

## HIV1 POL

### Protein Alignment Summary Table (Pol)

Name	Accession No.	Region	First Author	Reference
<b>CONSENSUS-A</b>				
92UG037	U51190	complete genome	Gao, F.	J. Virol. 70 (3), 1651–1657 (1996)
U455	M62320	complete genome	Oram, J.D.	ARHR 6 (9), 1073–1078 (1990)
Q23	AF004885	complete genome	Poss, M.,R.A.	Unpublished
92UG059	AF009403	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92UG031	AF009398	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92RW008	AF009407	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92RW016	AF009409	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92UG035	AF009399	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92TH003	AF009382	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92TH021	AF009391	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92TH007	AF009384	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92TH009	AF009385	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92TH011	AF009386	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92TH015	AF009387	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92TH019	AF009389	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92TH005	AF009383	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92TH020	AF009390	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92TH022	AF009392	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
92TH024	AF009394	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348–6358 (1997)
<b>CONSENSUS-B</b>				
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)
<b>LAI</b>				
	K02013	complete genome	Wain-Hobson, S.	Cell 40, 9–17 (1985)
<b>HXB2</b>				
	K03455	complete genome	Rosen, C.A.	Cell 41, 813–823 (1985)
<b>NI43</b>				
	M19921	complete genome	Adachi, A.	J. Virol. 59, 284–291 (1986)
<b>MN</b>				
	M17449	complete genome	Gurgo, C.	Virology 164, 531–536 (1988)
<b>JRC5F</b>				
	M38429	complete genome	Koyanagi, S.	Science 236, 819 (1987)

JRFL	U63632	complete genome	O'Brien, W.A.	Nature 348, 69 (1990)
P896	U39362	complete genome	Collman, R.	J. Virol. 66, 7517 (1992)
WEAU160	U21135	complete genome	Ghosh, S.K.	Unpublished (1995)
92BR017	AF009371	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92BR018	AF009372	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92BR020	AF009374	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
L.L0	AF027718	pol	Wong, J.K.	Science 278 (5341), 1291-1295 (1997)
92BR004	AF009370	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92BR028	AF009380	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92BR003	AF009369	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92BR021	AF009375	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92BR024	AF009377	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92BR030	AF009381	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92BR026	AF009379	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92BR019	AF009373	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
AP6.4	AF011754	pol	Tachedjian, G.	Unpublished
CONSENSUS-C				
92BR025	U52953	complete genome	Gao, F.	J. Virol. 70 (3), 1651-1667 (1996)
ETH2220	U46016	complete genome	Salmhinen, M.O.	ARHR 12(14), 1329-1339 (1996)
92RW026	AF009410	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92BR023	AF009376	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
CONSENSUS-D				
ELI	K03454	complete genome	Alizon, M.	Cell 46, 63-74 (1986)
Z2Z6	M22639	complete genome	Theodore, T.	Unpublished (1988)
NDK	M27323	complete genome	Spire, B.	Gene 81, 275-284 (1989)
94UG1141	U88824	complete genome	Gao, F.	Unpublished
92UG001	AF009395	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92UG038	AF009400	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92UG021	AF009396	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92UG024	AF009397	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92UG046	AF009401	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92UG067	AF009405	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)

