

HIV1 GAG

Protein Alignment Summary Table (Gag)

Name	Accession No.	Region	First Author	Reference
CONSENSUS-A				
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)
VI159	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)
VI132	L11788	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
VI1415	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Q23	AF004885	complete genome	Poss, M.R.A.	Unpublished
CONSENSUS-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)

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	MI19921	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CAMI	D10112	complete genome	McIntosh, A.A.	Unpublished (1991)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	MI17451	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	U46016	complete genome	Salminen, M.O.	ARHR 12(14), 1329-1339 (1996)
ETH2220	U52953	complete genome	Gao, F.	J. Virol. 70 (3), 1651-1667 (1996)
92BR025	L11799	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
UG268	L11803	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
SM145	L03705	gag	McCutchan, F.	JAIDS 5, 441-449 (1992)
ZAMI8	ZAMI19	gag	McCutchan, F.E.	JAIDS 5, 441-449 (1992)
ZAMI19	L03706	gag	McCutchan, F.E.	JAIDS 5, 441-449 (1992)
ZAM20	L03707	gag	McCutchan, F.	JAIDS 5, 441-449 (1992)
DJ259	L11764	gag	Louwagie, J.J.	AIDS 7, 769-780 (1993)
VI1313	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	U88822	complete genome	Gao, F.	Unpublished
84ZR085	U88824	complete genome	Gao, F.	Unpublished
94UG114.1g	K03454	complete genome	Alizon, M.	Cell 46, 63-74 (1986)

HIV1 GAG

			HIV1 GAG
Z2Z6	M22639	complete genome	Theodore, T.
NDK	M27323	complete genome	Unpublished (1988)
V1205	L11785	gag	Gene 81, 275–284 (1989)
G109	L11765	gag	AIDS 7, 769–780 (1993)
K31	L11771	gag	AIDS 7, 769–780 (1993)
UG274	L11801	gag	AIDS 7, 769–780 (1993)
UG270	L11800	gag	AIDS 7, 769–780 (1993)
SE365	L11797	gag	AIDS 7, 769–780 (1993)
V1203	L11784	gag	AIDS 7, 769–780 (1993)
CONSENSUS-F	U27401	env, partial nef	AIDS 7, 769–780 (1993)
93BR020.17	L11782	gag	AIDS 7, 769–780 (1993)
VI174	L11796	gag	AIDS 7, 769–780 (1993)
VI169	L11751	gag	AIDS 7, 769–780 (1993)
BZ162	L11789	gag	AIDS 7, 769–780 (1993)
VI1325	L22086	gag	AIDS 7, 769–780 (1993)
BZ163B			
CONSENSUS-G	U88826	complete genome	J. Virol. 70 (3), 1651–1657 (1996)
JV10832	U88825	complete genome	Gao, F.
92NG003.1	L11778	gag, LBV21-7	Gao, F.
LBV217	U13210	gag	Louwagie, J.J.
JP88	U13212	gag	Alimiku, A.G.
JV831	L40752	source gag p17	Alimiku, A.G.
SE6165			Leitner, T.
CONSENSUS-H	L11792	gag	Unpublished
VI525	L11793	gag	Unpublished (1997)
VI557	AF005496	complete genome	AIDS 7, 769–780 (1993)
U40561			Unpublished
CONSENSUS-J			
SE7022	L41179	gag p17	ARHR 11 (8), 995–997 (1995)
SE7887	L41178	gag p17	ARHR 11 (8), 995–997 (1995)
CONSENSUS-O			
ANT70C	L20587	complete genome	J. Virol. 68 (3), 1586–1596 (1994)
			Vanden Haesvelde, M.

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 Haesvelde.C.	Virology 221, 346 (1996)

This page intentionally left blank.

