

B-MEADU CCAGTGGACCCAG,AGAGGTGAGAAGA...AGCTAATGAAAGAGAGAACACAGCTTTGTTAACAACCCCTATGAGCCTTCATGGGATGATGACCAATGAGANAAGAATTAATTTGGAAGTTTGAACAGCAACTAGACATTTTCATCAGCTTAC 295
B-MEADU P_V_E_P_#_E_G_R_R_#_S_#_R_E_O_L_V_T_P_Y_E_P_A_W_D_G_#_P_#_E_R_S_I_N_V_#_O_T_S_I_S_R_S_ 92
B-MEADU O_W_N_O_#_K_V_E_#_#_A_N_E_G_E_N_N_S_L_L_H_P_M_S_L_H_G_M_D_D_D_H_E_K_E_V_L_M_W_K_F_D_S_K_L_A_F_H_H_V_A 96
B-MEADU T_S_G_T_#_R_R_#_K_#_#_L_M_K_E_R_T_T_A_C_Y_T_L_#_A_C_M_G_W_M_T_M_R_K_K_Y_#_C_G_S_L_T_A_N_#_H_F_I_T_#_ 90
A-U455 0
A-92UG037.1 0
A-Q23 0
B-MN 0
B-AD8 0
B-WR27 0
B-RP 0
B-896 0
B-BCSG33 0
B-URFPL 0
B-URCFP 0
B-OYI 0
B-CAM1 0
B-NY5 0
B-BNL43 0
B-HXB2 0
B-LAI 0
B-YU2 0
B-YU10 0
B-ACH320,2A,2,1 0
B-ACH320,2A,1,2 0
B-SF2 0
B-D31 0
B-MANC 0
B-HAN 0
B-CL8MBC 0
C-ETH2220 137
C-92BR025,8 0
D-84ZR085 0
D-NDK 0
D-2226 295
D-ELL 0
D-94UG114,1 0
F-93BR020,1 0
H-90CR056,1 0
AC-ZAM184 0
AC-92RW009 0
ADI-MAL 0
AE-93TH253 0
AE-93TH240 0
AE-90CF402 0
AGI-2321 295
AG-92NG083,2 0
AG-92NG003,1 0
AG-IBNG 0
BF-93BR029,4 0
O-WVP5180 299
O-ANT70 299
SIVCPZANT 0
SIVCPZGAB 295

HIV1 Complete Genomes

Strain	5' LTR	Extensive secondary structure in this region.	5' LTR U5 end -> Lys tRNA Primer Binding Site	Position
B-WEAU	R repeat end / U5 start	See Rizvi et al j virol 67: 2681-88 (1993)		671
B-WEAU	GTG.CTTTCAGTGTGTGGCCCGCTGTG.TTGTGTGACTGTGTAAGTAAAGTCCCTGAGAC..CATTTTGTAGTCAGTGTGG.AAAATCTCTTAGACAGTGGCCCGCAACAGGG.ACCCGAAAGCGAAAGGAAA.....			201
B-WEAU	U # S S S V C P S # C V T L V T R D P S D # I L V S V # K S L A V A P E O # T R K R K G #			206
B-WEAU	U # L O V V C A R L # V \$ T L W \$ L E I P O # # F \$ S V W # N L \$ O W R P N R # P E S E R E #			201
A-0455	S # F K \$ C V P V # L C D S G N \$ R S L R # H F \$ S Q C # K I S S S G A R T G # P K A K G K			205
A-92U037.1G.....A-T.....-C-A-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
A-023-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-MN-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-AD8-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-WR27-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-RF-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-896-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-BCSG3-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-JRFL-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-JRCGF-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-OYI-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-CAM1-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-NY5-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-DNL43-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-HXB2-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-LAI-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-YU2-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-YU10-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-ACH320.2A.1-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-ACH320.2A.1.2-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-SF2-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-D31-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-MANC-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-HAN-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
B-C18MBC-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
C-ETH2220-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
C-92BR025.8-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
D-84ZR085-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
D-NDK-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
D-2226-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
D-BLI-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
D-94UG14.1-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
F-93BR020.1-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
H-90CR056.1-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
AC-ZAML84-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
AC-92RM009-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
AD1-MAL-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
AE-93TH253-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
AE-CM240-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
AE-90CF402-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
AG1-2321-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
AG-92NG083.2-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
AG-92NG003.1-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
AG-1BNG-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
BF-93BR029.4-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
O-MVPE180-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
O-AMT70-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
SIVCPZANT-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137
SIVCPZGAB-C-C-A-G.....-T.....-C-C-A-T.....A.....G-TT-A.-AG.....TA-T.....CTCGAAAAC.....GA			137

