```
                                  *   *                ^^^    *            *            ^^^        ^^^                  *      *    *          ^^^
CONSENSUS_A      M??grnqLliailLtSacliyCk??qyVTVfYgiPaWrNAsIPLfCATkNRDTWGTIQClPDNDDYqEialNVTEAFDAW??NtvTeQA?EDVWnLFETSikPCVKLTPLCvaMnC??????????Nttt??n    114
A_ROD            -...M---------A----V--T..--------V-T-K--T-------R--------------------T----------.N-------I----H-------------------K-SSTESST..G-N--..S    123
A_885            ......................................................................x---------.D-------V----S------Q------------R-..........-S--..-     50
A_NIHZ           -KGSK-------V-A--Y--H--..-F------------------------------------------T----------.N-------V--------------------------T........R-M--WTG    122
A_ALI            -MSS-----VT---A----V---..--------V---K------------------------------------------.D-------V----R----------------I--K-S.........-IS-EST    121
A_ISY            -.S-KI---V-F----------T..K-------V-V-K-------------------------------P----------.D-I-----V----------------------T--...........-AS-ESA    119
A_ST             -.C-----FV-S--A-------V..--------V-V--------------------------------------------.N-------V----S-------------------R-..........-S--AK-    119
A_BEN            -EP-----FVV--------V--S..------------K-------------------------------I----------.N-------V----H---------------------SRVQ.....G----PNP    125
A_D194           -EP------V-------------..--------------------------------------------T----------.D-------I----R---------------------..........-I-SGTT    120
A_CAM2           -ER-----------A-------R.Q--------V---K-------------------------------P----------.D--I----I------------------------K-..........-IS-SDT    121
A_D1024          -...GA----T-----------R..-----S----G--------V-----------------------------------.N-------I----------T-------------T-RKSS.....G--S-...    119
A_D766           -TRR-A----S------------..-N---------------------T--------------------T----------.N-------I----------T---------------SKNS.....G--S-GST    125
A_D808           -APQKT----S-----------E..-------A---------------R-------------------------------.N-------I----------T---------------SKNY.....N--SAG.-    124
A_D868           -ARE-T--I--T--A----R--Q..------------K------------------------------------------.N-------I----------T---------------SKDS.....S--S-G.-    124
A_GH1            -.C-KSL-CV-S--A--Y-V--T..--------V-V-----------------------K---------T----------.D-------V----S-------------------S-..........-S--..-    117
A_CBL21          -.CS--L--V-S--A-I-----T..--------V----------------------------------------------.D-------V----S-----------------T---.TTM.....K-IS-.TA    122
A_CBL22          -.S-KI---V---------V--T..--------V----------------------------------LT----------.D-------I----H---------------------TKTR.....R-M-IAQS    124
A_CBL23          -MG------V----A-T-----T..N-------------------------------------------T----------.D-------I------------------------R-..........-N-DAR-    120
A_CBL24          -.C------VTT--A-----S-T..K----------------------R-------------------------------.D-------V----S-------------------K-..........-N-...A    116
A_MDS            -TRKMH-----------------PQ-----------------------------------------E-------------.D-------V----S---------------------SRLSDSASTR----..-    130
A_CAM1           -AYK-------------------RK--------------------------------------------P----------.N-------I------------------------K-D........G-I-STG-    124
A_CAM3           -TRKG---------A--Y----R.Q---------------T----------------------------S----------.N-------I----S-------------------K-..........-N-QSS-    121
A_CAM4           -AC-KS----------T-----A..--------------------------------------------P----------.N--I----I------------------------K-KRMT.....G----ATT    125
A_CAM5           -TC--------------Y-VH--..--------V-V--------------------------------------------NN----D--V---------------------IK-E-KKL......G-A--LS-    125
A_CAM6           -GRK--------I-----I----..--------------------------------------------P----------.D-------V--------------------------SRSRP....S-S-..G-    124
A_KR             -D.S----IV------------A..------------K----------R--------------------P----------.N-------V----------V-----------Q-E-NSTSTES..S-S-....    123
A_UC2            -EP------AV------------..--------V-V---------------------------------P----------.D-------I----R---------------------NPVT.....G-N-...-    122
A_GB1222         .....................................................................................................................................      0

CONSENSUS_B      MAh?sn?L?i?LLLIsiyGf?gk??nyVTVFYGIPAWrNAtvPLfCATtNRDTWGTVQCLPDNgDYTEI?lNITEAFDAW.dNTVT?QAvdDVWsLFETSIKPCVKLTPLCVaM?CnkT?t??..?n??....    110
B_UC1            ---T--H-F-L-----V---L-HKK--------------------------------------------SV---------.N----E---------------------------R--N-G-.....-TT....    123
B_D205           --YF-SR-P-A----G-S--VC-..Q------------------I------------------------R----------.-----Q-------R-------------------N-S--E-NP..G-AS....    124
B_EHOA           ---VN-Y-LVT--------YM--..-F----------K--SI------R--------------D-----Q----------.-----D--TK---------------------T-K----WSS...........    119
B_GH2            .....................................................................................................................................      0
B_JA3            .....................................................................................................................................      0
B_ONFT3          .....................................................................................................................................      0
B_VI1011         .....................................................................................................................................      0

C_2238E          .....................................................................................................................................      0

D_FO784          .....................................................................................................................................      0

AB_7312A         .....................................................................................................................................      0

CONSENSUS_SD     MGCLGNQLLIAilllSvygIyC?..qYVTVFYGvPAWrNATiPLFCatkNRDTWGTTQCLPDNgDYSElAlNvTEsFDAW.?NTVTEQAIEDVWqLFETSIKPCVkLtPLCItMrCNKsEtdr.WG.LT....    122
SD_MM251         ----------------------T..-------------------------------------------------------.E-------------------------S---------------.--.--....    124
SD_MM32H         ----------------------T..-----------------------E-------------------------------.E-------------------------S--------------K.--.--....    124
SD_MM1A11        ----------------------T..L------------------------------------------------------.E-----------------------------------------.--.--....    124
SD_MM132ZL       ----------------------T..L---------------------A--------------------M-----------.N-------------------------S---------------.--.--....    124
SD_MM239         ----------------------T..L------------------------------------------V-----------.N-------------------------S---------------.--.--....    124
SD_MM142         ----------------------I..--------------------------------------D----------------.E-------------------------S--------------K.--.--....    124
SD_SEGJ          ----------------------T..L-------I--------------E-------------------------------.N-------------------------S---------------.--.--....    124
SD_7FBE2         ----------------------T..L------------------------------------------M-----------.N-----------------------R-S---------------.--.--....    124
SD_MNE           -------------F--A-----I..---------------------V-R--------------D--------I-------.E------------H-------------------K-------K.--.--....    124
SD_PHTLG1        ----------------------T..L------------------------------------------M-----------.D-------------------------S---------------.--.--....    124
SD_P209C19       -----------L--V-ALK---V..------------K----------R--------------N------V-I--A----.N------------N-----------------A-----T----.--.--....    124