HIV1 GAG

	nuclear localization		phos site	
	/ p17	- signal (nls) -	^	- nls -
WEAV160	-	membrane binding	-	-
CONSENSUS-A	-	-	-	-
U455	-	-	-	-
920G037	-	-	-	-
B2126B	-	-	-	-
VI59	I-----E-K-K-S	-K-Q-R--L-S--T-Q--IE---A-K-T--F-A--R-DI---M--Q--T--N-	122	
K112	-K-A-----K-R-L-----K-L-S-----T-Q--ME--SA-K-T--K-F--T-R-D-----N-M-N-QR-----T-----N-	120		
K88	-K-A-----K-RM-L-----K-L-S-----T-Q--ME--SA-K-T--K-F--T-R-D-----N-M-N-QR-----T-----N-	122		
VI32	-K-A-----K-RM-L-----D-L-S-----T-Q--ME--ESA-K-T--IK--F-R-D-----N-M-N-QR-----T-----N-	122		
VI415	-K-A-----R-RM-L-----D-L-----T-Q--E-A-K-T--IK--T-R-D-----IK-N-O-----T-----G	122		
C14	-K-A-----R-RM-L-----L-S-----T-Q--MA-SA-K-T--T-R-D-----R-D-----I-K-HQ-----T-----G	120		
LBW23	-K-A-----R-RM-L-----L-----A-Q--M-TA-T-K-H-----R-D-----R-V-----T-----G	122		
AE_TN243	-K-A-----R-RM-L-----L-----A-Q--M-TA-T-K-H-----R-D-----R-V-----T-----G	122		
AE_TN245	-K-A-----R-RM-L-----L-----A-Q--RQ-IR-ST-K-----K-F-----V-----T-----G	122		
AE_CM240	-K-A-----R-R-L-----L-SF-A-Q-IE-ST-K-L-----K-F-----T-W-----V-----T-----G	122		
LBW2310	-K-S-----K-R-----L-----A-Q-LME-SA-R-----K-F-----L-T-W-----R-D-----L-I-Q-----T-----A	122		
CT51	-I-K-S-----R-Q-----L-----L-S-A-Q-IE-SA-K-F-----T-W-----R-DI-----I-S-Q-----A-----A	120		
IC144	-K-A-----K-R-----L-----L-F-A-Q-LME-ST-K-----VK-F-----I-T-I-R-DIR-----I-O-----T-----V	122		
DJ258	-K-S-----K-R-----L-----L-A-Q-LME-SA-G-E-K-K-----I-W-----R-DI-----AV-----Q-----T-----A	122		
CM238	-T-K-----A-R-----I-L-----L-V-----Q-IE-ST-K-----K-F-----T-W-----V-----T-----G	122		
UG266	--V-E-K-K-A-----E-K-----K-L-S-----T-Q-----E-A-----R-I-----M-----O-----T-----N	120		
Q23	--KF-A-----K-RM-LI-----D-L-S-----AD-Q-MEK-A-K-T--IK-F-----T-----R-D-----IK-Q-----T-----G	122		
CONSENSUS-B	-	-	-	-
HX22R	-	-	-	-
SB2	-K-----T-----K-----K-----K-----I-----T-----R-D-----E-----T-----AAG-----N	121		
TB132	-Q-----K-----K-----R-----K-----I-----T-----R-D-----E-----T-----AAG-----N	122		
LAI	-	-	-	-
MN	N-----K-----V-----S-----S-----K-----T-----R-----I-----E-----T-----A	122		
JH31	-	-	-	-
JRCSF	-	-	-	-
JRFL	-	-	-	-
NL43	-	-	-	-
CDC41	-K-----K-Q-----K-----K-----A-----K-----I-----R-D-----T-----R-I-----E-----A	122		
HAN	-K-----K-Q-----K-----K-----M-----K-----T-----R-----I-----E-----T-----G	122		
CAML	-	-	-	-
RF	-K-----K-K-----K-K-----S-----A-----A-----K-----A-T-----N-----R-----E-----T-----M	122		
D31	-K-----K-----K-Q-----K-----S-----A-----A-----K-----F-----T-----R-----E-----A	120		
BCSG3C	-K-----K-Q-R-----K-----S-----S-----K-----T-----R-----I-----M-D-----E-----N	122		
P896	-K-----K-----E-K-R-----S-----V-----K-----T-----R-----E-----T-----G	122		
GAG46	-	-	-	-
MANC	-K-----K-----K-----T-L-----A-----K-----T-----G-----G-----P-----A	122		
GAG314	-K-----K-----K-----Q-----D-----A-----K-----T-----G-----V-----R-----P-----A	122		
4-7	-	-	-	-
CONSENSUS-C	-I-R-K-A-----K-H-M-----L-----L-----K-IK-----A-----T-----?-----T-----R-----?QQ-?-----T-----K-A?	122		
ETH2220	-I-R-EK-A-----K-H-M-----L-----N-----K-L-D-----D-----A-----K-----IK-----A-----T-----K-----P-----T-----G-----A-R	116		
92BR025	-I-R-K-A-----R-K-----K-H-M-----L-----LD-----K-----MK-----A-----TK-----I-----H-----T-----E-----D-----R-----K-----QO-----T-----E-----A-----K	123		
UG368	-R-K-T-----K-----C-CMV-----L-----G-----L-S-----K-----MK-----A-----TD-----T-----KG-----R-----TQO-----T-----ET-----A-----K	120		
SM45	-I-R-K-A-----R-----K-H-M-----L-----L-----K-----MK-----A-----T-----P-----T-----E-----R-----TQO-----T-----K-----A	122		
ZAM18	-I-K-K-T-----K-H-M-----L-----L-----K-----IK-----I-----T-----K-----P-----VTW-----ED-----T-----RL-----QQ-----TK-----T-----K-----A	124		
ZAM19	-I-X-K-A-----K-H-M-----L-----L-----K-----IK-----A-----T-----K-----H-----A-----KX-----T-----R-----COO-----T-----KE-----A	122		
ZAM20	-I-R-K-K-----K-H-M-----L-----L-----AD-----K-----IR-----H-----A-----T-----T-----AG-----R-----E-----COO-----T-----KT-----A	122		
DJ259	-I-R-EK-A-----K-----R-----M-----L-----K-----L-----S-----K-----IR-----A-----T-----AR-----IQ-----T-----K-----ET-----A-----K	123		
VT313	-I-R-K-T-----R-----K-----H-----M-----L-----L-----Q-----E-----IK-----A-----TK-----I-----H-----T-----E-----TR-----K-----QQ-----T-----A-----N	123		
NOF	-I-R-EK-A-----K-----R-----M-----L-----K-----L-----S-----K-----MK-----A-----T-----K-----R-----T-----E-----T-----A-----N	122		
KON	-I-R-K-----K-----H-----M-----L-----L-----A-----K-----IK-----A-----T-----F-----T-----KN-----R-----CQQ-----T-----KE-----AD	122		