HIV1 Complete Genomes

B-WEAU	AAATGAGAAAGGCTTTTCAGCCGAGAGTATATACCGATGTTTTCAGCATTTATCAGAGAGGCCACCCACAGAATTTTAAACACCATGCTTAAACACAGTGGGGGGAATCAATGCAAGCCATGCAAAATGTTTAAAGAGACCATTCATGAGGA	1411
B-WEAU	NRKPKGFOPRSNTHVFSTIRSHKHAKHSGGTSSSHANVKRDHOSG	422
B-WEAU	IEREKAFSPREVIIPMFSAALSEGAATPQDILNTMLNTVGGHOLAAMQLKKEITINER	442
B-WEAU	\$SKKRIKLSAQK\$YPCFQHYQKELPPHKI\$TTPC\$TQWGDITKQPCCKC\$KCRP\$SMR	412
A-U455	-----C-----G-----T-TG-----G-TGT-----C-G-----T-----T-----	867
A-92UG037.1	-----C-----C-----T-TG-----G-----T-----C-G-----T-----T-----	782
A-023	-----G-----G-----T-TG-----G-----T-----C-G-----T-----T-----	876
B-NN	-----G-----G-----T-----T-----C-----G-----T-----T-----	1418
B-AD8	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1412
B-WR27	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	791
B-RF	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	926
B-896	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1411
B-BGS53	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	959
B-ORFL	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	729
B-URCSF	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1412
B-OYI	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	958
B-CAM1	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1414
B-NY5	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1412
B-BNL43	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1412
B-HXB2	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1412
B-LAI	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	958
B-YU2	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1410
B-YU10	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1413
B-ACH320.2A.2.1-G-	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1414
B-ACH320.2A.1.2-G-G-	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1414
B-SF2	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1419
B-D31	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1358
B-MANC	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	881
B-HAN	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1231
B-CL8MBC	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	786
C-ETH2220	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	757
C-92BR025.8	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	929
D-84ZR085	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	947
D-NDK	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1415
D-2226	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	958
D-ELL	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	761
D-94UG114.1	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	743
F-93BR020.1	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	759
H-90CR056.1	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	785
AC-ZAM184	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	756
AC-92RW009	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	990
AD1-MML	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1429
AE-93TH253	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	977
AE-CM240	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1454
AE-90CF402	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	626
AGI-2321	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	778
AG-92NG083.2	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	779
AG-92NG003.1	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	943
AG-IBNG	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	764
BF-93BR029.4	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1333
O-WVP5180	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1458
O-ANT70	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	824
SIYCPZANT	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	824
SIYCPZGAR	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	1473
p24 Capsid	-----G-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----T-----	
	I_E_K_A_F_S_P_E_V_I_P_M_F_S_A_L_S_E_G_A_T_P_O_D_L_N_T_M_L_N_T_V_G_G_H_O_A_A_M_Q_M_L_K_E_T_I_N_E_E	