SD_SMMPBJ14.15   -----------L----AS----V..--------I-------V----------------------------I----A----.D------------N----------------------------.--.--....    124
SD_SMMPBJ14.441  -----------L----AS----V..--------I-------V----------------------------I----A----.D------------N----------------------------.--.--....    124
SD_SMMPBJ6.6     -----------L----AS----V..--------I-------V----------------------------I----A----.D------------N----------------------------.--.--....    124
SD_SMMH9         -----------LS-x-AS----V..----------------V------R---------------------I----A----.D------------N-------------------------xx-.--.--....    124
SD_SMMH4         -----------L--V--LE-C-V..------------K-------------------------D------I----A----.D------------N-----------------A-----T----.--.--....    124
SD_SM62A         -----------L--V--LE-C-V..------------K----------R--------------D------V-I--A----.N------------N-----------------A-----T---K.--.--....    124
SD_SMB670        -----------L----AS----V..--------I-------V----------------------------I----R----.N------------N-----------------------T---K.--.--....    124
SD_SMCI2         .....................................................................................................................................      0
SD_SMCI8         .....................................................................................................................................      0

CONSENSUS_STM    MACPGNQLLIAILLLSACLTYCT..QYVTVFYGVPAWRNATIPLFCATKNRDTWGTTQCLPDNGDYSELAINVTEAFDAW.DNTVTEQAIEDVWNLFETSIKPCVKLTPLCIAMRCNKNETDK.WG.LT....    124
STM_STM3716      -----------------------..-------------------------------------------------------.------------------------------------------.--.--....    124
STM_STMAK3       .....................................................................................................................................      0
```

```
                            ^^^    *    ^*^          *  ^^^           ^^^       ^      ^^^        ^^^ *    *^^^     *            *
CONSENSUS_A     tt?????????t?tpt?....???t?iinet..spcir?dnCs?gLgeEemvnCqFnMtGLerDkkkqYnetWYskDVVCes????n?t..??????nqtrCYMnHCNTsvIteSCdKHYWdamrFrYCaPPG    211
A_ROD           KS.....TSTT-T---D......QEQE-S-D..T--A-A----.------TI----------------------------TN...-S-.........---Q---------------------I---------    231
A_885           N-..........-T-RNT.......IEM-----..-S--HT---T.-------I--E---------T-----------------....-T-......GDGKD-------------------------------    154
A_NIHZ          R-.............DT....QNI-.---D-..-HA.-A---T.--K----ID---S---------R---T-A--------D......-N-.......SS-SK------------------------------    221
A_ALI           --......SPSPGS-LKP.........L---S..D---KA---PR---D------R------Q---P--------------PF...-T-.......T------------------------I---------    228
A_ISY           VA........T-SPSGP....D....M--D-..D---QLN---.--R--D--E---------L------S------------D...-S-........DRK-------------------------------    222
A_ST            --.......STPT-T-T....ANT-..-G-N..-S---T---T.--------D-------------L---------------....-D-.......KKEKT---------------------T---------    225
A_BEN           R-.....SSST-SR-PT.....SAAS------..-N--ENNT-A.---Y---MQ-E---K---Q---RR-KD---LE----D......-T-........AG-.---R-----I-K------------------    231
A_D194          A-.............-SP....PNI-.--D-N..-T--GDN--T.---K--V-E-E-------Q---RK--DA---R----DKT...-G-.........G-.---R-------K-----------K--------    220
A_CAM2          -M.....IR..-T--ST....AKEA.P-SDN..-----TN---.--E--KI-K-H-------------------S----D......-S-....DQTT-E-T------------------------------    230
A_D1024         GN.......AT-S--.M....INE-S-----..-----TN---.--R-----S--------A---P-G-------S-----TET..-N-.......S--S---------------------D----------    228
A_D766          --.............-A.......AISM----..-----T----.--R-----S---S----T---P-R-------S-----TTGAT-TS........--D---------------------D-W--------    228
A_D808          --...........-----.........AESM---N..-S---AN---.--E---I-------A--P---P-W-------R-----NN...-P-..........-N----------------E-----DI-----T---    224
A_D868          -P...........-S-........ASYV-----..-S--HT-T--.--R---I-S---S----A---P-R-------S-----ATGT.-D-.......L--S---------------------ND------S---    228
A_GH1           N-.......TTTGS-TGM....S....E------..--#-#S---T.---K--I-----Y-----------------------......-N-......KDGKN-----------------------IK--------    221
A_CBL21         RP............-TGI....SNTES-LK-N..-S--ST-T-A.--EQ--T-D----------------T------------STSVTSK......TNWTGK---S---------------------------    231
A_CBL22         I-..............-T....AKAV.V--D-..D---KTN--T.-----DI---E-D----V--QS-R-------A------GTS.-N-..........--S------------KG--------T----------    227
A_CBL23         --......TPTTASPR-......IKPVTE-S-N..-S---AN---.-------V------------------------------G.....-G-..........TDT----------------------------K------    227
A_CBL24         --PEGEAQATS-TAA-......ATGAME-----.---VSTN--T.---D---IS-E------Q-----L-------------D-TPG.-S-........--S-------------------------------    232
A_MDS           A-AATTTIRAT-IA-R.......NT-..-S-N..-----A----.--E-----K--------QI------------S----GEM...-N-.......T--S---S-------K---------T----------    242
A_CAM1          --...........-S-RAR....IT.SEE-K-N..-S--SA---P.--K-----M------------------------N----KPNG..-S-........T---.---------T------------S------T---    230
A_CAM3          -A...........-ES-AK....SMEINE-----.---M-T----.--K-----S--------------RR-T-S---T-----AD...-N-...SSKSNTSK-----------------------I---------    232
A_CAM4          AS.............T-L....LND-TLL--S..-T--GAN--T.--E---LME--------Q---V-R------------DT.....-N-..NTNKTD--ST---------------------T----------    233
A_CAM5          K-.............T-S....STANLA-DDN..T---KN-T-P.--ED-D--T-H------AL--P-R--------T----D......-S-............---.---K-------R--------------------    225
A_CAM6          V-...TTI.PS-TAA-T....TPGMTV-----.---M-A-----.--QR----E---S-A--A---P---------Q-----KA...-G-.........SDQK-----------R--------------------    235
A_KR            .........SEGSTV-...........E-L----..TS--TNNS--.D--S--V-D-R------QL--PQ--S-----------DTT...-G-.........SRK-------------------------------    223
A_UC2           A-.AKPTAARP-TN-S.......YLT----S..-T-VGA---T.---D-G----K--------Q--I-G-TD----D----D-T...-K-.......GT-T-.---R-------K---------S-K----T---    234
A_GB1222        ...........................................................................................................................................    0

CONSENSUS_B     .......????TTt???t??S?????llNet..spCIkNDsC?.GiGlEe??dC?F?MTGLrRDE?KQYKDTWY??DLeC??????N?t......??????CYirTCNTsiIQESCDKHYWDSLRFRYCAPPG    192
B_UC1           .......TKPI--PITT-KP-...EN---D-..-------T-P.-----NTV--Y-N---------K---------EK----N....G-S-.........STI--M------V-------------------------    230
B_D205          ..........S---TKP-TT-R.GLKTI----..D--------T.-L-E--IMQ-N-S---------L---------SE-----.......-N-......RKYTSR---------T----------------------    231
B_EHOA          .......ASKE---SSASLR-ST.QT----D..-K--Q----A.------MI--Q-K----K---S---------KQ--V-EKGTRS-ES............K---K---------------------------    230
B_GH2           ...........................................................................................................................................    0
B_JA3           ...........................................................................................................................................    0
B_ONFT3         ...........................................................................................................................................    0
B_VI1011        ...........................................................................................................................................    0

C_2238E         ...........................................................................................................................................    0

D_FO784         ...........................................................................................................................................    0

AB_7312A        ...........................................................................................................................................    0

CONSENSUS_SD    ks?????ttta?tt?tt?????????vvnet..s?Ci???nCt.GLeqEpmisCKFnMTGLkRDkkkEYNETWYS?DLvCEQ???gN?t.......?neSrCYMnHCNTSvIQEsCDKhYWDaIRfRYCAPPG    219
