

## HIV1 GAG

### Protein Alignment Summary Table (Gag)

Name	Accession No.	Region	First Author	Reference
<b>CONSENSUS-A</b>				
U455	M62320	complete genome	Oram, J.D.	ARHR 6 (9), 1073-1078 (1990)
92UG037	U51190	complete genome	Gao, F.	J. Virol. 70 (3), 1651-1657 (1996)
BZ126B	L22083	gag	Louwagie, J.	ARHR 10 (5), 561-567 (1994)
VI59	L11795	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
K112	L11768	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
K88	L11773	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
VI32	L11788	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
VI415	L11791	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
CI4	L11757	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
LBV23	L11777	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
TN2431	L03702	gag	McCutchan, F.E.	ARHR 8 (11), 1887-1895 (1992)
TN245	L11762	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
CM240	U54771	complete genome	Carr, J.K.	J. Virol. 70 (9), 5935-5943 (1996)
LBV2310	L11779	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
CI51	L11758	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
IC144	L11767	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
DJ258	L11763	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
CM238	L11760	source gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7 (6), 769-780 (1993)
UG266	L11798	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
Q23	AF004885	complete genome	Poss, M.,R.A.	Unpublished
<b>CONSENSUS-B</b>				
HXB2	K03455 M38432	complete genome	Rosen, C.A.	Cell 41, 813-823 (1985)
SF2	K02007	complete genome	Sanchez-Pescador, R.	(in) Weiss, R.L., Teich, N., Varmus, H. and Coffin, J. (Eds.), <i>RNA Tumor Viruses</i> , Second Edition, 2, Vol. 2:1124-1141, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor (1985)
TB131	L03696	gag	McCutchan, F.E.	ARHR 8 (11), 1887-1895 (1992)
LAI	K02013	complete genome	Wain-Hobson, S.	Cell 40, 9-17 (1985)
MN	M17449	complete genome	Gurgo, C.	Virology 164, 531-536 (1988)

**II-A-1**  
**DEC 97**

## HIV1 GAG

JH31	M21137	5' LTR, gag, pol	Komiyama, N.	ARHR 5, 411 (1989)
JRCSF	M38429	complete genome	Koyanagi, S.	Science 236, 819 (1987)
JRFL	U63632	complete genome	O'Brien, W.A.	Nature 348, 69 (1990)
NL43	M19921	complete genome	Adachi, A.	J. Virol. 59, 284-291 (1986)
CDC451	M13136	5'-LTR, gag	Desai, S.M.	PNAS 83, 8380-8384 (1986)
HAN	U43141	complete genome	Sauermann, U.	ARHR 6, 813-823 (1990)
CAMI	D10112	complete genome	McIntosh, A.A.	Unpublished (1991)
RF	M17451	complete genome	Starcich, B.R.	Cell 45, 637-648 (1986)
D31	U43096	complete genome	Kreutz, R.	ARHR 8, 1619 (1992)
BCSG3C	L02317	complete	Ghosh, S.K.	Virology 194, 858-864 (1993)
P896	U39362	complete genome	Collman, R.	J. Virol. 66, 7517 (1992)
gag46	U29413	gag	Yoshimura, F.K.	J. Virol. 70 (12), 8879-8887 (1996)
MANC	U23487	complete genome	Zhu, T.	Nature 374, 503-504 (1995)
gag314	U29404	gag	Yoshimura, F.K.	Unpublished (1995)
WEAU160	U21135	complete genome	Ghosh, S.K.	Unpublished (1995)
4-7	U29414	gag	Yoshimura, F.K.	Unpublished (1995)
CONSENSUS-C				
ETH2220	U46016	complete genome	Salminen, M.O.	ARHR 12(14), 1329-1339 (1996)
92BR025	U52953	complete genome	Gao, F.	J. Virol. 70 (3), 1651-1667 (1996)
UG268	L11799	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
SMI45	L11803	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
ZAM18	L03705	gag	McCutchan, F.	AIDS 5, 441-449 (1992)
ZAM19	L03706	gag	McCutchan, F.E.	AIDS 5, 441-449 (1992)
ZAM20	L03707	gag	McCutchan, F.	AIDS 5, 441-449 (1992)
DJ259	L11764	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
VI313	L11787	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
NOF	U07016	gag	Becker, M.L.	AIDS 7, 23 (1993)
HIVKON	U07238	gag	Becker, M.L.	ARHR 11 (10), 1265-1267 (1995)
CONSENSUS-D				
84ZR085	U88822	complete genome	Gao, F.	Unpublished
94UG114.1g	U88824	complete genome	Gao, F.	Unpublished
ELI	K03454	complete genome	Alizon, M.	Cell 46, 63-74 (1986)

