025542	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
A.GH.x.GH1	M30895	All	Hasegawa, A.	<i>ARHR</i> 5 (6):593-604 (1989)
A.GM.87.D194	J04542	All	Kuehnel, H.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2383-2387 (1989)
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	J04498	All	Franchini, G.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2433-2437 (1989)
A.GM.x.MCN13	AY509259	All	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
A.GW.86.FG_clone_NIHZ	J03654	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env	Zagury, J.F.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 85 (16):5941-5945 (1988)
A.GW.87.CAM2CG	D00835	All	Tristem, M.	<i>J Gen Virol</i> 72 (PT 3):721-724 (1991)
A.GW.x.MDS	Z48731	All	Becker, M.	Unpublished
A.IN.07.NNVA	EU980602	All	Gurjar, S.R.	<i>JAIDS</i> 52 (3); 329-35 (2009)
A.IN.95.CRIK_147	DQ307022	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env	Santhosh, C.V.	<i>ARHR</i> 24 (10); 1315-7 (2008)
A.IN.x.NIM_8	DQ973520	Gag	Gurjar, R.S.	<i>ARHR</i> 25 (3); 363-72 (2009)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
A.JP.08.NMC786_clone_41	AB731742	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
A.PT.x.ALI	AF082339	All	Reeves, J.D.	<i>J Virol</i> 73 (9): 7795-804 (1999)
A.SN.85.ROD	M15390	All	Clavel, F.	<i>Nature</i> 324 (6098):691-695 (1986)
A.SN.86.ST_JSP4_27	M31113	All	Kumar, P.	<i>J Virol</i> 64 (2):890-901 (1990)
B.CI.88.UC1	L07625	All	Barnett, S.W.	<i>J Virol</i> 67 (2):1006-1014 (1993)
B.CI.x.20_56	AB485670	All	Takekawa, N.	Unpublished
B.CI.x.EHO	U27200	All	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> 202 (1):471-476 (1994)
B.FR.00.LA44	KY025545	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
B.FR.98.LA43	KY025544	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 2016 Nov 2
B.GH.86.D205_ALT	X61240	All	Dietrich, U.	<i>Nature</i> 342 (6252):948-950 (1989)
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	AB100245	All	Kusagawa, S.	<i>ARHR</i> 19 (11):1045-1049 (2003)
G.CI.92.Abt96	AF208027	All	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> 13 (5):401-404 (1997)
AB.CM.03.03CM_510_03	EU028345	All	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 24 (1):86-91 (2008)
H2_01_AB.CI.90.7312A	L36874	All	Gao, F.	Unpublished
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	AB731738	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	AB731740	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	AB731744	All	Umeki-Sakamoto, Y.	Unpublished
U.CI.07.07IC_TNP3	KC693505	All	Ayouba, A.	<i>AIDS</i> 27 (15):2488-2491 (2013)
U.FR.96.12034	AY530889	All	Damond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)
U.US.08.NWK08	KP890355	All	Bond, N.G.	Unpublished
MAC.US.x.17EC1	AY033233	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Anderson, M.G.	<i>Virology</i> 195 (2):616-626 (1993)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	All	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> 18 (3-4):311-9 (1989)
MAC.US.x.251_32H_PJ5	D01065	All	Rud, E.W.	(in) Brown, F, Chanock, RM and Ginsberg, HS(Eds); <i>VACCINES 92: MODERN APPROACHES TO NEW VACCINES INCLUDING PREVENTION OF AIDS: 229-235</i> ; Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York (1992)
MAC.US.x.251_BK28	M19499	All	Hirsch, V.	<i>Cell</i> 49 (3):307-319 (1987)
MAC.US.x.MM142_IVMXX	Y00277	All	Chakrabarti, L.	<i>Nature</i> 328 (6130):543-547 (1987)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
MNE.US.x.MNE027	U79412	All	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
SMM.CI.79.SIVsmCI2	JX860430	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	JX860431	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	JX860432	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	All	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.04.G078	JX860415	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.G932	JX860416	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M919	JX860417	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M922	JX860418	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M923	JX860419	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
SMM.US.04.M926	JX860420	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M934	JX860421	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M935	JX860422	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M940	JX860423	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M946	JX860424	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M947	JX860425	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M949	JX860426	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M950	JX860427	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M951	JX860428	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.04.M952	JX860429	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.05.D215	JX860413	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.06.FTq	JX860414	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	JQ864084	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Wu, F.	<i>J Virol</i> 86 (16); 8835-47 (2012)
SMM.US.86.CFU212	JX860407	All	Fischer, W.	<i>J Virol</i> 86 (24):13217-13231 (2012)
SMM.US.x.F236_H4	X14307	All	Hirsch, V.M.	<i>Nature</i> 339 (6223); 389-92 (1989)
SMM.US.x.H9	M80194	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PBJA	M31325	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Dewhurst, S.	<i>Nature</i> 345 (6276):636-640 (1990)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	All	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 72 (11):8841-8851 (1998)
SMM.US.x.SME543	U72748	All	Hirsch, V.	<i>J Virol</i> 71 (2):1608-1620 (1997)
SMM.US.x.pE660.CG7G	JX648292	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Lopker, M.	<i>J Virol</i> 87 (10); 5477-92 (2013)
STM.US.89.STM_37_16	M83293	All	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> 186 (2):783-787 (1992)
A.FR.02.001006_CNA_vif	KP226314	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.08.012100_CNA_vif	KP226327	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.08.013050_CNA_vif	KP226332	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.08.045009_CNA_vif	KP226354	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.08.052004_CNA_vif	KP226358	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.09.018036_CNA_vif	KP226339	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.008010_CNA_vif	KP226318	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.009041_CNA_vif	KP226323	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.012101_CNA_vif	KP226328	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.012106_CNA_vif	KP226330	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.10.036019_CNA_vif	KP226351	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.018042_CNA_vif	KP226341	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.031014_CNA_vif	KP226348	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.FR.11.038004_CNA_vif	KP226352	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.PT.93.JAU1	L28935	Vif	Ribeiro, A.C.	<i>ARHR</i> 14 (5):465-469 (1998)
B.FR.00.045004_CNB_vif	KP226389	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.10.013048_CNB_vif	KP226378	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.10.016002_CNB_vif	KP226380	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.11.009042_CNB_vif	KP226370	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.11.013039_CNB_vif	KP226376	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
B.FR.11.013040_CNB_vif	KP226377	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.11.018004_CNB_vif	KP226381	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
B.FR.11.018038_CNB_vif	KP226382	Vif	Bertine, M.	<i>AIDS</i> 29 (7); 779-84 (2015)
A.SN.x.A2057	U81849	Vpx	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.SN.x.A640	U81845	Vpx	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.SN.x.A640	U81837	Vpr	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.US.93.7924A	U81835	Vpr	Stivahtis, G.L.	<i>J Virol</i> 71 (6):4331-4338 (1997)
A.GM.90.CBL24	AJ238995	Env	Vella, C.	<i>ARHR</i> 15 (15); 1399-402 (1999)
A.GM.x.CBL21	U05350	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GM.x.CBL22	U05351	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.06.CA65316_9	JN863892	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.06.CA65319_7	JN863893	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.06.CA65330_5	JN863894	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.06.CA65409_14	JN863896	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.x.CA7205_8	JN863897	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.x.CA7253	JN863898	Env	de Silva, T.I.	<i>J Virol</i> 86 (2); 930-46 (2012)
A.GW.x.CAM1	U05359	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM3	U05355	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM4	U05356	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM5	U05357	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.GW.x.CAM6	U05358	Env	Breuer, J.	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
A.PT.00.00PTHCC20_1	GU983949	Env	Rocha, C.	<i>Retrovirology</i> 2013 Oct 24;10:110 doi: 101186/1742-4690-10-110
A.PT.03.ABG	JF683340	Env	Dias-Rito, E.I.	Unpublished
A.PT.03.P1_6	KX791209	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.03.P2_7	KX791214	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.03.P3_12	KX791221	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.03.P4_11	KX791227	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.04.P6_3	KX791229	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.10.P7_10	KX791235	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.10.P8_6	KX791239	Env	Chen, C.-Y.	<i>J Virol</i> 2016 Sep 28 pii: JVI01451-16
A.PT.92.93PTHDESC_13	JX219596	Env	Rocha, C.	<i>Retrovirology</i> 2013 Oct 24;10:110 doi: 101186/1742-4690-10-110
A.PT.98.98PTHDECT_13	GU983928	Env	Rocha, C.	<i>Retrovirology</i> 2013 Oct 24;10:110 doi: 101186/1742-4690-10-110
B.x.06.8704A_06_01	JX235884	Env	Kong, R.	<i>J Virol</i> 86 (2); 947-60 (2012)
A.ES.x.S1084	U76642	Nef	Switzer, W.M.	<i>J Infect Dis</i> 177 (1):65-71 (1998)
A.GW.03.20P2C9_8	KX668892	Nef	Heigele, A.	<i>Cell Host Microbe</i> 20 (3):381-391 (2016)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
A.GW.03.29P2E9_6	KX668893	Nef	Heigele, A.	<i>Cell Host Microbe</i> 20 (3):381-391 (2016)
A.PT.x.1096	AJ344398	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1139	AJ344392	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1147	AJ344390	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1215	AJ344393	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1227	AJ344391	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1320	AJ344394	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.138	AJ344378	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1395	AJ344397	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1543	AJ344405	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.1544	AJ344407	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.268	AJ344410	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.427d	AJ344415	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.483	AJ344401	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.511	AJ344402	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.741	AJ344384	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.794	AJ344388	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.956	AJ344369	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.B1_1	AJ344406	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.EP	AJ344387	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.LF3	AJ344383	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.MP2	AJ344386	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)
A.PT.x.P1	AJ344381	Nef	Padua, E.	<i>J Gen Virol</i> 84 (PT 5):1287-1299 (2003)

	Gag p15 start		p15 end_p27 start	
MAC.US.x.239	MGVNRNVL	SGKKKADEKLEKIRL	LRPNKGGKMYLKHVV	WVAANELDRFLGAE
A.CI.88.UC2	-A	-R	-G	-R
A.DE.x.BEN	-A	-R	-V	-G
A.DE.x.PET2 KR KRCC	-A	-S	-R	-V
A.FR.00.LA38	-A	-R	-V	-G
A.FR.01.LA42	-A	-S	-R	-L
A.FR.02.LA36gomM	-A	-R	-L	-T
A.FR.93.LA37	-A	-S	-R	-R
A.FR.96.LA40	-A	-K	-L	-V
A.FR.98.LA39	-A	-K	-L	-T
A.FR.98.LA41	-A	-R	-L	-T
A.GM.x.GH1	-A	-R	-L	-T
A.GM.87.D194	-A	-R	-V	-G
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-AK	-R	-V	-G
A.GM.x.MCN13	-A	-K	-L	-T
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-A	-R	-L	-T
A.GW.87.CAM2CG	-A	-R	-L	-T
A.GW.x.MDS	-A	-S	-R	-V
A.IN.07.NNVA	-AK	-R	-R	-G
A.IN.95.CR1K 147	-AKS	-R	-R	-G
A.IN.x.NIM 8	-A	-R	-R	-G
A.JP.08.NMC786 c1one 41	A	PT	x	ALT
A.SN.85.R0D	-A	-R	-R	-G
A.SN.86.ST J5P4_27	-A	-R	-R	-G
B.CI.88.UC1	-A	-S	-T	-V
B.CI.x.20 56	-A	-G	-T	-V
B.CI.x.EH0	-A	-G	-T	-V
B.FR.00.LA44	-A	-G	-T	-V
B.FR.98.LA43	-A	-G	-T	-V
B.GH.86.D205 ALT	-A	-G	-T	-V
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-A	-G	-T	-V
G.CI.92.Abt96	-A	-S	-T	-V
AB.CM.03.03CM 510 03	-A	-S	-T	-V
H2 01 AB.CI.90.7312A	-A	-G	-T	-V
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20	-A	-G	-T	-V
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01	-A	-S	-ET	-V
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	-A	-G	-T	-V
U.CI.87.071C TNP3	-A	-H	-T	-V
U.FR.96.12034	-A	-Y	-V	-G
U.US.08.NWK08	-A	-Y	-V	-G
MAC.US.x.17EC1	-A	-A	-G	-G
MAC.US.x.251 IA11	-A	-A	-G	-G
MAC.US.x.251 32H PJ5	-A	-A	-G	-G
MAC.US.x.251 BK28	-A	-A	-G	-G
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-A	-A	-G	-G
MNE.US.82.MNE 8	-A	-A	-G	-G
MNE.US.x.MNE027	-A	-A	-G	-G
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-A	-A	-Q	-V
SMM.89.SIVsmLIB1	-A	-A	-V	-G
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-A	-A	-V	-G
SMM.SL.92.SL92B	-A	-G	-V	-G
SMM.US.04.G078	-A	-S	-V	-G
SMM.US.04.G932	-A	-A	-V	-G
SMM.US.04.M919	-A	-H	-V	-G
SMM.US.04.M922	-A	-A	-V	-G
SMM.US.04.M923	-A	-A	-V	-G
SMM.US.04.M926	-A	-A	-V	-G
SMM.US.04.M934	-A	-A	-V	-G
SMM.US.04.M935	-A	-A	-V	-G
SMM.US.04.M940	-A	-S	-V	-G
SMM.US.04.M946	-A	-S	-V	-G
SMM.US.04.M947	-A	-A	-V	-G
SMM.US.04.M949	-A	-S	-V	-G
SMM.US.04.M950	-A	-A	-V	-G
SMM.US.04.M951	-A	-A	-V	-G
SMM.US.04.M952	-A	-A	-V	-G
SMM.US.05.D215	-A	-C	-T	-V
SMM.US.06.FTQ	-A	-S	-T	-V
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	-A	-A	-S	-V
SMM.US.06.GU212	-A	-S	-V	-G
SMM.US.x.F258_H4	-A	-E	-V	-G
SMM.US.x.H9	-A	-A	-V	-G
SMM.US.x.PBJA	-A	-A	-V	-G
SMM.US.x.PGM53	-A	-A	-V	-G
SMM.US.x.SME543	-A	-A	-V	-G
SMM.US.x.PE600_C67G	-A	-A	-V	-G
STM.US.89.STM_37_16	-A	-S	-V	-G

	p27 end_p2 start	p2 end_p8 start	p8 end_p1 start	p1 end_p6 start	PTAP motif	PSAP in HIV-2 B, U				
MAC.US.x.239	GLGVNPTLEEMLTACQGVGGQKARLMAEALKEALAPVPIFAAAQQR...	...GPRK.PIKWCNCGKEGHSARQCRAPRRQGCWKCKGMDHVMAC	...PDRQAGFLGLGPWGKKPRNPFMAQVHGLMPTAPPE.....	...DPAVDLLKNYMLGKQORE	482					
A.CI.88.UC2	---M---	---T-P---	---R-T-R---	---K---	---PG-I-N---	---M-SR---	---V-AP-I---	---A---	---EK-L-Q-R---	476
A.DE.x.BEN	---M---	---MG-S---	---A-RY---	---	---PG-I-N-E---	---R---	---VT-AP-I---	---A---	---AE-ER-Q-R---	476
A.DE.x.PET2 KR KRCCG	---M---	---I---	---R-T---	---D---	---SG-N-E---	---I---	---VTR-P-T---	---A---	---EK-L-Q-R---	476
A.FR.00.LA38	---M---	---S---	---VM-A---	---	---SG-N---	---	---A-P-T---	---I---	---EK-Q-R---	476
A.FR.01.LA42	---M---	---	---MT-A---	---	---TG-I-N---	---	---P-I---	---	---EK-Q-R---	477
A.FR.02.LA36gomM	---M---	---	---M-A---	---	---PG-N---	---	---V-P-T---	---	---EK-Q-R---	476
A.FR.93.LA37	---M---	---	---M---	---	---LG-I-TN---	---	---I---	---	---APPV---	479
A.FR.96.LA40	---M---	---	---M-A---	---	---K-T---	---	---R---	---	---IP-T---	476
A.FR.98.LA39	---M---	---	---VM-A---	---	---KR-T---	---	---K-T---	---	---APPV---	479
A.FR.98.LA41	---M---	---	---VM-A---	---	---KR-T---	---	---R-T---	---	---AFV---	479
A.GM.x.GH1	---M---	---	---T-P---	---	---R-T---	---	---V-R---	---	---	477
A.GM.07.D194	---M---	---	---S---	---	---T-A---	---	---R-A-R---	---	---	476
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	---M---	---	---I---	---	---MR-A---	---	---KR-A---	---	---	475
A.GM.x.MCN13	---M---	---	---	---	---T-A---	---	---KR-T---	---	---	476
A.GW.06.FG c1one NIHZ	---M---	---	---	---	---VM-A---	---	---TF---	---	---	474
A.GW.07.CAM2CG	---M---	---	---	---	---MG-P---	---	---	---	---	476
A.GW.x.MDS	---M---	---	---	---	---MT-A---	---	---	---	---	476
A.IN.07.NNVA	---M---	---	---	---	---MG-T---	---	---	---	---	476
A.IN.95.CR1K 147	---M---	---	---	---	---P---	---	---	---	---	476
A.IN.x.NIM 8	---M---	---	---	---	---S-P---	---	---	---	---	476
A.JP.08.NMC786 c1one 41	---M---	---	---	---	---MG---	---	---	---	---	476
A.PT.x.ALT	---M---	---	---	---	---MT-A---	---	---	---	---	476
A.SN.85.R0D	---M---	---	---	---	---VIG-A---	---	---	---	---	476
A.SN.86.ST J5P4_27	---M---	---	---	---	---M-A---	---	---	---	---	476
B.CI.88.UC1	---M---	---	---	---	---T-A---	---	---	---	---	493
B.CI.x.20 56	---M---	---	---	---	---I---	---	---	---	---	492
B.CI.x.EH0	---M---	---	---	---	---T-STN---	---	---	---	---	491
B.FR.00.LA44	---M---	---	---	---	---T-A---	---	---	---	---	497
B.FR.98.LA43	---M---	---	---	---	---T-A-T---	---	---	---	---	497
B.GH.86.D205 ALT	---M---	---	---	---	---T-A---	---	---	---	---	493
B.JP.01.IMCJ KR020_1	---M---	---	---	---	---T-P-L---	---	---	---	---	493
G.CI.92.Abt96	---M---	---	---	---	---X---	---	---	---	---	481
AB.CM.03.03CM 510 03	---M---	---	---	---	---I---	---	---	---	---	492
H2 01 AB.CI.90.7312A	---PH---	---	---	---	---I---	---	---	---	---	493
H2 01 AB.JP.04.NMC307_20	---PH---	---	---	---	---I---	---	---	---	---	493
H2 01 AB.JP.07.NMC716_01	---PH---	---	---	---	---I---	---	---	---	---	493
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	---PH---	---	---	---	---I---	---	---	---	---	495
U.CI.07.071C TNP3	---M---	---	---	---	---	---	---	---	---	481
U.FR.96.12034	---M---	---	---	---	---	---	---	---	---	493
U.US.08.NWK08	---M---	---	---	---	---	---	---	---	---	476
MAC.US.x.17EC1	---	---	---	---	---	---	---	---	---	482
MAC.US.x.251 IA11	---	---	---	---	---	---	---	---	---	482
MAC.US.x.251 32H PJ5	---	---	---	---	---	---	---	---	---	478
MAC.US.x.251 BK28	---	---	---	---	---	---	---	---	---	478
MAC.US.x.MM142 IVMXX	---	---	---	---	---	---	---	---	---	478
MNE.US.02.MNE 8	---	---	---	---	---	---	---	---	---	478
MNE.US.x.MNE027	---	---	---	---	---	---	---	---	---	478
SMM.CI.79.SIVsmCI2	---	---	---	---	---	---	---	---	---	490
SMM.00.89.SIVsmLIB1	---	---	---	---	---	---	---	---	---	478
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	---	---	---	---	---	---	---	---	---	478
SMM.SL.92.SL92B	---	---	---	---	---	---	---	---	---	481
SMM.US.04.G078	---	---	---	---	---	---	---	---	---	480
SMM.US.04.G932	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.04.M919	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.04.M922	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.04.M923	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.04.M926	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.04.M934	---	---	---	---	---	---	---	---	---	478
SMM.US.04.M935	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.04.M940	---	---	---	---	---	---	---	---	---	480
SMM.US.04.M946	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.04.M947	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.04.M949	---	---	---	---	---	---	---	---	---	480
SMM.US.04.M950	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.04.M951	---	---	---	---	---	---	---	---	---	480
SMM.US.04.M952	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.05.D215	---	---	---	---	---	---	---	---	---	480
SMM.US.06.FTq	---	---	---	---	---	---	---	---	---	485
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.06.GU212	---	---	---	---	---	---	---	---	---	480
SMM.US.x.F256_H4	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.x.H9	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.x.PBJA	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.x.PGM53	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.x.SHE543	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
SMM.US.x.SHE60_C67G	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479
STM.US.89.STM_37_16	---	---	---	---	---	---	---	---	---	479