SD_MM251        --S.....--ITTAAP-SAPVS.EKIDM-----..-S--AQN---.-----Q------T--------T---------T------...--S-.......D-------------------------T----------    239
SD_MM32H        --L.....----P-AP-AASK....IDM-----..-S--THD---.-----Q--G------------T---------T------...--S-.......D-------------I-----------T----------    236
SD_MM1A11       --S.....---TAAPKAMSEK....INMI----..-S--VHD---.-----Q--G----------------------A------...--S-.......G------------------------------------    236
SD_MM132ZL      --I.....----S--S--ASA...KVDM-D--..-S--AQD--A.-----Q-----------E-------------A------...--N-.......G------------------------------------    237
SD_MM239        --I.....----S--S--ASA...KVDM-----..-S--AQD---.-----Q--------------------------A------...--N-.......G------------------------------------    237
SD_MM142        --S.....----S--T--TAKSVETRDI-----..-P-VVHD---.--------------------------------A------...--S-.......G-----------------C---D------C-------    240
SD_SEGJ         --I....P---P--S--ASA...KVDM-----..-S--AQD---.-----Q---------------------------A------...--N-.......D------------------------------------    237
SD_7FBE2        --I.....----P--S--ASA...EVDM-----..-S--AQD---.-----QI-------------------------A------...--N-.......G------------------------------------    237
SD_MNE          --S.....----P-AIP-KAE...AIK----N..-P--NHD---.--------------------RR--------A------...--S-.......E------------------------------------    237
SD_PHTLG1       -LI.....----S-..--ASA...KVDM---A..-S--AQD---.--G--Q-V---------E-------------A------...--N-.......G------------------------------------    235
SD_P209C19      RGA...E----T-PAG-PSG...KEK-I--G..DP--RNNS-A.--------G-----------RR---------R--I---SAN.-SE..........---K---Q----------------------------    239
SD_SMMPBJ14.15  GTPAPTT-Q-TT-QAS-TPTSPITAK---DS..DP--KIN---.--------V--------------R---------R-------.NS-E-..........D-K---------------------------------    243
SD_SMMPBJ14.441 GTPAPTT-Q-TT-QAS-TPTSPITAK---DS..DP--KIN---.--------V--------------R---------R-------.NS-E-..........D-K---------------------------------    243
SD_SMMPBJ6.6    GTPAPTT-Q-TT-QAS-TPTSPITAK---DS..DP--KIN---.--------V--------------R---------R-------.NS-E-..........D-K---------------------------------    243
SD_SMMH9        G..xPAP---QTS-TPPSPI...IAK---DS..DP--RSN---.--------V--------------R---------R------NSN--E-..........D-K-------------------------x-------    240
SD_SMMH4        GNA...G---TAI-T-ATPS..VAEN-I--S..NP--KNNS-A.--------G--------N-------------R--I---S..A-ES..........--K---H----------------------------    238
SD_SM62A        GNA....R-AKTS-T--TVAPSVTEN-I--S..NP--KDNS-A.--------G--------------I--------R--I---S..A-ES..........--K---H----------------------------    239
SD_SMB670       GNV....P--TVP-A-PSKE...TAN------..-S-VKNN---.---P---V-------------Q---------T--I---..NT-ES..........--K---------I-----------T----------    236
SD_SMCI2        ...........................................................................................................................................    0
SD_SMCI8        ...........................................................................................................................................    0

CONSENSUS_STM   GKT....VTTVTPTAAAAAT...KPELVNET..SSCVSNNNCT.GLEEESLVGCKFNMTGLKRDKKREYNETWYSSDLICEQ....NVT.......GEESRCYMRHCNTSVIQESCDKHYWDALRFRYCAPPG    236
STM_STM3716     ---....-------------...--------..----------.------------------------------------....---.......--------------------------------------    236
STM_STMAK3      ...........................................................................................................................................    0
```

```
                                                                                         |<-        "V3 loop"              ->|
                     *^^^       ^*^      *              ^^^   ^^^        ^^^        ^^^  *    ^^^                            *
CONSENSUS_A     falLrcnDtnYsGFePnCsKVvAatcTRMmEtQtSTWfGFnGtRaEnRTyiyWhgrdnRtiISlNkyyNLtihCkRPGnktVvpItlmSGlvFHS??qpi?NkrPrQAWCwFkGkWkeAMqEVkqTlakHPRY   341
A_ROD           Y-------------A--------S----------------------------------------------SL--------I-KQ-M----H----HY---.----------------D------E--------   363
A_885           Y----------------------S------------------------------S---------------SM------KQ--L------------..---.-------------G-R----------I-----   284
A_NIHZ          --------------A----------------------------------------K---------NF----M----------L---F---FK---..--VI--K--------E-Q---------E--------   352
A_ALI           Y-------------A----------------M----------------------------------Q----M-------------------I---..---.-------------E-R-------E--V-----   358
A_ISY           -V---------------------S-------------L----------------------------------L-R---------------RR---..-K-I--K------R---E-R----------V-----   353
A_ST            ------------------------------------------------------------------F----V-----------------------..---.-R-----------E-----K---L--------   355
A_BEN           ----------------K-T-----S----------------------------------------------MR---------L------------..---.-T-------R-G-R-R----------VQ----   361
A_D194          ----------------K-------S------------------------------K---------------M------------------RR---..R-VY--K-G------Q-N-I---R------------   351
A_CAM2          --I------K----A--------S-------------------------------K----------H---SMY-R---------------QR---..R--I-------------N-T-----------E----   361
A_D1024         ------------------------------------------------------SK----------H---S------------------------..---.-N------------------------V-----   358
A_D766          Y----YT---------------------------------C-A---K----F--SK-G-A---C-T-D--S-Y-E--------------------..---.-N---------T-T-R----------V-----   358
A_D808          Y---K--------------------R----------------------------SK---------TH---S-Y----------------------..---.-N-----------R---------E--T-----   354
A_D868          Y-------S-----------------------------------------V---SK--------------S------------------------..---.-R---------T-------R--R--I-E----   358
A_GH1           Y---------------K------S----------------------------------------------S------------------------..---.-T-------------R----------I-----   351
A_CBL21         Y--------K--------T----S------------------------------------------------------------------HR---..R-VI-RK-M------E---R----------V-----   362
A_CBL22         -----------------------S--------------------------M---------------H-----------------------YK---..R-VL-TK--------Q-R------------------   358
A_CBL23         --------------A----------------------------------F-----------------------------------------R---..--VI-------------E--G------E--------   358
A_CBL24         ------------------T----T--------------------S--------------------------------------------------..---.-N------------------------------   362
A_MDS           --------------Q--------S-------------------------------K---------AS---SL-----------------------..---.-R-----------N-RR------E-II-----   372
A_CAM1          ---------------------I-T------------------------------S-S--------------V--R--------------------..---.-R-----------N-T----------V-----   360
A_CAM3          Y----------------------T----------------------------------------------SL-----------------------..---.-T---------------------E--------   362
A_CAM4          --I------D----K---------S----K-------------------------K---------TH---SV-----------------------..---.-M-----------E--G--K------LE----   363
A_CAM5          -----------T--A---------S----------------------------NIK----V----S-F---M-----------------------..---.-------------N-R---E-----VV-----   355
A_CAM6          -----------------------T---------S-------------------------------------L-----------------------..---.-R--K--------Q-R---E------KE----   365
A_KR            LC--------------K-P----------------------------------------------TH----M--------S-L----R--R----..R--I-E--K------G-D--K---------V-----   354
A_UC2           Y-------------A---P-----S-----------------------------------------H----M------------------HR---..-AVI--K----------N--G----------G----   365
A_GB1222        .....................................................................................................................................     0