## II-A-2

### DEC 97

## HIV1 GAG

Z2Z6	M22639	complete genome	Theodore, T.	Unpublished (1988)
NDK	M27323	complete genome	Spire, B.	Gene 81, 275–284 (1989)
VI205	L11785	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
G109	L11765	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
K31	L11771	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
UG274	L11801	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
UG270	L11800	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
SE365	L11797	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
VI203	L11784	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
CONSENSUS-F				
93BR020.17	U27401	env, partial nef	Gao, F.	J. Virol. 70 (3), 1651–1657 (1996)
VI174	L11782	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
VI69	L11796	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
BZ162	L11751	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
VI325	L11789	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
BZ163B	L22086	gag	Louwagie, J.	ARHR 10 (5), 561–567 (1994)
CONSENSUS-G				
JV10832	U88826	complete genome	Gao, F.	Unpublished
92NG003.1	U88825	complete genome	Gao, F.	Unpublished (1997)
LBV217	L11778	gag, LBV21-7	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
JP88	U13210	gag	Abimiku, A.G.	ARHR 10 (11), 1581–1583 (1994)
JV831	U13212	gag	Abimiku, A.G.	ARHR 10 (11), 1581–1583 (1994)
SE6165	L40752	source gag p17	Leitner, T.	Virology 209 (1), 136–146 (1995)
CONSENSUS-H				
VI525	L11792	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
VI557	L11793	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769–780 (1993)
U40561	AF005496	complete genome	Gao, F.	Unpublished
CONSENSUS-I				
SE7022	L41179	gag p17	Leitner, T.K.	ARHR 11 (8), 995–997 (1995)
SE7887	L41178	gag p17	Leitner, T.K.	ARHR 11 (8), 995–997 (1995)
CONSENSUS-O				
ANT70C	L20587	complete genome	Vanden Haesevelde, M.	J. Virol. 68 (3), 1586–1596 (1994)

## HIV1 GAG

MVP5180	L20571	complete genome	Gurtler, L.	J. Virol. 68, 1581-1585 (1994)
CONSENSUS-CPZ				
CPZGAB	X52154	complete genome	Huet, T.	Nature 345 (6273), 356-359 (1990)
CPZANT	U42720	gag, pol, vif, vpr, tat, rev, vpu, partial env	Vanden Haesevelde, C.	Virology 221, 346 (1996)

This page intentionally left blank.