	Pol p15 start		p15 end protease start	
MAC.US.x.239	FFRPWSMGKEAPQFPHGSSASGADANCSP	RGPSGSAKELHAVGOAERKAERKORALQG
A.CI.88.UC2	---DGLT---	L-R-P-S---	T-ST	-----
A.DE.x.BEN	---VGPT---	S-L-RDP-P---	T-ST	-----
A.DE.x.PE12 KR KRCC	---D-P---	S-L-RDP-PA---	T-ST	-----
A.FR.00.LA38	---D-PL---	R-P-PT---	NT-ST	-----
A.FR.01.LA42	---V-P---	L-P-PA-DNT---	SA	-----
A.FR.02.LA36gomM	---N-PL---	L-R-P-SA---	NT-ST	-----
A.FR.93.LA37	---N-PL---	L-R-P-SA---	NT-ST	-----
A.FR.96.LA40	---VGP---	L-C-PDPT---	T-ST	-----
A.FR.98.LA39	---DGP-E---	L-P-SA---	NT-ST	-----
A.FR.98.LA41	---DGP---	L-R-P1ST---	NT-ST	-----
A.GH.x.GH1	---D-G---	L-R-P-S---	NT-ST	-----
A.GM.87.D194	---DGP-T-A---	L-R-P-S---	T-ST	-----
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	---A-T---	L-R-PKFA---	NT-ST	-----
A.GM.x.MCN13	---DGP-P---	L-R-P-PA---	NT-ST	-----
A.GW.86.FG clone NIHZ	---D-PL---	G-L-R-P-PA---	NT-ST	-----
A.GW.87.CAM2CG	---D-PL---	L-R-P-ST---	NT-ST	-----
A.GW.x.MDS	---D-PL---	L-R-PGSA---	NT-ST	-----
A.IN.07.NNVA	---DGP-P---	L-R-PNPA---	NT-ST	-----
A.IN.95.CR1K 147	---DKPP---	S-L-R-P-ST---	NT-ST	-----
A.JP.08.NMC786 clone 41	---DK-T---	S-L-R-P-S---	T-ST	-----
A.PT.x.ALI	---A-P---	S-L-RNP-SA---	INT-ST	-----
A.SN.85.R0D	---D-GPL---	L-R-P-SA---	T-ST	-----
A.SN.86.ST JSP4_27	---VGP---	C-PNPA---	T-ST	-----
B.CI.88.UC1	---VRTL---	S-L-DP---	S-TI-T-DGPSRGHDTSGGDIICAPCRS-S-D-EK	-----
B.CI.x.20 56	---IRTL---	S-L-P---	EG-TI-T-DGPNTHGDTSGGDSICTPCRS-S-D-EK	-----
B.CI.x.EHO	---VRPL---	S-R-PGTP-DS-I-A-DEPSIRHDTSGGDSICTPCRS-R-D	-----	
B.FR.00.LA44	---I-TL---	S-L-PD---	EG-TI-T-DGHSNGHDTSCXNSIICAPCRS-S-D-ER	-----
B.FR.99.LA43	---VRTL---	S-L-DP---	S-TI-T-DESSRGNHTPGCDIICAPCRS-S-D-EK	-----
B.GH.86.D205 ALT	---VRTL---	S-L-DP---	S-TI-T-DEPSRGHDTSGGDIICAPCRS-S-D-EK	-----
B.JP.01.IMCJ KR020_1	---I-PL---	S-L-CSP-PT-DI-I-TTNEPSREHDTSGGCAIICAPCRS-S-DVEG	-----	
G.CI.92.Abt96	---V-TL---	S-L-DP-P-S-SISSTT	-----	
AB.CM.03.03CM 510 03	---VRTL---	S-L-DPG---	S-TI-T-DEPSRXHDTSGGDIICAPCRS-S-D-EK	-----
H2 01 AB.CI.90.7312A	---A-TL---	S-L-P---	DS-I-A-DEHSRGGDTSGGDIICAPCRSGS-D-EK	-----
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	---A-TL---	S-L-R-P---	GG-I-A-DGHSREQDTSEGDIIICAPCRS-S-D-K	-----
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	---V-TL---	S-L-R-P---	GG-I-T-DGHSREQDISEGDIICAPCRS-S-D-K	-----
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	---A-TL---	S-L-R-P---	GG-I-A-DGHSREQDISEGDIICAPCRS-S-D-K	-----
U.CI.07.07IC TNP3	---V-P---	S-L-DPDP---	V-T-SA	-----
U.FR.96.12034	---A-PL---	K-S-L-P-PA-T-P-SPS	-----	
U.US.08.NMK08	---VRT---	S-L-ETD-R-T-PISP	-----	
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.251 I111
MAC.US.x.251 32H PJ5
MAC.US.x.251 BK28
MAC.US.x.MM142 IVMXX
MNE.US.82.MNE 8
MNE.US.x.MNE027
SMM.CI.79.SIVsmC12
SMM.LR.89.SIVsmL1B1
SMM.SL.92.SIVsmSL92A
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.04.G078
SMM.US.04.G932
SMM.US.04.M919
SMM.US.04.M922
SMM.US.04.M923
SMM.US.04.M926
SMM.US.04.M934
SMM.US.04.M935
SMM.US.04.M940
SMM.US.04.M946
SMM.US.04.M947
SMM.US.04.M949
SMM.US.04.M950
SMM.US.04.M951
SMM.US.04.M952
SMM.US.05.D215
SMM.US.06.FTQ
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10
SMM.US.86.CFU212
SMM.US.x.F236 H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.pE660.CG76
STM.US.89.STM 37_16

	protease end	p51 RT start		D catalytic site	
MAC.US.x.239	LGKRIKGTIMTGDTPINIFGRNLLTALGMSLNFPJAKVPEYKVALKPKGDGPKLKQWPLSKKEIVALREIC.	EKMEKDGQLEEAPPTNPNYPTFTFAIKKKDKNKWRMLIDFRELNRVTQDFTEVQLGIPHPAGLAKRKRITVLDIGDAYFSIPLDDEFQRYAFTLPSVN	303		
A.CI.88.UC2	-N-VRA-----I-----L-V-RI-I-IT-----R-----T-VE-K-----E-----K-----V-----Y-D-P-----		316		
A.DE.x.BEN	-N-VRA-----I-----L-V-I-I-T-----R-----T-E-K-----E-----K-----SI-----V-----H-D-----A-----		316		
A.DE.x.PET2 KR KRCC	-N-KV-A-----I-----L-V-D-I-I-----VR-----T-E-E-K-----RE-----K-----E-----I-----K-----R-----V-----H-D-----T-----		316		
A.FR.00.LA38	-VRA-----E-----V-----L-V-I-I-T-----R-----T-E-E-K-----E-----K-----E-----I-----K-----R-----V-----H-D-----		315		
A.FR.01.LA42	-N-VRA-----I-----L-V-I-I-T-----R-----T-E-E-K-----E-----K-----E-----I-----K-----R-----V-----H-D-----		316		
A.FR.02.LA36gomM	-S-V-A-----I-----L-V-I-I-M-----R-----R-----R-----E-K-----RE-----K-----I-----K-----R-----V-----KD-----		316		
A.FR.93.LA37	-KVRA-----I-----L-V-I-I-T-----R-----T-E-E-K-----RE-----V-----K-----E-----I-----K-----R-----S-----V-----H-D-----		319		
A.FR.96.LA40	-N-KVRA-----I-----L-V-I-I-IT-----R-----T-E-E-K-----RE-----K-----I-----K-----R-----V-----H-D-----T-----		316		
A.FR.98.LA39	-N-KVRA-----IM-----L-V-I-I-IM-----R-----TR-----E-K-----E-----K-----I-----K-----R-----V-----H-D-----K-----		319		
A.FR.98.LA41	-N-KVRA-----IM-----L-V-I-I-IM-----R-----T-----E-K-----E-----K-----I-----K-----R-----V-----H-D-----		319		
A.GH.x.GH1	-N-VRA-----I-----L-V-I-I-T-----R-----T-E-E-E-K-----R-----E-----I-----K-----R-----V-----H-D-----		316		
A.GM.87.D194	-N-VRA-----I-AT-----L-V-LD-I-T-----R-----T-E-E-K-----RE-----I-----K-----K-----V-----H-D-----		316		
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-N-KVRA-----I-----L-V-I-I-T-----QR-----TR-----E-K-----RE-----K-----I-----K-----R-----V-----Y-D-----		316		
A.GM.x.MCN13	-KVRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-----E-K-----RE-----K-----I-----K-----K-----V-----H-D-----I-----		316		
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-V-A-----V-----L-V-I-I-IM-----R-----T-----E-K-----K-----I-----K-----K-----V-----H-D-----		316		
A.GW.87.CAM2CG	-VRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-----E-K-----R-----K-----I-----K-----K-----V-----H-D-----		316		
A.GW.x.MDS	-VRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-----E-E-K-----RE-----I-----K-----K-----I-----K-----R-----V-----H-D-----		316		
A.IN.07.NNVA	-KVRA-----I-----L-V-I-I-K-----R-----T-----E-E-K-----RE-----R-----K-----E-----I-----K-----R-----V-----H-D-----		316		
A.IN.95.CRITK 147	-KVRA-----I-V-----L-V-I-I-IM-----R-----T-----E-E-K-----E-----K-----E-----I-----K-----R-----V-----H-D-----		316		
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-N-VRA-----I-A-----L-V-I-I-T-----R-----T-----E-E-K-----T-RE-----K-----I-----K-----K-----V-----Y-D-----T-----		316		
A.PT.x.ALI	-N-V-A-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-----E-E-K-----K-----I-----K-----K-----V-----H-S-----		316		
A.SN.85.R0D	-N-KVRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-----E-E-K-----T-RE-----K-----I-----K-----K-----V-----H-D-----P-----		317		
A.SN.86.ST JSP4_27	-N-VRA-----I-----L-V-I-I-IM-----R-----T-----E-E-K-----RE-----K-----I-----K-----K-----V-----H-D-----I-----		316		
B.CI.88.UC1	V-VRA-----I-NT-T-----V-I-I-K-----IR-----L-K-----E-----R-----R-----K-----K-----V-----PN-----I-----		317		
B.CI.x.20 56	-VRA-----I-NT-T-----V-I-I-K-----IR-----L-K-----E-----K-----R-----V-----V-----PD-----P-----		317		
B.CI.x.EHO	V-VRA-V-----I-NS-T-----V-RI-Q-E-----E-----IR-----L-K-----E-----S-----K-----E-----V-----V-----PD-----A-----		316		
B.FR.00.LA44	V-KVRA-----I-ST-T-----V-I-I-K-----E-----IR-----L-K-----E-----S-----R-----K-----K-----V-----V-----PD-----A-----		317		
B.FR.98.LA43	V-VRA-----I-NT-T-----V-R-Q-----R-----IR-----L-K-----E-----S-----E-----K-----S-----V-----PN-----I-----		317		
B.GH.86.D205 ALT	V-VRA-----I-NT-T-----V-I-I-K-----E-----IR-----R-L-K-----E-----E-----K-----#-----I-V-----PN-----		314		
B.JP.01.IMCJ KR020_1	V-K-R-A-----I-NT-T-----V-I-I-K-----IR-----L-K-#K-----R-----K-----#-----I-V-----PD-----		317		
G.CI.92.Abt96	V-QA-V-----I-VK-----R-M-----IR-----Q-D-OE-----T-----E-----K-----R-----V-----VD-----		299		
AB.CM.03.03CM 510 03	V-TVRA-----I-NT-T-----V-XX-E-----E-----IR-----R-L-K-----E-----K-----R-----I-V-----PX-----T-----		317		
H2 01 AB.CI.90.7312A	V-KVRS-----I-NT-T-----V-I-I-Q-----E-----S-----IR-----L-K-----E-----K-----E-----I-V-----V-----PD-----I-----		317		
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	V-VRA-----I-S-----M-L-Q-----IR-----L-----E-----VR-R-----K-----K-----S-----V-----V-----PD-----I-----		317		
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	V-VRA-----I-S-----M-L-Q-----IR-----L-----E-----R-----K-----E-----S-----V-----V-----PD-----I-----		317		
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	V-VRA-----I-S-----M-L-Q-----IR-----L-----E-----R-----K-----E-----S-----V-----V-----PD-----I-----		317		
U.CI.07.07IC TNP3	-KVRA-----I-VK-----M-----T-----M-----IR-----E-K-----OE-----R-----E-----K-----R-----V-----O-----P-----		299		
U.FR.96.12034	-T-R-----E-----G-EAL-IGG-----R-----R-----L-E-K-----E-----E-----K-----R-----V-----C-D-----I-----		313		
U.US.08.NMK08	-E-A-L-E-----I-QL-T-C-L-IP-H-M-R-----E-F-T-Q-RE-----A-N-----R-S-----KA-N-S-----PEKN-----V-Y-G-----A-----		298		
MAC.US.x.17EC1			303		
MAC.US.x.251 I111			303		
MAC.US.x.251 32H PJ5			303		
MAC.US.x.251 BK28			299		
MAC.US.x.MM142 IVMXX			299		
MNE.US.82.MNE 8			299		
MNE.US.x.MNE027			299		
SMM.CI.79.SIVsmC12			308		
SMM.LR.89.SIVsmL1B1			299		
SMM.SL.92.SIVsmSL92A			299		
SMM.SL.92.SL92B			295		
SMM.US.04.G078			299		
SMM.US.04.G932			299		
SMM.US.04.M919			299		
SMM.US.04.M922			299		
SMM.US.04.M923			299		
SMM.US.04.M926			299		
SMM.US.04.M934			299		
SMM.US.04.M935			299		
SMM.US.04.M940			299		
SMM.US.04.M946			299		
SMM.US.04.M947			299		
SMM.US.04.M949			299		
SMM.US.04.M950			299		
SMM.US.04.M951			299		
SMM.US.04.M952			299		
SMM.US.05.D215			299		
SMM.US.06.FTq			303		
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10			299		
SMM.US.86.CFU212			299		
SMM.US.x.F236 H4			299		
SMM.US.H9			299		
SMM.US.x.PBJA			299		
SMM.US.x.PGM53			299		
SMM.US.x.SME543			299		
SMM.US.x.pE660_C67G			299		
STM.US.89.STM_37_16			299		