CONSENSUS_B     faLLRCNDTnYSGFMPnCSKVVvSsctRMMETQtSTWFGFNGTRaENRTYiYWH?KDNRTIISLN?YYNLtmHCkRPGNKtVvPIrtvSGllFHS..QPi.NkRPrQAWCWFKGNWtEAI?EVKeTIikHPRY   319
B_UC1           Y---------------K---------------------------T-----M---S----------K--------R-------I--TIM---N---.---L.-T-------------I---R------------   360
B_D205          -F--------------------A----------S--------------------E----------T----SI-----------------------..---.------------------K----R--------   361
B_EHOA          ---------K--------------L.Y---------------------------G----------S--------------M---------I----..---.----K--------------Q------KN----   359
B_GH2           .....................................................................................................................................     0
B_JA3           .....................................................................................................................................     0
B_ONFT3         .....................................................................................................................................     0
B_VI1011        .....................................................................................................................................     0

C_2238E         .....................................................................................................................................     0

D_FO784         .....................................................................................................................................     0

AB_7312A        .....................................................................................................................................     0

CONSENSUS_SD    YALLrCNDtNYsgFmPkCsKVVVSSCTRMMETQtSTWFgFNGTrAENRTYIYWHgrdNRTIISLNKyyNLTmkCrRPgNKTVlPvTimSgLvFHS..Qpi?NeRPkQAWCwFgg?wk?AIkevKqtiVKHPRY   347
SD_MM251        -----------------------------------------------------------------------------------------------..---.-D-----------K--D---------------   369
SD_MM32H        -----------------------------------------------------------------------------------------------..---.-D-----------N--D----M----------   366
SD_MM1A11       -----------------------------------------------------------------------I-----------------Q-----..---.-D---------R-K--D---------------   366
SD_MM132ZL      ----------------------------------------------------------------------------------S------------..---.-D-------R---K--D---------------   367
SD_MM239        -----------------------------------------------------------------------------------------------..---.-D-----------K--D---------------   367
SD_MM142        ----------------N---------------------R---------------------------H----------------------A-----..--V.---------R---N--E---------------   370
SD_SEGJ         --------I-------E-------------------------------------------------------R-----------I-TI---R---..---I-N-------R---K-RD---------------   368
SD_7FBE2        ----$-------D------------------------------S---------------------------------------------------..---.-D-------R--EK$-D---K-----------   365
SD_MNE          ----------------N-------------------------------------SK---------------------------------------..---.-D-------R-E-N--E---------------   367
SD_PHTLG1       -----------------------------------------------------------------------I--K--------------------..---.-N-----------K--D---------------   365
SD_P209C19      --------S-----A----------------------------------------KS--------------------------------------..---.---------R---N-SE--Q---E-L------   369
SD_SMMPBJ14.15  --------S-----A-N-T-------------------------------------S---------------R----------------------..---.-------------K--K--Q---E-L------   373
SD_SMMPBJ14.441 --------S-----A-N-T-------------------------------------S---------------R----------------------..---.-------------E--K--Q---E-L------   373
SD_SMMPBJ6.6    --------S-----A-N-T-------------------------------------S---------------R----------------------..---.-------------E--K--Q---E-L------   373
SD_SMMH9        --------------A-N-T-----------------------------------x-S----------x----R----------------------..---.-------------E--E--R---xxL------   370
SD_SMMH4        --------S--L--A-N--------------------------------------KS---------------R----E-----------------..---.-----------E-S--K--Q---E-L------   368
SD_SM62A        --------S-----A----------------------------------------KS---------------R----------------------..-H-.-------------S--E--Q---E-L------   369
SD_SMB670       --------------A-N----------------A----------------------S---------F----IR---------I------------..---.----N------E-S--K--Q---E--------   366
SD_SMCI2        .....................................................................................................................................     0
SD_SMCI8        .....................................................................................................................................     0

CONSENSUS_STM   YALLRCNDTNYTGFAPNCSKVVVSSCTRMMETQTSTWFGFNGTRAENRTYIYWHGRDNRTIISLNKYYNLTMSCRRPGNKTVLPVTIMSGLVFHS..QPI.NERPKQAWCWFGGEWRGAIKEVKETLVKHPRY   366
STM_STM3716     -----------------------------------------------------------------------------------------------..---.--------------------------------   366
STM_STMAK3      .....................................................................................................................................     0
```

```
                    ^^^     ^^^                  *      *^^^          ^^^ ^^^               *                            *^^^              ^^^  ^^^
CONSENSUS_A      kg..tndtg??kinftaPgkgSDpEvayMWtNCRGEflYCNmTwFLNWvE...nrt?nqt........qhNYvpChIkQIINtWHkVgknvYLPPREGeLtCnSTVTSiiANid??gg?nqt??nITFSAeva    453
A_ROD            R-..----R..N-S-A--------------------------------I-...-K-............HR--A---------------R-----------S-------------.WQNN---.---------    474
A_885            --..----K..--Y--K-------------------------------I-...---............HS--A-------------------------L-S-----------V-.VF-N-G-..---------    395
A_NIHZ           --...-RSRTEN-K-K---R------T---------S-------------...---.G-K........-R--A--R-R-------R----L-----------------------..AGD--..-------A-    465
A_ALI            --..----N..Q----K--R---A-EV-----------------------...-K-.G-E........----A---------------------------------------L------.TDG---..--------    471
A_ISY            --..----N..---------D-----------------------------...-K-.G-.........---------E---------------------S-E-----------.VD-D-R-..---------    466
A_ST             --..----E..--R-I---ER-----------------------------...---.---........-------------------------------Q---------------.--E---..---------    468
A_BEN            --..I----..-----K--A-------F----------------------..DK..---.........RR--..-------------------------A-E-----------..IDK-R-HT---------    473
A_D194           G-..-----..-----K--I------T-----------------------...-K-.---........HG--A----R----------T-------------------------.SDG---..---------    464
A_CAM2           --..-KNIT..D-T-K--ER------T---S------F-------------...-KP.-T-........KR--A----R-------------------------------------.ERD.---.T------D--    475
A_D1024          E-..--K-E..D-H-A---------A---------------V------I-...---M-K-........W-------------------H------------------------.--.---..---------    471
A_D766           R-..--E-R..--------------A-----------------------I-...---V-R-........W-------------------H------------------------.--.---..---------    471
A_D808           R-..-----..----A---------A-------------------------...-K-A---........W-------------------H------------------------.--.---..--------G    467
A_D868           R-..--N--..N-K-V---------A-----------------------I-...-K-E-A-........W-------------------H------------------------.--.---..---------    471
A_GH1            --..----K..N----K--R------------------------------...--P.---........----A----R-------------------Q----------------.VNS.---..---------    464
A_CBL21          R-..--K-E..N-T-AG--E------------------------------...-T-.---........---------R---------------------L-S-------------.TY-.---..D--------    475
