

```

                *           20           *           40
HV1J3 : -----ATGAGAGTGAAGGGGATCAGGAAGAA--TTA : 29
SIVCZ : -----ATGAAAGTAATGGAGAAGAAGAAGAG--AGA : 29
SIVGB : ATGTCTACAGGAAACGTGTACCAGGAACTAATAAGAAGATAC : 42

                *           60           *           80
HV1J3 : TCAGCACTTGTGGAGATGGGGCACGATGCTCCTTGGGATATT : 71
SIVCZ : CTGGAACAGCTTATCCATAATTACAATCATAACAATCATTFT : 71
SIVGB : CTGGTAGTGGTGAAGAAGCTATACGAAGGTAAGTATGAAGTG : 84

                *           100          *           120
HV1J3 : GATGATCTGTAGTGCTGCAGAACAATTGTGGGTCACAGTC-- : 111
SIVCZ : GCTAACCCCATGTTTGACCTCTGAGTTATGGGTAACAGTA-- : 111
SIVGB : TCCAGGTCTTTTTCTTATACTATGTTTA-GCCTACTAGTAGG : 125

                *           140          *           160
HV1J3 : TATTATGGGGTACCTGTGTGGAAAGAAGCAGCCACCACACTCTA : 153
SIVCZ : TATTATGGAGTACCTGTTTGGCATGATGCTGACCCGGTACTC : 153
SIVGB : TATTATAGGAAAACAATATGTGACAGT-CTTCTATGGAGTAC : 166

                *           180          *           200          *
HV1J3 : TTTTGTGCATCAGATGCTAAAGCATAT-----GATACA : 186
SIVCZ : TTTTGTGCCTCAGACGCTAAGGCACAT-----AGTACA : 186
SIVGB : CAGTATGGAA-GGAAGCTAAAACACATTTGATTTGTGCTACA : 207

                220           *           240           *
HV1J3 : GAGGTACATAATGTTTGGGCCACACATGCCTGTGTACCCACA : 228
SIVCZ : GAGGCTCATAATATTTGGGCCACACAGGCATGTGTACCTACA : 228
SIVGB : GATAATTCAAGTCTCTGGGTAACCACTAATTGCATACCTTCA : 249

                260           *           280           *
HV1J3 : GACCCCAACCCACAAGAAGTAGTATTGGAAAATGTGACAGAA : 270
SIVCZ : GATCCAGTCCTCAGGAAGTATTTCTTCAAATGTAATAGAA : 270
SIVGB : TTGCCAGATTATGATGAGGTAGAAATTCCTGATATAAAGGAA : 291

                300           *           320           *
HV1J3 : AAATTTAA-----CATGTGGAAAAATAACATGGTAGAACAG : 306
SIVCZ : TCATTTAA-----CATGTGGAAAAATAATATGGTGGACCAA : 306
SIVGB : AATTTTACAGGACTTATAAGGGAAAATCAGATAGTTTATCAA : 333

```

Fig S1A. Alignment of coding sequences of HIV/SIV GP120

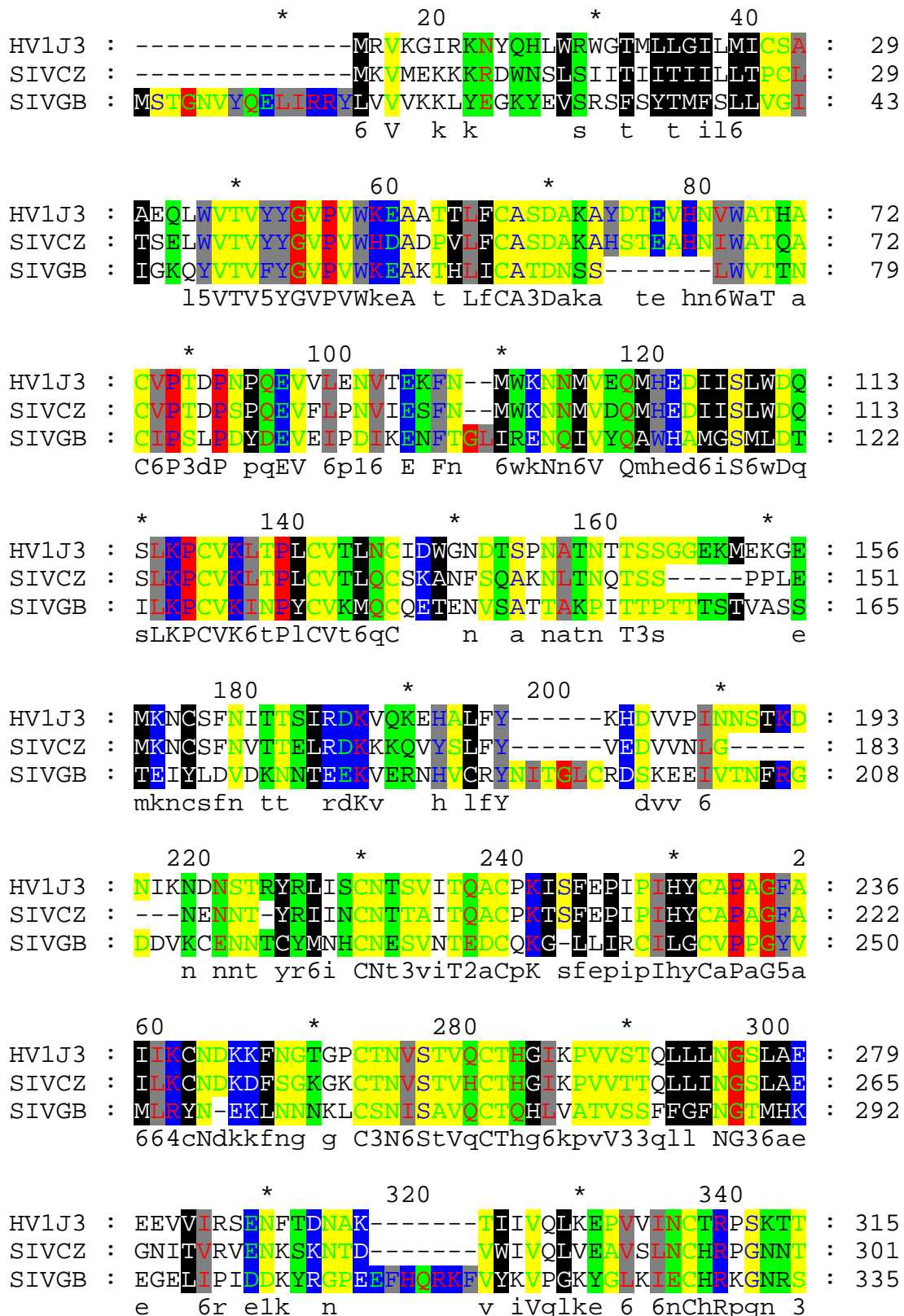


Fig S1B. Alignment of protein sequences of HIV/SIV GP120