Accession	Sequence	473
MAC.US.x.239	NAEPGKRYIYKLPQGWKSPAIQFYQYMRHVL	473
A.CI.88.UC2	-V-----QT-----I-I-----G-K-L-GL-	486
A.DE.x.BEN	-M-----K-----I-I-----G-K-L-GL-	486
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-----H-O-----R-E-III-V-----T-L-GL-	486
A.FR.00.LA38	-----H-O-----R-E-III-V-----T-L-GL-	485
A.FR.01.LA42	-----H-O-----R-E-III-V-----T-L-GL-	486
A.FR.02.LA36gomM	-S-----H-O-----Q-III-----L-GL-DD-	486
A.FR.93.LA37	-----T-----H-O-----I-III-----L-GL-D-	489
A.FR.96.LA40	-----H-O-----I-III-----L-GL-D-	486
A.FR.98.LA39	-----M-----H-O-----I-III-----L-GL-D-	489
A.FR.98.LA41	-----H-O-----I-III-----L-GL-D-	486
A.GH.x.GH1	-----H-O-----I-III-----L-GL-D-	486
A.GM.87.D194	-E-V-----FM-OI-----I-I-----G-K-L-GL-	486
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-----O-----L-III-----K-L-GL-D-	486
A.GM.x.MCN13	-----O-----L-III-----K-L-GL-D-	486
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-----O-----L-III-----K-L-GL-D-	486
A.GW.87.CAN2CG	-----O-----L-III-----K-L-GL-D-	486
A.GW.x.MDS	-----O-----L-III-----K-L-GL-D-	486
A.IN.07.NNVA	-----KI-----Q-III-----S-P-K-L-GL-	486
A.IN.95.CR1K 147	-----H-O-----I-III-----G-K-L-GL-	486
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-----H-O-----I-III-----G-K-L-GL-	486
A.PT.x.ALI1	-----H-O-----I-III-----G-K-L-GL-	486
A.SN.85.ROD	-----H-O-----K-III-----L-GL-D-	487
A.SN.86.ST JSP4_27	-S-----S-----I-I-----L-GL-D-	486
B.CI.88.UC1	-S-K-D-S-III-----S-S-L-DM-K-KR	487
B.CI.x.20 56	-SG-----GK-D-D-I-----V-S-S-L-Q-DM-	487
B.CI.x.EH0	-----L-----AK-D-N-II-----S-S-L-MM-	486
B.FR.00.LA44	-----S-----S-GKI-D-D-I-----N-S-L-Q-DM-	487
B.FR.99.LA43	-S-----S-K-D-N-III-----S-S-L-DM-	484
B.GH.86.D205 ALT	-----QS-C-S-K-D-S-III-----S-S-L-DM-	487
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-----SVGK-D-D-I-----V-S-L-D-K-K	487
G.CI.92.Abt96	-H-K-D-E-XIII-----V-Q-L-KT-D-Y-K-N-EK-	469
AB.CM.03.03CM 510 03	-T-----S-K-D-S-II-----S-S-L-MM-R-K-O-EK-V-	487
H2 01 AB.CI.90.7312A	-----S-K-D-R-N-II-----V-S-K-S-L-DM-OI-E-V-	487
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-----K-D-N-II-----V-S-S-L-DM-K-OI-E-V-	487
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-----S-K-D-N-II-----V-S-S-L-DM-K-OI-E-V-	487
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	-----S-K-D-N-II-----V-S-S-L-DM-K-OI-E-V-	487
U.CI.07.07IC TNP3	-----K-D-E-III-----V-S-K-L-D-OL-D-Y-K-N-EK-V-	469
U.FR.96.12034	-----T-----NL-----E-AVII-----QL-S-L-KT-D-Y-HK-K-E-DV-	483
U.US.08.NMK08	-MR-----V-----L-A-AT-----I-I-----L-NTA-QM-M-L-DM-K-K-Y-EY-LK-Y-K-T-IK-E-	468
MAC.US.x.I7EC1	-----N-----L-----	473
MAC.US.x.251 I111	-----N-----L-----	473
MAC.US.x.251 32H PJ5	-----N-----L-----	473
MAC.US.x.251 BK28	-----N-----L-----	469
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-----S-----L-----	469
MNE.US.82.MNE 8	-----H-N-----V-----L-----K-----	469
MNE.US.x.MNE027	-----H-N-----V-----L-----K-----	469
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-----V-----D-K-----E-A-II-----N-QL-A-L-GL-DD-HK-Y-R-K-K-K-E-DR-V-L-K-K-L-LA-	478
SMM.LR.89.SIVsmL1B1	-----F-KK-----T-----I-----S-K-T-----K-R-----K-K-----L-LA-S	468
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-O-----H-O-----S-----L-----L-G-N-GLT-KM-T-LRDM-NL-D-N-L-L-Y-K-T-ER-R-N-KM-V-L-LA-	469
SMM.SL.92.SL92B	-----H-O-----D-----H-----I-----L-----L-----K-----K-----L-LA-	465
SMM.US.04.G078	-----V-----H-----I-----L-----L-----K-----K-----L-LA-	469
SMM.US.04.G932	-----H-N-----I-----L-----L-----K-----K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M919	-----H-N-----I-----L-----L-----M-----K-----K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M922	-----H-N-----I-----L-----L-----M-----K-----K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M923	-----H-N-----I-----L-----L-----M-----K-----K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M926	-----H-N-----I-----V-----L-----T-D-E-K-A-K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M934	-----H-N-----I-----V-----L-----T-D-E-K-A-K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M935	-----H-N-----I-----V-----L-----T-D-E-K-A-K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M940	-----V-----H-O-D-H-----I-----V-----K-----L-GL-D-Y-----K-N-----L-LA-	469
SMM.US.04.M946	-----L-----H-N-----I-----V-----L-----L-R-M-----E-K-----K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M947	-----V-----H-O-D-H-I-----I-----V-----K-----L-GL-D-YH-H-R-----K-S-----K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M949	-----H-N-----I-----V-----L-----L-----M-----D-----E-K-----K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M950	-----V-----H-----QT-D-----H-----I-----V-----K-----L-GL-D-YR-----R-----K-S-----K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M951	-----H-N-----I-----V-----L-----L-----M-----D-----E-K-----K-----L-LA-	469
SMM.US.04.M952	-----V-----H-----QT-D-----H-----I-----V-----K-----L-GL-D-YR-----R-----K-S-----K-----L-LA-	469
SMM.US.05.D215	-----H-N-----I-----V-----L-----L-----M-----D-----E-K-----K-----L-LA-	469
SMM.US.06.FTq	-----H-N-----I-----L-----L-----GL-D-YH-----S-----K-----A-----F-----	473
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10	-----H-N-----I-----L-----L-----G-----D-----Y-----KDN-----V-----K-----L-LA-	469
SMM.US.86.CFU212	-----H-G-----N-----I-----L-----L-----G-----D-----Y-----KDN-----V-----K-----L-LA-	469
SMM.US.x.F236 H4	-----H-N-----I-----L-----L-----G-----D-----Y-----KDN-----V-----K-----L-LA-	469
SMM.US.x.H9	-----H-N-----I-----L-----L-----G-----D-----Y-----KDN-----V-----K-----L-LA-	469
SMM.US.x.PBJA	-----H-N-----I-----L-----L-----G-----D-----Y-----KDN-----V-----K-----L-LA-	469
SMM.US.x.PGM53	-----H-N-G-----I-----L-----L-----G-----D-----Y-----KDN-----V-----K-----L-LA-	469
SMM.US.x.SME543	-----N-----I-----L-----L-----G-----D-----Y-----KDN-----V-----K-----L-LA-	469
SMM.US.x.pE660 CG76	-----N-----I-----L-----L-----G-----D-----Y-----KDN-----V-----K-----L-LA-	469
STM.US.89.STM 37_16	-----NI-----R-----I-----L-----NL-----DV-----K-----A-----A-----	469

Table with columns for protein names (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2) and amino acid sequences. The table is organized into two main sections: p51 RT end and p15 RNase H start. Each row represents a different HIV-2 protein isolate, showing its specific amino acid sequence at that position.

p15 RNase H end_p31 Integrase start

MAC.US.x.239	A.ELEAFMLMALTDSGPKANIIVDSQYVMGIITGCPTESESRLVNOIEEMIKKSEIYVAWVPAHKGGIGGQEIIDLHVSQGIQVLF.LEKIEPAQEHEHDKYHNSVKELVFKGLPRIVARQIVDTCDKCHOKGEAIGHQANSDLGTWQMDCTHLEGKIIIVAVHVASGFIE	811
A.CI.88.UC2A-A-----V.....VASQ-----I-----D.....EAV-----I-----V-----E-----I-----IH-----I-QL-----N-AO-0-----V-AEI-V-----	824
A.DE.x.BENV-R-A-----V.....VAQ-----N-I-----EAV-----V-----V-----E-----II-----TH-----I-LL-----NS-AO-0-----V-AEI-V-----Y-----	824
A.DE.x.PET2 KR KRCCGA-A-----V.....VAQ-----K-----ETL-----V-----V-----E-----F-----SH-----I-KL-----N-AO-0-----VDAE-----V-----	824
A.FR.00.LA38A-----V-V-----VAQ-----N-I-----EAL-----V-----V-----E-----F-----SH-----I-KL-----N-TO-0-----V-AE-----V-----	823
A.FR.01.LA42A-V-----V-----VAQ-----K-----EAL-----V-----V-----E-----F-----SH-----I-KL-----N-AO-0-----V-AE-----V-----	824
A.FR.02.LA36gomMA-----V-----VAQ-----K-----EA-----V-----V-----E-----F-----SH-----I-NL-----N-AO-0-----V-AE-----V-----	824
A.FR.93.LA37A-----V-V-----VAQ-----KI-----K-----EA-----V-----V-----E-----F-----SH-----I-QL-----N-AO-0-----V-AE-----V-----	827
A.FR.96.LA40A-VA-----V-V-----VAQ-----KI-----D-----EA-----V-----V-----E-----F-----SH-----I-KL-----N-TO-0-----V-AE-----V-----	824
A.FR.98.LA39A-----V-----V-----VAQ-----KI-----I-----EAL-----S-----V-----HI-----E-----TH-----I-NL-----N-AO-0-----L-----V-AEV-----V-----	827
A.FR.98.LA41A-----V-----V-----VAQ-----I-----EAL-----S-----V-----R-----E-----M-----TH-----I-QL-----NS-AO-0-----V-AE-----V-----	827
A.GH.x.GH1A-T-----V-----VVQ-----I-----D-----EAV-----V-----V-----E-----M-----TH-----I-QL-----N-AO-0-----V-AEI-V-----	824
A.GM.87.D194A-A-----V-----V-----VAQ-----N-I-----D-----EAV-----V-----V-----E-----I-----TH-----I-QL-----N-AO-0-----V-AEI-V-----	824
A.GM.x.ISY SBL 6669 85A-V-----V-V-----V-Q-A-----I-----K-----D-----EA-----V-----V-----R-----G-----I-----AH-----N-L-----N-AO-0-----V-AE-----V-----	824
A.GM.x.MCN13A-----V-----V-----V-Q-----I-----K-----EA-----V-----V-Q-----R-----G-----I-----SH-----I-KL-----N-AO-0-----VDAE-----V-----	824
A.GW.86.FG c1one NIHZA-----V-----V-----VAQ-----N-I-----EA-----V-----V-----E-----I-----SH-----I-KL-----N-ARVQ-----V-AE-----V-----	823
A.GW.87.CAN2CGA-----V-----V-----VAQ-----N-I-----EA-----V-----V-----E-----I-----SH-----I-QL-----N-AOYQ-----V-AEV-----V-----	823
A.GW.x.MDSA-----V-----V-----VVQ-----N-I-----EA-----V-----V-----E-----N-----SH-----I-QL-----N-AO-0-----V-A-----V-----	824
A.IN.07.NNVAA-----V-----V-----VAQ-----N-----EA-----V-----V-----E-----N-----SH-----I-KL-----N-AO-0-----V-AE-----V-----	824
A.IN.95.CR1K 147A-----V-----V-----VAQ-----N-----EA-----V-----V-----E-----N-----SH-----R-KL-----N-AO-0-----V-AE-----V-----	824
A.JP.08.NMC786 c1one 41	S.....A-A-----T-V-----VASQ-----I-----D-----EAV-----V-----I-----I-----E-----I-----TH-----I-QL-----N-PO-0-----V-AEI-V-----	824
A.PT.x.ALIAL-V-----V-----VASQ-----N-I-----EA-----V-----V-----E-----I-----SH-----I-QL-----N-AO-0-----V-AE-----V-----	824
A.SN.85.RODA-----V-----V-----SASQ-----KI-----EA-----V-----V-----E-----I-----SH-----I-NL-----NS-AO-0-----V-AE-----V-----	825
A.SN.86.ST JSP4_27A-V-----V-----VAQ-----KI-----EA-----V-----V-----E-----I-----SH-----I-KL-----N-TO-0-----V-AE-----V-----	824
B.CI.88.UC1AL-Q-0-----QV-----VAQ-0-----T-P-----K-----EA-G-----R-L-----E-G-----H-----I-QL-----K-NS-0-----V-V-AE-----V-----	825
B.CI.x.20 56AL-Q-0-----QV-----A-Q-----TD-PI-----K-----EA-G-----L-----V-----E-G-----H-----I-QL-----K-NS-0-----V-AE-----V-----	825
B.CI.x.EHOAL-Q-0-----QV-----VAAQ-0-----T-PI-----RE-----EA-G-----L-----V-----I-----E-G-----H-----I-QL-----K-NS-0-----V-E-----V-----	824
B.FR.00.LA44AL-Q-0-----QV-----A-Q-----T-PI-----K-----EA-G-----R-L-----V-----E-G-----H-----I-LL-----K-NS-0-----V-V-AE-----V-----	825
B.FR.98.LA43AL-Q-0-----QV-----A-Q-----T-PI-----AK-----EA-G-----L-----V-----E-G-----H-----I-QL-----K-NS-0-----V-AE-----V-----	822
B.GH.86.D205 ALTAL-Q-0-----E-QV-----AAQ-0-----T-PI-----AK-----EAV-G-----L-----V-----E-G-----H-----I-QL-----K-NS-0-----V-A-----V-----	822
B.JP.01.IMCJ KR020_1AL-Q-0-----QV-----AAQ-0-----T-PI-----K-V-----EA-G-----L-----V-----HI-----N-----E-G-----H-----I-QL-----K-NS-0-----V-AE-----V-----	825
G.CI.92.Abt96A-Q-0-----V-----A-Q-0-----T-P-----K-----X-----EXL-G-----L-----V-X-----E-F-----TH-----I-QL-----K-NSYHS-0-----V-AE-----V-----	807
AB.CM.03.03CM 510 03AL-Q-0-----QV-----AAQ-0-----T-PI-----TX-----EA-G-----L-----V-----E-G-----X-----H-----X-QL-----K-NS-0-----V-AE-----V-----	825
H2 01 AB.CI.90.7312AAL-Q-0-----QV-----VAQ-0-----T-PI-----K-----EA-G-----L-----V-----E-G-----H-----I-QL-----K-NS-0-----V-V-AE-----V-----	825
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20AL-Q-0-----QV-----A-Q-0-----T-SI-----R-----EAV-G-----L-----V-----E-G-----H-----I-QL-----K-NS-0-----V-V-AE-----V-----	825
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01AL-Q-0-----QV-----A-Q-0-----T-SI-----R-----EAV-G-----L-----V-----E-G-----H-----I-Q-----K-NS-0-----V-V-AE-----V-----	825
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10AL-Q-0-----RV-----A-Q-0-----T-SV-----R-----EAV-G-----L-----V-----E-G-----H-----HL-----K-NS-0-----V-V-AE-----V-----	825
U.CI.07.07IC TNP3Q-SQ-0-----V-----A-Q-0-----T-P-----K-----M-EAL-XG-----L-V-----E-----I-----I-L-----K-----V-TE-----V-----	807
U.FR.96.12034A-E-----V-----VT-----I-----A-Q-0-----T-P-----SK-----L-R-EAV-G-----L-V-----E-----F-----QH-----I-QL-----K-N-HV-0-----M-V-TEV-----VW-----	820
U.US.08.NMK08IK-E-----D-V-MVT-----I-----LS-Q-----E-Q-----N-R-----L-----V-K-----S-----E-----TH-----I-QL-----K-N-P-Q-----T-VDASV-----Y-----	806
MAC.US.x.17EC1K-----V-----V-----	810
MAC.US.x.251 1A11K-----V-----V-----	811
MAC.US.x.251 32H PJ5K-----V-----V-----	811
MAC.US.x.251 BK28T-----V-----V-----	807
MAC.US.x.MM142 IVMXXT-----S-----I-----L-----K-----V-----V-----	807
MNE.US.82.MNE 8A-----T-----L-----K-----V-----V-----	807
MNE.US.x.MNE027A-----T-----L-----K-----V-----V-----	807
SMM.CI.79.SIVsmC12IAP-R-A-----VVT-----VA-H-----TD-P-----E-----L-----EA-G-----L-----V-----R-----S-Q-----E-----I-----H-----I-QL-----K-N-TO-0-----V-AE-----V-----	816
SMM.LR.89.SIVsmL1B1A-MQ-----E-----VT-----VA-Q-----MN-----TA-----L-----R-----V-----R-----S-#-----E-----I-----Y-----I-L-----K-----V-AE-----I-----	801
SMM.SL.92.SIVsmSL92AQ-L-L-----K-----PS-V-VVT-----LN-----Q-S-----D-DI-A-----QLVQ-----EAV-IG-----L-----N-V-R-----S-----D-----I-----AQ-YNI-QL-----K-----NA-N-0-----T-AEV-----V-----	806
SMM.SL.92.SL92BQ-L-L-----K-----PS-V-VVT-----LN-----Q-S-----D-DI-A-----QLVQ-----EAV-IG-----L-----N-V-R-----S-----D-----I-----AQ-YNI-QL-----K-----NA-N-0-----T-AEV-----V-----	803
SMM.US.04.G078V-Q-----TE-----V-----V-Q-----KI-----TA-----L-----V-----E-----I-----L-----K-----V-E-----V-----V-----	807
SMM.US.04.G932I-----TE-----V-----V-Q-----KI-----TA-----L-----V-----E-----I-----L-----K-----V-E-----V-----V-----	807
SMM.US.04.M919CL-A-----V-----V-----A-Q-----N-----H-----EA-----V-----V-----S-----E-----I-----L-----K-----I-----Q-----V-AE-----V-----	807
SMM.US.04.M922YL-A-----V-----V-----A-Q-----N-----H-----EA-----V-----V-----S-----E-----I-----L-----K-----I-----Q-----V-AE-----V-----	807
SMM.US.04.M923YL-A-----V-----V-----VA-Q-----N-----H-----EA-----V-----V-----S-----E-----I-----L-----K-----I-----Q-----V-AE-----V-----	807
SMM.US.04.M926I-----V-----V-----V-----K-----E-V-----E-----Y-----I-----L-----K-----V-----V-----	807
SMM.US.04.M934I-----V-----V-----V-----K-----E-V-----E-----Y-----I-----L-----K-----V-----V-----	807
SMM.US.04.M935YL-A-----V-----V-----A-Q-----KI-----TAV-T-----L-----V-----E-----I-----L-----K-----I-----Q-----V-AE-----V-----	807
SMM.US.04.M940V-Q-----TE-----V-----V-Q-----N-----EG-----T-----L-----V-----E-----I-----L-----K-----I-----Q-----V-TE-----V-----	807
SMM.US.04.M946YL-A-----V-----V-----A-Q-----N-----H-----EG-----T-----L-----V-----E-----Y-----I-----L-----K-----Q-----V-TE-----V-----	807
SMM.US.04.M947YL-A-----V-----V-----A-Q-----N-----H-----EG-----T-----L-----V-----E-----Y-----I-----L-----K-----Q-----V-TE-----V-----	807
SMM.US.04.M949V-Q-----AE-----V-----V-Q-----KI-----TAV-----L-----V-----E-----I-----L-----K-----I-----N-Q-----V-TE-----V-----	807
SMM.US.04.M950Q-----TE-----V-----V-Q-----KI-----S-----G-----E-----Y-----I-----L-----K-----I-----N-Q-----V-TE-----V-----	807
SMM.US.04.M951V-Q-----TE-----V-----V-Q-----KI-----S-----G-----E-----Y-----I-----L-----K-----I-----N-Q-----V-TE-----V-----	807
SMM.US.04.M952Q-----V-----V-----V-----Q-----KI-----S-----G-----E-----Y-----I-----L-----K-----I-----N-Q-----V-TE-----V-----	807
SMM.US.05.D215VK-----V-----V-----VA-Q-----NSI-----TA-----L-----V-----D-----E-----Y-----I-----L-----K-----V-AE-----V-----	807
SMM.US.06.FTqV-E-----V-----V-----VA-Q-----V-----TA-----L-----V-----D-----E-----Y-----I-----L-----K-----V-AE-----V-----	807
SMM.US.11.SIVsmE660 FL10YL-A-R-----V-----V-----A-Q-----N-----S-----TA-----L-----V-----E-----E-----Y-----I-----L-----K-----I-----V-AE-----V-----	811
SMM.US.86.CFU212YL-A-----V-----V-----A-Q-----N-----S-----TA-----L-----V-----E-----E-----Y-----I-----L-----K-----I-----V-AE-----V-----	807
SMM.US.x.F236 H4YL-A-----V-----V-----A-Q-----N-----S-----TA-----L-----V-----E-----E-----Y-----I-----L-----K-----I-----V-AE-----V-----	807
SMM.US.H9YL-A-----V-----V-----VA-Q-----K-----EA-----X-----E-----V-----E-----#*K-----E-----K-----X-----L-----K-----L-----V-AX-----G-----	807
SMM.US.x.PBJAYL-A-----V-----V-----VA-Q-----K-----EA-----X-----E-----V-----E-----#*K-----E-----K-----X-----L-----K-----L-----V-AX-----G-----	807
SMM.US.x.PGM53YL-A-----V-----V-----A-Q-----K-----EA-----X-----E-----V-----E-----#*K-----E-----K-----X-----L-----K-----L-----V-AX-----G-----	807
SMM.US.x.SME543YL-A-----V-----V-----VA-Q-----K-----EA-----X-----E-----V-----E-----#*K-----E-----K-----X-----L-----K-----L-----V-AX-----G-----	807
SMM.US.x.SME543YL-A-----V-----V-----VA-Q-----K-----EA-----X-----E-----V-----E-----#*K-----E-----K-----X-----L-----K-----L-----V-AX-----G-----	807
SMM.US.x.pE660.CG76YL-A-----V-----V-----A-Q-----K-----EA-----X-----E-----V-----E-----#*K-----E-----K-----X-----L-----K-----L-----V-AX-----G-----	807
STM.US.89.STM 37_16A-A-----V-----V-----Q-----K-----EA-----V-----V-----E-----I-----L-----K-----V-AE-----V-----	807