A_CBL22          --..--N-E..S-T-----R------T-----------------------...-K-.G--........-R---------------------------------S-------L----.VN-.---..---------    471
A_CBL23          --..--E-K..N-------------------------------------I-...-K-............HR-------R------------------------------------.AN-.-N-..D--------    468
A_CBL24          --..----S..----IG------------------F--------------...---.-T-........W----------------------------------S-------------.VKN.---..---------    475
A_MDS            --..-SNIT..N-T------------------------------------...----.DKP........W------------------R-----------V--------------.DKD---..------D--    485
A_CAM1           R-..------..N----------------------F--------------...-K-.GE.........K-------------------------------------------------.TDM-G-ET---------    474
A_CAM3           --..----K..----A--R-------------------------------...---E-R-........W--------R-----------------------------------.VEA.---..---------    476
A_CAM4           --..ATNIN..N-RLAE---------------------------------...----.GGP........---------R----------------------V-------L------..MR-DS.T---------    476
A_CAM5           R-..EPNKT...V--I-------------------F--------------...-K-.G-E........----A---------A----E-R----------I------------ETNMHKT--..---------    469
A_CAM6           -K..F-V-N..N-T-E---R------------------------------...---.---........-R------------------R------------------------N..VD.---.S--------G    478
A_KR             R-..----Q..-----Q------A--V-----------------R----I-...--A..HP........-R--A----R-------R--Q-I---------V--------------..MFD---..S--------    466
A_UC2            --..----S..----VK--V------T--------F--------------...----.S-K........-R--A----R----------QY--------------------------.TDG---..---------    478
A_GB1222         .....................................................................................................................................      0

CONSENSUS_B      kG?.t?Ni????irl?eh??gSDPEvryMWTNCRGEFlYCNMtwFLNWVE...N?T??tt.......?rrNY?pCHIrQI?NTWHKvG?n?YLPPREGeLSCNStVTSlIANI???sd?N?T??NI?vSAEVs    416
B_UC1            --..-N-TE..R---VGPSA-------H---------F------------...-R-.G--........QK--VT---K--V-------KYV-------T-----S--------DVYY-G-D-KT--TM----G    477
B_D205           --G.AK--TSVKL.VS--GK-----TT-----------------------...-K-.N--........----A-------I-------K-I---------------------N..--.-S-.T--S------    476
B_EHOA           S-..-T--S..Q---A--ARS--------------------F--------...-R-G.........LK---AS------V-----I-R-V--------------------D.WI-K-L-..--T------    472
B_GH2            ...................................------N--------...-K-.KE-.........----V-------I-------R-I-------L---------I----N..-AN-A-..--S------     81
B_JA3            .....................................................................................................................................      0
B_ONFT3          .....................................................................................................................................      0
B_VI1011         .....................................................................................................................................      0

C_2238E          .....................................................................................................................................      0

D_FO784          .....................................................................................................................................      0

AB_7312A         .....................................................................................................................................      0

CONSENSUS_SD     tG..TNntd..kInLTAPggG.dPEVTFMWTNCRGEFLYCKmnWFLNWVedr?n???????q?pkerhkrNYVPCHIrQIINTWHKVGkNVyLPPREGDLTCnSTVTSLIAnId.widgNqT..nITMSAEVA    463
SD_MM251         --..-----..----------.------------------------------.DVTT....-R-----R--------------------------------------------.-T------..S--------    489
SD_MM32H         --..-----..--------R--.------------------------------.DVTN....-R-----R--------------------------------------------.-T------..---------    486
SD_MM1A11        --..-----..----------.------------------------------.-TAN....-K---Q----------------------------------I-----------.-T------..---------    486
SD_MM132ZL       --..-----..--------R--.N-----------------------------.-TAN....-K---Q----------------------------------------------.--------..---------    487
SD_MM239         --..-----..----------.------------------------------.-TAN....-K---Q----------------------------------------------.--------..---------    487
SD_MM142         --..---S-..--------R--.------------------------------.SLTT....-K--------------------------------------------N.-T------..S--------    490
SD_SEGJ          --..-----..--------R--.------------------------------.-TTN....-K-T------------------------------------------------.--NE---..---------    488
SD_7FBE2         --..-----..----------.-------------------I-------KN-.-TAN.........Q--#-------------------------------------------.$------..---------    478
SD_MNE           --..-----..----------.----------------------------K.-LTG..TT-K-Q---------------------R----------------------------.--------..---------    489
SD_PHTLG1        --..-----..--------R--.N-----------------------------.-TAN.........Q--K--------------------------------------------.--------..---------    480
SD_P209C19       --..--D-K..--------A--.-------------------S---------DQNSNRWKQ-KKP-QQ---------------------------------------E--.--NN-E-..---------    494
SD_SMMPBJ14.15   --..--K-E..Q-K-------.----------------------------IQ-GS.RWTS-NQ---QR---------------------------------------E--.--N--E-..---------    497
SD_SMMPBJ14.441  --..--K-E..Q-K-------.---------------------------NIQ-GS.RWTS-NQ---QR---------------------------------------E--.--N--E-..---------    497
SD_SMMPBJ6.6     --..--K-E..Q-K-------.----------------------------IQ-GS.RWTS-NQ---QR---------------------------------------E--.--N--E-..---------    497
SD_SMMH9         K-..--xxx..Q-K-------.---------------------------xIK-GS.RWTS-NQ---YQK-------x-------------x-----------------E--.--N--K-..---------    494
SD_SMMH4         --..--D-R..--------A--.----------------------------DQKGGRWKQ-NR--QQ-K---------------------------------------E--.--NS-E-..---------    493
SD_SM62A         --..--D-K..--------AR-.----------------------------DQKGGRWIQ-K-S--Q-K---------------------------------------E--.-TNN-E-..---------    494
SD_SMB670        --..--DAE..R------R--.----------------------------NINGSIWKL-DKR-QR-------------------------------------------.--------..---------    491
SD_SMCI2         .....................................................................................................................................      0
SD_SMCI8         .....................................................................................................................................      0

CONSENSUS_STM    TG..TNDTA..KIRIVAPGGG.DPEVTFMWTNCRGEFLYCKMNWFLNW?ENRST?EM??WNKN?KE?Q??NYVPCHIRQVINTWH?VGKNVYLPPR?GDLTCNSTVTSIIANID.WTNNNET..NITASAEVA    481
STM_STM3716      --..-----..----------.--------------------------I-----S--RD----K--Q-KR---------------K----------Q-----------------.--------..---------    491
```

```
                                        SU \/ TM                                                                                                  *     *
CONSENSUS_A      eLYrLelGDYkLvEiTpigFAPTsekRyss?apgRnkrgvfVLGfLGFLataGsAMGaasLTlSAqsrtllaGIVQQQQQLlDvVkRQQEmLRLTVWGTKnLQaRVTAIEKYLkdQAqlNSWGCaFRQVChTt   585
A_ROD            -----------------------K------.-H--HT-------------------------V---------------------------L----------------------Q---R---------------   606
A_885            ------------I-V---A----P------x                                                                                                        426
A_NIHZ           ------------------------V-----.-HQ-HT-----------------------------------------------------------------------------------------------S   597
A_ALI            -------------------------R----.T-R----------L------------T-A-----------------------M---------------------------------R---------------   603
A_ISY            --------------V--------A------.----H----L--------T---A----------------FR-----------------------------------------A---R---------------   598