B-WEAUCAGAACGAGGACCA.....ATAGACAGGAGGCTG.....TATCCCTTTAACTTCCCTCAATATCATCTTTGGCAAGACACCCCTCCTACAAATTAAGAGGAGGAGGCAACTGAGGAGCTCTATTAGATACGAGGACA	Gag CDS end (frame 2) <--	2335
B-WEAU#EAGGA#.....#ROGA#.....#SFPNPOLITLWOPRLVTKIEGOLKEALLDTGAA		699
B-WEAU#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		746
B-WEAU#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		677
A-U455#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1782
A-92UG037.1#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1703
A-023#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1794
B-MN#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2351
B-AD8#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2336
B-WR27#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1715
B-RF#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1853
B-896#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2335
B-BCSG3#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1883
B-JRFL#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1653
B-JRGSF#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2348
B-OYT#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1879
B-CAM1#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2338
B-NY5#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2336
B-DNL43#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2336
B-HXB2#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2336
B-LAI#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1918
B-YU2#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2334
B-YU10#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2337
B-ACH20.2A.2.1#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2338
B-ACH320.2A.1.2#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2336
B-SF2#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2343
B-D31#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1882
B-MANC#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2282
B-HAN#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1802
B-C18WBC#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2191
C-BTH2220#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1728
C-92BR025.8#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1675
D-84ZB085#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1858
D-NDK#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1871
D-ZZ26#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2339
D-EL1#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1882
D-94UG114.1#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1691
F-93BR020.1#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1664
H-90CR056.1#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1683
AC-ZAM184#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1697
AC-92RW009#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1668
AD1-WML#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1911
AE-93TH253#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2323
AE-CM240#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2310
AE-90CF402#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2372
AGT-2321#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1550
AG-92NG083.2#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1705
AG-92NG003.1#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1703
AG-IRNG#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1861
BF-93BR029.4#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1888
O-WP5180#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2366
O-ANLT0#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2391
SIYCPZPANT#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		1775
SIYCPZGAB#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		2397
Pol TP#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		
Gag p6#RORSE#.....#IDKEL#.....#YPLTSLKSLFGNDRPSO\$R\$RGN\$R\$RGA\$T\$E\$G\$S\$S\$IR\$Y\$R\$S\$		

HIV1 Complete Genomes

B-WEAU	AAAAATAAAGCATTGAGTAAATTTGTACAGAAATGGAAAAGGAGAAAATTTTCAAAATTTGGCCCTGAAAATTCATATTAATTCACGATATTTTCCCATAAAGAAAAGACAGTACTAATGGAGAAAATTTGATGATTTTCAGAGAA	2785
B-WEAU	K I K A L V E I C T E M E K E G K I S K I G P E N P Y N T P V F A I K K K D S T K W R K L V D F R E	849
B-WEAU	K \$ K H \$ \$ K F V O K W K R K E K F O K I G L K I H I I L O Y L P \$ R K K T V L L N G E N \$ \$ I S E N	875
B-WEAU	E N K K S I S R N L Y R N G K G R K N F K N W A \$ K S I C Y S S I C H K E K R O Y \$ M E K I S R F O R	818
A-U455	AC	2232
A-92UG037.1	AC	2153
A-023	AC	2244
B-NN	A	2801
B-AD8	G	2786
B-WR27	G	2165
B-RF	G	2303
B-896	G	2785
B-BGSG3	G	2333
B-DRFL	G	2103
B-URCSF	G	2798
B-OYI	G	2329
B-CAM1	G	2788
B-NY5	G	2786
B-BNL43	G	2786
B-HXB2	G	2368
B-LAI	G	2784
B-YU2	G	2787
B-YU10	G	2788
B-ACH320.2A.2.1	G	2786
B-ACH320.2A.1.2	G	2786
B-SF2	G	2793
B-D31	G	2332
B-MANC	G	2732
B-HAN	G	2252
B-CL8MBC	G	2641
C-ETH2220	G	2178
C-92BR025.8	G	2125
D-84ZR085	G	2308
D-NDK	G	2321
D-2226	G	2789
D-ELI	G	2332
D-94UG14.1	G	2332
F-93BR020.1	G	2141
H-90CR056.1	G	2114
AC-ZAM184	G	2147
AC-92RW009	G	2118
AD1-MML	G	2118
AE-93TH253	G	2361
AE-CM240	G	2773
AE-90CF402	G	2360
AGI-2321	G	2882
AG-92NG083.2	G	2000
AG-92NG003.1	G	2155
AG-IBNG	G	2153
BF-93BR029.4	G	2311
O-NVP5180	G	2138
O-ANT70	G	2816
SIYCPZANT	G	2841
SIYCPZGAR	G	2225
Pol p51 RT	G	2847