	p31 Integrase end Pol end	
MAC.US.x.239	DIKVVPRKAKIKDYGGKVDSSSHMEDT.GEAREVA.....*	
A.CI.88.UC2	-----R---RQ-L--P-L-GA.R-DG---	1019
A.DE.x.BEN	-----R---RQ-L--P-L-GA.R-DG-M.CPCQVPEIQ	1033
A.DE.x.PET2 KR KRCC	---I---R---RR-----L-G-.R-DG---	1033
A.FR.00.LA38	---I---R---RQ-----GP-L-GA.R-DG-M---	1032
A.FR.01.LA42	E---I---R---RQ-L--G-L-GA.R-DG---	1033
A.FR.02.LA36GomM	---I---R---RQ-M--GP-L-GA.R-DG-M---	1033
A.FR.93.LA37	-----R---RQ-L-G-L-GA.R-DG-M---	1036
A.FR.96.LA40	---I---R---RQ-M--G-NL-GA.R-DG-M---	1033
A.FR.98.LA39	-----R---RQ-L-G-L-GA.R-DG---	1036
A.FR.98.LA41	-----R---RQ-L-G-L-GA.R-DG---	1036
A.GH.x.GH1	---I---R---RQ-L#-L-GARE-DG---	1032
A.GM.07.D194	-----R---RQ-L#-L-GA.R-DG---	1033
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	---I---R---PRQ-M--G-L-GA.R-DG-M---	1033
A.GM.x.MCN13	-----R---RQ-L-G-L-GA.R-DG-M---	1033
A.GW.06.FG c1one NIHZ	E---I---R---RQ-M--G-L-GA.R-DG-M---	1032
A.GW.07.CAM2CG	---II---R---RQ-L--L-GA.R-NG---	1032
A.GW.x.MDS	---I---R---RQDM--GP-L-G-.R-DG---	1033
A.IN.07.NVVA	---II---R---RQ--GP-L-G-.R-DG---	1033
A.IN.95.CR1K 147	---II---R---RQ-M--GP-L-G-.R-DG---	1033
A.JP.08.NMC786 c1one 41	---I---R---RQ-L--L-GA.R-DG-M.*PCQVPEI-	1040
A.PT.x.ALI	-----R---RQ-L-GP-L-GA.R-DG---	1033
A.SN.85.R0D	---II---R---RQ-M--G-L-GA.R-DG-M---	1034
A.SN.86.ST.JSP4_27	---II---R---RQ-M--G-NL-GA.R-DG---	1033
B.CI.88.UC1	E---I---RH-----L-CGTD---RQ---M.0SGQVPEA-	1042
B.CI.x.20 56	E---I---RH-----L-CGADV---RQ---M.0SGQVPEA-	1042
B.CI.x.EH0	E---I---RN-----L-C-ADV---M0---OSN+IPETI-	1040
B.FR.00.LA44	E---I---RH-----L-CGADV---RQ---M.0SDQXPEV-	1042
B.FR.98.LA43	E---I---RH-----L-C-ADV---RQ---M.0SDQV*V-	1041
B.GH.06.D205 ALT	E---I---RH-----GL-C-AD---RQ---M.0SD*VS*V-	1037
B.JP.01.IMCJ KR020_1	E---I---N-----L-C-AN---Q---M.0PSQISET-	1042
G.CI.92.Abt96	E-----TN-----RQTG-----	1016
AB.CM.03.03CM 510 03	E---I---RH-----GL-C-AD---RQ-S-M.0SDQIP*V-	1041
H2 01 AB.CI.90.7312A	E---I---RH-----L-C-TDV---RQ---M.0SSQVSEA-	1042
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	E---I---RH-----L-CGTDV---RQ---M.0SGQVPEA-	1042
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	E---I---RH-----L-CGTDV---RQ---M.0SSQAPEA-	1042
H2 01 AB.JP.08.NMC842_10	E---I---RH-----GL-CGTD---RQ---M.0SGQVPEA-	1042
U.CI.07.07IC TNP3	---I---R-----G-NL-GA.RDQG-M.0LGEIP*A-	1023
U.FR.96.12034	---I---R-----L--NL-GA.EKV--M.LPDQTPEYN	1037
U.US.08.NMK08	---V---AN--N*-KVGKM-LYSEIL*T-	1021
MAC.US.x.I7EC1	-----M-----	1020
MAC.US.x.251 Ia11	-----M-----	1020
MAC.US.x.251 32H PJ5	-----M-----	1020
MAC.US.x.251 BK28	-----M-----	1016
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-----M-----	1016
MNE.US.02.MNE 8	-----M-----	1016
MNE.US.x.MNE027	-----M-----	1016
SMM.CI.79.SIVsmC12	---I---LGN-PYL-NP.E-DGKM-OPD	1028
SMM.LR.09.SIVsmL1B1	-----R-T-M---	1010
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	---I---M--AD-N.TQV--T.QLSEISKV-	1023
SMM.SL.92.SL92B	E---I---RQ-MG-AS-Q*KNSGAL	1012
SMM.US.04.G078	E-----A-G-G-L-P---	1016
SMM.US.04.G932	-----P-L--V-M---	1016
SMM.US.04.M919	E-----L-G-L--K---	1016
SMM.US.04.M922	E-----L-G-L--T---	1016
SMM.US.04.M923	---V---R-----L-G-L---	1016
SMM.US.04.M926	-----M-GP-V-P---	1016
SMM.US.04.M934	---V---R-----M-GP-V-P---	1016
SMM.US.04.M935	E-----L-G-L---	1016
SMM.US.04.M940	-----A-G-G-L-P---	1016
SMM.US.04.M946	-----V-----GP-V-P---	1016
SMM.US.04.M947	E-----G-L---	1016
SMM.US.04.M949	-----A-GNGP-L-P---	1016
SMM.US.04.M950	-----M-GP-V-P---	1016
SMM.US.04.M951	-----A-G-G-L-P---	1016
SMM.US.04.M952	-----M-GP-V-S---	1016
SMM.US.05.D215	---V-V-A-----L--R-TG---	1016
SMM.US.06.FTq	-----A-L-GT-V--R-G-M---	1020
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	E-----L-G-L--R-G-M---	1016
SMM.US.06.CFU212	-----L-G-L--R-G-M---	1016
SMM.US.x.F236_H4	E-----L-G-L---	1015
SMM.US.x.H9	E-----L-G-L---	1016
SMM.US.x.PBJA	E-----L-G-L---	1016
SMM.US.x.PGM53	E-----L-GP-L---	1016
SMM.US.x.SME543	E-----L-G-L---	1016
SMM.US.x.pE660_C67G	E-----L-G-L---	1016
STM.US.09.STM_37_16	-----G-L--R-G---	1016

Table with columns for protein names (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2) and their corresponding amino acid sequences. The sequences are presented in a compact, multi-line format for each entry.

	Vpx start					Vpx end
MAC.US.x.239	MSPRERIPPGNSGEETIGEA	FEWLNRTVEEINREAVNHL	PRELIFQVWORSWEYHDE	QGMSPSYVKYRYLCLIQK	ALFMHCKKGCRCLEGEHG	AGGAWRP.GPPPPPPGLA*
A.CI.88.UC2	-T	-V	-D	-I	-AL	-R
A.DE.x.BEN	-E	-I	-AL	-R	-L	-S
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-A	-KTV	-G	-V	-A	-E
A.FR.00.LA38	-T	-TV	-V	-A	-D	-A
A.FR.01.LA42	-A	-V	-VA	-A	-D	-I
A.FR.02.LA36GomM	-A	-TV	-V	-A	-D	-A
A.FR.93.LA37	-T	-T	-V	-A	-D	-A
A.FR.96.LA40	-T	-TV	-V	-A	-D	-A
A.FR.98.LA39	-T	-TV	-VE	-A	-E	-A
A.FR.98.LA41	-A	-TV	-V	-A	-D	-A
A.GM.x.GH1	-T	-V	-E	-A	-D	-A
A.GM.87.D194	-A	-V	-V	-A	-D	-A
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-TN	-T	-E	-D	-D	-A
A.GM.x.MCN13	-T	-TV	-E	-N	-D	-A
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-T	-TV	-E	-A	-D	-A
A.GW.87.CAM2CG	-T	-TV	-E	-A	-D	-A
A.GW.x.MDS	-A	-TV	-EQ	-A	-D	-A
A.IN.07.NNVA	-T	-TV	-V	-A	-D	-A
A.IN.95.CR1K 147	-T	-TV	-A	-D	-A	-D
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-A	-V	-D	-I	-AL	-D
A.PT.x.ALI	-AN	-TV	-D	-A	-AL	-R
A.SN.85.R0D	-T	-TV	-V	-A	-D	-A
A.SN.86.ST JSP4_27	-AG	-T	-E	-D	-A	-R
A.SN.x.A2057	-A	-TV	-E	-D	-AL	-R
A.SN.x.A640	-A	-T	-D	-D	-A	-R
B.CI.88.UC1	-V	-D	-D	-E	-IT	-L
B.CI.x.20 56	-V	-D	-V	-A	-E	-LA
B.CI.x.EH0	-V	-D	-V	-A	-E	-L
B.FR.00.LA44	-V	-D	-V	-A	-E	-IV
B.FR.98.LA43	-V	-D	-V	-A	-E	-IV
B.GH.86.D205 ALT	-V	-D	-V	-A	-E	-IT
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-V	-D	-V	-A	-E	-IT
G.CI.92.Abt96	-V	-E	-D	-E	-T	-I
AB.CM.03.03CM 510_03	-V	-D	-V	-A	-E	-IT
H2_01_AB.CI.90.7312A	-V	-D	-V	-A	-E	-IV
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-V	-D	-V	-A	-E	-IT
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-V	-D	-V	-A	-E	-IT
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-V	-D	-V	-A	-E	-IT
U.CI.07.071C TNP3	-D	-VE	-E	-S	-TA	-Q
U.FR.96.12034	-G	-E	-V	-S	-E	-RD
U.US.08.NWK08	-A	-E	-V	-S	-E	-RD
MAC.US.x.17EC1	-A	-E	-V	-S	-E	-RD
MAC.US.x.251 IA11	-A	-E	-V	-S	-E	-RD
MAC.US.x.251 32H P35	-A	-E	-V	-S	-E	-RD
MAC.US.x.251 BK28	-A	-E	-V	-S	-E	-RD
MAC.US.x.MM142 IVMXX	-A	-E	-V	-S	-E	-RD
MNE.US.02.MNE 8	-A	-E	-V	-S	-E	-RD
MNE.US.x.MNE027	-A	-E	-V	-S	-E	-RD
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-GSA	-T	-YS	-AV	-G	-K
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-E	-Q	-R	-F	-A	-T
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-Q	-D	-D	-E	-V	-T
SMM.SL.92.SL92B	-T	-Q	-D	-D	-E	-V
SMM.US.04.G932	-H	-A	-HN	-AL	-QT	-Q
SMM.US.04.M919	-S	-D	-D	-D	-A	-R
SMM.US.04.M922	-L	-D	-D	-D	-A	-R
SMM.US.04.M923	-L	-D	-D	-D	-A	-R
SMM.US.04.M926	-A	-D	-T	-R	-V	-R
SMM.US.04.M934	-Q	-D	-D	-D	-A	-R
SMM.US.04.M935	-V	-D	-D	-D	-A	-R
SMM.US.04.M940	-Q	-D	-D	-D	-A	-R
SMM.US.04.M946	-V	-D	-D	-D	-A	-R
SMM.US.04.M947	-V	-D	-D	-D	-A	-R
SMM.US.04.M949	-V	-D	-D	-D	-A	-R
SMM.US.04.M950	-V	-D	-D	-D	-A	-R
SMM.US.04.M951	-V	-D	-D	-D	-A	-R
SMM.US.04.M952	-AA	-VL	-H	-D	-V	-R
SMM.US.05.D215	-N	-E	-D	-V	-R	-R
SMM.US.06.FT0	-E	-D	-A	-R	-R	-A
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-E	-G	-A	-R	-M	-E
SMM.US.86.CFU212	-A	-G	-A	-R	-M	-E
SMM.US.x.F236_H4	-K	-D	-H	-X	-A	-R
SMM.US.x.H9	-X	-D	-D	-A	-R	-M
SMM.US.x.PBJA	-D	-D	-A	-R	-M	-E
SMM.US.x.PGM53	-E	-G	-A	-R	-M	-E
SMM.US.x.SNE543	-E	-G	-A	-R	-M	-E
SMM.US.x.pE660_C67G	-E	-G	-A	-R	-M	-E
STM.US.89.STM_37_16	-A	-E	-H	-D	-R	-PG

