

II

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Introduction	175
Table of features annotated in the HIV-1/SIVcpz complete genome alignments	176
Table of sequences in HIV-1/SIVcpz complete genome alignments	177
Notes on full-length HIV-1/SIVcpz complete genomes	180
Nucleotide alignment of HIV-1/SIVcpz complete genomes	196

Alignment of HIV-1/SIVcpz Genomes

The goal with the selection of which sequences that go into the published Compendium alignment was, in the limited space of two pages per alignment section, to display a representative genetic variation from the HIV-1 world. The basis for this was considering phylogenetic trees including all sequences as well as removing known duplicates and close clone sequences from the same isolates or patients, thereby creating a non-redundant set. With more subtypes, and in particular CRFs, being detected and described by full genome sequencing, the trend is towards only being able to show the available reference sequences from each such epidemiological unit. The four reference sequences attempt a similar goal in describing the genetic variation within each subtype and CRF. For some more important subtypes we were still able to add more than four sequences this year, however.

The alignment was generated by an iterative process between automated alignment using HMMER and manual editing using MASE, BioEdit and Se-Al. As in previous years, the alignment presented is not suggested to be an “optimal alignment” with the absolute minimum number of gaps and mismatches. It is a compromise between optimal alignment, readability, and an attempt to keep insertions and deletions from altering the protein reading frame presentation. Most gaps have been introduced in multiples of 3 bases to maintain open reading frames when translated directly from the alignment.

At the bottom of the alignment, protein sequences, based on the HXB2 sequence are indicated; the HIV genome has many overlapping coding regions, and all are shown. For more complete annotation of functional domains, see the protein sequence alignments in Part IV.

 Features of HIV-1 annotated in the alignment that follows

DNA	Page	Protein
5' LTR U3 start	196	
TCF-1 α	200	
NF-kB-I, II	202	
SpI, II, III	202	
TATA Box	202	
5' LTR U3 end V R repeat begins	204	
mRNA start site	204	
TAR element	204	
Poly-A signal	204	
5' LTR repeat end V U5 start	204	
5' LTR U5 end	206	
Lys tRNA primer binding site	206	
Gag binding loops	208	
Packaging signal	208	
End packaging loops	210	
	210	Gag-Pol start
	218	p17 V p24
	230	p24 V p2
	230	p2 V p7 (NC)
	230	Gag-Pol TF
	234	p7 V p1
ribosome slip site	234	
	234	p1 V p6
	238	gag-pol TF V pol protease
	238	Gag end
	238	Pol protease start
	242	protease V p66/p51 RT
	264	p51 RT V p15 RNase H
	268	p15 RNaseH V p31 integrase
	282	Vif start
	282	Pol end
	290	Vpr start
	290	Vif end
	294	Tat ex1 start
	296	Vpr end
	296	Rev ex1 start
	298	Tat ex1 end, Rev ex1 end
	298	Vpu start
	302	Env signal peptide start
	304	Vpu end, gp120 Env start
	320	V3 loop start, V3 tip
	322	V3 loop end
Rev res. element start, Stem I	330	
	332	gp120 V gp41
Stem IIA, IIIB, IIB', IIC, IIC'	332	
Stem IIA', III-IV', V, V', I'	334	
Stem V, V', I', Rev res. element end	336	
	342	Tat ex2 start Rev ex2 start
	344	Tat ex2 end
	346	Subtype C Rev ex2 end
	348	Rev ex2 end
	350	Env gp41, gp160 end
	350	Nef start
polypurine tract	356	
3' LTR U3 start	356	
TCF-1 α binding	360	
	362	Nef end
NF-k-BII	364	
NF-k-BI, SPI-III, II, I	364	
TATA box	364	
poly-A signal	366	
3' LTR U3 end V repeat start	366	
3' LTR repeat end V 3' LTR U5 start	366	
3' LTR U5 end	368	

Table 1. Table of sequences included in the HIV-1/SIVcpz complete genome alignments.