HIV1 GAG

	nuclear localization	phos site
	- signal (nls) -	^ nls -
/ p17	-	-
- membrane binding	-	-
WEAV160		
MGARASVLSGGELDRWEKTRLRPGNKYKLHIVWASRELERFAVNGEGLLETSEGGRQILQLOPSLTQSEELRSLYNTWAVLVCVHOKIEVKDTKEALDKFEEQQNLSSKK...AQQAAG.DT	122	
COMSENSUS-D		
K-E-K-K-?	L-K-I-A-T-K-T-ER-	??-??-T--
842R085	K-A-K-K-?L-L-K-M-E-A-K-I-T-T-KR-I-N-R-G-	119 122
949G114.1	K-E-K-K-R-L-L-I-R-I-T-I-K-VT-	
ELI	K-K-K-R-Y-L-K-I-A-T-T-K-Q-D-E-M-	T--A--T--T--
Z2Z6	K-A-K-R-L-L-D-K-I-A-R-F-T-ER-E-M--N-K--A-	122 123
NDK	K-T-R-K-A-L-L-T-L-K-I-I-T-T-ER-VE-M--T--	121
VI205	K-Q-KS-R-K-J-I-B-A-I-K-E-H-N-S-D-K-T-T-KR-E-L--R--	123
G109	Q-A-R-K-Q-L-A-K-K-E-H-N-S-D-K-T-T-NR-E-M--AQO--T--	125
K31	K-E-Q-H-I-P-K-M-H-A-L-I-K-T-AG-K-TN-	T--E-T--
UG274	K-E-L-J-K-M-I-T-VK-F-T-BR-K-A--T-T--	122
UG270	K-E-L-J-K-M-I-T-VK-F-T-BR-K-A--T-T--	122
SE365	Q-K-L-J-K-IE-I-T-K-F-T-R--P-RV--?L--QO--T-T--K	119
VI203	T-K-S-K-R-L-?P-K-I-L-A-I-T-T--E--VE-M--R--V-T--S	122
COMSENSUS-F	K-A-K-R-L-L-ID-K-I-T-K-I-Y-V-E-L--GRQ--T-T-EK	122
93R020.1	K-A-Q-K-RM-L-ID-P-K-I-T-F-Y-RV-I-E-L--QO--T-T-K	121
VI174	K-A-R-M-LI-ID-K-I-F-V--E-L--QQ--K-V--K	122
VI69	K-A-K-R-L-T-Q#I-F-RV-L-QO--TK--K	121
B2162	K-A-K-R-L-T-S-T-IR-K-F-VT-R-IR-L-Q--E-T-NK	122
VI225	K-T-S-R-L-J-S-T-IR-K-F-VT-R-IR-L-Q--E-T-NK	122
B2163B	K-A-K-S-L-T-OK-I-S-F-R-RV-L-QO--TK--K	122
COMSENSUS-G	K-?-K-RM-L-J-D-T-Q-M-G-T-K-F-T-R--EEV-KI-KN-QQ--I-K--R--	117
V	K-S-R-G-L-R-D-A-V-MK-A-\$-T-F-T-R--PEEV-KI-KN-QQ--I-K--R--	121
AG_9_2NG083	K-A-R-RM-L-L-D-T-Q-MR-T-T-IK-F-T-R--EEV-KI-KN-QQ--I-K--R--	122
AG_9_3NG003	K-E-RM-L-L-D-T-Q-O-K-F-T-W-I-R-G--EEV-KI-KN-QQ--I-K--R--	120
AG_LBV217	K-RM-L-L-D-T-Q-O-T-K-F-A-W-I-R-G--EEV-KI-KN-QQ--I-K--R--	120
AG_JP88		31
AG_JV831	X-EEV-KI-KN-QQ--I-K--R--	
AG_SE6165	X-XV-KX-KR-QQ--I-K--X--K	32
COMSENSUS-H	-K-A-K-R-L-L-?L-A-K-T-O-F-LI-R-D--?Q-Q-T-T-K	100 119
VI525	R-A-K-Q-R-L-L-L-IE-A-K-T-Q-F-LL-R-DI-S-V-NRQQ--T-T-K	122
VI57	K-A-K-R-L-L-L-D-D-A-L-LIE-A-K-T-Q-F-LL-T-R-D--E-LK-A-QNR--T-T-TG--K	122
90R056	K-A-K-R-L-L-L-D-L-L-IE-A-K-T-K-F-L-R-D--I-QO--T-T-K	122
COMSENSUS-J	K-A-K-Q-RI-L-D-L-SAK-Q-V-A-T-IK-T-R-I-T-E-XI-N-QQ--K-ET--K	119
SE7022	K-Q-RI-L-D-L-SAK-Q-V-A-T-IK-T-R-I-T-E-XI-N-QQ--K-ET--K	122
SET887	I-X-K-D-K-Q-RI-L-D-L-SAK-Q-V-A-T-IK-T-R-I-T-E-I-T-E-I-N-QO--K-ET--K	122
COMSENSUS-O	I-K-D-K-Q-RI-L-D-L-SAK-Q-V-A-T-IK-T-R-I-T-E-I-T-E-I-N-QO--K-ET--K	103
ANT70	?-T-SK-A-A-?-SK-R-L-?-C-A-2E-L-O-E-A-K-?-W-AI?-W-NRPI?1?Q-IQ-LK-V.M2-R-S..A2A-KE--?S	121
MVP5180	S-T-SK-A-Q-K-SK-R-L-C-E-A-NFKL-Q-W-AIV-W-NRYKIG-Q-O-IQ-LK-V.M2-R-S..A2A-KE--?S	121
COMSENSUS-CPZ	T-SK-A-R-SK-A-R-L-Y-C-A-TE-L-O-E-A-K-D-K-W-AI-W-NRFDIR-Q-O-IQ-LK-V.MA-R-S..A2A-KE--?S	121
CPZGAB	T-K-V-R-MM-L-CD-M-SK-TKL-O-E-A-K-G-L-W-1-SD-T-E-QK-EQLKRHHGEQOS-TESSGSREGG-SQGA	61 130
CPZANT	G-R-EK-T-S-K-MI-L-L-RS-Q-LSSS-EKAIIH-S-IEIR-P-II-F-IC-W-KGEKI--EQ-VKTKVMQTOETGSSQT-SRGMLRL	