## HIV1 POL

92UG065	AF009404	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92UG070	AF009406	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
92UG053	AF009402	pol	Cornelissen, M.T.	J. Virol. 71, 6348-6358 (1997)
CONSENSUS-F				
93BR020	AF005494	complete genome	Gao, F.	Unpublished
CONSENSUS-G				
92NG083	U88826	complete genome	Gao, F.	Unpublished (1997)
92NG003	U88825	complete genome	Gao, F.	Unpublished (1997)
CONSENSUS-H				
U40561	AF005496	complete genome	Gao, F.	Unpublished
CONSENSUS-O				
ANT70C	L20587	complete genome	Vanden Haesevelde, M.	J. Virol. 68 (3), 1586-1596 (1994)
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 POL

```
MEAL160 protease \ / p51, p66 Reverse Transcriptase
CONSENSUS-C IGGFIKVRQYDQVPIEICGHKAIGTVLVGPTPEVNIIGRMLLIQIIGCTLNFPISPIETVAVKLRPMGDGKVKQMPLTEKIKALVIEICTEMKEEGKISKIGPENPYNTPVFAIKKDKSTKWKLVDFRRL
92BR025      I?--K--K-----M--L--L-----TA-D--R--T-----
IND8        IL--K--K-----M--L--L-----TA-E--D--T-----
IND7        ILD--K--K-----M--L--L-----TA-D--T-----
IND6        IND6--K--K-----M--L--L-----TA-D--T-----
IND5        IND5--K--K-----M--L--L-----TA-E--T-----
IND4        IND4--K--K-----M--L--L-----TA-D--G-----
ETH2220     I-I--K--K-----M--L--R-----TA-E--Q--R-----
92BR026     IL--K--K-----M--L--L-----TA-E--R-----
92BR023     IL--K--K-----M--L--L-----TA-D--R--R-----
CONSENSUS-D I?--K--K-----M--L--L-----TA-D--T-----
ELI        I--Q-----I--D-----R-----
Z226       IL--Y--M-----I--R-----R-----
NDK        I-L-----I-S-L-----
94UG114.1  I--Y--I-----T--AD--R-----
92UG001    IL--Y--V-----K-----R-----
92UG038    ITVD--V-----D-----R-----
92UG021    ILV-----I--D-----TR--I-----
92UG024    ILV-----I--D-----R-----
92UG046    ILV--Y-----I--D-----TR--I-----
92UG067    ILV-----Y-----R-----TK--R-----
92UG065    IL-----R-----T--S-----R-----
92UG070    E-ILV-----T--S-----R-----
92UG053    E-IQV-----T--M-----
CONSENSUS-F K-SIL--R-----M-----H-----T--M-----
93HR020.1  K-SIL--R-----M-----H-----T--M-----
CONSENSUS-G ?-IL--?--K--I--M-----I-----?d-----I-----
AG_SE6165  IL--G--K-----I--M-----R-----T--x-----I-----
AG_92NG083 E-A--K-----I-----R-----T--KD-----I-----
CONSENSUS-H E-A--K-----I-----R-----S-I-----
90CR056    KE-?N-TV-?-?-?EVQ-?-I-GL-----AP--B--TA-Q-Q-----R-----S-I-----
CONSENSUS-O KE--N-TV--E-REVO-----I-GL-----AP--B--TA-Q-Q-----R-----G-----
ANT70     MDP5180  KE-NN-TV-VQ-KEVO-----L-I-GL-----AP--B--TA-Q-Q-----R-----I-----
CONSENSUS-C PZ      ?-?-?-?-?-?-?R?V?-----?-?-?-?-?-?-?-----?-?-?-?-?-?-?-?-----I-----
CPZGAB    K-F-N-H--E-R-VV-----I--L--V--S-----SA-----T--Q-----I-----
CPZANT    S-Q--NK--O-GDRIVLIA--L--N-----V-CLL-----KV-----E-----R-----SK--E--K--DKL--A-N--R--D-----I-----TS-----
235
210
234
87
87
87
87
87
242
173
175
229
234
234
236
175
175
175
174
175
175
175
175
235
235
216
81
234
234
207
231
231
144
143
235
```