Name	Accession	Country	Author	Reference
A1.KE.94.Q23_17	AF004885	Kenya	Poss, M	<i>J Virol</i> 72 (10):8240–51 (1998)
A1.UG.92.92UG037	U51190	Uganda	Gao, F	<i>J Virol</i> 70 (3):1651–67 (1996)
A1.SE.94.SE7253	AF069670	Sweden	Laukkanen, T	<i>AIDS</i> 13 (14):1819–26 (1999)
A1.UG.98.98UG57136	AF484509	Uganda	Harris, ME	<i>ARHR</i> 18 (17):1281–90 (2002)
A1.UA.00.98UA0116	AF413987	Ukraine	Masharsky, AE	<i>ARHR</i> 19 (10):933–9 (2003)
A1.RU.03.03RU	AY500393	Russia	Papuashvili, MN	Unpublished
A1.TZ.01.A173	AY253305	Tanzania	Herbinger, K-H	<i>ARHR</i> 20 (8):895–901 (2004)
A2.CD.97.97CDKFE4	AF286240	D.R.C.	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8):675–88 (2001)
A2.CD.97.97CDKS10	AF286241	D.R.C.	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8):675–88 (2001)
A2.CD.97.97CDKTB48	AF286238	D.R.C.	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8):675–88 (2001)
A2.CY.94.94CY017_41	AF286237	Cyprus	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8):675–88 (2001)
A3.SN.01.DDI579	AY521629	Senegal	Meloni, ST	<i>J Virol</i> 78 (22):12438–12445 (2004)
A3.SN.01.DDJ369	AY521631	Senegal	Meloni, ST	<i>J Virol</i> 78 (22):12438–12445 (2004)
A3.SN.96.DDJ360	AY521630	Senegal	Meloni, ST	<i>J Virol</i> 78 (22):12438–12445 (2004)
B.FR.83.HXB2	K03455	France	Wong-Staal, F	<i>Nature</i> 313 (6000):277–84 (1985)
B.TH.90.BK132	AY173951	Thailand	Hierholzer, J	<i>ARHR</i> 18 (18):1339–1350 (2002)
B.NL.00.671_00T36	AY423387	Netherlands	Geels, MJ	<i>J Virol</i> 77 (23):12430–12440 (2003)
B.US.98.1058_11	AY331295	U.S.A.	Bernardin, F	<i>J Virol</i> 79 (17):11523–8 (2005)
B.US.90.WEAU160	U21135	U.S.A.	Tozser, J	<i>FEBS Lett</i> 281 (1-2): 77–80 (1991)
B.AU.96.MBCD36	AF042105	Australia	Oelrichs, RB	<i>ARHR</i> 14 (9):811–4 (1998)
B.RU.x.04RU129005	AY751406	Russia	Papuashvili, MN	Unpublished
B.CO.01.PCM074	AY561240	Colombia	Sanchez, GI	Unpublished
B.AR.00.ARMS008	AY037269	Argentina	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15): F41–7 (2001)
B.GA.88.OYI	M26727	Gabon	Huet, T	<i>AIDS</i> 3 (11):707–15 (1989)
C.BR.92.BR025-d	U52953	Brazil	Gao, F	<i>J Virol</i> 70 (3):1651–1667 (1996)
C.ET.86.ETH2220	U46016	Ethiopia	Salminen, MO	<i>ARHR</i> 12 (14):1329–39 (1996)
C.IN.95.95IN21068	AF067155	India	Lole, KS	<i>J Virol</i> 73 (1):152–60 (1999)
C.ZA.04.SK164B1	AY772699	South Africa	Kiepiela, P	<i>Nature</i> 432 (7018):769–775 (2004)
C.AR.01.ARG4006	AY563170	Argentina	Carr, JK	Unpublished
C.BR.x.04BR013	AY727522	Brazil	Sanabani, SS	Unpublished
C.BW.00.00BW07621	AF443088	Botswana	Novitsky, VA	<i>J Virol</i> 76 (11):5435–51 (2002)
C.IN.99.01IN565_10	AY049708	India	Khurana, S	Unpublished
C.TZ.01.BD9_11	AY253322	Tanzania	Herbinger, K-H	<i>ARHR</i> 20 (8):895–901 (2004)
C.ZM.96.96ZM651	AF286224	Zambia	Rodenburg, CM	<i>ARHR</i> 17 (2):161–8 (2001)
C.UY.01.TRA3011	AY563169	Uruguay	Carr, JK	Unpublished
C.KE.00.KER2010	AF457054	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13):1809–20 (2002)
D.CD.83.ELI	K03454	D.R.C.	Alizon, M	<i>Cell</i> 46 (1):63–74 (1986)
D.CM.01.01CM_4412HAL	AY371157	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
D.UG.94.94UG114	U88824	Uganda	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (7):5680–98 (1998)
D.TZ.01.A280	AY253311	Tanzania	Herbinger, K-H	<i>ARHR</i> 20 (8):895–901 (2004)
D.CD.83.NDK	M27323	D.R.C.	Spire, B	<i>Gene</i> 81 (2):275–84 (1989)
D.TD.99.MN012	AJ488927	Chad	Vidal, N	<i>JAIDS</i> 33 (2):239–46 (2003)
D.KE.01.NKU3006	AF457090	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13):1809–20 (2002)
D.UG.99.99UGK09958	AF484499	Uganda	Harris, ME	<i>ARHR</i> 18 (17):1281–90 (2002)
D.UG.99.99UGD23550	AF484485	Uganda	Harris, ME	<i>ARHR</i> 18 (17):1281–90 (2002)
D.ZA.86.R482	AY773341	South Africa	Loxton, AG	Unpublished