HIV1 GAG

			cyclophilin A binding domain (CyPa)
WEAU160	p17 \ / p24	SONYPTIVONLGQMVHQALSPRTLNAAWKVLEEKAPSPPEVILPMSAALSEGATPODINTMLNTVGHHQAAMQMLKETI	_-
CONSENSUS-A	.EN... RNOV... SONYPTIVONLGQMVHQALSPRTLNAAWKVLEEKAPSPPEVILPMSAALSEGATPODINTMLNTVGHHQAAMQMLKETI	EAEDRLLPHVAGPIAQGOMREPRGSIDAGTISTLQ	244
U455	GS...SSK... A-P-V-D-M-I-D-V-P-	I-----M-----I-----D-----V-----P-----	240
92UG037	GS...SSK... A-I-S-L-V-M-I-D-V-P-	A-----I-----D-----V-----P-----	240
BZ126B	GS...SS... A-I-K-\$-V-E-M-V-D-\$-R-P-K-	A-----I-----D-----V-----P-----	244
VI159	G-...S-K... A-I-K-\$-V-E-M-V-D-\$-R-P-K-	A-----I-----D-----V-----P-----	242
K112	-S-SSK... A-I-N-G-M-I-D-P-P-	A-----I-----D-----V-----P-----	240
K88	G-...SSK... A-I-T-G-M-I-D-P-P-	A-----I-----D-----V-----P-----	244
VI32	G-...SGK... A-I-S-T-M-I-D-A-G-	A-----I-----D-----V-----P-----	244
VI415	G-...SSN... A-I-I-M-I-D-P-T-	A-----I-----D-----V-----P-----	244
CI4	G-...SR... A-SI-M-I-D-G-V-P-L-A-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	242
LBV23	G-...GSK... A-I-A-R-M-I-D-V-Q-Y-P-L-A-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	244
AE_TN243	GS...SSK... A-P-V-G-N-M-I-P-V-P-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	244
AE_TN245	GS...SSK... A-A-P-V-G-N-M-I-P-V-P-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	244
AE_CM240	GS...SSK... A-A-P-V-G-N-M-I-P-V-P-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	244
LBV2310	GS...S...A-A-T-P-M-A-M-I-D-V-P-N-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	241
CI51	GS...S...A-T-SI-A-R-M-I-D-T-P-V-N-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	239
IC144	GS...S...A-T-PI-A-M-I-D-V-P-N-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	241
DJ258	GS...S...A-P-M-M-I-D-V-P-N-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	241
CM238	GS...SSK... A-P-V-K-G-N-T-M-I-P-V-P-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	244
UG266	G-...S-K... T-R-TY-\$-V-S-M-V-E-D-\$-Q-R-P-V-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	240
Q23	G-...SSN... A-T-S-M-I-D-V-P-N-	A-----I-----D-----G-----V-----P-----	244
CONSENSUS-B	G-??-SS-G-H...S-I-V-V-	V-----V-----V-----V-----V-----V-----	243
HX22R	G-H...S-I-V-V-	V-----V-----V-----V-----V-----V-----	244
SF2	G-...SS-I-V-V-	V-----V-----V-----V-----V-----V-----	246
TB132	-----SS-M-I-V-V-	V-----V-----V-----V-----V-----V-----	244
LAI	GH...SS-I-V-V-	V-----V-----V-----V-----V-----V-----	244
MN	G-RGNSS... I-E-I-V-V-	AQ-----T-----V-----V-----V-----V-----	247
JH31	G-...SSK... I-I-V-V-	AQ-----T-----V-----V-----V-----V-----	244
JRCSF	G-...SS-I-V-V-	AQ-----T-----V-----V-----V-----V-----	244
JRFL	G-...SS-M-I-V-V-	AQ-----T-----V-----V-----V-----V-----	242
NL43	G-...NS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
CDC41	G-...SS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
HAN	G-...SS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
CAML	G-...SS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
RF	G-...SS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
D31	G-...NS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
BCGG3C	G-...SS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
P896	G-...SS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
GA046	G-...SS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
MANC	G-...SS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
GAQ314	G-...SS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
4-7	G-...SS-C-D41-I-V-A-	A-----D-----V-----S-----A-----	244
CONSENSUS-C	GK...D-M-P-I-A-V-T-D-V-	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	235
ETH220	GK...D-M-P-I-A-V-T-D-V-	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	242
92BR025	GK...D-M-P-I-A-V-T-D-V-	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	242
UG268	GK...D-M-P-I-A-V-T-D-V-	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	239
SM145	GK...D-M-P-I-A-V-T-D-V-	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	241
ZAM18	GQ...I-G-I-T-I-D-D-N-L-	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	243
ZAM19	GK...I-X-L-Q-R-I-T-D-I-V...	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	180
ZAM20	GK...F-I-P-T-D-Q-V-T-N-	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	241
DJ759	GK...F-P-T-D-Q-V-T-N-	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	242
VT1313	GK...PM-T-D-Q-V-T-N-	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	242
NOF	-K...I-V-N-V-N-R-G-Q-S-R-I-Q-L-D-H-G-	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	240
KON	-K...I-V-N-V-N-R-G-Q-S-R-I-Q-L-D-H-G-	Q-----V-----D-----V-----D-----V-----	241

HIV GAG

	p17 \ / p24	cyclophilin A binding domain (CyPa)
WEAU160	.EN...RNQY...SONPITIVONLQGOMVHOALSPRTINAWKVIEEKAFSPEVIPMFALSEGATPOQDLNMLNTVGHOAAMOMLKEETNEEAEDRLLHPVHAGPAPGQMRPRESDIAGTISTLQ	244
CONSENSUS-D	.R...SS...----I-	241
842R085	.G...SS...----N-	244
94UG114.1	.R...SS...----HP----N-	244
ELI	.G...NS...----I-	244
Z2Z6	.G...NS...----I-	245
NDK	.G...SS...----I-	241
VI205	.K...SS...----I-E----T-	245
G109	.R...S...----N-A	247
K31	.R...SS...----VM-	244
UG374	.R...SS...----I-T	244
UG270	.R...SS...----I-A	244
SE65	.G...NS...----D-T	244
VI203	.R...SS...----D-N	244
CONSENSUS-F	.G...-----SI-	237
93SR020.1	.G...-----S-	240
VI174	.G...-----I-	239
VI169	.G...-----I-	240
BZ162	.G...-----SI-	239
VI325	.G...-----M-P	240
BZ163B	.G...-----SI-	240
CONSENSUS-G	.G...-----A-?-?I-V	236
AG_2NG083	.G...S-P-----A-I-I-V	243
AG_93NG003	.G...SS-----A-V-PI	244
AG_BV217	.GD...NS-----A-PI	242
AG_JP88	.G...SKP-----V	153
AG_JV831	.G...S-P-----A-I-I-V	154
AG_SE615	.X...SX-----X-A	118
CONSENSUS-H	.-K...D-K-----A-I-V	241
VI125	.-K...DK-----A-I-V	244
VI557	.G...G-KI-----A-P	244
90CR056	.-K...D-K-----A-I-V	244
CONSENSUS-J	.KD...NS-----X	135
SET022	.KD...NS-----X	138
SE787	.KD...NS-----X	138
CONSENSUS-O	.S...PR...?-----A-I-AV--N-I-M---?YYI---AI---G-L-V-V---?---T-P??-LP---I---T	215
ANT70	.S...AR-A...G-S-A-I-AV--N-I-M---ISYI---AI---G-L-V-V---T-PPV-LP---I---T	242
MV75180	.S...PR-T...-----TA---I-AV--N-I-M---V-Y-I---AI---G-L-V-V---T-PAM-LP---I---T	242
CONSENSUS-CPZ	?-----?-----?A?-----?-----?V-----?-----?-----A?-----G-----V-----V-----T-----?-----L-----?	152
CPZGAB	SASAGI...-----G-L-A-----I-V-----L-V-----A-G-----V-----V-----T-----L-----A-----D-----G-----V-----V-----T-----VOA-----L-----T	252
CPZANT	LL-KQWCQRHLSGEGR-----INVAG-IAR-----P-T-----CV-----N-N-----A-----D-----G-----V-----V-----T-----V-----	260