# HIV1 POL

WEAU160	NRRTQDFWEVQGLPHPSSGLKK .KKSVTYLDVGDAYFSVPLDEDFRKYTATIPSINNETPGIRYQVNVLPQGMKGSBALPQSSMTR ILBEFRKQNDPDIYGYWMDLIVYGSDELEGHRTKLEELRQHL	polymerase motif	
CONSENSUS-A	-----?A-----S-----T-----A-----S?-----A-----S-----S?-----?-----?-----		364
92UG037	-----A-----S-----T-----A-----S-----S?-----A-----S-----S?-----?-----?-----		326
U455	---TA---S---H---T---V---S---S---H---A---A---A---A---E---E---		365
Q23	---A---#---H---E---A---V---SK---E---A---A---A---A---A---A---		364
92UG059	---A---S---N---T---A---V---K---S---S---I---A---A---A---A---G---		304
92UG031	---A---I---N---T---A---V---S---K---I---R---SK---I---T---A---A---A---		304
92RM008	---#G---#-A#---S---T---T---T---T---R---S---E---I---#---V---#---A---		301
92RM016	---A---G---G---S---T---T---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		302
92UG035	---A---K---K---K---EM---T---T---I---SK---EM---I---E---#---A---		304
92TH003	---A---A---N---S---EM---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		303
92TH021	---A---A---N---S---EM---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		304
92TH007	---A---A---N---S---EM---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		304
92TH009	---A---A---N---S---EM---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		304
92TH011	---A---A---N---S---EM---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		304
92TH015	---A---A---I---S---EM---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		304
92TH019	---A---A---S---EM---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		304
92TH005	---A---A---S---EM---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		304
92TH020	---A---A---I---S---EM---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		304
92TH022	---A---A---S---EM---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		304
92TH024	---A---A---S---EM---T---I---S---E---I---#---V---#---A---		303
CONSENSUS-B	-----a-----k-----D---RK---EM-----D---A---#-----		364
SF2	-----a-----k-----D---RK---EM-----D---A---#-----		364
LAI	-----A-----K-----D---RK---EM-----D---A---#-----		376
HXB2R	-----A-----O-----C-----G-----A-----R-----		364
NI43	-----A-----O-----C-----G-----A-----R-----		364
MN	-----A-----K-----I-----I-----V-----A-----D-----		367
JRCGSF	---R---A---R---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		368
JRFL	---K---A---R---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		364
P896	---A---A---R---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		364
VE1RT	---A---V---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		209
VE2RT	---A---A---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		209
VE3RT	---A---A---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		209
VE4RT	---A---A---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		209
VE5RT	---A---A---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		209
VE6RT	---A---A---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		209
VE7RT	---A---A---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		209
VE8RT	---A---A---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		209
RTPX	---A---A---K---K---V---C---G---E---#---A---A---		209
PO117B	---A---R---N---I---K---R---C---G---E---#---A---A---		218
92BR017	---A---R---N---I---K---R---C---G---E---#---A---A---		303
92BR018	---A---A---E---V---V---#---A---A---A---A---		303
92BR020	---A---A---KE---R---C---G---E---#---A---A---		304
L110	---A---A---K---xx---D---A---V---K---		308
92BR004	---A---A---K---xx---D---A---V---K---		303
92BR028	---A---A---H---G---T---P---EL---L---V---K---		304
92BR003	---A---A---H---G---T---P---EL---L---V---K---		304
92BR021	---A---A---T---T---V---A---A---A---		303
92BR024	---A---A---K---T---T---A---#---#---V---V---		304
92BR030	---A---A---I---K---A---#---#---V---V---		303
92BR026	---A---A---K---T---T---A---#---#---V---V---		304
BF_93BR019	---A---A---K---T---T---A---#---#---V---V---		304
AP6.4	---C---A---N---I---KE---T---EM---R---Y---		209