	Vpr start	Vpr end
MEER...	PPENEGPQREPWDEWVVELEELKEEAKLKHDPRLRLTALGNHIYNRHGDLEGAGELIRILQRALFMHFRGGCIHSRIGOPGGGNPLSAITPPSRML*	
MAC.US.x.239	-M.GA.....#MIV*IT---*R-----I-D-Y-----N---R-K-----S-L-V-GSR---*TRRRRT-CP-T-TP-G-H-	101
A.CI.88.UC2	-T-APTEF---DGT-R-DLGS-D-I-T-R-I---R-----I-YY-H-----R-KT-----V-A-NR---*TRRRRT-CP-A-TP-A-H-	83
A.DE.x.BEN	-T-APAEF---D-T-P-G-G---IGI-R-R-----T-Y-CA-----S-R-NV---V-A-KI---TR-ET-F---TP-G-Q-	105
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-T-APTEL---DRT-P-G-A-I-I-R-I-K---R---S---RY-T-----R-V-----A-A-G---TR-R---TP-N-Q-	106
A.FR.00.LA38	-T-APTEF---GT-P-GN---I-R-I---R-----I-YY-LT---I---R-V-----A-S-----TR-R---TP-N-Q-	106
A.FR.01.LA42	-T-APTEL---GT-P-G---IGI-R-IQ---V-R-I-KY-T-Y---R-V---T-A-G---TM-----TP-G-Q-	106
A.FR.02.LA36GomM	-T-APTES---GT-P-G---I-I-R-I---R-----Y-S-Y---R-V---A-G---TR-R---TP-G-Q-	106
A.FR.93.LA37	-T-APTEF---DNT-P-G---I-I-R-I---R-----IT-Y-I-Y---R-VKV-V-S-A-GR---LR-R-A---TP-G-H-	106
A.FR.96.LA40	-T-APTEF---DGT-P-G---I-I-G-I---R-----I-RY-A-Y---R-VGV---T-A-G---TR-R---TP-G-P-	106
A.FR.98.LA39	-T-APTEF---D-T-P-G---I-I-R-I---R-----I-YY-LT---I---R-V-----V-L-A-NR---S-TRRRRT-CP-A-TP-G-R-	106
A.FR.98.LA41	-T-APTEF---DGT-R-LGGD-IRI-G-I---Y-HS---P---R-V---V-I-A-DR-K-TRRRRA-CP-A-TP-G-H-	106
A.GR.x.GH1	-T-APTEF---DGT-R-LGST-I-T-K-I---C-I-YY-T-----R-V---T-A-G---R-R---TP-N-Q-	106
A.GM.87.D194	-T-APAEF---DGT-P-G---I-I-R-I---R-----YY-T-----R-V---T-A-G---R-R---TP-N-Q-	106
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-T-APTEF---DGT-P-G---II-I-RKTK---Y-HT-----R-NV---A-RL---T-RT-TP-TSTP-T-Q-	106
A.GM.x.MCN13	-T-APTEL---DRT-P-G-A-I-I-R-IE---R-----RY-T-----R-V---A-A-G---TR---TP-G-H-	106
A.GW.86.FG c1one NIHZ	-T-APTEL---DGT-P-G---I-I-RDI---R-----G-A---R-V---T-A-N---TR---TP-R**	105
A.GW.87.CAM2CG	-T-APTEL---DGT-P-G---I-I-RIT---RS---R-T---R-R---T-A-G---TR---TP-Q-	106
A.GW.x.MDS	-T-APTEL---DRT-P-G---I-I-R-I---R-----RY-T-Y-P---R-V---T-A-G---R---TP-R-	106
A.IN.07.NNVA	-T-APTEL---DGT-P-G---I-I-R-I---R-----IY-D-Y---R-V---T-A-G---R---TP-R-	106
A.IN.95.CR1K 147	-T-APTEF---DGT-LGGD-IIRI---IR---G-P-I---Y-A---RK-VD---V-L-KA-SRPKVN-TR-TS-PVA-TP-N-Q-	106
A.JP.08.NMC786 c1one 41	-T-APTEF---AGM-HQGAR-I-R-I---R---M-I-GY-T---R-NA---A-GR-V-TR-R---TP-N-Q-	106
A.PT.x.ALI	-A-APTEL---VDGT-L-G---II-I-R-I---R-----I-KY-T---R-KV---T-A-G---TR---TP-N-Q-	106
A.SN.85.R0D	-T-APTES---DRT-P-G---I-T-R-I*---IT-Y-A---RG---LL-A-GR---R-R---TP-G-R-	105
A.SN.86.ST JSP4_27	-A-APTEF---DGT-P-G---IOI-R-IG---KY-A---R---T-A-G---TR-D---TP-D-Y-	106
A.SN.x.A640	-T-APTEL---GT-P-G---I-I-R-IQ---V-R-N-RY-T---R---T-A-G---TR---TP-G-Q-	106
A.US.93.7924A	-A-AAPET---S---E-ED-M-I-Q---R---F-S---A-K---L-A-Q---*R-	105
B.CI.88.UC1	-A-AAPET---D---E-ED---I-Q---R---F-S---A-K---L---Q---*G-Q-	105
B.CI.x.20 56	-A-AAPET---DKN---E-Q-D-I-Q---R---F-S---N---K-L---L-Y-Q---*VR-	105
B.FR.00.LA44	-A-AAPET---G---E-D-I-Q---R---F-S---A-K---L---Q---*P*G-R-	105
B.FR.98.LA43	-A-AAPEI---S---E-E-I-I-Q---R---F-S-Y---A-K---L-A-Q---SR-R---T---P*G-R-	105
B.GH.86.D205 ALT	-A-AAPEI---N---E-IG-I-I-Q---R---F-S---A-K---L-A-Q---S---T---P*G-R-	105
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-T-APAEI---D---E-ED---I-Q---R---F-G---IA---L---Q---V---*QK-	105
G.CI.92.Abt96	-A---EI-D-A---I---Y-D---K---L-D-RC-GNA---T---GVF-	103
AB.CM.03.03CM 510_03	-A-AXXEI---S---Q-E-RXG-I-I-Q---X---F-S-Y---A-VK---L-A-R---X---P*G-Q-	105
H2_01_AB_C1_90_7312A	-A-AASET---D---E-ED---I-Q---R---F-S---A-K---L---Q---T---EG-Q-	106
H2_01_AB_JP_04_NNC307_20	-A-AAPET---D-N-G-E-EDI---Q---R---F-S---A-R-K---L---Q---PGG**	105
H2_01_AB_JP_07_NNC716_01	-A-AAPET---N---G-E-EDI---Q---R---F-S---A-K---L---Q---PGG**	105
H2_01_AB_JP_08_NNC842_10	-A-AAPET---D---S-E-EDI---Q---R---F-S-Y---A-K---L---Q---PGG**	105
U.CI.07.07IC TNP3	-A---D---G---E---I-Q---S---Y-D-Y---K---V---A-GOR---A-V---NV-	102
U.FR.96.12034	-A-I---DGA---G---R-I---VR---Y---K---I-L---R-SSR---TV---GV-	101
U.US.08.NWK08	-AA---QE-A---I---DI-Q---H---Y-D-Y---L---A-RL---G-R-P---G-	101
MAC.US.x.17EC1*---G---G---R	102
MAC.US.x.251 IA11N---R	101
MAC.US.x.251 32H PJ5N---T---GV-	102
MAC.US.x.251 BK28N---T---*GV-	101
MAC.US.x.MM142 IVMXXK---I-S-S	102
MNE.US.02.MNE 8D---Y-D---K---T---S---T---R	102
MNE.US.x.MNE027D---Y-D---K---N---S---T	102
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-A-H---D---P---A---D---I---Y-D---K---I-A-L-HS---TV---GV-	102
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-A-SLSP---D-A---T---I-T---N---Y-D-Y---K---L---R---S-R---AT---GV-	103
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-H---A-D-TNP---IRD---YV-DTY---I---I-K-K---L-H-T---CRR---AT---NV-	101
SMM.SL.92.SL92B	-A---D---T---I-Q---H---Y-D-Y---K---L---V---S---AT---EV-	101
SMM.US.04.G932	-T---D---A---I---H---Y-D---K---L---T---S---T---RV-	102
SMM.US.04.M919	-T---D---A---I---Y-D---L---T---S---T---GV-	102
SMM.US.04.M922	-T---D---A---I---V---Y-D---L---V-V-S---A---GV-	102
SMM.US.04.M923	-T---D---A---I---N---Y-D---L---R---S---T---GV-	102
SMM.US.04.M926	-A---D---A---L---V---Y-D-Y---K---I---T---S---T---GV-	102
SMM.US.04.M934	-T---D---A---I---S---Y-D-Y---K---I---T---S---TV---GV-	102
SMM.US.04.M935	-T---D---A---I---Y-D---L---V---S---A---GV-	102
SMM.US.04.M940	-A---D---S---T---I-Q---N---Y-D---K---N-L-AR---AT---EV-	102
SMM.US.04.M946	-A---D---A---I---I-S---Y-D-Y---K---I---T---S---T-A-G-V-	102
SMM.US.04.M947	-A---D---A---I---V---Y-D---K---I---S---S---T---GV-	102
SMM.US.04.M949	-A---D---A---T---V-Q---T---Y-D---K---L-A-A-AR---A---GV-	102
SMM.US.04.M950	-T---D---A---I---S---Y-D-Y---K---L---S---T---I-G-V-	102
SMM.US.04.M951	-A---D---D---T---V-Q---Y-D---K---KA-L-A---AT---RV-	102
SMM.US.04.M952	-A---D---A---I---S---I-Y-D-Y---K---I---T---S---T---GV-	102
SMM.US.05.D215	-AGV---D---G---I---N---Y-D---K---L---Q---AT---GV-	102
SMM.US.06.F1Q	-A---D---T---Y-D---K---L---T---TNR---TV-T-NV-	102
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	-A---D---A---M---KR-L---Y-D---K---I-S-A-SR---T-D-	102
SMM.US.86.CFU212	-A---D---A---Y-D---K---I-S-A-H-R---AT-T-DV-	102
SMM.US.x.F236_H4	-A---D---A---Y-D---I---S-A-SR---V-	90
SMM.US.x.H9	-T---D---A---X---NX---I---Y-D---G---I---R---S---X---T---X-GV-	102
SMM.US.x.PBJA	-T---D---A---I---N---Y-D---I---R---S---T---GV-	102
SMM.US.x.PGMS3	-A---D---A---K---V---Y-D---K---I---S-A-SR---T---GV-	102
SMM.US.x.SNE343	-A---D---A---Y-D---K---I---S-A-SR---T---A-	102
SMM.US.x.pE660.C67G	-A---D---A---Y-D---I---S-A-SR---T---D-	102
STM.US.89.STM_37_16	-TH---D---I-Q---R---S---Y-D---K---R---R---AT---T-GV-	102

Table with columns: Accession ID, Protein Name, and Sequence. The table lists various HIV-2 protein sequences from different sources, including MAC, SMM, and STM. The sequences are aligned to show conserved regions, with specific amino acid positions and mutations indicated. The table is organized into sections based on protein type and source.

	Rev end	
MAC.US.x.239*	107
A.CI.88.UC2	104
A.DE.x.BEN	104
A.DE.x.PE12 KR_KRCG	RGSGINRETL	180
A.FR.00.LA38	97
A.FR.01.LA42	108
A.FR.02.LA36GomM	101
A.FR.93.LA37	107
A.FR.96.LA40	108
A.FR.98.LA39	108
A.FR.98.LA41	97
A.GH.x.GH1	104
A.GM.07.D194	104
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	RDRDISKETL	169
A.GM.x.MCN13	108
A.GW.06.FG_clone_NIHZ	108
A.GW.07.CAM2CG	101
A.GW.x.MDS	101
A.IN.07.NNVA	101
A.IN.95.CR1K_147	101
A.JP.08.NMC786_clone_41	97
A.PT.x.ALT	108
A.SN.85.ROD	101
A.SN.86.ST_JSP4_27	108
B.CI.88.UC1	151
B.CI.x.20_56	151
B.CI.x.EH0	151
B.FR.00.LA44	151
B.FR.98.LA43	151
B.GH.06.D205_ALT	154
B.JP.01.IMCJ_KR020_1	KGEGNRV	172
G.CI.92.Abt96	101
AB.CM.03.03CM_510_03	149
H2_01_AB.CI.90_7312A	151
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	151
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	151
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	151
U.CI.07.07IC_TNP3	103
U.FR.96.12034	99
U.US.08.NMK08	105
MAC.US.x.17EC1	108
MAC.US.x.251_1A11	108
MAC.US.x.251_32H_PJ5	108
MAC.US.x.251_BK28	108
MAC.US.x.MM142_IVMXX	108
MNE.US.02.MNE_8	108
MNE.US.x.MNE027	108
SMM.CI.79.SIVsmC12	104
SMM.LR.09.SIVsmLIB1	103
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	104
SMM.SL.92.SL92B	100
SMM.US.04.G078	108
SMM.US.04.G932	108
SMM.US.04.M919	108
SMM.US.04.M922	108
SMM.US.04.M923	105
SMM.US.04.M926	108
SMM.US.04.M934	108
SMM.US.04.M935	108
SMM.US.04.M940	108
SMM.US.04.M946	108
SMM.US.04.M947	105
SMM.US.04.M949	108
SMM.US.04.M950	108
SMM.US.04.M951	108
SMM.US.04.M952	108
SMM.US.05.D215	108
SMM.US.06.FTq	107
SMM.US.11.SIVsmE660_FL10	101
SMM.US.06.CFU212	106
SMM.US.x.F236_H4	105
SMM.US.x.H9	105
SMM.US.x.PBJA	101
SMM.US.x.PGM53	105
SMM.US.x.SME543	105
SMM.US.x.pE660_CG76	101
STM.US.09.STM_37_16	101