HIV1 GAG

	/ p17	nuclear localization	phos site
	-	-	-
	membrane binding	signal (nls)	nls
WEAU160	---K-E-?-----	---K-?-----	---K-T-?-----
CONSENSUS-D	---K-A-?-----	---K-R-?-----	---K-R-I-?-----
842R085	---K-E-?-----	---K-R-?-----	---K-R-AS-?-----
94UG14.1	---K-K-?-----	---K-R-?-----	---K-A-?-----
ELI	---K-K-?-----	---K-R-?-----	---K-G-D-?-----
Z226	---K-T-?-----	---K-R-?-----	---K-E-M-?-----
NDK	---K-Q-?-----	---K-A-LI-?-----	---K-E-M-?-----
VI205	---K-Q-?-----	---KS-R-?-----	---K-R-?-----
GI09	---K-E-?-----	---K-Q-?-----	---K-AG-K-TN-?-----
K31	---K-E-?-----	---H-AI-?-----	---K-AG-K-TN-?-----
UG274	---K-E-?-----	---H-AI-?-----	---K-ER-K-T-?-----
UG270	---K-E-?-----	---M-?-----	---K-ER-K-T-?-----
SE365	---K-S-?-----	---R-?-----	---K-E-?-----
CONSENSUS-F	---K-S-?-----	---R-?-----	---K-E-?-----
93BR020.1	---K-A-?-----	---K-R-?-----	---K-RV-?-----
VI174	---K-A-?-----	---K-R-?-----	---K-V-?-----
VI69	---K-A-?-----	---K-R-?-----	---K-GRQ-?-----
B2162	---K-T-?-----	---K-R-?-----	---K-V-?-----
VI325	---K-T-?-----	---K-R-?-----	---K-GRQ-?-----
B2163B	---K-A-?-----	---K-S-?-----	---K-GRQ-?-----
CONSENSUS-G	---K-A-?-----	---K-RM-L-?-----	---K-GRQ-?-----
AG_92NG083	---K-S-?-----	---K-RM-L-?-----	---K-GRQ-?-----
AG_93NG003	---K-A-?-----	---K-RM-L-?-----	---K-GRQ-?-----
AG_LBV217	---K-E-?-----	---K-RM-L-?-----	---K-GRQ-?-----
AG_JP88	---	---	---
AG_JV831	---	---	---
AG_SE6165	---	---	---
CONSENSUS-H	---K-X-XI-L-?-----	---K-X-L-XX-AX-Q-MX-X-A-?-----	---K-XR-?-----
VI525	---K-A-?-----	---K-R-L-?-----	---K-R-?-----
VI557	---K-A-?-----	---K-R-L-?-----	---K-R-?-----
90CR056	---K-A-?-----	---K-R-L-?-----	---K-R-?-----
CONSENSUS-J	---I-?-----	---K-Q-R-L-?-----	---I-E-?-----
SE7022	---I-X-K-D-?-----	---K-Q-R-L-?-----	---I-E-?-----
SE7887	---I-K-D-?-----	---K-Q-R-L-?-----	---I-E-?-----
CONSENSUS-O	---I-?-----	---K-Q-R-L-?-----	---I-E-?-----
AMP5180	---T-SK-A-?-----	---K-SK-?-----	---T-ER-?-----
CONSENSUS-CPZ	---T-SK-A-?-----	---K-SK-?-----	---T-ER-?-----
CPZGAB	---T-K-?-----	---V-?-----	---T-ER-?-----
CPZANT	---G-R-EK-T-S-?-----	---K-MI-L-RS-Q-LSSS-?-----	---G-KGKI-EQ-VKTVKMKVQTAELGSSQT-SRGMQLRLL