HIV1 POL

polymerase motif

WEAU160	NRRTQDFWEVQLGIPHPDGIK	KKSVTVLVDVGDAYFVSPVLDDEDFPKRYTAFTTIP	SINNETPGIRYQYNVLPQGMKGSPPAIFQSSMTKILIEPRKONPDI	VIYQYMDLIVGSDLEIGQHRKIEELRQHL	364
CONSENSUS-C	-A-	-Y-	-G-	-T-	-A-E-I-
92BR025	-A-	-G-	-R-	-C-	-DR-EL-
IND8	-A-	-Y-	-R-	-C-	-DR-EL-
IND7	-A-	-Y-	-R-	-C-	-DR-EL-
IND6	-A-	-Y-	-R-	-C-	-DR-EL-
IND5	-A-	-Y-	-R-	-C-	-DR-EL-
IND4	-A-	-Y-	-R-	-C-	-DR-EL-
FTH2220	-A-	-G-	-R-	-S-	-A-
92RW026	-A-	-G-	-R-	-S-	-A-
92BR023	-A-	-G-	-R-	-S-	-A-
CONSENSUS-D	-A-	-G-	-R-	-S-	-A-
ELI	-A-	-G-	-R-	-S-	-A-
Z226	-A-	-G-	-R-	-S-	-A-
NDK	-A-	-G-	-R-	-S-	-A-
94UG114.1	-A-	-H-	-T-	-T-	-EM-I-
92UG001	-A-	-V-	-T-	-T-	-E-
92UG038	-A-	-I-	-T-	-T-	-EM-
92UG021	-A-	-Y-	-T-	-T-	-EM-
92UG024	-A-	-Y-E-	-T-	-T-	-EM-
92UG046	-A-	-Y-E-	-T-	-T-	-EM-
92UG067	-A-	-Y-	-N-	-I-	-EM-
92UG065	-R-	-Y-E-	-C-I-	-I-	-EM-
92UG070	-A-	-Y-K-	-L-	-C-	-EM-
92UG053	-A-	-K-	-L-	-Q-	-EM-
CONSENSUS-F	-A-	-K-	-L-	-Q-	-EM-
93BR020.1	-A-	-S-	-T-	-V-	-AK-
CONSENSUS-G	-A-	-Y-	-T-	-V-	-AK-
AG_SE6165	-A-	-S-	-T-	-V-	-AK-
AG_92NG083	-A-	-R-	-T-	-V-	-AK-
CONSENSUS-H	-A-	-R-	-T-	-V-	-AK-
90CR056	-A-	-S-	-T-	-V-	-AK-
CONSENSUS-O	-A-	-S-	-T-	-V-	-AK-
ANT70	-A-	-S-	-T-	-V-	-AK-
MV5180	-G-	-Q-Q-	-P-	-V-	-RD-EL-E-C-
CONSENSUS-CPZ	-A-	-Q-RQ-	-P-	-V-	-RD-EL-E-C-
CPZGAB	-A-	-Q-	-P-	-V-	-RD-EL-E-C-
CPZANT	-I-	-Q-	-P-	-V-	-RD-EL-E-C-