B-WEAU	ATCTATCAATATGATGATGATTTTGTATGTAGAGACTTGAAGAAATTAAGGAGCAGCATTAAGAAACAAAATTAAGAGGAGCCTGAGCAACATCTGTTTGAAGGTGGGGAATTTTACACACACCAGACAAAACATGCAAAAAGACCCCTCCATTCCTTTGG	3335
B-WEAU	I Y O Y M D D L Y V G S D L L E I G O H L I R W G F T T P D K K H O K D P P F L W	999
B-WEAU	S I N T W M D I C M \$ D L T \$ K \$ G S I E O K \$ R S \$ D N I I C \$ G G D L P H O T K N I K K T L H S F L W	1011
A-U455	Y L S I H G \$ F V C R I \$ L R N R A A \$ N K N R G A E T T S V E V G I Y H T R O K T S K R P S I P L L	956
A-92UG037.1	-----C-----G-----T-----A-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2682
A-023	-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2694
B-NM	-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3251
B-AD8	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3236
B-WR27	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2615
B-RF	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2753
B-896	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3235
B-BGSG3	-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2783
B-URFL	-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2553
B-URCSF	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3248
B-OYI	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2779
B-CAM1	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3238
B-NY5	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3236
B-BNL43	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3236
B-HXB2	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3236
B-LAI	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2818
B-YU2	-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3234
B-YU10	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3236
B.ACH320.2A.2.1	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3238
B.ACH320.2A.1.2	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3236
B-SF2	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3236
B-D31	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3243
B-MANC	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2782
B-HAN	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3182
B-C18MBC	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2702
C-ETH2220	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3091
C-92BR025.8	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2678
D-84ZR085	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2575
D-NDK	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2758
D-2226	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2771
D-ELI	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3239
D-94UG14.1	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2782
F-93BR020.1	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2591
H-90CR056.1	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2564
AC-ZAM184	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2583
AC-92RW009	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2597
AD1-MML	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2568
AE-93TH253	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2811
AE-CM240	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3223
AE-90CF402	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3283
AG1-2321	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2810
AG-92NG083.2	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3272
AG-92NG083.1	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2450
AG-IBNG	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2605
BF-93BR029.4	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2761
O-NVP5180	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3258
O-NMT70	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3266
SIYCPZANT	-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	3291
SIYCPZGAR	-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----TT-----C-----G-----G-----A-----T-----	2675
Pol p51 RT	I Y O Y M D D L Y V G S D L L E I G O H R T K I E E L R O H L L R W G F T T P D K K H O K D P P F L W	3297