# HIV1 GAG

p17 \ / p24  
 cyclophilin A binding domain (CyPa)

```

WEAUI160      .EN . . RNQV . . . . .SONYPIVONI.QGOMWHAQLSPRTLNAMWKKVIEEKAFSPDEVIPMFSAISBEGATPDQDINTMINTVGGHQAMQMMLKETINEBAEAWDRLHPVHAGPIAPGQMRPREGSDIAGTSTTLQ
CONSENSUS-A  .GS . . . . .SSK . . . . .A - - ? - ? - - - - -M - - I - - - - -D - - - - -V - - - - -P - - - - -P - - - - -V - - - - -
920G037       .GS . . . . .SSK . . . . .A - - I - - S - - - - -L - - - - -M - - I - - - - -D - - - - -D - - - - -V - - - - -
B2126B        .GS . . . . .SS . . . . .A - - A - - I - - - - -V - - - - -M - - I - - - - -D - - - - -D - - - - -GV - - - - -P - - - - -
VI59          .G . . . . .S - - K - - . . . . .A - - I - - K - - $ - - V - - - - -E - - - - -M - - V - - - - -D - - - - -D - - - - -R - - P - - K - -
K112          .S . . . . .SSK . . . . .A - - I - - N - - . . . . .M - - I - - - - -D - - - - -D - - - - -P - - - - -P - - - - -
K88           .G . . . . .SSK . . . . .A - - I - - T - - . . . . .M - - I - - T - - . . . . .D - - - - -D - - - - -PL - - - - -P - - - - -
VI32          .G . . . . .SSK . . . . .A - - I - - S - - . . . . .M - - I - - - - -DA - - - - -G - - - - -P - - - - -P - - - - -
VI415         .G . . . . .SSN . . . . .A - - I - - I - - . . . . .M - - I - - I - - . . . . .D - - - - -D - - - - -G - - - - -Y - - P - - L - -
CI4           .G . . . . .SR . . . . .A - - A - - SI - - . . . . .M - - I - - - - -D - - - - -G - - - - -V - - - - -Y - - P - - L - -
LBV23         .G . . . . .GSK . . . . .A - - I - - I - - . . . . .M - - I - - - - -T - - - - -M - - I - - - - -V - - - - -Q - - Y - - L - -
AE_TN243     .GS . . . . .SSK . . . . .A - - A - - P - - . . . . .M - - I - - - - -M - - I - - - - -D - - - - -V - - - - -V - - - - -P - - - - -
AE_TN245     .GS . . . . .SSK . . . . .A - - A - - P - - . . . . .M - - I - - - - -M - - I - - - - -D - - - - -V - - - - -V - - - - -P - - - - -
AE_CM240     .GS . . . . .SSK . . . . .A - - A - - P - - . . . . .M - - I - - - - -M - - I - - - - -D - - - - -V - - - - -V - - - - -P - - - - -
LBV2310      .GS . . . . .S . . . . .A - - T - - PM - - . . . . .M - - I - - - - -M - - I - - - - -D - - - - -D - - - - -V - - - - -V - - - - -P - - - - -
CI51         .GS . . . . .S . . . . .A - - T - - SI - - . . . . .M - - I - - - - -A - - R - - . . . . .T - - - - -T - - - - -SI - - - - -P - - - - -V - - - - -
IC144        .GS . . . . .S . . . . .A - - T - - PI - - . . . . .M - - I - - - - -M - - I - - - - -D - - - - -D - - - - -V - - - - -V - - - - -P - - - - -
DU258        .GS . . . . .S . . . . .A - - A - - PM - - . . . . .M - - I - - - - -M - - I - - - - -D - - - - -D - - - - -V - - - - -V - - - - -P - - - - -
CM238        .GS . . . . .SSK . . . . .A - - T - - P - - . . . . .M - - I - - - - -V - - K - - G - - N - - . . . . .D - - - - -D - - - - -V - - - - -V - - - - -P - - - - -
UG266        .G . . . . .S - - K - - . . . . .A - - I - - S - - . . . . .M - - V - - E - - . . . . .D - - - - -D - - - - -S - - M - - V - - E - - $ - - Q - - R - - P - -
Q23          .G . . . . .SSN . . . . .A - - I - - S - - . . . . .M - - I - - - - -M - - I - - - - -D - - - - -D - - - - -S - - M - - V - - E - - $ - - Q - - R - - P - -
CONSENSUS-B .GH . . . . .S . . . . .I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
HXB2R        .G . . . . .SS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
SF2          .G . . . . .SS . . . . .I - - - - -M - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
TB132        .GH . . . . .SS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
LAI          .GH . . . . .SS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
MN           .G-RGNSS - - - - -I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -T - - - - -
JH31        .G . . . . .SS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
JRCGF        .G . . . . .SS . . . . .M - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
JRFIL        .G . . . . .SS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
NL43         .G . . . . .NS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
CDC41        .G . . . . .SS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
HAN          .G . . . . .SS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
CAM1         .G . . . . .GS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
RF           .G . . . . .NS . . . . .PI - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
D31          .G . . . . .SS . . . . .R - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -Q - - V - -
BCSG3C       .G . . . . .SS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
P896        .G . . . . .SS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -Q - - V - -
GAG46       .G . . . . .SS . . . . .I - - - - -P - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
MANG         .G . . . . .SS . . . . .H - - - - -SI - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
GAG314      .G . . . . .SSK . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -S - - - - -
4-7         .G . . . . .SS . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
CONSENSUS-C .GK . . . . .D . . . . .PI - - - - -A - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
ETH2220     .GK . . . . .D . . . . .PI - - - - -A - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
92BR025     .GK . . . . .D . . . . .PI - - - - -A - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -V - - - - -
UG268       .GK . . . . .D . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -D - - - - -D - - - - -D - - - - -D - - - - -D - - - - -D - - - - -
SM145       .GQ . . . . .D . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -G - - - - -I - - - - -T - - - - -T - - - - -T - - - - -T - - - - -L - - - - -
ZAM18       .GK . . . . .D . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -X - - - - - . . . . .D - - - - -D - - - - -D - - - - -D - - - - -I - - - - -V - - - - -
ZAM19       .GK . . . . .D . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -L-QRI - - - - -T - - - - -T - - - - -T - - - - -T - - - - -I - - - - -V - - - - -
ZAM20       .GK . . . . .D . . . . .F - - - - -P - - - - -T - - - - -L-QRI - - - - -T - - - - -T - - - - -T - - - - -T - - - - -I - - - - -V - - - - -
DU259       .GK . . . . .D . . . . .F - - - - -P - - - - -T - - - - -L-QRI - - - - -T - - - - -T - - - - -T - - - - -T - - - - -T - - - - -I - - - - -N - - - - -
VI313       .KG . . . . .D . . . . .VNRGEO-SRLNT-LQL - - - - -I - - - - -VNRGEO-SRLNT-LQL - - - - -D - - - - -D - - - - -D - - - - -D - - - - -Q - - V - - I - -
NOF         .K . . . . .D . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -R - - - - -T - - - - -D - - - - -A - - - - -I - - - - -D - - - - -H - - - - -G - - - - -
KON         .K . . . . .D . . . . .I - - - - -I - - - - -I - - - - -V - - - - -R - - - - -T - - - - -D - - - - -A - - - - -I - - - - -D - - - - -H - - - - -G - - - - -