HIV1 GAG

	Major homology region (MHR)	p24 \ p2
WEAU160	EQIAWMNN...NPPILPVGETKRWIILGINKIVRMYSPVSIILDTRQGPKEPFRDVKTRAEQATOEVKNWMTETLLVONANPDKCTILKALGPAGATLDEMMTAQCGVGGPGHKARVIAEANSQV.	370
CONSENSUS-A	-	-
U455	-G--S...-D-	F-S-R-?-E-
U455	-G--G...-D-R-	F-D-G-I-S-R-A-E-
U455	-G...-D-M-	K-F-P-D-S-R-A-E-
BZ126B	-G-S...-D-	K-F-P-D-S-R-A-E-
VI159	-R\$...-D-R-	V-R-K-F-I-E-S-R-RVR-E-K-I-Q
K112	-G-S...-D-	K-F-P-G-S-R-T-E-S-R-G-T-E-T-I-Q
K88	-G-S...-D-	K-F-P-G-S-R-T-E-S-R-G-T-E-T-I-Q
VI132	-G-S...-D-	K-F-P-G-S-R-T-E-S-R-G-T-E-T-I-Q
VI1415	-G-S...-N-D-	T-VK-F-I-G-S-R-T-E-S-R-G-T-E-T-I-Q
CI14	-G-S...-V-R-	R-C-F-D-I-S-R-T-E-S-R-A-E-E-Q
LBV23	-Q-S...-D-RK-	R-D-F-I-S-R-A-E-E-Q
AE_TN243	-G-S...-D-	I-S-T-E-S-T-E-S-HAQ
AE_TN245	-G-S...-D-	I-S-T-E-S-T-E-S-HAQ
AE_CM240	-G-S...-D-	I-S-T-E-S-T-E-S-HAQ
LBV2310	-G-S...-V-	R-V-F-S-R-A-E-E-Q
CI151	-G-S...-T-K-	F-R-S-R-A-E-E-Q
IC144	-G-S...-T-V-	F-R-S-R-A-E-E-Q
DJ258	-G-S...-D-	F-S-R-E-S-Q
CM238	-G-S...-D-	S-T-E-S-HAQ
URG266	-VR\$-S...-R-\$	E-KE-K-F-D-\$-S-R-R-K-E-R-R-S-Q
Q23	-G-G...-D-R-	E-KE-K-F-D-\$-S-R-R-K-E-R-R-S-Q
CONSENSUS-B	-G-.-.-	S-R-A-E-E-Q
HX22R	-G-.-.-	S-S-A-E-E-Q
SF2	-G-.-.-	S-D-A-E-E-Q
TB132	-G-I-H-.-	T-S-P-A-E-E-Q
LAI	-G-.-.-	T-S-A-R-E-E-Q
MN	-G-.-.-	T-S-A-R-E-E-Q
JH31	-G-S...-S-	S-S-RT-A-E-E-Q
JRC5F	-G-.-.-	A-A-E-E-Q
JRFL	-G-.-.-	A-A-E-E-Q
NL43	-G-G-H-.-	T-S-A-E-E-Q
CD41	-G-.-.-T	I-S-A-E-E-Q
HAN	-G-.-.-	T-K-S-A-E-E-Q
CAM1	-G-.-.-	T-S-A-E-E-Q
RF	-G-.-.-	I-S-D-F-A-E-E-Q
D31	-G-.-.-	T-S-A-E-E-Q
BCGG3C	-G-.-.-	S-S-S-A-E-E-Q
P896	-G-.-.-	S-K-S-A-E-E-Q
GA646	-G-.-.-	A-S-A-E-E-Q
MANC	-G-.-.-	T-S-A-E-E-Q
GAQ314	-G-.-.-	A-S-A-E-E-Q
4-7	-G-.-.-	A-S-R-A-E-E-Q
CONSENSUS-C	-G-.-.-	S-S-E-?-A-N
ETH220	-G-.-.-	D-D-R-S-E-A-N
92SR025	-T-.-.-	V-D-K-F-D-D-R-S-E-A-N
UG268	-N-S...-V-	D-K-F-P-D-D-R-S-E-K-N
SM145	-S...-D-	D-K-F-P-D-D-R-S-E-A-N
ZAM18	-A...-V-	D-K-F-P-D-D-R-A-E-S-AN
ZAM19	-A...-V-	D-K-F-P-D-D-R-A-E-S-AN
ZAM20	-A...-V-	D-K-F-P-D-D-R-A-E-S-TN
DJ759	-S...-D-	D-K-F-P-S-D-R-S-E-S-AT
VI1313	-S...-D-	D-K-F-P-S-D-R-S-E-S-AT
NOF	-S...-D-	D-K-F-P-D-R-S-E-S-AN
KON	-T-S...-D-	-K--