# HIV1 POL

```

WEAV160        LRWGFITTDKKHOKDPPELMMGYELHPDKWTVPFKILPEKESMWTVNDIQKLWGKLNWASQTYAGIKVKQLCKLLRGTKALTEILPITEAEFLAENREI...IKEPVHGYYDPKRDLLAELOKOGOGQ
CONSSENSUS-A  -?---?-----E-----?-----?-----D-VTL-----D-----D-----?-----?---I---D-
92UG037        -K-I-----E-----E-----Q-D-D-VTL---A-D-VTL---D-VTL-----D-----D-----D-----D-
U455          -S-I-----E-----E-----Q-D-D-VTL---A-D-VTL---D-VTL-----D-----D-----D-----D-
Q23           -S-HL-----E-----E-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
92UG059       -S-L-----E-----E-----Q-D-D-VTL---A-D-VTL---D-VTL-----D-----D-----D-----D-
92UG031       -S-L-----E-----E-----H-----H-----A-D-VTL---A-D-VTL---D-VTL-----D-----D-----D-----D-
92RW008       -S-----E-----E-----V-K-DP-----P-----A-D-VTL---A-D-VTL---D-VTL-----D-----D-----D-----D-
92RW016       -S-----E-----E-----Q-D-D-----D-VTL---D-VTL---D-VTL-----D-----D-----D-----D-
92UG035       -S-A-----E-----E-----Q-N-D-----D-----A-P-#VVTL---A-P-#VVTL---D-VTL-----D-----D-----D-----D-
92TH003       -S-----E-----E-----R-----R-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
92TH021       -S-----E-----E-----R-----R-----E-D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
92TH007       -S-----E-----E-----R-----R-----E-D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
92TH009       -S-----E-----E-----R-----R-----E-D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
92TH011       -S-----E-----E-----R-----R-----E-D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
92TH015       -S-----E-----E-----R-----R-----E-D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
92TH019       -S-----E-----E-----R-----R-----E-D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
92TH005       -S-----E-----E-----R-----R-----E-D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
92TH020       -S-----E-----E-----#-----#-----E-D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
92TH022       -S-----E-----E-----R-----R-----E-D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
92TH024       -S-----E-----E-----R-----R-----E-D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
CONSSENSUS-B  -S-----E-----E-----R-----R-----E-D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-
SF2           -S-----E-----E-----v-----v-----d-----d-----v-----l-----v-----l-----E-----I-----I-----I-----
LAI          -L-----E-----E-----M-----M-----D-----D-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----I-----I-----
HXB2R       -L-----E-----E-----V-----V-----D-----D-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----I-----I-----
NL43        -L-----E-----E-----V-----V-----D-----D-----VV-----L-----L-----L-----L-----I-----I-----
MN          -L-----E-----E-----V-----V-----D-----D-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----
JRC5F       -K-----E-----E-----V-----V-----D-----D-----V-----L-----V-----L-----K-----K-----V-----I-----
JRFL        -K-----E-----E-----V-----V-----D-----D-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----
P896       -K-----E-----E-----V-----V-----D-----D-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----
VE2RT       -G-----E-----E-----M-----M-----E-----E-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----I-----D-----
VE1RT       -K-----E-----E-----M-----M-----E-----E-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----I-----D-----
VE3RT       -K-----E-----E-----V-----D-----D-----H-----H-----P-----P-----V-----AL-----K-----I-----I-----
VE4RT       -K-----E-----E-----V-----D-----D-----V-----D-----D-----P-----P-----V-----SL-----I-----I-----
VE5RT       -K-----E-----E-----V-----D-----D-----R-----R-----P-----P-----V-----SL-----I-----I-----
VE6RT       -K-----E-----E-----V-----ED-----D-----P-----P-----WAA-----V-----L-----V-----L-----E-----
VE7RT       -K-----E-----E-----V-----V-----D-----D-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----E-----
VE8RT       -K-----E-----E-----V-----V-----D-----D-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----E-----
RTPX       -W-----Y-----E-----E-----V-----D-----D-----V-----L-----K-----K-----V-----L-----K-----K-----P-----P-----
PO117B      -WK-----Y-----E-----E-----VP-----D-----D-----X-----X-----V-----V-----SL-----S-----I-----
92BR018     -K-----E-----E-----D-----D-----D-----D-----R-----R-----S-----S-----V-----L-----V-----L-----
92BR020     -E-----E-----E-----E-----D-----D-----D-----D-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----
L 10       -K-----E-----E-----E-----E-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----D-----V-----L-----V-----L-----
92BR004     -L-----E-----E-----#-----#-----V-----V-----D-----D-----VV-----L-----A-----A-----I-----I-----
92BR028     -L-----E-----E-----M-----M-----D-----D-----P-----P-----R-----R-----VV-----L-----A-----A-----I-----I-----
92BR021     -K-----E-----E-----E-----E-----V-----D-----D-----#-----#-----R-----R-----VV-----L-----I-----I-----
92BR024     -K-----E-----E-----V-----V-----D-----D-----V-----D-----D-----P-----P-----R-----R-----V-----L-----V-----L-----
92BR030     -L-----E-----E-----V-----V-----D-----D-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----V-----L-----I-----I-----
92BR026     -L-----E-----E-----M-----M-----D-----D-----D-----D-----G-----G-----VV-----L-----V-----L-----
BF_93BR019 -D-----O-----E-----E-----T-----D-----D-----V-----V-----L-----A-----A-----VV-----L-----A-----A-----I-----I-----
AP6_4       -WK-----Y-----E-----E-----V-----D-----D-----V-----L-----R-----R-----I-----I-----VV-----L-----V-----L-----I-----L-----
  