A_ST             ------------I-V--------PV-----.--V---------------T---A-------------------------------------------------------------------------------   600
A_BEN            ------------I----------DQR----.T-V------------------------R-------------------------------------------------------H------------------   605
A_D194           ------------I-V---P----K------.--V-----------------------G---------------------------------------------------------------------------   596
A_CAM2           ------------------------Q----P.-H--P---A---------T---V---T--------------------------------L---------I--------------------------------   607
A_D1024          ------------------------V-----.-H--HT                                                                                                  507
A_D766           ----------N--------------N----.-H--HT-                                                                                                 508
A_D808           -----GI---------S----------D--.-H--HRE                                                                                                 504
A_D868           -----------------F-----P------.-HR-HP-x                                                                                                509
A_GH1            ------------I-V--------R------.--V---------------------------------------------------------------------------------------------------   596
A_CBL21          ------------------------V-----.---------P--------T---A-------------------------------------------------------------------------------   607
A_CBL22          -----------------------T------.T-M------M--------------------------------------------------------------------------------------------   603
A_CBL23          -----------------------A------.T-M---------------------------------------------------------------------------------------------------   600
A_CBL24          -------------------------Q--L-.S-K---------------T---A---------------------------------------------------------------R---------------   607
A_MDS            -----------------------P------.-H--H-------------T---A-------------------------------------------------------------------------------   617
A_CAM1           -----------------------T------.-H--Q-------------T---V---T--------------------------------L--------------------------L---------------   606
A_CAM3           ------------------------------.-HK-HT------------------------------------------------------------------T-----------------------------   608
A_CAM4           ------------I-V--------DQ----P.--T-S--------------A--T---T---------------------------E--------------------------------------V--------   608
A_CAM5           D--K--------------------------.--------------------R-----------------------------------------------------------------R---------------   601
A_CAM6           -----------------------EQ-----.DH--Q-------------T---A-------------------------------------------------------------------------------   610
A_KR             ------------------------------.--Q----------V--------------------HPGLYW--------------------------------T---------R---R------------Y--   598
A_UC2            ------------I-----------------.--A----------L--------------------------------------I------L---------------------------------T--------   610
A_GB1222         ......................................--L---------------------V------------------V---------------------T-------------HV--------------    95

CONSENSUS_B      ELYrLElGDYKLVEITPIGFAPTe?kRYSS.vtPRNKRGV?VLGFLGfLAmAGSAMGAtSLTLSAQSRTLLAGIVQQQQQl?DVVKRQQELlRLTVWGTKNLQtRVTAIEKYLKDQAlLNSWGCAFRQVCHTT   545
B_UC1            ------------------------I-----.T--------M------L---------------------------------L---------------------------------------------------   609
B_D205           -----------------------DVR----.-K-------M---------------------------------------PV---------------------A-------------Q---------------   608
B_EHOA           ---K-------------------SI-----.---------L---------T-------A----------------------V---------------------A-------------Q---------------   604
B_GH2            ------P-----------------V-----.-N-------L-----------------S----------------------L---------C-------------------------Q---------------   213
B_JA3            ..................................................................................---------------------------------------------------    51
B_ONFT3          ..................................................................................---------------------------------------------------    51
B_VI1011         ..................................................................................---------------------------------------------------    51

C_2238E          ..................................................................................DVVKRQQEMLRLTVWGTKNLQTRVTAIEKYLKDQAKLNSWGCAFRQVCHTT    51

D_FO784          ..................................................................................DVVtRQQELLRLTVWGTKNLQTRVTAIEKYLKDQArLNsWGCAFRQVCHTT    51

AB_7312A         ..................................................................................DVVKRQQEMLRLTVWGTKNLQARVTAIEKYLKDQAQLNSWGCAFRQVCHTT    51

CONSENSUS_SD     ELYRLeLGDYKLvEITPIglAPT?VkRYtTgGtSRNKRGVFVLGFLGFLATAGSAMgAASlTlsAQSRTLLAGIVQQQQqLLDVVkRQQELLRLTVWGtKNLQTRVtAIEKYLKDQAqlNsWGCAFRQVCHTt   595
SD_MM251         -----------------------D---------------------------------------T--------------------------------------------------------A------------   622
SD_MM32H         -----------------------D---------------------------------------T--------------------------------------------------------A------------   619
SD_MM1A11        -----------------------N-R-------------------------------------T---------------L----------------------------------------A------------   619
SD_MM132ZL       -----------------------D---------------------------------------T--------------------------------------------------------A------------   620
SD_MM239         -----------------------D---------------------------------------T--------------------------------------------------------A------------   620
SD_MM142         -----------------------N--------------------------------------VT------------------------------------------S-------------A------------   623
SD_SEGJ          --                                                                                                                                     490
SD_7FBE2         -----K-----------------N----A----------                                                                                                518
SD_MNE           -----------------------N---------------------------------------T--------------------------------------------------------A------------   622
SD_PHTLG1        -----------------------S----A----------                                                                                                520
SD_P209C19       -----------------------D-R----T-A-----------------------------V----------------------------------------------------------------------   627
SD_SMMPBJ14.15   ------------------AF---S------T-A---------------------------V-------------------------------------A----------------------------------   630
SD_SMMPBJ14.441  ------------------AF---S------T-A-----------------------S---V-------------------------------------A----------------------------------   630
SD_SMMPBJ6.6     -------------------F---S------T-A---------------------------V-------------------------------------A----------------------------------   630
SD_SMMH9         -------------------F---S------T-A------------------------------------------------------------------------------------xx-------------x   627
SD_SMMH4         ------------I----------S-R----T-A---------------------------V------------------------------------------------------------------------   626
SD_SM62A         -----------------------S-R----T-A---------------------------V------------------------------------------------------------------------   627
SD_SMB670        -----------------------N-R----T-A----------------------------------------------------------------------------------------------------   624
SD_SMCI2         ..................................................................................---T-------------------------------R--A------------    51