HIV1 GAG

	Major homology region	p24	\ /	p2
	(MHR)	-	-	-
WEAU160	EQI AWMTN .. NPP IPVAGIYKRMWILGLANKIVRMYSPPVSIUUDIROGPKEPRDYVURFYKTURAOQTYEVKNWMTETLVONANPDCRFLIKALGP GATLEDMMTA COGVGGHKA RYLARAMSQV .	370		
CONSENSUS-D	-G-S ..	S-D-	-E-	S-A.
84ZR085	-G-S ..	S	E-	S-
94UG114.1	-G-S ..	S-D-	A-	S-A.
ELI	-S ..	S-D-	E-A.	S-A.
Z22Z6	-S ..	S-D-	Q	S-A.
NDK	-S ..	S-D-	Q	E-S-
VI205	-S .. -KK-	K-	-K-	S-A.
G109	-A .. -K-M-	M-	S-D-	A-E-S-
K31	-G ..	S-D-	E-	A-A.
UG374	-G-S ..	S-D-	R-	S-A.
UG270	--VG--S ..	S-D-	A-E-	S-A.
SE65	-G-S ..	N-	E-B-S-	A.
VI203	-Q-S .. V-	F	G-D-	S-A.
CONSENSUS-F	-Q-G .. V-M-	F	G-D-	A.
93SR020.1	-Q .. V-	G	G-D-	S-A.
VI174	-Q .. S .. V-	F	G-D-	A.
VI69	-Q .. S .. D-	F	G-D-I-	E-T-A.
BZ162	-Q .. S .. V-	F	G-D-	A.
VI325	-T-S .. V-	K-S-	D-S-E-	I-.
BZ163B	-Q .. S .. V-	F	G-D-Q	S-A.
CONSENSUS-G	-R-S .. V-	F	D-R-E-	S-A.
AG_92NG083	-R-S ..	F	G-D-R-E-	S-A.
AG_93NG003	-T-S ..	F	G-D-R-A-E-L-S-	R-A.
AG_LBV217	-R-S ..	K-F-D	R-A-E-L-S-	A.
AG_JP88	-R-S ..	F-D	R-A-E-L-S-	A.
AG_JV831	-R-S ..	-	-	362
CONSENSUS-H	-G-A-D-	K-F-D	R-O-SI-E-S-?	369
VI525	-G-A-D-	K-F-D	N-T-SI-E-S-	368
VI157	-S-D-	F-D	D-N-T-SI-E-S-	367
90CR056	-G-A-D-	F-A-G-D	R-Q-SI-E-K-N	370
CONSENSUS-O	-G-A-D-	K-F-D	R-Q-SI-E-S-	370
AN770	-?T-R-??-D-R-K-V-M-K-	?-Q-O-?-Q-E-V-T-?	E-V-T-?A?AQ	332
MV75180	-H-T-R..P-Q-D-R-K-V-M-K-	-Q-S-E-V-T-	T-ATAQ	370
CONSENSUS-CPZ	-I-T-R-GA-S-D-R-K-V-M-K-	-S-Q-E-E-V-T-KI-ASAQ	370	
CPZGAB	-?..-D-V-R-V-C-	?-Q-E-V-T-KI-ASAQ	370	
CPZANT	-G-T-A..-DV-R-V-C-	-Q-E-V-T-KI-ASAQ	370	
	-MQ-STPQQ-GGV-D-M-V-X-E-K-I-S-P-A-I-H-T-S-E-L-A-	-S-M-O	379	
				390

HIV1 GAG

		pol	cds	start	->	vpx	binding	\vee
		p2 \vee p7	- Zn-motif -	- Zn-motif -	p7 \vee p6	-	EPTAPEE-SF-RPREEETTPS.	473
WEAU160	.. TN-T-AT-MMMQGKF-NSPRKTKCFCVCGKESHTIARCRAPRKKGWKGKGDCT..E.RQANFLGIWSSQKG.RPGNLIPOSRL.....						A-???(MG-G-I-?SP?	463
CONSENSUS-A	H.-.?..I-----I-----GQKR?-----L-----K-----K-----?						A- I- GMG-KM- SP.	466
U455	Q-S..I-G-R..L-K..R-K..D-S..P..A-..P..AAEL..GM-..IV..SP.						466	
92UG037	H.-...I---I---KGQKR---L---L-K---R---D-S---P..A-..E-..SA.						471	
BZ126B	N-ASP..I---I---QKR..L---L---S-RK..D-H..L-N-P..A..I..I-K-M..SP.						469	
VI159	Q.-S...I---I---KGQKR..L---L---S-RK..D-H..L-N-P..A..I..I-K-M..SP.						464	
K112	H---.I---I---GQKR..L---L---R---K---G---D-S..N---A..I..GMG-MA..SP.						470	
K88	H---.I---I---GQKR..L---L---R---K---G---D-S..N---A..I..GMG-IA..SP.						470	
VI132	Q.A...I---I---KGQKR..L---L---R---K---N---S..A..I..GMG-IA..SP.						471	
VI1415	H---.I---I---KGQKR..L---L---R---K---N---S..A..I..GMG-IA..SP.						469	
CI4	H---.I---I---KGQKR..L---L---R---K---D-S..P..A..I..LL..GMG-I..SP.						468	
LBV23	H---.I---V---KGQKR..L---L---R---K---D-S..P..A..I..MLFGMG-I..SP.						471	
AE-TN243	H.A..I---I---KGQKR..L---L---R---K---D-S..P..A..DW..GRG-..SL.						470	
AE-TN245	H.A..I---I---KGQKR..L---L---R---K---D-S..P..A..NW..GMG-I..SL.						470	
AE-CM240	H..AT..I---I---KGQKR..L---L---R---Q---D-N..P..A..I..GMG-IA..SP.						471	
LBV2310	Q...I---I---KGQKR..L---L---R---K---D-S..P..A..I..IV..GMG-I..SP.						469	
CI51	Q.S...I---I---KGQKR..L---L---R---K---D-S..P..A..I..GMG-I..SP.						465	
IC144	Q.S...I---I---KGQKR..L---L---R---K---D-S..P..A..I..GMG-K..S.						466	
DJ258	Q.S...I---D---GQ-T..L---K---R---P..A..I..GMG-K..S.						470	
CM238	Q.A...I---KGQKR..L---R---K---R---P..A..I..GMG-I..SP.						470	
UG266	Q.S...I---KGQKR..L---R---K---R---P..A..I..GMG-I..SP.						471	
Q23	H---.I---I---KGQKR..L---L---R---K---P-S..R---P..A..I..GMG-I..SP.						470	
CONSENSUS-B	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-S..R---T..A..I..GMG-I..SP.						470	
HK22R	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						470	
SF2	...P..N..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						475	
TB132	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						475	
LAI	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
MN	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
JH31	...S..T..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
JRCSF	...P..N..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						474	
JRFL	...P..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						471	
NL43	...P..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
CD241	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-H..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
HAN	...G..S..A..I---KGQKR..L---L---R---K---P-H..L---P..A..I..GMG-I..SP.						472	
CAM1	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-H..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
RF	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-H..L---P..A..I..GMG-I..SP.						474	
D31	...S..V---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
BCGG3C	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
P896	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
GA446	...S..N..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
MANC	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
GAQ314	...S..ATT---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						474	
4-7	...S..I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
CONSENSUS-C	N---I---I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						473	
ETH220	N---T..I---I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						461	
92BR025	N---T..I---I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						479	
UG268	N..I---I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						470	
SM145	N..I---I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						472	
ZAM18	N---I---I---KGQKR..L---L---R---K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						481	
ZAM19	S-X..X---KG-XIV..K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						476	
ZAM20	S.A...V---KG-KR-V..K---P-Y..L---P..A..I..GMG-I..SP.						477	
DJ759	N---I---I---KG-KR-I..L---R---P..A..I..GMG-I..SP.						468	
VI313	N.I...I---I---KG-KR-I..L---R---P..A..I..GMG-I..SP.						468	