```



	pl7 \	p24	
MEAU160	..EN..RNOV..	..SONYEIVONLQGQWVHOALSPTFLINAWKVLEEKAFSPEVLI	..MPFSALSSEGATPPDNLMTLNTVGGHQAOMQMLKETTIEEAEMDRLHPVHAGPLAPGQMBEPPRGSDIAGTTSTLQ
CONSENSUS-D	.R..SS-.....	.I-----	.D-----Q-V-
84ZR085	.G...SS-.....	..HP-----	..N-----D-----V-L-----N-
94UG114.1	.R...SS-.....	..I-----	..I-----
ELI	.G...NS-.....	..I-----	..I-----
Z2Z6	.G...NS-.....	..I-----	..I-----
NDK	..SS-.....	..I-----	..D-----V-----
VI205	.R...SS-.....	..I-----E-----	..T-----I-----
GI09	.R...S-----	..I-----	..N-----A-----A-----
K31	.R...SS-.....	..I-----	..I-----V-----
UG274	.R...SS-.....	..I-----	..I-----
SE365	.R...SS-.....	..I-----	..I-----I-----
VI203	.R...SS-.....	..I-----	..D-----N-----T-----A-----
CONSENSUS-F	.G...SS-.....	..SI-----	..D-----D-----Q-P-I
93BR020.1	.G...SS-.....	..S-----	..D-----D-----TQ-P-I
VI1174	.G...SS-.....	..I-----	..D-----D-----Q-P-I
VI69	.G...SS-.....	..I-----	..D-----D-----NP-----
B2162	.G...SS-.....	..SI-----	..D-----D-----AQ-P-I
VI325	.G...SS-.....	..M-----P-----	..D-----D-----
B2163B	.G...SS-.....	..M-----P-----	..D-----D-----AD-----
CONSENSUS-G	.G...SS?.....	..A-?-?I-	..D-----D-----Q-P-I
AG_92NG083	.G...S-P.....	..A-I-PI	..D-----D-----I-QQ-P-I
AG_93NG003	.G...SS-.....	..A-V-PI	..D-----D-----I-QQ-P-I
AG_BV217	.G...NS-.....	..A-PI	..D-----D-----DS-----
AG_JP88	.G...SKP.....	..A-PI	..D-----D-----I-QQ-P-I
AG_JV831	.G...S-P.....	..A-I-I-I	..D-----D-----I-PP-I
AG_SE6165	.X...SX.....	..A-	..D-----D-----I-QQ-P-I
CONSENSUS-H	.K...D-K.....	..A-I	..D-----D-----V-----
VI525	.K...DKK.....	..A-I	..D-----D-----I-D-----
VI557	.G...G-KI.....	..A-PI	..D-----D-----V-----P
90GR056	.K...D-K.....	..A-I	..D-----D-----A-I-----
CONSENSUS-J	.K...NS-.....	..X	..D-----D-----V-----P
SE7022	.K...NS-.....	..X	..D-----D-----V-----P
SE7887	.K...NS-.....	..X	..D-----D-----V-----P
CONSENSUS-O	..S...PR-?-...	..?A-.....I-----	..AV-----N-I-M-----?PY-I-----AI-----G-L-V-----V-----?-----T-PP?-LP-I-----T-----
AN770	..S...AR-A.....	..G-A-.....I-----S-A	..AV-----N-I-M-----I-----M-----ISY-I-----AI-----G-L-V-----V-----T-PPV-LP-I-----T-----
MVP5180	..S...PR-T.....	..T-A-.....I-----	..AV-----N-I-M-----V-Y-I-----AI-----G-L-V-----V-----T-PAM-LP-I-----T-----
CONSENSUS-CPZ	???)???)???)???)	???)A?-??)?-??)	???)V-----V-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----
CPZGAB	SASAGI.....	..G-L-A-.....I-----	..V-----V-----L-V-----A-?-----G-L-V-----V-----G-V-----V-----T-----L-----
CPZANT	LL-KQWCORHLSGEGR	---IVDAG-IAR-P-T-----	---CV--N-N-----H-----A-D-G-V-----V-----V-----T-----VQA-L-----T-----