signal peptide_end_gp120_start

MAC.US.x.239	MGCLGNQLLAIALLLSVVGIYCT...LYVTVFYGVPAWRNATIPLFCATKNRDTWGTTQCLPNDGQYSEVALNVYTESFDAAW.NNVTVEQAIEDVWOLFSEIKPVKLSPLCITMRCNKSETRDRWLTKSITTTASTT...STTASAKVDMVNETSC	151
A.CI.88.UC2	-EPGR--AV--T-ACL-K...0--V--S--I--D--Q-IP--A--D--R--T--VA-N--PVTGNNTNA-AKP-AARP...--NPSYLITII--S-T	148
A.DE.x.BEN	-EPGR--FVV--T-ACLV-S...0--I--K--S--I--D--Q-II--A--D--V--H--R--T--VA-N--SRVQGNITTPNPTSSSTTS...--RPPTSAASII--N	149
A.DE.x.PE12 KR KRCC	-DSR--IV--T-ACL-A...0--I--K--S--R--I--D--Q-IP--A--D--V--N--V--T--VA-E--STS-ESSNS-SEGS...--VPELIT--T	139
A.FR.01.LA42	-MSGR--V--T--A-ACL-V...0--I--S--V--I--D--Q-I--A--D--V--N--Q--T--VA-S--TNTII--A--D--T--VA-E--TRNV-TGNIT--TARSPVTNG...--TKGNITLL--D-FP	142
A.FR.02.LA36GomM	-GKT--VT--IT-ACL-K.KO...I--I--ST--I--D--Q-I--A--D--I--V--N--Q--T--VA-K--TRSNITIIA-PIAS-IT...--KTTIPKEI--N-T	147
A.FR.93.LA37	-YGRTKI-V--A-ACL-K.D...I--I--S--S--I--D--Q-I--A--E--I--D--S--T--VE-E--DMNK-AKTTTPPTSAP...--SNII--DNFP--	139
A.FR.96.LA40	-GK-L--S-A-L-R-E...I--K--S--I--D--Q-I--A--D--I--N--S--T--VA-N--TVAP-STNST-TLTPM...--STPGLL--D-L	141
A.FR.98.LA39	-GGKT--V-F-A-ACL...0--I--K--S--I--D--Q-I--A--D--V--S--T--VA-T--HNLAGNVNTATTPK--T...--STTASP-L-VN--	144
A.FR.98.LA41	-MSGRT--V-F-A-ACL...0--I--K--S--I--D--Q-II--A--D--V--S--T--VA-M--NTG-NGT-T-TPAS-AST...--STAKSTATL--N--	150
A.GM.x.GH3	-GKSL-CV-S--A-LV-KSKPP...I--V--S--I--D--Q-II--A--D--V--S--T--VA-S--STNNITITG...--MSLEI--P	136
A.GM.87.D194	-EPGR--V--T-ACL-K...0--I--S--S--I--D--Q-II--A--D--V--R--T--VA-N--ITSGTATPPSPN...--ITIID-N-T	137
A.GM.90.CBL24	-GR--VTT--A-ACL-S...K--I--S--S--I--D--Q-I--A--D--V--S--T--VA-K--NTA-TQR-S-TTS--T-GAM...--ETI--P	144
A.GM.x.CBL21	-SR-L--V-S-A-ICL...0--I--S--S--I--D--Q-I--A--D--V--S--T--VA-N--TTMKNIISTARTPTGISMT...--ESILK-N--	141
A.GM.x.CBL22	-SG-KI--V--T-ACLV...0--I--K--S--I--D--Q-II--A--D--V--H--T--VA-N--T-TRNMTTLAGSIT--AKAVV...--I-D-DP	140
A.GM.x.ISY_SBL_6669_85	-MGGR--V--T-TCL-K...I--V-K--S--I--D--Q-IP--A--D--I--V--N--T--VA-N--S-TEVASAT-SPSG...--P-I-D-DP	137
A.GM.x.MCN13	-MGGR--V--T-TCL-N...I--V-K--S--I--D--Q-II--A--D--V--N--T--VA-I--NDRANITTPPTASPT...--IKP-TEIS-N--	144
A.GW.06.CA65316_9	-MGGK--T-A-L-H-K...I--I--S--S--I--D--Q-I--A--D--N--T--VA-T--SSTSARSTTPPTITII--RTSNTNT...--TLNITTSKLNLEDN-T	154
A.GW.06.CA65319_7	-GKS--VTL--A-ACL...0--I--I--S--S--I--D--Q-I--A--D--N--T--VA-N--SDTS-STIIN-NTIIDNTT...--ETIEI-D-P	141
A.GW.06.CA65330_5	-GGR--VT--A-A-L-A...0--I--V-K--S--I--D--H-IS--A--D--N--D--L--T--VA-N--SN-TGTGNT-SGAR...--N-NTTPLL--K-A	143
A.GW.06.CA65409_14	-GKS--V--A-A-L-H-K...0--I--I--S--S--I--D--Q-II--A--D--I--V--N--T--VA-N--TRNM-TWT-R-DTON...--TKVATT-KSTNDSKEL-N-P	147
A.GW.86.FG clone NIHZ	-KESK--V--A-A-L-H-K...0--I--I--S--S--I--D--Q-II--A--D--I--V--N--T--VA-N--TRM-TWT-R-DTON...--TKVATT-KSTNDSKEL-N-P	147
A.GW.87.CAM2CG	-ERGR--T-A-ACL-R...0--I--K--S--I--D--Q-IP--A--D--I--V--N--T--VA-K--I-S-TTIRITTPS...--EAPISDN-P	143
A.GW.x.CA7205_8	-GSKA--A--T-A-L...0--I--K--S--I--D--Q-I--A--D--V--S--T--VE-S--TNTS-GSTTTLPLN...--TLI--NP	135
A.GW.x.CA7253	-TSEKT--A-TCLL-K...0--I--K--S--I--D--Q-I--A--D--V--S--T--VA-N--TWTSTANTTII...--I-STNMI--DS-P	139
A.GW.x.CAM1	-AYKR--T-ACL-K.RK...0--I--K--S--I--D--Q-IP--A--D--V--S--T--VA-K--DGNIT-STGNT-T-TRAR...--ITSEEIK-N	144
A.GW.x.GH3	-GK--V--T-ACL-K...0--I--I--S--S--I--D--Q-II--A--D--V--N--T--VA-N--NTQNTATE...--PAK-MEINL--P	132
A.GW.x.CAM4	-A-GKS--T-TCL-A...0--I--S--S--I--D--Q-IP--A--D--I--V--N--T--VA-K--KRMGTNTTA...--TTA--LLNDITLL--S-T	143
A.GW.x.CAM5	-T-GR--T-A-LVH-K...0--I--V--S--S--I--D--Q-I--A--N--D--V--N--T--K-E-K-LGNATLLSN-T...--S-TANLAIDDNTP	143
A.GW.x.CAM6	-RKR--I-T-ACL-K...0--I--I--S--S--I--D--Q-IP--A--D--V--N--T--VA-N--SR-RPSNSTRGNVTT-IPS...--TTAA--TPGMVI--P	150
A.GW.x.HDS	-TRKMH--V--T-ACL-K.P...0--I--K--V--S--I--D--F-I--A--D--V--S--T--VA-N--SRLSDASTRNTTNA--A-TI...--RA--IAPRNTTIS-N-P	156
A.IN.07.NWVA	-AREK--V--T-TCL-K...0--I--K--V--S--I--D--Q-II--A--D--V--N--T--VA-N--KNR-GNAT-APT...--INETIIS-N	143
A.IN.95.CR1K 147	-AHE-T--F-T-ACL-K...0--I--K--S--R--I--D--Q-IV--A--D--V--N--T--VA--T-T-TITAPT-TSAGST...--TP-PI--NT-	146
A.JP.08.NMC786 clone 41	-GKIL-IV-S--A-ACLV-K.K...I--V--S--I--D--Q-I--A--D--S--T--VA-S--RTSNPTTPAGTKS...--FPTPGNTI--NDT	145
A.PT.00.00PTHCC20_1	-GDR--V--A-ACL-H-K...E--M--K--S--R--I--D--Q-IP--S-A-G-DS...--N--T--VA-T--	120
A.PT.03.ABG	-AHKM--T-ACL-K...0--A--I--K--S--I--D--Q-II--A--D--V--N--T--VA-N--TRNF-ASRNS-ATRN--TPS-P...--KLGENSEL-K-N-T	149
A.PT.03.P1_6	-TGR--P--V--T-LV-Q...0--I--K--S--I--D--Q-IP--A--D--I--V--N--T--VA-N--SVSKNNTNSNTVAN...--GNKTD--D-DP	141
A.PT.03.P7	-TRK--S--A-ACL-ATKPK...0--I--K--S--I--D--Q-II--A--D--I--V--N--T--VA-K--L-NITST-TTPS-P...--DATLELEG-T	147
A.PT.03.P3_12	-A.GRS--VT--A-ACL-H-I...0--I--K--D--N--T--VA-N--K--STYNSNISTVRIIT-PKS...--TTPMETE--P	143
A.PT.03.P4_11	-MGGR--I-A-A-L-E...0--I--S--S--I--D--Q-II--A--D--V--S--T--VR-E--SNITDTNSTGGGS...--TTKST--PRPTTAPTE--E	151
A.PT.04.P6_3	-GK--V--I-A-TCL-K...I--I--S--S--I--D--Q-I--A--D--V--S--T--VK-T--STH-NNA-G-TTAP-T...--TTT-EY--ANN	144
A.PT.10.P7_10	-A.GR--F--T-ACLT-G...I--I--S--S--I--DGHG-II--A--D--I--V--N--T--VA-D--SIPPSTNST-TPS...--TPPEKID-N-R	141
A.PT.10.P8_6	-TRK--S--A-ACL-ATKPK...0--I--K--S--I--D--Q-II--A--D--I--V--N--T--VA-N--SGTPTSTPO-TVS-S...--SNMT-D-N-T	141
A.PT.92.93PTHDESC_13	-A.GRK--T--IA-A-LV-SS.K...I--I--K--S--I--D--Q-II--A--D--I--V--N--T--VA-T--STRSNNTESNT...--NTT-EAPEI-DN--	143
A.PT.98.98PTHDECT_13	-GDR--V--A-TCL-N...0--I--K--S--G--I--D--Q-II--A--D--V--N--T--VA-M--	120
A.PT.x.ALI	-MSSR--VT--A-ACLV-K...0--I--K--S--I--D--Q-II--A--D--V--N--R--T--VA-K--SNIS-ESTTTSP-PGS...--TLKPLT--SDP	141
A.SN.85.R0D	-M--T--A-ACL-V...0--I--K--S--R--I--D--Q-II--A--D--V--H--T--VA-K--SST-SSTGNN-T-KS-STT...--PTDQOEIS-DTP	146
A.SN.86.ST JS54_27	-GR--FV-S--A-ACL-V...0--I--V--S--I--D--Q-I--A--D--V--S--T--VA-T--AKNNTS-PTT...--TTANITIG-N	140
B.CI.x.20_56	-AHTS-H-F-LL--I--FLGH.KKM...I--V--T--V--T--ISV-I-A--V--D--S--L--T--VA-N--NTC-NTTKPTTPTI-T...--TKPSEW-D-P	147
B.CI.x.EHO	-AHVH-Y-VTL-I-I-YMGK.NF...I--I--K--S--R--V--D--T--IQ-I-A--D--D--TK-S--L--T--VA-N--STNN-RTNM-A-T-GM...--ITVIV--AIP	144
B.FR.00.LA44	-AHTS-H-LL-I--FM-K...0--I--I--S--T--V--T--ISI--A--V--D--S--L--T--VA-N--TWSSASKE-TTSSA...--SLR-STOLL--D-K	144
B.FR.98.LA43	-ARF-R-T-LT-IC-FV-Q.K-I...I--I--K--V--L--T--V--T--IK-I-A--D--V--D--S--L--T--VA-N--SGNN-GANTTISPITIA-T...--S-PS-AIRL--TL	147
B.GH.86.D205 ALT	-AYFSSR-P-L-IGIS-FV-K...0--I--V--I--T--V--T--IR-I-A--D--Q--V--R--T--VA-N--O--DRGANSTVTPPPAA...--TTNATLLI--NNT	144
B.JP.01.IMCJ KR020_1	-AREHKY-FA-L-I-FMGE.QF...I--I--K--V--L--T--V--I--V--D--I--A--D--Q--V--R--T--VA-N--S--NPGASSIT--KPT...--T-RGLKTI--DP	147
B.x.06.8704A_06_01	-AYSSSR--L-I-I-V-R...0--I--I--K--V--L--T--V--N--T--IK-I-A--Q--V--D--R--T--VA-W-F-NG-NGTQERTNI...--STII--DP	139
G.CI.92.Abt96	-AY--T--T-F-K...I--I--S--V--I--D--Q-L--A--D--V--N--T--T--VA--T--NK--GTT-V-PA-V...--P-KMVAEL-S-Q	151
AB.CM.03.03CM 510_03	-AYSSSC-P-LT--IC-FT-K...Q--I--I--X--S--I--D--Q-II--A--X--R--R--T--VA-N--TTT-ATPONT-TRN...--TTTIEDNP	137
H2_01_AB.CI.90.7312A	-GK-L-FV-S--A-L-L...K--V--S--I--D--Q-I--A--D--V--S--T--VA-S--STTATTPPSTNN--TT...--EPTTGGPEI--FP	146
H2_01_AB.JP.04.NMC307_20	-GK-L-FV-S--A-ACL-S...KK--V--S--I--D--Q-II--A--D--V--S--T--VA-N--TNITSNNTNP-P-NI...--EGPTLI--P	140
H2_01_AB.JP.07.NMC716_01	-GK-L-FV-S--A-ACL-SA.KO...V--S--I--D--Q-I--A--D--V--N--T--VA-N--TNITSNNTNP-SPNI...--EGPTLI--P	140
H2_01_AB.JP.08.NMC842_10	-WGK-L-F-S--A-ACL-S...KK--V--S--I--D--Q-I--A--D--V--N--T--VA-N--TNIASNNTNSASPP...--SPPTLEGL--P	142
U.CI.07.07IC TNP3	-AY--L-C-MACV...0--I--V--N--D--L--I--A--D--V--N--T--A--T--K--GTVA--T-P-N...--TTANITGRSEEI-G-DP	153
U.FR.96.12034	-A--L-C-MACV...0--I--V--N--D--L--A--D--V--S--T--VA--S-T-N--GTAA--T-P...--AMQESSKVI--EP	148
U.US.08.NWK08	-ASP-LH--G--LQTW-G...I--K--V--N--V-IP--A--D--V--N--T--VA--T--EK--NKQN--MT-S...--TTTT--PTTT-EKEIKGNET	155
MAC.US.x.251 JA11	0--L--E--E--T--S--TAAP...--KAM-E-IN-I	150
MAC.US.x.251 32H P35	0--L--E--E--T--S--ITTAAP...--P-AS-T	150
MAC.US.x.251 BK28	0--L--E--E--T--S--ITTAAP...--T-APV-E-I	153
MAC.US.x.MM142 IVMX	0--L--E--E--T--S--TTAKSVETR-I...--P	154
MNE.US.x.MNE027	-F-A--I--I--V-R...I--D--L--I--E--H--T--K--K--S--AP-T...--K-TKIEIV--N-T	152
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-E--V-R-C-W...0--I--SV--D--Q-IRM--A--D--N--T--A--T--K--GNT-AAPT-TTTTA...--VTATAV-TT-GG-ID-TE	160
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	-A--V-A...0--I--S--I--A--D--N--T--A--K--N--N--RTS--P...--ETNI--I--P	149
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-A--V-A...0--I--S--I--A--D--N--T--A--Q--DRN--R--GGTA--TAA-TK...--A-LTVP-KEL-D-P	154
SMM.SL.92.SL92B	-A-P-LH--D-F--L-TW-A...0--I--I--Q--V--D--L--I--A--D--N--T--A--K--N--RAA--S-P-TTS...--PLTAASPSGEEI--D-M	156
SMM.US.04.6078	-V-A--I...0--I--V--D--L--I--A--D--N--T--A--K--T--K--GTT--OK--TTGP...--ASKAKSATPVA-EV-TDS-P	154
SMM.US.04.6932	-I-A--I...0--I--K--V--D--L--I--R--D--N--T--A--D--GVS--KNP-IVA...--PTSRTA-LKPEL--DP	154
SMM.US.04.M919	-I-A--I...0--I--K--V--D--L--I--R--D--N--T--K--I--Q--GITP-LST--T...--Q--TNTTEVI--S	153
SMM.US.04.M922	-I-A--I...0--I--K--V--D--L--I--R--D--N--T--K--T--K--NV-ARNA-ATTPA...--TKTPA-VITVTPN--NDT	161
SMM.US.04.M923	-L--AL-V...0--I--K--V--D--L--I--A--D--N--T--A--N--RTTAS-TIQSTT...--STTP-IOVAEKV--DSTP	157
SMM.US.04.M926	-I-A--I...0--I--K--V--D--L--I--R--D--N--T--K--T--RHG-ATTP-TAA...--KST-EKVTHV--D	156
SMM.US.04.M935	-I-A--I...0--I--K--V--D--L--I--R--D--N--T--K--T--K--GTPSP-TAP...--MQ-T-AET	148
SMM.US.04.M940	-P-SR--L-V-A...0--I--K--V--D--L--I--R--D--N--T--K--T--GNT--TT-SS...--A-ATAVTPKI--SDP	152
SMM.US.04.M946	-I-A--I...0--I--K--V--D--L--I--R--D--N--T--A--K--RTQ-NK--RDTE-GMT-ATPTTTPSPTRTNGTTSRNEEIRANDT...--KTTAKTRVP--EL	165
SMM.US.04.M947	-W--L--AL-V...0--I--V--D--L--I--A--D--N--T--A--D--RGPS--TPSSTV...--KTTAKTRVP--EL	155
SMM.US.04.M949	-L-V-A...0--I--V--D--L--I--A--D--N--T--A--D--GTR-MKP-TEAS...--TGTA-P-TPITAKVL--SDP	159
SMM.US.04.M950	-L-V-A...0--I--V--D--L--I--R--D--N--T--A--D--TD-K--GTPS-TTAST...--TTKNRTTTODRLEDN-T	155
SMM.US.04.M951	-L-V-A...0--I--V--D--L--I--R--D--N--T--A--D--I-K--GTPS-TTAST...--T-A-TPAAVEL--D	152
SMM.US.04.M952	-Y--T--I-A-T-A...0--I--K--V--D--L--I--R--D--N--T--A--T--K--ATT-PATTIA...--ISLTTTPTLTKGNET	151
SMM.US.05.D215	-V-AC-W...0--I--S--V--D--L--I--R--D--N--S--T--A--D--GTPS-TAK-P...--T-PT-VAEVI	152
SMM.US.06.FTQ	-S-ACS-K...0--I--V--D--L--I--A--E--V--N--K--T--A--D--GVAQ-PTAST...--TTKATET-TDN-A	152
SMM.US.06.CFU212	-L-V-A...0--I--V--D--L--I--R--D--N--T--A--RT-N--GNSD-TV-P...--AKTTKEGET-D-DP	151
SMM.US.x.F236_H4	-L-V-LE-C-V...0--I--K--V--D--L--I--A--D--N--T--A--T--K--GTAAPTTK-LK...--TTS-TKPP-LE-D-DP	154
SMM.US.x.PGM53	-L-V-LE-C-V...0--I--K--V--D--L--I--R--D--N--T--A--T--K--GNAG-ITAIT...--TTA-P-VAENVI--SNP	153
SMM.US.x.SME543	-L-V-LE-C-V...0--I--K--R--D--L--I--R--D--N--T--A--T--K--NEIP-TT-TTT...--KSPKAEAITAKVI--SDP	156
STM.US.89.STM_37_16	-A-P--L--ACL...0--I--L--I--A--D--N--T--A--N--K--GKTV-VTP...--TST-TTVTPKVI--GD	155
	-L-I-A-D-N-T-A--N--K--GKTV-VTP...--AAA-AT-PEL	151

Table with columns for protein identifiers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2) and a corresponding multi-column sequence alignment of amino acid residues. The alignment is organized into two main sections labeled V1 and V2 at the top.

Table with columns for protein identifiers (e.g., MAC.US.x.239, A.CI.88.UC2), amino acid sequences (e.g., CNSTVSLIANIDW, IDGNTNITMSAEVAELRYLELGDYKLVETPIGLAPTQVKRY), and accession numbers (e.g., 609, 599, 594). The table is organized into two main sections: 'V5' and 'gp120 end gp41 start'.