HIV GAG

	p2 ∨ p7	- Zn-motif -	- Zn-motif -	pol cds start ->	vpr binding
WEAU160	..TN.T.AT.MMMORGNF.RSPRKTKD.FNCGEGHARNCAPRKKCCKGGQEGHQMKDT..E.RQANFLGIWSSOKG.RPQNPFSRL.....	- Zn-motif -	- Zn-motif -	p7 ∨ p6	∨
CONSENSUS-D	..-SNTA.I---KG---I---KG---I---K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	EPAPPEE.SF.RFREETTPS.	473
842R085	..-S.A-S.A.I---KS---KGT---IV-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	EPTAPPEE.SF.RFREETTPS.	473
94UG114.1	..-ANTA.I---KG.K-I-----T-K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	P-HN.P.....PA--.A.I.GLG.I.-.P.	473
ELI	..-SVT.A---KG.I-----R-----K-----L-----R-----K-----L-----R-----L-----P-----A-----A-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-I-----G-G-#-----G-G-I-----G-G-I-----G-G-I-----	473
Z22Z6	..-SA.A.V---KG.K-----R-----K-----L-----R-----L-----P-----P-H-----L-----P-----A-----A-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-I-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
NDK	..-G.SATA.V-----KG---S-----T-K-----K-----R-----T-----P-----P-H-----L-----P-----A-----A-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-I-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
VI205	..-S.SATA.VI-----KG.K-I-----T-K-----K-----K-----K-----K-----K-----K-----P-L-----L-----P-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	P-HN.P.....PA--.A.I.GLG.I.-.P.	473
G109	..-S.SNA.I---K---KG.VV-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----P-N-----L-----P-----A-----A-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-M-----G-G-M-----G-G-M-----G-G-M-----G-G-M-----	473
K31	..-GNTA.I---KGQ.I-----L-K-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----RL-P-R-----G-----L-----P-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	473
UG374	..-ANTA.I---KG.I-----K-----K-----K-----E-----P-----P-H-----L-----P-----A-----G-G-KI-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
UG270	..-S.AN.A.I---A---KG.KRN-----L-K-----\$-----R-----I-----P-----H-----L-----P-----A-----G-G-I-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
SE65	..-S.AA.I---KGQ.IV-----K-----R-----G-----P-----S-----P-----S-----P-----H-----L-----P-----A-----A-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
VI203	..-NVA.I---KG.KRI-----L-K-----R-----K-----R-----P-----N-----L-----P-----A-----G-G-KA-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
CONSENSUS-F	..-?A.I---KS---KGQ.RIV-----K-----R-----R-----P-----N-----L-----P-----A-----G-G-I-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
93BR020.1	..-A.I---KS---KGQ.RIV-----K-----R-----R-----P-----N-----L-----P-----A-----G-G-I-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
VI174	..-A.I---KS---KGQ.RIV-----V-K-----R-----R-----P-----N-----L-----P-----A-----G-G-I-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
VI169	..-A.I---KS---KGQ.R-V-----V-K-----R-----R-----P-----N-----L-----P-----S-----A-----G-G-I-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
BZ162	..-IL-KS---KGQ.RIV-----T-----K-----R-----G-----P-----H-----L-N-P-----A-----G-----IN-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
VI325	..-T.I---KGQ.I-----R-----KH-----K-----R-----P-----N-----K-----L-----P-----A-----N-----G-G-I-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
CONSENSUS-G	..-SG2-A.I---K-----KG.R-----L-----R-----K-----P-----N-----L-N-P-----A-----G-G-IA-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
AG_92NG083	..SGAAA.I---KS---KG.RI-----L-----R-----K-----E-----P-----N-----L-N-T-----A-----G-G-IA-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
AG_93NG03	..-G.S.A.I---KN---KG.RG-----L-----K-----R-----P-----N-----L-N-P-----A-----G-G-IA-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
AG_LBV217	..-SG-ATA.I---K-----KG.N-----D-----L-----R-----K-----P-----H-----L-N-P-----S-----A-----L.G-G-IA-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
CONSENSUS-H	..-?A.I---K-----KGQ.RIV-----R-----R-----P-----S-----L-----P-----A-----G-G-M-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
VI225	..-H.A.I---K-----KGQ.RIV-----R-----R-----P-----S-----L-----P-----A-----G-G-M-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
VI557	..-V.K-----KGQ.RI-----L-----K-----L-----P-----PN-----L-----P-----A-----G-G-M-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
90CR056	..-NTA.I---K-----KGQ.FV-----R-----R-----P-----S-----L-----P-----A-----G-G-M-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
CONSENSUS-O	..DLKGQYTA.VF----ON.PPKG?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
ANT'0	..DLKGQYTA.VF----ON.PPKG?-----R-----NGK-----Y.PPGT-----Y.VRPA-----H.S-----M-----VVK.GQ-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
MV5180	..DLKGQYTA.VF----ON.PPKG?-----R-----NGK-----Y.PPGT-----Y.VQKV-----S.S-----M-----AVK.EQ-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
CONSENSUS-CPZ	? Q.???? VF? ?-?P?G?KR? ?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
CPZGAB	..NO.GR.D.VFF.K.QG.AG.KRK-----L-----K-----R-----R-----R-----G.P.RS-----I.Y.CYO-----BK.SQ-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473
CPZANT	N.A.Q..GTA.VFL---.GN.GGKRPL---T-----K-----R-----R-----L-----N-----PATNTGKV-----PTPTWN-C-----V.KEEVV-----I.I.Y.Q.HK.RT-----	- Zn-motif -	- Zn-motif -	G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----G-G-#-----	473