```

491

446  
492  
490  
490  
392  
392  
389  
389  
392  
391  
392  
392  
392  
391  
392  
392  
391  
392  
391  
491  
491  
494  
495  
491  
491  
491  
491  
491  
491  
491  
491  
491  
491  
491  
491  
503  
491  
491  
491  
491  
491

HIV1 POL

WEAV160 491
CONSENSUS-C -K-----E-----Q-----D-----R-----a-----D-V-L-----
92BR025 -K-----E-----Q-----D-----R-----A-----D-V-L-----
IND8 -K-----E-----Q-----D-----R-----A-----D-V-L-----
IND7 -K-----E-----Q-----D-----R-----A-----D-V-L-K-----
IND6 -K-----E-----Q-----D-----R-----A-----D-V-L-K-----
IND5 -K-----E-----Q-----D-----R-----A-----D-V-L-----
IND4 -K-----E-----Q-----D-----R-----V-----D-V-L-----
ETH2220 -K-----E-----Q-----D-----R-----A-----D-VTL-----
92RW026 -K-----E-----H-----D-----#-----VSL-----
92BR023 -K-----E-----Q-----D-----R-----A-----G-V-L-----
CONSENSUS-D -K-----E-----Q-----D-----R-----A-----G-V-L-----
ELI -K-----E-----S-----V-----L-----N-ER-----V-----L-----
Z226 -K-----E-----S-----V-----L-----R-----R-----V-----L-----
NDK -K-----E-----N-----V-----L-----V-----L-----
94UG114.1 -K-----E-----Y-----E-----H-----A-----V-----L-----
92UG001 -K-----E-----E-----P-----R-----RH-----R-----A-----V-----L-K-----
92UG038 -K-----E-----E-----Q-----D-----S-----A-----V-----L-K-----
92UG021 -K-----E-----E-----M-----P-----R-----A-----V-----L-----
92UG024 -K-----E-----E-----E-----P-----R-----C-----A-----V-----L-----
92UG046 -K-----E-----E-----E-----P-----IR-----CI-----A-----V-----L-----
92UG067 -K-----E-----E-----E-----P-----R-----C-----A-----V-----L-----
92UG065 -K-----E-----E-----E-----P-----V-----R-----C-----A-----VVTL-----
92UG070 -K-----E-----E-----E-----P-----R-----R-----CI-----V-----L-----
92UG053 -K-----E-----E-----E-----P-----R-----CI-----V-----L-----
CONSENSUS-F -K-----L-----Q-----D-----D-----P-----R-----A-----D-V-L-T-----
93BR020.1 -K-----L-----E-----Q-----D-----D-----P-----A-----D-V-L-T-----
CONSENSUS-G -K-----L-----E-----Q-----?-----?-----A-----D-V-L-?-----?-----
AG\_SE6165 -K-----L-----X-----Ex-----P-----H-----R-----A-----D-V-L-A-----M-----
AG\_92NG083 -K-----L-----E-----E-----Q-----D-----D-----P-----H-----R-----A-----D-V-L-A-----M-----
90CR056 -K-----E-----E-----TV-----D-----PN-----A-----D-----L-----K-----R-----I-----
CONSENSUS-H -K-----E-----E-----TV-----D-----PN-----A-----D-----L-----K-----R-----I-----
CONSENSUS-O -K-----E-----E-----?-----Q-----?-----?-----V-----?-----I-----S-----VV-LSR-----E-----?-----?-----Q-----D-----WVI-----?-----
ANP170 -K-----E-----E-----S-----Q-----N-----DV-----Q-----R-----R-----E-----I-----S-----VV-LSR-----E-----R-----I-----Q-----D-----WVI-----GE-----
MVE5180 -K-----YQ-----?-----?-----E-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----
CONSENSUS-CPZ -K-----YQ-----?-----?-----E-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----?-----
CPZGAB -K-----K-----O-----V-----V-----I-----I-----K-----DVV-----L-----P-----I-----I-----K-----DVI-----L-----P-----I-----I-----VST-----D-----E-----I-----G-----NC-----
CPZANT -QV-----LB-----E-----Q-----K-----PDD-----K-----PDD-----R-----I-----T-----R-----I-----V-----S-----DRVOM-----R-----E-----KQ-----KKK-----QOKIE-----Y-----Q-----GLP-----K-----TI-----S-----