SD_SMCI8         ..................................................................................---T-------------------------------R---------------    51

CONSENSUS_STM    ELYRLELGDYKLVEITPIGLAPTNVKRYTTS.TSRTKRGVFVLGFLGFLATAGSAMGAASLTLTAQSRTLL?GIVQQQQQLLD?VKRQQELLRLTVWGTKNLQTRVTAIEKYLKDQAQLNSWGCAFRQVCHTT   611
STM_STM3716      -------------------------------.---------------------------------------T-----------V-------------------------------------------------   623
STM_STMAK3       -------------------------------.---------------------------------------A-----------A-------------------------------------------------   234
```

```
                    ^^^      ^^^             ^^^
CONSENSUS_A     VpWvNdsltPdWnNMTWQeWEqqvryLeANISqsLEqAQiQQEkNmYELQkLNsWDvfgNWfDltsWikYiqYGVyivvgiiaLRIviYvvQmlSRlRKGYRPVFSspPgYiQQiHIHkdreQpareeTeeDv    718
A_ROD           --------A---D--------K----------K-----------------------I----------V-------L-I-AV-----------------------------------------G---N------G    739
A_NIHZ          ------T---------------K-----------------------------------T--L-F---VR-------V----V-------I-----------------------------Q------------    730
A_ALI           -----N--K---D-------------------EQ-----------T------------T--L---A-V---------I---V-----------------------------------Q---T-G------    736
A_ISY           ------T---E----------HKI-F------E-------------------------------------------M-----V-----------------------------------W---D--------    731
A_ST            ------T---------------RI-N------E-----------------------------------------------V---------------------------A-F---------------------    733
A_BEN           --------S---K--------K--------------E-------------------IL---------V-------H----------A-----L---F--------------L---------G---N-G-----    738
A_D194          --------------------KR-H-----------------------------------------------------G---A--I--L------------------L------T--G---N------A    729
A_CAM2          ---A-E----------------K-------------E--L-------------N----T---------S-------------V-----------------------S------------P----S-------    740
A_GH1           --------S------------K-----------------------------------------------------V-V---A--I--L------------------L------T--G---N-G----D    729
A_CBL21         ------T-Q---------K----I--------T-----------------------------------R-----------------I---------F----------P--A-L--V----H-G--PS-------    740
A_CBL22         ----------R-D----------I--------GQ-----------------------------------------F--I-VV-----------------------------V--------W---D--G-----    736
A_CBL23         ------T---E----------GKI-D-------Q-----------------------------------------II--VV------I---------------------L--------W------------    733
A_CBL24         --------Q---------Q--H----------EL-----------------------------A-----------VII-------IV----------------------L------RHW---D-G------    740
A_MDS           -----S--E---E---------K----------K--E------Q------------I--------------------------V-----------------------------------------D--------    750
A_CAM1          ------------A---------K---------------------------R-----------------------------V------I-----------------------------L--L---------    739
A_CAM3          ----------------------K-H-------EM---------------------I-----------R-------------V---A---I-----F-----------------------Q---D--------    741
A_CAM4          ----------N----------LRT---D-----L------------------------S---------R------------VV------I---I-----------------L------T-K-----G------    741
A_CAM5          ---T-----------------HKI-D------D------------------------S---------R------F-II-VV-----------------------------------W----NG---G-G    734
A_CAM6          ----------------------K-------------------------------------------L--V----C--A---V-------------------------------------L----N-G-----    743
A_KR            -L-E-N-IV--------------T-D------R-------------------------------------------VII-------------L---------------------------W---D----D--A    731
A_UC2           ----------R----------K--------------E-------------------------------------------A-----L---F--------------L------T--G---N----G-A    743
A_GB1222        --------------------------------ER--------------------------L-----V---H---V-----VV-----------------------------------Q---T--------    228

CONSENSUS_B     VPWpNetl?PdWnNMTWQQWE??VnfLdANIT?LLEEAQIQQEkNMYELQKlNqWDvFgNWFDfTSWmayirLGLYvVaGliVLRIviYI?QmLArLRKGYRPVFSSPPSYTQQIPIRKdRGQPANEETEegG    673
B_UC1           --------T---E--------KR---------A----------R---------S-----------------------------------M----------------------------H----------DE-    742
B_D205          --------T-N----------KQ-H-------A------------------I-S---------L---IK--H----I----V-----V--V-----------------------------------------    741
B_EHOA          ---V--S-K------------RQ-R-------K-----------------------I-S-----------------I-I-IV----A---I-----------------------------------------    737
B_GH2           -----D--K---Q--------KQ----E----A--------------------S---------L---IK--H---------------V--V-----------------------------G-------------    346
B_JA3           --------H-N-Q--------QK--Y------Q-----------------------------------------K------------------I----K---                                    150
B_ONFT3         -------IE------------AK-Q-------Q-------------------------S----------HL---------I---------M--------                                    150
B_VI1011        -------HL-R----------RE--Y------R-------------------------------------------I-V-----------I-I--K----                                    151

C_2238E         VPWVNDSMQPEWQNMTWQQWEKQIAFLEDNITELLEQAQIQQEKNMYELQKLNSWDVFGNWLDLTSWVKYIYLGFYIVAGVIVLRIAIYVVQMLMRLRKG                                          151

D_FO784         VpWeN?TLqPDWNNMTWQEWEikirdLEANIse?LEeAQIQQEKNMYELQKLNsWDvFGNwFDfTSWvKYIyiGfyvVVGIIgLRIivYliQlLgKlrKG                                          149

AB_7312A        VPWVNDSLTPDWDNMTWQQWEKQIRDLEANISESLEQAQIQQEKNMYELQKLNSWDVFGNWFDLASWVKYIQYGVYIVVGIVALRVIIYVVQMIGRLRR                                           150

CONSENSUS_SD    VPwpN?tLtP?WnNmtWQeWErkvdfLEaNIt?lLEeAQiQQEkNmyELQKLNswDvfGNwfDltsWikYIqyGvyivvGvigLRIviY?vQmLarlRqGYRPVFSSPPayvqq?piq?gqelPTkEGeegdG    722
SD_MM251        -----AS---D---D-------------E---A-------------------------------A---------I-V-----L------I-----K-------------S-F-$THT-QDPA---R--K----    754
SD_MM32H        -----AS---D---D-------------E---A-------------------------------A-----------------L------I-----K-------------S-F--TH--QDPA---R--K----    752
SD_MM1A11       -----AS---K---E-------------E---A-------------------------------A-----------------L------I-----K-------------S-F-$TH--QD-A---R--K----    751
SD_MM132ZL      -----AS---K---E-------------E---A-------------------------------A-----------------L------I-----K-------------S-F--TH--QDPA---R--K----    753
SD_MM239        -----AS---K---E-------------E---A-------------------------------A-----------------L------I-----K-------------S-F--TH--QDPA---R--K-R--    753
SD_MM142        -----AS---D---E-----------------A-----------------------------------------I--I----L------I-------------------S-F-$THT-QDPA------KK---    755
SD_MNE          -----AN---N---E-------------E---A-------------------------------A---R-----------L------I-----K-------------S-F-$TH-RQD-A------T----    754
SD_P209C19      -----DS-V-I-D-----Q---Q--S------Q-------------F---------I-----------R------L--L--V-------V-----------------------I--HK---P--------E-    760
SD_SMMPBJ14.15  -----D----N----------KQ-N-------QS-----------T----------I------------------L--L----------V-----------------------V---T--------------    763
SD_SMMPBJ14.441 --R--D----N----------KQ-N-------QS-----------T----------I------------------L--L----------V-----------------------I---T--------------    763
SD_SMMPBJ6.6    -----D----N----------KQ-N-------QS-----------T----------I------------------L--L----------V-----------------------I---T--------------    763
SD_SMMH9        -----D----x----x-----KQ-N-------xx---------x---------xx-xx---x---x---------L--L----------V--------------------x-x-I--xT--------------    760
SD_SMMH4        -----E--V-N-----------Q---------Q-----------------------I-----------R------L--L----------V-----------------------I--HK---P----------    759