HIV1 Complete Genomes

B-WEAU	AGAGATCAAGCTTGAACATCTTTAAGACACAGCAGTGAACAATTTGACGATTTTCATCCACAAATTTTAAAGAAAAGGGGGGATTGGGGGTTAOCAGTGCACAGGGGANAAGATTAATAGACATTAATAGCAACAGACATTCAGACTCAATTACAAAA	4873
B-WEAU	R D O A E H L K T A V O Y K M A V F I H N F K R K G G I G G Y S A G E R I I D I I A T D I O T O L O K	1593
B-WEAU	E I K L N I L R O O Y K M O Y S S T I L K E K G G I G G T V O G K E \$ \$ T \$ \$ O O T Y R L N N Y K N	1491
B-WEAU	K R S S S \$ T S \$ D S S T N G S I H P O P \$ K K R G D W G V O C R G K N N R H N S N R H T D S T I T K	1464
A-U455	-G-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----	4320
A-92UG037.1	-G-----C-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----	4281
A-023	-G-----C-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----	4332
B-NM	-G-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----	4889
B-AD8	-G-----G-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----W-----	4874
B-WR27	-G-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----G-----C-----	4253
B-RF	-G-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----G-----C-----	4391
B-896	-G-----G-----A-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4873
B-BGS53	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----	4421
B-URFL	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----	4191
B-URCGF	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----	4886
B-OYI	-G-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----G-----C-----	4417
B-CAM1	-G-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----G-----C-----	4876
B-NY5	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----T-----A-----G-----	4874
B-BNL43	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----	4874
B-HXB2	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----	4874
B-LAI	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----	4456
B-YU2	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----G-----	4872
B-YU10	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----G-----	4874
B.ACH320.2A.2.1	-G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----	4876
B.ACH320.2A.1.2	-G-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----C-----	4874
B-SF2	-G-----G-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----G-----C-----	4881
B-D31	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----	4440
B-MANC	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----	4820
B-HAN	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----	4340
B-CL8MBC	-G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----C-----	4729
C-ETH2220	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----C-----	4286
C-92BR025.8	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4212
D-84ZR085	-G-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4396
D-NDK	-G-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4409
D-2226	-G-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4877
D-ELL	-G-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4420
D-94UG14.1	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4229
F-93BR020.1	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4202
H-90CR056.1	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4221
AC-ZAM184	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4235
AC-92RW009	-G-----G-----G-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4206
AD1-MML	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4449
AE-93TH253	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4861
AE-CM240	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4448
AE-90CF402	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4910
AG1-2321	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4088
AG-92NG083.2	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4243
AG-92NG003.1	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4241
AG-1BNG	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4329
BF-93BR029.4	-G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----	4226
O-NVP5180	-G-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----	4904
O-NMT70	-G-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----	4929
SIYCPZANT	-G-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----	4322
SIYCPZGAB	-G-----G-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----	4935
Integrase	R D O A E H L K T A V O M A V F I H N F K R K G G I G G Y S A G E R I I D I I A T D I O T O L O K	Pol

HIV-1 Complete Genomes

B-WEAU	CAAAATTACAAAAATTTTGGGCTTATTACAGAGGACAGAGATTCACCTTTGGAAAAGGACGACAAACCTTCTGTGAAAGGTGAAGGGGACAGTAAATACAGATTAATGACATTAATAA	5002
B-WEAU	O I T T K I O N F R V Y Y R D S R D P L W K G E G A V V I O D N S D I K	1586
B-WEAU	K L O K F K I F G S I T G T A E I H F G K D O O S F S G K V K G O \$ \$ Y K I I V T \$ #	1530
B-WEAU	T N Y K N S K F S G L L O G O Q R S T L E R T S K A S L E R \$ R G S S N T R \$ \$ H K #	1503
A-U455	-----T-----T-----C-CA-----A-A-----A-A-----G-----G-C-----T-----G-----	4449
A-92UG037.1	-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----G-C-----T-----G-----	4370
A-023	-----C-----T-----T-----T-----A-----AT-----A-----AT-----G-----C-----A-----G-----	4461
B-NNN	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5018
B-AD8	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5003
B-RR27	W-----TTW-C-----Y-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4382
B-RF	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4520
B-896	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5002
B-BCSG3	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5002
B-GRFL	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4550
B-JRCGF	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4320
B-OYI	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5015
B-CAM1	-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4546
B-NY5	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5005
B-BNL43	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5003
B-HXB2	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5003
B-LAI	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5003
B-YU2	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4585
B-YU10	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5001
B-ACH320.2A.2.1	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5003
B-ACH320.2A.1.2	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5005
B-SF2	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5003
B-D31	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5010
B-MANC	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4549
B-HAN	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4469
B-CL8MBC	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4669
C-ETH2220	-----TT-----TG-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4858
C-92BR025.8	-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4395
D-84ZR085	-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4341
D-NDK	-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4538
D-2226	-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4538
D-ELL	-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5006
D-94UG14.1	-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4549
F-93BR020.1	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4358
H-90CR056.1	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4331
AC-ZAM184	-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4350
AC-92RW009	-----C-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4364
AD1-MML	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4335
AE-93TH253	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4578
AE-CM240	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4990
AE-90CF402	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4577
AGI-2321	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	5039
AG-92NG083.2	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4217
AG-92NG003.1	-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4372
AG-IBNG	-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----	4370
BF-93BR029.4	-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----	4528
O-WVP5180	-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----	4335
O-ANT70	-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----	5033
SIYCPZANT	-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----	4472
SIYCPZGAB	-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----TT-----	4472
Integrase	O I T T K I O N F R V Y Y R D S R D P L W K G P A K L L W K G E G A V V I O D N S D I K	5064