HIV1 GAG

Major homology region  
(MHR)

p24 \ / p2

WEAU160	EQLAMMNTN...NPPPIVGEIYKRWIIIGLANKIVRMYSVSLIDIRQGEKEPEFRDYVDFEYKYLAEQA TOEVKNWMTETLLVONANPDKITLIKALGPAGATLEDDMMTACOGVGGPGRKARVLAEMASQV.	370
CONSENSUS-A	-----D-----D-----F-----S-R-?-E-----E-----Q	366
U455	-G--G...--D-R-----K-----F-----D-----S-R-----E-----Q	367
920G037	-G--S...--D-M-----F-----G-----I-----S-R-A-E-----Q	371
B2126B	-G--S...--D-----F-----D-----S-R-----E-----Q	369
VI59	-R-G...--D-R-----V-R-----K-----F-I-----S-R-RVYR-E-----K-----I-----Q	366
K112	-G--S...--D-----K-----F-----G-----S-RG-T-----E-----I-----Q	371
K88	-G--S...--D-----VK-----F-----S-R-T-----E-----I-----Q	371
VI32	-G--S...--D-----K-----F-----G-----S-R-----E-----H-Q	371
VI415	-G...-N-D-----T-----VK-----F-I-----G-----R-T-----E-----Q	371
C14	-G--S...--V-----R-----F-C-----R-----I-----S-R-T-----E-----Q	369
LBV23	-Q--S...--D-RK-----F-----D-----R-A-----E-----S-----HAQ	371
AE_TN243	-G...--D-----I-----S-----R-----T-----E-----S-----HAQ	371
AE_TN245	-G...--D-----S-----S-----S-----HAQ	371
AE_CM240	-G...--D-----S-----S-----T-----E-----S-----HAQ	371
LBV2310	-G--S...--D-----V-----F-V-----S-R-A-E-----E-----Q	368
C151	-G--S...--T-----K-----F-----S-R-----E-----S-----Q	366
IC144	-G--S...--T-----V-----F-----S-----S-R-----E-----S-----Q	367
DJ258	-G--S...--D-----D-----F-----S-R-----E-----S-----Q	368
CM238	-G...--D-----D-----I-----S-----T-----E-----S-----HAQ	371
UG266	-VR\$-S...--D-R-\$-----E-----K-E-----K-F-----D-\$-----D-----S-R-R-K-----E-----R-R-S-----Q	364
Q23	-G--G...--D-----D-----K-----F-----D-----D-----A-R-----E-----Q	371
CONSENSUS-B	-----G-----T-----S-----A-----E-----Q	369
HXB2R	-G...--T-----S-----A-----E-----Q	370
SF2	-G...--T-----S-D-----A-----E-----Q	372
TB132	-G-I-H...--T-----S-----P-----A-----E-----Q	370
LAI	-G...--T-----S-----A-----E-----Q	370
MN	-G--S...--S-----S-----RT-----A-----E-----Q	373
JH31	-G--S...--S-----S-----A-----E-----Q	370
JRCGF	-G...--T-----S-----A-----E-----Q	370
JRFL	-G...--T-----S-----A-----E-----Q	368
NL43	-G-H...--T-----S-----G-----E-----Q	370
ODG41	-G...--T-----S-----A-----E-----Q	370
HAN	-G...--T-----K-----A-----E-----Q	370
CAM1	-G...--T-----S-----A-----E-----S-----I-----Q	370
RF	-G...--I-----S-D-----F-----A-----E-----Q	370
D31	-G...--T-----A-----E-----Q	370
BCSG3C	-G...--S-----S-----E-----Q	370
P896	-G...--S-----K-----E-----Q	370
GAG46	-G...--A-----S-----E-----Q	370
MANC	-G...--T-----S-----I-----Q	370
GAG314	-G...--A-----S-----A-----E-----I-----Q	370
4-7	-G...--A-----S-----R-----E-----Q	370
CONSENSUS-C	-----?-----K-----F-----D-----D-----S-E-----?-----AN	360
ETH2220	-G...--V-D-----D-----S-----E-----A-----N	369
92BR025	-T...--V-D-----K-----F-----D-----D-----S-E-----K-N	369
UG268	-N--S...--D-----K-----F-----D-----S-E-----AN	366
SM145	-S...--D-----K-----F-----D-----D-----A-----AN	368
ZAM18	-V--D-----D-----F-----R-----A-----E-----S-----AN	370
ZAM19	-V--D-----D-----F-----R-----A-----E-----S-----AN	307
ZAM20	-A...--V-----D-----D-----R-----R-----S-----TN	368
DJ259	-S...--D-----D-----F-----S-D-----D-----S-E-----AT	369
VI313	-S...--D-----D-----K-----F-----D-----D-----S-E-----AN	369
NOP	-----S...--D-----D-----K-----F-----D-----D-----S-E-----AN	284
KON	-T--S...--D-----D-----K-----F-----D-----D-----S-E-----AN	285