SD_SM62A        -----E--V-N-S---------Q---------Q-----------------------I-----------R------LV-L--V-------V-----------------------I--HK---P--------E-    760
SD_SMB670       -----D--V-D--------------S------QM-----V----------------I-----------R------L--L--V-------V-----------------------I--HK---P--R-------    757
SD_SMCI2        ---E-N--Q-D----------I-IRD-----SES-------------------------R--F---V---YI-F-V---I-----IV-LI-L-GK--K-                                      151
SD_SMCI8        ---E-D--Q-D----------I-IRD-----SEK--N-------------------------F---V---YI-F-V---I------V-LI-L-GKH-K-                                      151

CONSENSUS_STM   VPWPNDSLVPDWNNMTWQEWERKVDFLEANITQLLEEAQVQQEKNMYELQKLNSWDVFGNWFDL?SWVRYIQYGVYLVIG?VMLRVAIY??Q?LARLRKGYRPVFSSPPS??QQI?IHKGQEQ?TKEGTEEGG    735
STM_STM3716     ------------------------------------------------------------------T---------------L--------IM-L-----------------CR---P-------P---------    756
STM_STMAK3      ------------------------------------------------------------------A---------------I--------VV-M-----------------YH---L-------L--------    366
```


HIV-2/SIV
Amino Acids

```
                                                                                                                                                                  <- rev cds
                                <- tat cds                 *                                                   nef start ->
CONSENSUS_A      gdnvGdrswPwpiaYihfLIrlLiRLLtgLYniCrdLlSrsfltlqpifqnl????t?iRDwlRlkaAyLQYGceWIQeafqafaratrETlagawrglwgalgriGRgILavPRRIRQGAEiaLL$   839
A_ROD            -S-G---Y-------------Q------R--S--------------L-Y----------------RT-F---------------A-----------C----RV-E----------------------.   858
A_NIHZ           -S-G-----------------------------------ISPI------S-QRAL-A-------------------------L--T--------G-D--R--Q------------------L---.   856
A_ALI            -------L-------L----H--A---I---S--------I-SI------S-QRAL-T---------------------------IA----TNT--D----MQWV--R------------------   862
A_ISY            -ND--S-------E--------------R---S-------....-YL-L-P-------------------------L--V-----TS-G-S----------------------------.   846
A_ST             -NS---NW-----R-------Q-----NR-------------Q---L-S-S-RRAL-AV-----FNT------G-------R------G---TN----F--T--Q---------------------.   859
A_BEN            -GDS-YDL-----N-VQ---H--T---I-----------KNSP-RRL-S-S-....-A----------Q-----------------T---------GW--E-AR------------------L---.   860
A_D194           --DS-FGL----LN--Q---H--T--------S--G---KNSP-RRL-S-S-....-A-----------------------R----TA---I-------CE-AQ----------------------.   851
A_CAM2           -G-G-------Q-E-------Q-------------N----I-Q-----L-----------.-----P-V-F---------------A---A-------C-DV--M-Q------------------L---.   859
A_GH1            R-DD-YDL$----N------H--T-------K-------TNSP-HRL-S---------A---------------G-----------KT------S--G--CA-VQ-V--------------------.   850
A_CBL21          --S---S---$----------------I-------T-I-K--Q-----S-G-QRAL-A------PG--------------L-----------TSV--NFC-TM-Q-------I---------L----   865
A_CBL22          ---A-SS---$--R-------Q-V----W--SS----------I--A-...........-----------------------R---KF----------D---G------E------------------   850
A_CBL23          -N----SL$----R------HQ-------------N----IS---R-V--S-QRAL-A------TD------------G---------------T--D-----Q----------------------   858
A_CBL24          -----TSL-------------------I-------------S-I----L-S-QRAL-A-------E--------------L--LT------------N-----Q------------------L----   866
A_MDS            -G-G-----------------------R---S-------I-----------.......--Q---RI-F-----------------V-----TS-C-----T------------------------   869
A_CAM1           -S-----F---------------------R---S-------I-------L---.......-----AST-F---------------G--AK---TS-C-S--RT--------------------L----   858
A_CAM3           -I-G-----------T------------R---S-------------------.....------RT-F----RQ----------------TS-C----RT-DNF-----SI--------------   860
A_CAM4           ------SL-------L------------R--SS---------P---RA.......L-A-----------------------------TA---------N--E-M--L----------------L----   860
A_CAM5           -N-A--N----Q-R-------Q----------S--N---K------L-...........------NT-F-----------------------TS-G-S---T--------------------L----   849
A_CAM6           -N-G-Y----------------------R--SS---------------L---.......------RT-F-----------------FA-----S-C-S---T----------I--------------   862
A_KR             -NSI--S--------------Q---------SV-K-------P---L---S-QRAL-T-------TI------------VL-VL--T------S---D----M------------------L----   857
A_UC2            --AS-YDF-----N--QL--H--T-------S-------ANSP-RRL-S---....-A-------------------------I--TA-----------CK-VQ----------------------   865
A_GB1222         -S-----F---------------S---I----S--N----I-----------.....---P--RT-F--------------A-----------C-----T---------------------T---   347

CONSENSUS_B      GndggYRSWPWQIEYiHFl?RQlRnLLIWLYngCrtLLlKTfq?Lqpi???LQ........PLRLpvAYLqYGIsWFQEA??AAaRa??ETLAsag?tlWeaLRRaAgaIiAIPRRIRQglELaLL$   781
B_UC1            --E-A----------A---I---------------N-----S-I---A...-.........----SL-------------IQ--T--AR----NT-RA--K----T-E------------------.   857
B_D205           ----D--------------L-----------------------I-HQ-STN--........--------------------LR-----TG-------E----------R---------------T--.   859
B_EHOA           --NE--------------PI----D------S------S----T---V...-.........------P---R---------IQ-----AG------AR-S-GV------E-----------A------   852
B_GH2            -E-----------------L--P---------S-S-------RT----...-.........----L--------D-----LR----VTR-------E-F--I---M----V--------R-------.   461

CONSENSUS_SD     G?rGGnrSWPwQIEYIHFLIRQLIRLLTWLFSnCRt?LlR?yQiLQPvlQrls?tLqR?REV?R?eitYLQYGw?yfqEAvqa?wr?a?ETLAsAWgdlwEtLgRvGRwiLAIprRiRQGlEltLL$   837
SD_MM251         -EG---S----------------------------L-S-A------I-----A--R-V---L-T-L-------S--H-----G--S-T----G--R------R-G--------------------.   880
SD_MM32H         -EG---S----------------------------L-S-A------I-----AA---I---L-T-L-------S-------VG--S-T----G---------R-G--------------------.   878
SD_MM1A11        -EG---S----------------------------L-S-V------I-----A--R-I---L-T-L-------N--H----VD--S-T----G-----$-A-R-G--------------------.   876
SD_MM132ZL       -EG---S----------------------------L-S-V------I-----T----I---L-T-L-------S--H-----V--S-T----G---V-----R-G----------------x    876
SD_MM239         -EG---S----------------------------L-S-V------I-----A----I---L-T-L-------S--H-----V--S-T----G---------R-G--------------------.   879
SD_MM142         -GS---S----------------------------L-S-A------IF----A--R-I---L-L-L-------S--------AQ-S-T----G---E---A-Q-G--------------------.   881
SD_MNE           -GS---S----------------------------L-S-A------IF--F-T----I---L-T-L-------S-------VA--S-T----G------------------------------.   880
SD_P209C19       -D---S--------------------------S--DW---S------------T----V---I-I---------S--------W-KF-R-------R-I---------G-------V------A---   886
SD_SMMPBJ14.15   -G-----------------------------S--DW---NC-T------S--R----A---I-VQ-A------R-L---A--W-KLVR-------RH----------G------------------   889
SD_SMMPBJ14.441  -G-----------------------------S--DW---NC-T------S--R----A---I-VQ-A------R-L---A--W-KFVR-------R-----------G------------------   889
SD_SMMPBJ6.6     -G-----------------------------S--DW---NC-T------S--R----A---I-VQ-A------R-L---A--W-KFVR-------R-----------G------------------   889
SD_SMMH9         -x--------x--------------------S--DW---xC--------S--R----A---I-V---------R-L---AxxW-KFxR-------R-----------G----xx-----------.   886
SD_SMMH4         -D---S--------------------------S--DW---S---------S--T----V---I-I--A------R--------W-KL-R---------I---------G----------------.   885
SD_SM62A         -D---S--------------------------S--DW---S---------S--T----V---I-I---------R--------W-KF-R-------R-I---------G-----------F------   886
SD_SMB670        -D---S-----------------------------C---I-------F---FSI---I---V-T--S-----CRW-------G--A-G--------------------V-------------A---   883

CONSENSUS_STM    GDRGGINSWPWQIEYTHFLIRQLVRLLTWLYNNFRACLSRIYQTLHPTFQRISRILQRIREVVRLGAAYLQYGCIWIQEAAQAAWRAAGETLASAGRDLWETLGRVGRRIGAIPRRIRQGLELTLL.   861
STM_STM3716      ------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------.   882
STM_STMAK3
```