MAC. US. x. 239	QLIRLLTWLFSNCRLLSRVYQIOLPIQLRLSA TLQRIEVLRTLETLYLQGWGYFHEAVQVWRSATETLAGAWGOLWETLRRGGRWILAIPRRIRQGLELTL*	Env end gp41 end*	879
A.CI.88.UC2	L-T---G-Y-I-D---ANSPTRR-L-S-N TA-DW-LKAA-CEWIO-F-IA-T-R-----RG-CKAVO-I-G--V-----A-IA---	866	
A.DE.x.BEN	L-T---IG-YNI-D---KNSPTRR-L-S-S TA-DW-LKAAO-CEWIO-F-FA-TTR-----W-AA-I-G--V-----A-A---	861	
A.DE.x.PE22 KR KRCC	---G-Y-V-KD---SFPT-L-F-S-Q RA-TT-DW-LTIA-CEWIO-VL-VLA-TTR-----S-R-GAMG-I-G--V-----A-A---	858	
A.FR.00.LA38	L---R-YNI-D---F-SF-T N---DW-LKVAF-CEWIOD-F-AA-ATR-----TS-CR-M-GV-G-I-G-----A-IA---	862	
A.FR.01.LA42	L---G-YNI-D-V-TSP-L-S-S-Q R-TAT-DW-LKVA-SEWIO-F-FA-ATR-----S-GRM-GA-WF-GL-V-----A-IA---	855	
A.FR.02.LA36gomM	L---R-YNS-D---IF-T-N N---DW-LKTAF-CEWIOG-F-CA-T-R-----CRG-GL-G-I-G-----V-VA---	869	
A.FR.93.LA37	L---G-YNI-KD---ISL-T-S-Q RA-TA-DW-LKAA-SEWIOD-F-FA-ATR-----ET-G-GOV-G-V-----A-IA---	865	
A.FR.96.LA40	---G-Y-I-D---TP-T G-R-RT-DW-LKTA-CEWIO-F-FA-VTR-----TN-CRG-R-E-I-G--V-----A-A---	857	
A.FR.98.LA39	L---R-YDI-N---ISL-F-S-Q RA-TA-DW-LK-A-SEWIO-F-FAKATR-----TS-CRG-G-G-I-G-R-A-V-----A-A---	861	
A.FR.98.LA41	L---G-YNI-D---KNSPTRR-L-S-S TA-DW-PKIA-CEWIO-F-FG-ATG-----CRGI-R-G-I-G--V-----A-A---	861	
A.GH.x.GH1	L-T---G-YNS-G---KNSPTRR-L-S-S TA-DW-LKAA-GEWIO-F-FAKTR-----S-G-CAAVO-V-G--V-----A-IA---	852	
A.GM.87.D194	L-T---G-YNS-G---KNSPTRR-L-S-S TA-DW-LKAA-CEWIO-FR-FA-T-R-I-----RGS-CAAO-I-G--V-----A-IA---	852	
A.GM.90.CBL24	L---IG-YNI-D---SSL-S-Q RA-TA-DW-L-AA-CEWIO-L-LT-ATR-----RN-GA-Q-I-G--V-----A-A---	866	
A.GM.x.CBL21	L---IG-YNI---I-KSF-T-S-G-Q RA-TA-DW-PGAA-CEWIO-L-FA-ATR-----TSV-RNFCG-MGOI-G-----A-A---	866	
A.GM.x.CBL22	L-V---R-Y-S-D---SFL-L A-DW-LKAA-CEWIO-FR-FAKTR-----R-GG-G-I-E-V-----A-IA---	851	
A.GM.x.ISY.SBL.6669.85	L---R-YNS-D---L-L-L A-DW-LKAA-CEWIO-F-LA-VTR-----TS-GRS-GA-G-I-G--V-----A-IA---	847	
A.GM.x.MCN13	L---AG-YNI-N---ISLT-R-VF-S-Q RA-TA-DW-DAA-CEWIOG-F-FA-ATR-----T-R-GA-Q-I-G--V-----A-IA---	860	
A.GW.06.CA65316.9	L-Q---G-Y-I-D---IFP-F-G-Q RA-AAT-DW-LNTA-R-CEWIO-F-FA-ITR-----TSI-R-F-R-G-I-GV-----A-A---	853	
A.GW.06.CA65319.7	L---R-YNI-N---SFL-V-N N---DW-LKIAF-COWIO-F-AA-ATR-----TS-CRS-G-GOI-G-----A-IA---	883	
A.GW.06.CA65330.5	L---IG-YNI-D---TSL-SRS-Q RA-TA-DW-LKIA-SEWIO-F-FA-A-R-----TSM-RN-GA-WI-EVF-V-----A-A---	861	
A.GW.06.CA65409.14	L---R-YNI-SS---IF-T-L-N L-DW-LNTAS-CEWIO-F-FA-ATR-----CR-GL-G-I-G-----V-VA---	875	
A.GW.86.Fg.clone.NIHZ	L---G-YNI-D---ISP-F-S-Q RA-TA-DW-LKAA-CEWIO-F-LA-TTR-----GR-RA-Q-I-G--V-----A-A---	857	
A.GW.87.CAM2CG	---G-YNI-N---IF-T-N N---DW-PKVAF-CEWIO-F-AA-A-R-----CR-V-GM-Q-I-G--V-----A-A---	860	
A.GW.x.CA7205.8	L---R-HNI-D---GFLT-LLP-S-Q RA-TAT-DW-LKTAH-FEWIO-FN-FAGT-R-T-----R-GA-QWV-R-----A-IA---	854	
A.GW.x.CA7253	L---IT-YNS-D---IF-T-RN L-DW-LKIAL-CEWIO-F-AA-TTG-----CRG-R-G-I-G-F-V-----A-IA---	851	
A.GW.x.CAM1	L---R-YNS-D---IFLT-N N---L-DW-ASTAF-CEWIO-F-FG-A-K-----TS-CRG-G-G-I-G--V-----A-A---	859	
A.GH.x.CAM3	L---G-YNS-D---F-N N---L-DW-LRTAF-CEWIO-F-FA-ATR-----TS-CRG-R-DNF-G-S-----A-A---	861	
A.GW.x.CAM4	L---R-Y-S-D---SFPT N---RA-TA-DW-LKAA-CEWIO-F-FA-T-R-----RN-AMG-L-G--V-----A-A---	861	
A.GW.x.CAM5	L---G-YNS-N---KSFLT-L N---L-DW-LNTAF-CEWIO-F-FA-ATR-----TS-GRS-G-G-I-G--V-----A-A---	850	
A.GW.x.CAM6	L---R-Y-S-D---SFLT-N N---L-DW-LRTAF-CEWIO-F-FA-F-R-----S-CRS-G-G-I-G--V-----A-IA---	863	
A.GW.x.HDS	L---R-YNS-D---IFLT-F-N N---DO-LRTAF-CEWIO-F-FA-VTR-----TS-CRG-G-G-I-G--V-----A-IA---	870	
A.IN.07.NWVA	L---R-YNS-KD---SFLT-L N---L-DW-LRTAF-CEWIO-F-FA-ATR-----TS-CRG-R-DNF-G-S-----A-A---	856	
A.IN.95.CR1K.147	L---R-YNS-KD---SFLT-N N---L-DW-LKTAF-CEWIO-F-FA-T-GK-----S-GRN-CG-VE-I-G-----A-VA---	860	
A.JP.08.NMC786.clone.41	---R-YEI-S---IF-T-L N---DW-VKTAH-CEWIO-F-FA-T-R-----EF-TA-F-G--V-----A-IA---	856	
A.PT.00.00PTHCC20.1	L---G-YNI-D---SSL-S-Q RA-TA-DW-LKAA-CEWIO-FG-FA-ATR-----TS-GR-GA-Q-I-G--V-----A-IA---	829	
A.PT.03.ABG	L---R-YNS-D---SFLT-S N---L-DW-LRTAF-CEWIO-F-FA-A-R-----T-CRS-G-G-I-G--V-----A-A---	865	
A.PT.03.P1.6	L---G-YNI-N---TFR-VF-N N---L-DW-LRTAF-CEWIO-F-AA-ATR-----CRG-GV-E-IR-G-P-V-----A-A---	863	
A.PT.03.P2.7	PP-H---R-YNI-KD---SFT-F-A N---TA-DW-LKAA-CEWIO-F-FA-ATR-----S-G-GA-QWV-G--V-----A-A---	872	
A.PT.03.P3.12	L-A---R-Y-S-D---IFLT-L-N N---DW-PKTAH-COWIO-FR-FA-ATR-----S-CR-GI-G-V-G-----A-A---	859	
A.PT.03.P4.11	L---IG-YNI-D---ISL-S-S-Q RA-AAT-DW-LKAA-GEWIO-C-VLA-T-R-----R-M-GA-Q-I-G-----A-IA---	883	
A.PT.04.P6.3	L---IG-YNS-KN-I---SFPT-L-C-S DW-LKVA-CEWIOG-F-FA-VTR-----TS-RNF-G-G-I-G--V-----A-IA---	862	
A.PT.10.P7.10	L---IG-YNS-KD---KSFLT-L-C-YF DW-KLRAAF-FEWIOD-FR-AA-A-R-----CRN-GV-G-I-A-F-----A-A---	861	
A.PT.10.P8.6	L---G-YNI-D---IFL-V-RS-Q RA-TAT-DW-LKTA-CEWIO-F-LG-ITR-----S-R-GA-Q-I-G-----A-IA---	869	
A.PT.92.93PTHDECS.13	L---I-H-S-SN-I---TFLT-SAF-N L-DW-LKIAF-COWIO-F-AA-ATR-----GRS-GA-G-I-E-V-----G-A-IA---	865	
A.PT.98.98PTHDECT.13	L---IG-YNI-D---SSL-F-N-Q RA-TA-DW-LKAAF-RCE+IQ-FR-FT-ATR-----TS-GR-GA-QI-EGM-----A-IA---	826	
A.PT.x.ALI	L-A---IG-Y-I-D---ISP-FRS-Q RA-TT-DW-LKAA-CEWIO-FR-FA-I-R-----TNT-R-GAVQWV-R-----V-VA---	863	
A.SN.85.ROD	---R-Y-I-D---SFLT-L-Y-N N---L-DW-LRTAF-CEWIO-F-FA-ATR-----CRG-RV-E-I-G--V-----A-IA---	859	
A.SN.86.ST.JSP4.27	---NR-YNI-D---SF-T-L-S-S-R RA-TAV-DW-FNTA-GEWIO-FR-FA-ATG-----TN-RGF-G-GOI-G--V-----A-IA---	860	
B.CI.88.UC1	--RN-I---YNG-N-LKTS-A OP-LS-A-I-W-Q-I-AT-A-R-----NTGRA-KA-TAEA-I-----A-----A-----	858	
B.CI.x.20.56	--RN-I---YNG-N-TS-A OP-LS-A-I-W-Q-I-AT-A-R-----NTGRA-KA-TAEA-I-----V-----A-----	848	
B.CI.x.EHO	--RD-I---Y-G-N---KTF-T-V OP-LPPA-R-I-W-Q-I-AA-A-G-----S-ARTS-GV--AAGE-I-----A-A-----	853	
B.FR.00.LA44	--RN-I---YDG-N-LKTS-LA OP-LP-A-I-W-Q-I-AT-A-G-----NTGRA-A-AA-A-I-T-----A-A-----	872	
B.FR.98.LA43	--GN-N---Y-S---LKTF OP-LPFA-I-W-Q-IR-AA-ATR-----S-GEA-A-AA-A-I-----RF-----A-----	860	
B.GH.86.D205.ALT	--RN-I---YNG-N-LKTF-HQ-STN OP-LPVA-I-W-Q-LR-AA-ATG-----S-GET-A-AA-A-I-----A-----	860	
B.JP.01.IMCJ.KR020.1	--RN-I---YNS-S-LKTF-P-LVF OP-LP-A-I-W-Q-TNTGRA-A-R-----S-GETA-A-MA-A-I-----A-----	860	
B.x.06.8704A.06.01	--RN-I---YNG-N-LKTF OP-LP-A-I-W-Q-I-GW-Q-LR-AA-ATG-----S-GETA-A-MA-A-I-----A-----	860	
G.CI.92.Abt96	--GN---Y---A---IX-T-LF-I-R A-H-L-AA-FS-FRWLQ-CT-AT-A-Q-----TST-RA-K-G-V-G-----A-----	885	
AB.CM.03.03CM.510.03	--RN-I---YNG-N-LKTS OP-LPFA-I-W-Q-LR-AA-ATR-----S-GET--A-GAA-A-----A-----	847	
H2.01.AB.CI.90.7312A	--RN-I---YDG-N-LKTF-T-A OP-LLFA-I-W-Q-AAGATG--STGRT-A-TA-G-I-V-----A-----	858	
H2.01.AB.JP.04.NMC307.20	--RN-I---YEG-N-KTF-LA-R P-LP-AH-I-W-Q-AA-A-G-----TS-SRTI-A-TA-G-I-----A-----	852	
H2.01.AB.JP.07.NMC716.01	--RN-I---YEG-N-KTF-OA-R P-LP-AH-I-W-Q-AA-A-G-----S-SRT-A-TA-G-V-----A-----	849	
H2.01.AB.JP.08.NMC842.10	--RN-I---YEG-N-KTF-T-LT P-LP-AH-I-W-Q-AA-A-G-----TS-IRTI-A-TA-G-I-----A-----	856	
U.CI.07.07IC.TNP3	---Y-F-AW-QSF-S-AAC R-V-TA-H-L-GA-COW-Q-L-G-KAXR-----S-R-G-V-G-----F-A-----	882	
U.FR.96.12034	---Y-S-D---IC-S-LF-SI R-HL-IA-Q-K-F-FGKA-R-SRTGRE-----G-V-LR-----F-A-----	868	
U.US.08.NWk08	---Y-D-IY-SF-T-HQLT-WILRRISAATAT-DFI-AS-IS-Q-L-L-AM-A-G-----S-G-E-A-G-I-GL-V-----A-N-----	892	
MAC.US.x.251.1A11	-----R-----N-----VD-----A-----	877	
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-----A-----A-----Q-----VG-----A-----	879	
MAC.US.x.251.BK28	-----A-----R-----V-----G-----R-----	881	
MAC.US.x.MM142.IVMXX	-----A-----F-----L-----L-----Q-----AQ-----E-----A-Q-----	882	
MNE.US.x.MNE027	-----A-----F-F-T-----V-----Q-----VA-----G-V-----E-----	883	
SMM.CI.79.SIVsmCI2	---YN-D-VL-IF-S-G-F-LV AA-NRI-PRIA-Q-Q-C-EAA-A-R-----S-GR-G-I-GL-A-----AF-----	887	
SMM.LR.89.SIVsmLIB1	---YN-AW-F-IC-N-ROLF E-AI-PV-I-R-F-W-ED-L-A-A-R-----S-R-Q-G-I-GLW-----A-----	879	
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	---H-YNS-A-L-IF-S-TY-LS LIS-DI-RAVA-IR-Q-I-SL-EAAIA-RQ-VSTGRTI-Q-GHI-G-A-----N-----	886	
SMM.SL.92.SL92B	---I-YN-LTR-A-A-N-OLC E-IS-P-LV-R-AG-IR-N-I-C-EA-Q-AIV-LI-G-V-G-A-----M-N-----	887	
SMM.US.04.G078	---V-N-AW-T-S-TF E-A-FI-LRV-A-K-R-----S-I-TA-V-----F-----	891	
SMM.US.04.G932	---NS-C-SI-V-L-IA-VQ-V-IS CRW-Q-A-A-R-----S-R-----G-V-----	887	
SMM.US.04.M919	---NS-C-SI-V-L-IA-VQ-V-IS CRW-Q-A-A-R-----S-R-----G-V-----	894	
SMM.US.04.M922	---NS-DW-L-SC-V-S-R V-I-V-I-R-Q-A-W-KF-R-----S-R-----G-V-----	893	
SMM.US.04.M923	---NS-AC-L-I-VF-FT V-I-IA-CRW-Q-AT-A-R-----S-R-----G-V-----F-----	891	
SMM.US.04.M926	---NS-C-L-I-VF-FE A-II-A-CRW-Q-AH-AV-A-R-----S-R-----G-I-----F-----	885	
SMM.US.04.M935	---S-C-LSI-V-FS IV-VQ-V-IS-CRW-Q-A-A-R-----TS-----G-V-----	886	
SMM.US.04.M940	---N-AW-L-IF-S-VF-E V-T-DLI-L-V-W-K-A-G-----GDY-S-V-G-----	900	
SMM.US.04.M946	---N-C-L-I-V-F-A-VQ-I-RIA COWLO-AC-A-R-----S-R-----G-V-----	894	
SMM.US.04.M947	---I-N-DW-L-S-A-S-LK V-I-I-T-R-Q-A-W-KF-R-----S-GDY-S-V-G-----F-----	890	
SMM.US.04.M949	---N-KAH-I-S-VF-E AV-IL-L-V-W-K-A-R-----S-R-----G-V-----F-----	892	
SMM.US.04.M950	---N-C-L-I-VF-FE I-VQ-I-IA-CRW-Q-AY-A-R-----TS-R-I-G-V-----	890	
SMM.US.04.M951	---V-NS-W-L-IC-S-VF-E V-I-L-V-W-K-A-G-----GDY-N-L-G-G-----	886	
SMM.US.04.M952	---N-C-L-I-VF-FE V-VQ-I-IA-CRWLO-AC-A-R-----TS-R-----G-V-----	886	
SMM.US.05.D215	---L-YNS-AW-OTC-T-VF-I-E V-VQ-II-T-W-Q-I-FPKF-R-----S-R-----G-V-G-A-----F-M-----	885	
SMM.US.06.FTQ	---YD-W-LNS-S-V-RGT-R A-V-I-L-W-Q-A-AFKA-R-----S-R-----I-V-G-M-----	882	
SMM.US.06.CFU212	---F-Y-S-L-N-V-S-V-A-T-I-I IG-CLW-L-AG-A-GO-S-R-----I-V-G-M-----	888	
SMM.US.x.F236.H4	---S-DW-L-S-V-S-T V-I-IA-IR-Q-W-KL-R-----S-I-G-V-----	886	
SMM.US.x.PGM53	---N-Y-L-I-VF V-IS-CRW-Q-A-ARG-----S-R-S-G-V-----V-----A-----	886	
SMM.US.x.SME543	---S-DW-L-I-V-R V-I-I-Q-A-W-KF-R-----S-R-I-G-V-----V-----A-----	888	
STM.US.89.STM.37.16	---V-YN-F-AC-I-T-H-TF-I-R I-V-LGAA-CIWIQ-A-A-A-G-----S-GR-G-V-R-G-----	883	