HIV1 GAG

	vpr binding	p6 terminus
WEAU160	...OKOEPID...KELYPIISSLIFGNDPSSQ \\ - - - /	500
CONSENSUS-A	? ? P --- QK --- R-Q P-V ----- L-	490
U455	. . A --- LK --- R-QT --- V ----- L-	493
92UG037	. . P --- QN --- RDQNP-SV ----- LL--	499
BZ126B	. . P --- LK --- R-	478
VI159	. . P --- QT SI ---	477
K112	. . P --- OK --- R-QTP-SI -----	489
K88	. . P --- QR R-QTP-V -----	489
VI32	. . P --- OK R-QSQ-V -----	490
VI415	. . P --- Q R-QAP-V -----	486
CI4	. . P --- Q R-QP-SI -----	484
LBV23	. . P --- K-OK R-QPL-SV -----	490
AE-TN243	. . L --- OK DPP-V -----	495
AE-TN245	. . L --- OK HPP-V -----	489
AE-CM240	TSLP---QK-----HPP-V-----L--	503
LBV2310	. . P --- R G-P-----	486
CI51	. . LQ --- R G-P-A-----	484
IC144	. . PQ --- R P-----	485
DJ258	. . P --- RE QG-P-----	486
CM238	. . L --- OK HPP-V -----	489
UG266	. . P --- KQK QT-I-----	480
Q23	. . L --- OK R-QAQ-V-----LL--	498
CONSENSUS-B	? ? ? A-R-----	497
HX22R R-----	500
SF2 R-----	502
TB132 T A-----	497
LAI R-----	512
MN	KOEK---T---D---A-----L-----	506
JH31 R A-R-----P	500
JRC5F	KOE-----R-----S-----P	504
JRFL M R-----	498
NL43 A-R-----S-----	500
CD41 R A-R-----	500
HAN A-R-----	499
CAMI A-R-----	500
RF K A-----	501
D31 A-R-----	500
BCGG3C RE M-A-R-----	500
P896 A-R-----	500
GAC46 R-----	500
MANC A-RP-----	500
GAQ314 A-R-----	501
4-7 L A-R-----	500
CONSENSUS-C	. . P --- K-????? -----L?	483
ETH220	. . P --- LK R-A-----HLL-----	504
92SR025	. . P --- T S-L-T	496
UG268	. . P --- K R I-----	488
SM145	. . P --- LKE -----	495
ZAM18	. . PN K R-----	492
ZAM19	. . PN R-----	428
ZAM20	. . P --- R SPTGE-A-----	496
DJ759	. . P --- LK-KEPY A-R-----	488
VI313	. . P --- K-----	484

HIV1 GAG

	vpr binding	/	p6 terminus
WEAU160	\ - -	/	
CONSENSUS-D	OKQEPID...KELVYPLTSUKSIFGNDPSSQ		500
842R085	OK-?/?/-A-L-		497
94UG114.1	OK-..KD--A--L--		501
ELI	OK-.....L--		502
Z2Z6	OK-.....S-A---LL-		500
NDK	OK-.....A-----		501
VI205	OK-.....N-----		497
G109	OK-KEKO-----R-		492
K31	OK-....M.-A--		498
UG374	OK-.....PC-A--		490
UG270	OK-.....SAA---		491
SE65	OK-.....A--		491
VI203	A-KE.....VA--		490
CONSENSUS-F	P-QK-EG-P-A-----\$--		491
93SR020.1	P-OK-EG-P-A-----\$--		494
VI174	P-QKG-EG-P-A--		487
VI69	P-OK-EG-SP-A--		486
BZ162	P-QKE-EG-P-A--		485
VI325	PR-TK-----QGS-----		486
CONSENSUS-G	P-?E-----?-----\$--		487
AG_9_2NGU83	P-KE-----S-----\$--		499
AG_9_3NGU03	L-RE-----SP-----\$--		499
AG_LBV217	P-----		487
CONSENSUS-H	P-?-----?-----P-A-----S-LL-		492
VI225	P-----P-A-----		490
VI557	P-RK-A-S-----		489
90CR056	D-OK-...DKE-P-A-R----S-LL-		500
CONSENSUS-O	EN-?QKG-..??.-FA----T-Q		444
ANT'0	EN-OKG..GPN----.FA----T-Q		498
MV75180	EN-SQKG..DOE----.FA----T-Q		498
CONSENSUS-CPZ	?-?????..??.-??-??-----?--?		333
CPZGAB	E-K-GES...S-P-----S-----		508
CPZANT	--GLKGE...E--P-SY-----K-Q		522