# HIV1 GAG

Major homology region  
|---|  
(MHR)

p24 \ / p2

WEAUI60	EQIAMWTN . . . NEPIPVGEIYKRWILLGINKIVRMXSPVSIIDIRQGPKEPRDYYDRPFYKTIIRAEQAATQEVKNMWTETLLVQANANPDCKTILKALGPGATLEDMWTACQGVGFGHKARVILAEMSOV .	370
CONSENSUS-D	--G--S . . . --S--D	367
84ZR085	--G--S . . . --S--D	370
94UG14.1	--G--S . . . --S--D	370
ELI	--G--S . . . --S--D	370
Z2Z6	--S--S . . . --S--G	371
NDK	--S--S . . . --S--D	367
VI205	--S--S . . . --K--K	371
GI09	--A--A . . . --K--M	373
K31	--G--S . . . --S--D	370
UG274	--G--S . . . --S--D	370
SE365	--VG--S . . . --S--D	370
VI203	--G--S . . . --S--D	370
CONSENSUS-F	--Q--S . . . --V--M	363
93BR020.1	--Q--G . . . --V--M	366
VI174	--Q--S . . . --V--	365
VI69	--Q--S . . . --D--D	366
B2I62	--Q--S . . . --V--V	365
VI325	--T--S . . . --V--V	366
B2I63B	--Q--S . . . --V--V	338
CONSENSUS-G	--R--S . . . --V--V	362
AG_92NG083	--R--S . . . --V--V	369
AG_93NG003	--R--S . . . --V--V	370
AG_LBV217	--R--S . . . --V--V	368
AG_JP88	--R--S . . . --V--V	198
AG_JV831	--R--S . . . --V--V	199
CONSENSUS-H	--G--S . . . --A--D	367
CONSENSUS-O	--H--T--R . . . --P--Q--	370
VI525	--G . . . --A--D	371
VI557	--S . . . --A--D	371
90CR056	--G . . . --A--D	370
CONSENSUS-O	--?--T--R . . . --?--R--K--V--	332
ANT70	--H--T--R . . . --P--Q--	370
MVP5180	--I--T--R . . . --GA--S--	370
CONSENSUS-CPZ	--?--?--?--?--?--?--	249
CPZGAB	--G--T--A . . . --G--T--A--	379
CPZANT	--MQ--STPQQ--GGV--D--D--M--V--X--E--K--I--S--P--A--I--H--T--S--E--L--A--ASAN	390

HIV1 GAG

Table with columns: Accession, Protein Name, Residue, p2, p7, p2, p7, p7, p6, p7, p6, p7, p6, vpr binding, and Residue. It lists amino acid sequences for various HIV-1 GAG proteins including WEAU160, CONSENSUS-A, U455, 920G037, B2126B, VI59, K112, K88, VI32, VI45, CI4, LBV23, AE\_TN243, AE\_TN245, AE\_CM240, LBV2310, CI51, IC144, DU258, CM238, UG266, Q23, CONSENSUS-B, HXB2R, SF2, TBI32, LAI, MN, JH31, JRC3F, JTRFL, NL43, CDC41, HAN, CAM1, RP, D31, BCSG3C, P896, GAG46, MANG, GAG314, 4-7, CONSENSUS-C, ETH2220, 92BR025, SM145, ZAM18, ZAM19, ZAM20, DU259, and VI313.