	Nef start	R17Y mutation	premature stop in Mac239	max HIV-1 similarity																														
MAC.US.x.239	MGGATSMRSPGDLRQLLRARGETYRGLLGEVEDGYQSPPGLDKLSSLSLSE...	.GQRYNOGQYMTWPNR	PAEEREKLAYRKNQMDIDE*DD	LVGV.SVPRKVPRLRTMSYKLAIDMSHFIEKGGLEGIIYSARRHRLDYLEEKEGIIIPDWDQYTSGPG																														
A.CI.88.UC2	-ASG-KKL-KQ-OG-E	GG-V-QCSASGGES	-Q-SGREOK-P	-Q-R-D	T-M-GO-ES-KQ	-V-SD-N-Q	TSR	P-T	V	MF	RD	L	V	N	H	164																		
A.DE.x.BEN	-ASG-KKL-KH-RG-E	DG-KORDASGGE	-FOEESGREON-P	-Q-O-E-S	T-Q-DL-Q	-V-SD	I	P-T-R	R-E-T	Q	MF	R	L	N	H	164																		
A.DE.x.PET2 KR KRCC	-ASG-KKC-SLOG-E	C-GOWDGSAGE	-L-FOE-SGR-QNP	-R-O-DF	T-AG-GTL-KQ	-V-ADN-N-I	P-T-R	A-T	V-I-LN	D	M	E	N	H	164																			
A.ES.x.S1084	-ASG-KKH-RG-OG-E	AG-C-GYWK-SGGE	-RFQEE-SRNP-P	-R-OL-DF	T-A-G-N-Q	QONMD-VSDSD	PAT-R	A-T	V-L	D	MF	E	N	H	149																			
A.FR.00.LA38	-ASG-KM-K-ORQ-OG-E	AG-C-GYW-LRGE	-L-DE-S-REOK-P	-R-O-DF	T-A-G-N-Q	QONMD-VSDSD	PAT-R	A-T	V-L	D	MF	E	N	H	164																			
A.FR.01.LA42	-ASG-KKH-K-LRG-E	C-GRCDGSGE	-C-HE-SGREO-P	-R-O-DF	T-T-E-ER-KQ	-V-LD-Q	TNR	I-T	V	M	MF	E	K	V	R	A	N	Y																
A.FR.02.LA36gomM	-ASG-KE--ARG-E	AGAC-GYW-LGGE	-L-QE-S-EOK-P	-R-O-DF	T-A-G-D-Q	-V-SD	IR	T-RTQ	A-T-R-V	L-N	K	MF	D	A	N	H	164																	
A.FR.93.LA37	-ASG-KTP--RG-OG-E	RRC-GHWDKLGGE	-L-QE-S-REOR-P	-R-O-DF	T-D-RKL-Q	-V-SD	I	T-R	A-T-R-V	L	MF	E	N	H	164																			
A.FR.96.LA40	-ASG-KK--RG-OG-E	QTPAGAC-GHWN-SGG	-L-QE-SGREON-P	RR-O-DF	T-EGRESS-YR-Q	-V-SD-EN-M	P-TSR	A-THR	V-L	D	M	E	N	H	162																			
A.FR.98.LA39	-ASG-KK-K-OR-E	AGAS-G-W-ASGE	-V-HQEE-SREGO-P	-Q-O-E-D	K-A-#	-V-SD-Q	P-T-R	P-T	V-RD	MF	E	K	V	R	A	N	H																	
A.FR.98.LA41	-ASG-KK--RG-OG-E	AGAS-GHMD-SGGE	-DE-SGR-QNP	-R-O-DF	T-A-G-N-Q	QONMD-VSDSD	PAT-R	A-T	V-L	D	MF	E	N	H	164																			
A.GH.x.GH1	-ASG-KKH-KH-OR-E	H-GG-VQOCNASGGE	-QE-SG-QK-P	-Q-R-DF	T-I-GO-KL-KQ	-V-SD	S	P-T-R	A-T	V	KR	D	MF	RD	L	N	H																	
A.GM.87.D194	-ASG-KK-EH-OG-E	GG-VKORNASGGE	-QE-SGREOK-P	-Q-O-EF	T-AIGO-NS-KQ	-V-SD	P-M-R	E-T	V	KR	D	MF	RD	L	N	H																		
A.GM.x.ISY SBL 6669 85	-ASG-KK--RG-OG-E	GAC-G-WD-S-G	-FHE-SGREOKLP	-R-O-DF	T-T-K-ES-Q	-V-SD	DTSR	A-T-R-M	V-DL	D	M	E	N	H	164																			
A.GM.x.MCN13	-ASG-KE--OG-E	C-GHCSGSGE	-L-QEESGREOR-P	-R-O-DF	T-K-G-EL-KQ	-R-V-SD-N	T-R	ELTHR	V-L	D	M	E	N	H	164																			
A.GW.03.29P2C9 8	-AMG-KK-E-LRG-EK	C-GHCSGSGE	-L-HAESGREOR-P	-R-O-DF	KT-A-E-KL-Q	-V-SD-N	P-T-R	A-T-R	V-L	D	M	E	N	H	164																			
A.GW.03.29P2E9 6	-ASG-KK-K-RG-E	Q-S-G-S-GOW-RL-GEC	-Q-E-S-REOR-P	-R-O-DF	T-E-E-KQ-Q	-V-SD-Q	P-T-R	P-T-R	V-N	K	M	E	N	H	164																			
A.GW.87.CAM2CG	-ASG-KK--LQG-OG-E	AG-C-ECYNAL-GESLR	-QE-S-REON-P	-R-O-DF	T-A-GK-N-Q	-V-SD	PAT-R	A-T	V	LF	E	N	H	164																				
A.GW.x.MDS	-ASG-KK--RG-OG-E	AGAC-GHWD-LGGE	-R-QE-S-OR-P	-Q-O-DF	T-T-G-DS-Q	-V-SD	Y	TRT	A-T	V	MF	E	N	H	164																			
A.IN.07.NNVA	-ASG-KKH--PRG-E	AGAC-GRCDALGGE	-RFQEE-SGR-Q	RONH-E	ADR	#-ST-PNDW-GE	K#-V-SD	P-TSR	Q-T	F	V	L	D	M	E	N	H																	
A.GW.03.29P2C9 8	-AMG-KK-E-LRG-EK	C-GHCSGSGE	-L-HAESGREOR-P	-R-O-DF	KT-A-E-KL-Q	-V-SD-N	P-T-R	A-T-R	V-L	D	M	E	N	H	164																			
A.PT.x.1096	-ASG-KK--KL-OG-E	GNS-LPC-ASGGE	-L-QE-S-R-OR-P	-R-O-E	T-GL-EQEK-KQ	-V-SD	F-P-TSR	M	A-T	V	MF	E	N	H	164																			
A.PT.x.1139	-ASG-KKL--PRG-OG-E	AGAC-GHWD-LGGE	-L-QEES-R-QK-P	-R-O-DF	KT-I-G-RK-KQ	-V-SD-Q	Q	A-T-R	V-L	D	MF	D	T	N	H	164																		
A.PT.x.1147	-ASG-KKP--PRG-OG-E	AGAC-GHWEQ-L-G	-L-QE-SGREOKLP	-R-O-EF	T-T-G-N-KQ	-V-SD-Q	A-T	Q	A-T-R-M	L	D	MF	E	K	N	H																		
A.PT.x.1215	-ASG-KK--OG-Q	AGAC-GYWN-LGGE	-L-QE-SGREOK-P	-Q-O-DF	T-A-G-KEN-Q	-V-SD-E-Q	T-R-Q	G-T	V	D	MF	D	K	V	N	H																		
A.PT.x.1217	-ASG-KK-K-RG-E	AGAS-EOWR-LGGE	-L-QEESGREOR-P	RO-EF	KT-P-G-KQ	-V-SD-Q	P-T-R	P-T	R	D	MF	E	K	QN	V	N	H																	
A.PT.x.1320	-ASG-KK-K-OG-Q	AGAS-GHMD-SGGE	-DE-SGR-QNP	-R-O-DF	T-I-GO-KL-KQ	-V-SD-Q	P-T-R	G-T	V	D	MF	E	N	H	164																			
A.PT.x.138	-ASG-KK--LQG-OG-E	AG-C-HCDGS-GR-LRFOE	-SGREONLP	-R-O-DF	T-T-G-RL-Q	-V-SD	H-T-R	V-A-T-R-M	V-L	D	MF	E	K	V	N	H																		
A.PT.x.1395	-ASG-KKL--PRG-OG-E	AGAC-GHWD-LGGE	-L-QEESGREOK-P	-R-O-DF	KT-I-G-RK-KQ	-V-SD-Q	Q	A-T-R	V-L	D	MF	E	N	H	164																			
A.PT.x.1543	-ASG-KK--LQG-OG-E	AG-C-GOCSGS-G	-L-QE-SG-EON-P	-R-O-DF	T-A-K-NQL-KQ	-V-SD-Q	P-T-Q	Q-T	V	Q	M	E	N	H	164																			
A.PT.x.1544	-ASG-KKH-K-RG-Q	AGAC-GHWD-LGGE	-LRFQE-SGREOK-P	-R-O-DF	T-A-K-NQL-KQ	-V-SD-Q	H-K-R	E-T	RR-V	L	D	MF	E	K	T	N	H																	
A.PT.x.2088	-ASG-KK--PRG-OG-E	AG-C-GYWD-LGGE	-L-QE-S-REOR-P	-R-O-DF	KT-SAV-KEN-Q	-V-SD-Q	P-T-R	P-T	R	V	L	D	MF	E	N	H																		
A.PT.x.4274	-ASG-KK--SLOG-E	C-GRCN-S-G-L	-HE-SAGAEIA	-R-O-E-D	T-T-EL-KQ	-V-LD-Q	F-P-T	P-TF	V-L	L	F	TTG	L	QN	VA	N	H																	
A.PT.x.483	-ASG-KKP--PRG-OG-E	AG-C-GYWE-LGEE	-L-QE-SGR-QK-P	-Q-O-DF	T-I-G-RS-KQ	-V-SD-Q	P-T-R	A-THR	V-L	D	MF	E	N	H	164																			
A.PT.x.511	-ASG-KK-K-RG-E	GAC-HCNGS-GE	-FL-ES-QNP-P	-Q-O-DF	T-A-K-AL-KQ	-V-SD	I	P-T-R	E-T	M	FH	EE	Q	A	N	H																		
A.PT.x.741	-ASG-KEH-K-RG-E	A-SGGYDKLGGE	-L-QEESGREOR-P	R-R-DF	KT-TA-GKENS-Q	-V-SD	I	F-P-T-R	Q-E-T	RR	D	M	E	N	H																			
A.PT.x.7944	-ASG-KK--OG-Q	AG-C-EYWN-LGGE	-L-QE-SGREOR-P	-R-O-DF	T-D-A-G-N-Q	-V-SD	P-T-R	P-T	V	D	MF	E	N	H	164																			
A.PT.x.956	-ASG-KK-E-OR-E	C-GHCSGSGE	-L-QE-SGR-QNP	-R-O-DF	T-A-G-RK-KQ	-V-SD-S	P-T-R	P-T	V	D	MF	E	N	H	164																			
A.PT.x.ALI	-ASG-KK-G-LOG-E	QTP-C-GOCSGSGE	-Q-SGR-QKLP	-R-O-DF	T-T-EL-KQ	-V-SD-S	P-T-R	P-T	V	L	R	MF	E	N	H																			
A.PT.x.B1 1	-ASG-KK-K-RG-OG-E	AGAC-GHWD-LGGE	-L-QEESGREOK-P	-R-O-DF	H-A-G-NS-Q	-V-SD	T	T	E-T-R	V	D	MF	E	N	H																			
A.PT.x.EP	-ASG-KT--RG-E	Q-C-S-GRW-GS-G	-L-QE-SGREONLP	-R-O-DF	T-TDE-RS-Q	-V-LD-Q	A-T	A-T-R	V-E	N	D	MF	E	N	H																			
A.PT.x.LF3	-ASG-K-K-LOG-E	Q-S-GRW-GS-G	-L-QE-SGREONLP	-R-O-DF	T-A-EM-KQ	-V-SD-Q	T	A-T-R	V-L	D	MF	E	N	H																				
A.PT.x.MP2	-ASG-KK--SLOG-E	C-GRCN-S-G-L	-HE-SAGAEIA	-R-O-E-D	T-T-EL-KQ	-V-LD-Q	F-P-T	P-TF	M-V	L	LF	Q	K	L	VA	N	H																	
A.PT.x.P1	-ASG-KK-E-RG-L	GRCN-GS-G	-L-QE-SGREOK-P	-R-O-DF	KT-TS-Q-KQ	-V-SD-Q	P-T-R	V-R-Q	I-T	V	MF	E	N	H																				
A.SN.85.ROD	-ASG-KKH--PRG-OG-E	AGAC-GYWN-SGGE	-RFQEE-SREOK-P	-R-O-DF	KT-A-NL-Q	-V-SD-Q	P-T-R	P-THR	L	TR	MF	E	K	N	A	N	H																	
A.SN.86.ST JSP4 27	-ASG-KK-E-RG-E	QTP-AS-GHWDKLGGE	-L-QE-SGR-QK-P	RR-O-DF	A-GEK-GS-KQ	-V-SD	P-T-R	E-T-R	R-L	L	D	R	V	G	N	H																		
B.CI.88.UC1	-S-G-KKQ-KQORQ-E	TOE-P-K-SEGORQOS	-R-S-D-N-P	-R	NA-RGA-GGG	-Q-DT-S-DNE	Y-NR	S-T	M	E	T	N	VSG	N	H	146																		
B.CI.x.20 56	-S-G-KKQ-KQORQ-E	T-E-P-K-SE-RAGQS	-R-ES-D-N-P	-P-Y	MP-ORQGGG	-Q-DK-NS-D-E	A-Y	SK	A-T	V	L	E	LF	E	TH	N	VSG	N	H															
B.CI.x.EHD	-S-G-KKQ-KQORQ-E	RQPR-ESS-RQOEL	-Y-R-S-N-P	-D	KT-LGA-GGG	-Q-D5-ED	DNE	A-Y	G	P-TF	V	L	E	F	E	K	T	N	VSG	N	H													
B.FR.90.LA44	-S-G-KKQ-KQORQ-E	TOEFP-K-SE-RAGQS	-R-ES-D-N-P	-P-Y	NA-RGA-GGG	-Q-DK-NS-D-E	Y-NR	S-T	M	E	T	N	VSG	N	H	146																		
B.FR.98.LA43	-S-G-KKQ-EORQ-E	RP-SE-RREOS	-R-ES-D-N-P	-P-Y	NA-RGA-GGG	-Q-DK-NS-D-E	Y-NR	S-T	M	E	T	N	VSG	N	H	147																		
B.GH.86.D205 ALT	-S-G-KK-ERQOQ-EK	VPERP-S-RREOS	-R-ES-D-N-P	-P-Y	NA-RGA-GGG	-Q-DK-NS-D-E	Y-NR	S-T	M	E	T	N	VSG	N	H	147																		
B.JP.01.IMCJ KR020 1	-S-G-KKQ-KQORQ-E	QTOEQP-SE-ORQOS	-R-S-DSN-P	-R	SA-GAQGGG	-Q-GTE-S-DNE	Y-NR	P-T	V	W	Q	M	E	L	T	N	VSG	N	H															
G.CI.92.Abt96	-S-G-KK-APQQLG-K	Q	P-K-WEGL-E	YREESG	Q-T	F	T	A	X-N	V-SD-N	P-Y	V	E	M	Q	N	A	164																
AB.CM.03.03CM 510 03	-S-G-KK-EQRQ-E	V-ERP-K-S-GRRRS-R	-EES-D-N-P	-N	A.LGA-GGG	-Q-A-ES-D-E	A-Y	SR	P-T	T	L	D	E	T	F-N	VSG	N	H																
H2 01 AB.CI.90.7312A	-S-G-KKQ-KQORQ-E	Q-GP-S-GRGGS	-EES-R-N-P	-P	TA-GA-GGG	-Q-DIEED-DNE	Y-Q	P-T	V	F	E	T	F-N	R	VGG	N	H																	
H2 01 AB.JP.04.NMC307 20	-S-G-KKQ-K-PRG-E	PAGP-S-GRGGS	-EES-D-N-P	-P	NA-GA-GG	-Q-DIEED-DNE	A-Y	NK	A-THR	V	F	E	T	F-N	VSG	N	H																	
H2 01 AB.JP.07.NMC716 01	-S-G-KKQ-K-LRG-E	PAGP-SEGRGGS	-EES-D-N-P	-P	NA-GA-GG	-Q-DIEED-DNE	A-Y	NK	A-THR	V	F	E	T	F-N	VSG	N	H																	
H2 01 AB.JP.08.NMC842 10	-S-G-KKQ-K-LRG-E	PSGP-SEGRGGS	-EES-D-N-P	-P	NA-GA-GG	-Q-DIEED-DNE	A-Y	NK	A-THR	V	F	E	T	F-N	VSG	N	H																	
U.08.NWK08	-ASG-TI-KQA-R-E	A-N-WDGL-E	-R-SGRD-NLP	-Y-A-SE	T-GGD-Q	-V-SD-Q	K	A-R	A-T	WPV	F	L	NO	M	N	VA	N	H																
U.FR.96.12834	-S-KKH-KR-K-E	A-N-WDGL-E	-R-SGRD-NLP	-Y-A-SE	T-GGD-Q	-V-SD-Q	K	A-R	A-T	WPV	F	L	NO	M	N	VA	N	H																
U.08.NWK08	-NT-SKP-KRRC-E	Q-N-Q-WEGL-E	-R-E-G-S-RLTREIQ	-A-G-SE-EF	K-QKK-RKQ	-Q-N-V-DDN	P-W	RA	A-T	N	MF	E	T	N	V	N	R	167																
MAC.US.x.17EC1	-T	SKP	STC	E	S	L	E	E	E	E	E	E	E	E	E	E	E	164																
MAC.US.x.251 1A11	-R	KSA	K	K	S	L	G	R	E	K	P	I	E	E	P	M	R	A	T	V	M	164												
MAC.US.x.251 32H P35	-K	A	K	K	S	L	G	R	E	K	P	I	E	E	P	M	R	A	T	V	M	164												
MAC.US.x.251 BK28	-K	A	K	K	S	L	G	R	E	K	P	I	E	E	P	M	R	A	T	V	M	164												
MAC.US.x.MM142 1VMXX	-K	K	PR	N	FKG	S	L	G	R	E	K	P	I	E	E	P	M	R	A	T	V	M	164											
MNE.US.x.MNE827	-T	K	KSP	WE	L	S	S	L	E	F	K	G	I	E	N	I	P	EAR	A	T	V	IHS	163											
SMM.CI.79.SIVsmCI2	-N	KK	A-KPHGP	WE	L	E	PR	E	GRD	T	SE	F	K	VK	G	K	GR	C	NNVG	D	K	A	I	E	T	V	#	E	K	M	N	V	N	163
SMM.LI.89.SIVsmLIB1	-G	KM	KRH-G	WE	L	E	ASG	NLPC	P	R	DFV	R	K	-Q	-V-D-E	I	A	MMRI	A	T	V	H	E	N	V	N	H	162						
SMM.SL.92.SIVsmSL92A	-NT	SKACKKPOS	-DK-S-O	WDTL	E	SQR	-Q	SGRD	NLHI	I	SP	E	R	-	#	E	I	A	I	A	T	E	K	S	YN	N	R	155						
SMM.SL.92.SL92B	-IT	SKPA	KH	WE	L	E	SQ	-Q	S-R	N	CLTRD	Y	V	EF	T	Q	OC	-D	E	A	V	W	A	D	E	N	V	N	H					
SMM.US.04.6078	-G	KKQ	KRR-N	WE	L	E	R	ASGR	NL	A	SE	F	T	A	G	-Q	-V-D-E	I	Y	HA	A	T	V	Q										