HIV1 POL

WEAU160 CONSENSUS-A 92UG037 U455 Q23 CONSENSUS-B SP2 LAI HXB2R NL43 MN JRCSF JRFL P896 VE1RT VE2RT VE3RT VE4RT VE5RT VE6RT VE7RT VE8RT RTPX AP6.4

WTYQIYQPEPFKNIKTGKVARVNGAHTNDVQKQLEAVQKITTSISIVIMGKTPKFLPQKQETWETWTEWQATWIPBEMFVNTPPLVVKLMYQLEKEPIVGAETPVYDGAANKETKLGKAGYVYNTNGRQVR

p51 \ / RNase H

621  
622  
623  
624  
625  
626  
627  
628  
629  
630  
631  
632  
633  
634  
635  
636  
637  
638  
639  
640  
641  
642  
643  
644  
645  
646  
647  
648  
649  
650  
651  
652  
653  
654  
655  
656  
657  
658  
659  
660  
661  
662  
663  
664  
665  
666  
667  
668  
669  
670  
671  
672  
673  
674  
675  
676  
677  
678  
679  
680  
681  
682  
683  
684  
685  
686  
687  
688  
689  
690  
691  
692  
693  
694  
695  
696  
697  
698  
699  
700

WEAU160 CONSENSUS-C 92BR025 IND8 IND7 IND6 IND5 IND4 ETH2220 CONSENSUS-D ELI Z226 NDK 94TGI14.1 CONSENSUS-F 93BR020.1 CONSENSUS-G AG\_92NG083 90CR056 CONSENSUS-H CONSENSUS-O AN170 MVE5180 CONSENSUS-CPZ CPZGAB CPZANT

WTYQIYQPEPFKNIKTGKVARVNGAHTNDVQKQLEAVQKITTSISIVIMGKTPKFLPQKQETWETWTEWQATWIPBEMFVNTPPLVVKLMYQLEKEPIVGAETPVYDGAANKETKLGKAGYVYNTNGRQVR

p51 \ / RNase H

621  
622  
623  
624  
625  
626  
627  
628  
629  
630  
631  
632  
633  
634  
635  
636  
637  
638  
639  
640  
641  
642  
643  
644  
645  
646  
647  
648  
649  
650  
651  
652  
653  
654  
655  
656  
657  
658  
659  
660  
661  
662  
663  
664  
665  
666  
667  
668  
669  
670  
671  
672  
673  
674  
675  
676  
677  
678  
679  
680  
681  
682  
683  
684  
685  
686  
687  
688  
689  
690  
691  
692  
693  
694  
695  
696  
697  
698  
699  
700





HIV1 POL

WEAUI160  
 CONSENSUS-A  
 92UG037  
 U455  
 Q23  
 CONSENSUS-B  
 SP2  
 LAI  
 HXB2R  
 NL43  
 MN  
 JRC5F  
 JRF1  
 P896

vi f cds ->

WEAUI160  
 CONSENSUS-C  
 92BR025  
 ETH220  
 CONSENSUS-D  
 E11  
 Z226  
 NDK  
 94UG114.1  
 CONSENSUS-F  
 93BR020.1  
 CONSENSUS-G  
 AG\_92NG083  
 CONSENSUS-H  
 90CR056  
 CONSENSUS-O  
 ANT10  
 MVE5180  
 CONSENSUS-CPZ  
 CPZGAB  
 CPZANT

vi f cds ->