Pol

HIV1 Complete Genomes

B-MEAU	5002
B-MEAU	1586
B-MEAU	1530
B-MEAU	1503
A-U455	4449
A-92UG037.1	4370
A-Q23	4461
B-MN	5018
B-AD8	5003
B-WR27	4382
B-RF	4520
B-896	5002
B-BGSG3	4550
B-JRFPL	4330
B-JRCGF	5015
B-OYI	4546
B-QAM1	5005
B-NY5	5003
B-BNL43	5003
B-HXB2	5003
B-LAI	4585
B-YU2	5001
B-YU10	5003
B-ACH320.2A.2.1	5005
B-ACH320.2A.1.2	5003
B-SF2	5010
B-D31	4549
B-MANC	4469
B-HAN	4469
B-CL8MBC	4858
C-FTH220	4395
C-92BR025.8	4341
D-84ZR085	4535
D-NDK	4538
D-2226	5006
D-ELI	4549
D-94UG114.1	4358
F-93BR020.1	4331
H-90CR056.1	4350
AC-ZAM184	4364
AC-92RW009	4335
AD1-MAL	4578
AE-93TH253	4990
AE-CM240	4577
AE-90CF402	5039
AGI-2321	4217
AG-92NG083.2	4372
AG-92NG003.1	4370
AG-IBNG	4528
BF-93BR029.4	4355
O-WVP5180	5033
O-ANT70	5058
SIYCPZANT	4652
SIYCPZGAB	5064

CTTGGAAAGGCAATGCTCCGGTTTCATTCAGTGTGGGGTTCATTGGGGTGGGATCCACTAGGAAGTCAAAAGTTTAAAGGGGAGCTCCAGCAAGAGCTCCGGAAAGTTCAGGGAAGCTGGCATATAGCCCAAGCTTGGCCAAAGGCGCT
 Large insert in SIYCPZANT is not significantly similar to any sequence in Genbank as of 10/27/97. BLAST search only "hits" self.