# HIV1 GAG

```

WEAU160      ...OKQEPID...KELY.PLTSLKSLFGNDPSSQ      500
CONSENSUS-A  ???P---OK---R-Q?P-V-----L-
U455         ...A---LK---R-QT--V-----L-
920G037      ...P---QN---RDQNP-SV-----LL-
B2126B       ...P---LK---R-
VI59         ...P---QT---SI-
K112         ...P---OK---R-QTP-SI-
K88          ...P---OR---R-OTP-V-
VI32         ...P---OK---R-QSQ-V-
VI415        ...P---Q---R-QAP-V-
CI4          ...P---O---R-OP-SI-
LBV23        ...P-K-OK---R-QPL-SV-
AE_TN243     ...L---OK---DPP-V-
AE_TN245     ...L---OK---HPP-V-
AE_CM240     TSLP---OK---HPP-V-----L-
LBV2310      ...P---R---G-P-
CI51         ...IQ---R---G-P-A-
IC144        ...PQ---R---P-
DU258        ...P---RE---QG-P-
CM238        ...L---OK---HPP-V-
UG266        ...P---KOK---QT--I-
Q23          ...L---OK---R-QAQ-V-----LL-
CONSENSUS-B  ???P---R-QAQ-V-----LL-
HXB2R        ...P---R---R-
SF2          ...P---T---A-
TB132        ...P---T---A-
LAI          ...P---T---A-
MN           KOEK---T---D---A-----L-
JH31         ...P---R---A-R-
JRC5F        KOE---R---M---R-----P
NL43         ...P---R---M---R-----S
CDC41        ...P---R---A-R-
HAN          ...P---R---A-R-
CAM1         ...P---K---A-R-
RF           ...P---K---A-R-
D31          ...P---RE---M---A-R-
BCSG3C       ...P---RE---M---A-R-
P896        ...P---R---A-R-
GAG46        ...P---R---A-RP-
MANC         ...P---R---A-R-
GAG314      ...P---L---Q-R--A-R-
4-7         ...P---L---R-----L-
CONSENSUS-C  ...P---K-???-??-L??
ETH2220     ...P---LK---R---A-----HLL-
92BR025     ...R---T---S-L-T-
UG268       ...P---K---R---I-
SM145       ...P---LKE-----
ZAM18       ...PW---K---R-----
ZAM19       ...PW---K---R-----
ZAM20       ...P---R---SPTGB---A-
DU259       ...P---LK-KEPY---A-R-
VI313       ...P---K-----

```

vpr binding / p6 terminus

HIV1 GAG

	vpr binding	p6 terminus
WEAU160	...QKQEPID...KELY.PLTSLKSLFQNDPSSQ	500
CONSENSUS-D	...-OK-???-A-...-L-	497
84ZR085	...-OK-.KD-...-A-...-L-	501
94UG114.1	...-OK-...-...-L-	502
ELI	...-OK-...-S-A-...-L-	500
Z2Z6	...-OK-...-A-...-L-	501
NDK	...-OK-...-N-...-R-	497
VI205	...-OK-KEKD-...-R-	492
GI09	...-OK-...-M-...-A-	498
K31	...-OK-...-PC-...-A-	490
UG274	...-OK-...-SAA-...-A-	491
SE365	...-OK-...-VA-...-A-	490
VI203	...A-KE...-...-VA-...-A-	491
CONSENSUS-F	...P-QK-...EG-P-A-...-A-	491
93BR020.1	...P-QK-...EG-P-A-...-A-	494
VI174	...P-QK-...EG-SP-A-...-A-	487
VI69	...P-QK-...EG-SP-A-...-A-	486
B2162	...P-QKE...EG-P-A-...-A-	485
VI325	...PR-TK-...QGS-...-A-	486
CONSENSUS-G	...P-?E...-...-?-\$-	487
AG_92NG083	...P-KE...-...-S-\$-	499
AG_93NG003	...L-RE...-SP-...-S-\$-	499
AG_LBV217	...P-...-...-...-S-LL-	487
CONSENSUS-H	...P-??-...-?P-A-...-S-LL-	492
VI525	...P-R-...-P-A-...-A-	490
VI557	...P-RK-...A-...S-...-A-	489
90CR056	...P-QLK...DKE.P-A-R-...S-LL-	500
CONSENSUS-O	...EN-?OKG.??-...FA-...-T-Q	444
ANT70	...EN-OKG.GPN-...FA-...-T-Q	444
MV95180	...EN-SQKG.DQE-...FA-...-T-Q	498
CONSENSUS-CPZ	...?-???.?-P-?-...-S-LL-	333
CPZGAB	...E-K-GES...S-P-...-S-LL-	508
CPZANT	...-GIKGB...E-...P-SY-...-K-Q	522