HIV1 Complete Genomes

B-WEAU	TTGGGAGGAGTAGGAAAACCAATGTATGCCCCOCCATCGAAGGACAAATTAATGTTTAACTAATTAACAAGAGATGGTGGTAGTATGTTT...GAA...GAGAACCAAGACCGGAGATCTTTCAGACCTGGAGGA	7444
B-WEAU	W O E V G K A M Y A P P I E R G O I R C L S N I T G Y L L L T R D G G S S E N O T E I F R P G G	2419
B-WEAU	G R K \$ E K O C M P H P S K D K L D V Y O I L O G Y Y \$ O E M V V V V W # # # E P D R D L O T W R	2234
B-WEAU	V A G S R K K S N V C P T H R R T N \$ M F I K Y Y R V T I N K R W W \$ \$ # # # # E P D R D L O T W R	2275
A-U455	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7070
A-92U06037.1	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7001
A-Q23	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7077
B-NM	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7660
B-AD8	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7637
B-WR27	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7015
B-RF	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7182
B-896	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7629
B-BGS53	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7172
B-URFL	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	6929
B-URCSF	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7637
B-OYI	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7176
B-CAM1	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7638
B-NY5	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7574
B-BNL43	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7630
B-HXB2	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7640
B-LAI	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7233
B-YU2	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7601
B-YU10	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7603
B.ACH320.2A.2.1	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7644
B.ACH320.2A.1.2	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7654
B-SF2	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7642
B-D31	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7164
B-MANC	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7099
B-CI89BC	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7512
C-ETH2220	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7019
C-92BR025.8	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	6978
D-84ZR085	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7161
D-NDK	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7144
D-2226	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7633
D-ELI	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7176
D-94U0G14.1	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	6938
F-93BR020.1	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	6944
H-90CR056.1	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	6959
AC-ZAM184	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	6965
AC-92RW009	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	6972
AD1-MML	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7220
AE-93TH253	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7220
AE-CM240	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7624
AE-90CF402	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7193
AG1-2321	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7703
AG-92NG083.2	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	6840
AG-92NG083.1	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	6965
AG-IBNG	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	6933
BF-93BR029.4	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7145
O-NWPE180	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	6959
O-NMT70	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7682
SIYCP2PANT	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7296
SIYCP2GAB	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	7662
ENV gp120	AG -C- GT -A-G- GA -C- AC -A- A-T- CAA -A-AT- C-	Env

HIV1 Complete Genomes

Table with columns for accession numbers (e.g., B-WEAU, B-NDK), sequence coordinates (e.g., 1, 1), and corresponding DNA sequence fragments. The sequences are aligned across multiple rows, showing variations between different HIV-1 strains.

HIV1 Complete Genomes

B-WEAU	CCAGCAGCAGGAAGGGTGGGAGCAGTATCTCGA.....GACTTGGCAAAAATGGAATGCAATCAACAGTACGATGAG.....AAATATGCTGATTTGGCTGTGTTAAAGCAAAAGAGGATGAG.....GAGGTGGG	83917
B-WEAU# S S R R G G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	2856
B-WEAU# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	2730
A-U455# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	2686
A-92U037.1# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8447
A-023# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8405
B-ND8# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	9016
B-WR27# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8386
B-RF# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8374
B-896# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8547
B-BGSS3# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8388
B-GRFL# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8528
B-JRCSF# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8315
B-OYI# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	9013
B-CAM1# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8550
B-NY5# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	9009
B-BNL43# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8933
B-HXB2# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8986
B-LAI# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8589
B-YU2# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8987
B-YU10# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8989
B.ACH320.2A.2.1# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	9005
B.ACH320.2A.1.2# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	9010
B-SF2# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	9013
B-D31# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8523
B-MANC# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8989
B-HAN# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8458
B-CL8MBC# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8721
C-ETH2220# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8336
C-92BR025.8# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8355
D-84ZR085# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8544
D-NDK# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8503
D-2226# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8992
D-ELI# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8535
D-94U014.1# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8314
F-93BR020.1# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8309
H-90CR056.1# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8319
AC-ZAM184# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8345
AC-92RW009# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8352
ADI-MML# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8588
AE-93TH253# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8598
AE-CM240# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8564
AE-90CF402# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	9098
AGI-2321# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8345
AG-92NG083.2# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8310
AG-92NG003.1# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8522
AG-IBNG# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	8315
BF-93BR029.4# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	8316
O-WVP5180# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	9106
O-ANT70# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	9083
SIYCPZANT# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	9069
SIYCPZGAB# A A E E G V G A V S R# L G K T W S N H K S O \$ ## \$ C \$ I R L V K S T R G \$ ## G G	9069
Net# O O O K G W E O Y L ## T W O N M E O S Q V A M ## I M L I T C V A L K A O E D E# E V G	