F1.BE.93.VI850	AF077336	Belgium	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1):95–104 (2000)
F1.BR.89.BZ126	AY173957	Brazil	Hierholzer, J	<i>ARHR</i> 18 (18):1339–1350 (2002)
F1.BR.93.93BR020_1	AF005494	Brazil	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (7):5680–98 (1998)
F1.FI.93.FIN9363	AF075703	Finland	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1):95–104 (2000)
F1.FR.96.MP411	AJ249238	France	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2):139–51 (2000)
F2.CM.02.02CM_0016BBY	AY371158	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
F2.CM.95.MP255	AJ249236	Cameroon	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2):139–51 (2000)
F2.CM.95.MP257	AJ249237	Cameroon	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2):139–51 (2000)
F2.CM.97.CM53657	AF377956	Cameroon	Carr, JK	<i>Virology</i> 286 (1):168–81 (2001)
G.BE.96.DRCBL	AF084936	Belgium	Debyser, Z	<i>ARHR</i> 14 (5):453–9 (1998)
G.CM.01.01CM_4049HAN	AY371121	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
G.ES.99.X138	AF450098	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5):536–43 (2002)
G.FI.93.HH8793_12_1	AF061641	Finland	Salminen, MO	<i>ARHR</i> 8 (9):1733–42 (1992)
G.NG.92.92NG083	U88826	Nigeria	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (7):5680–98 (1998)
G.SE.93.SE6165	AF061642	Sweden	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 247 (1):22–31 (1998)
H.BE.93.VI991	AF190127	Belgium	Janssens, W	<i>AIDS</i> 14 (11):1533–43 (2000)
H.BE.93.VI997	AF190128	Belgium	Janssens, W	<i>AIDS</i> 14 (11):1533–43 (2000)
H.CF.90.056	AF005496	C.A.R.	Murphy, E	<i>ARHR</i> 9 (10):997–1006 (1993)
J.SE.93.SE7887	AF082394	Sweden	Laukkanen, T	<i>ARHR</i> 15 (3):293–7 (1999)
J.SE.94.SE7022	AF082395	Sweden	Laukkanen, T	<i>ARHR</i> 15 (3):293–7 (1999)
K.CD.97.EQTB11C	AJ249235	D.R.C.	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2):139–51 (2000)
K.CM.96.MP535	AJ249239	Cameroon	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2):139–51 (2000)
01_AE.TH.90.CM240	U54771	Thailand	Laukkanen, T	<i>J Virol</i> 70 (9):5935–43 (1996)
01_AE.TH.00.OUR200I	AY358066	Thailand	Tovanabuttra, S	<i>ARHR</i> 20 (5):465–75 (2004)
01_AE.TH.01.OUR414I	AY358050	Thailand	Tovanabuttra, S	<i>ARHR</i> 20 (5):465–75 (2004)
01_AE.TH.02.OUR769I	AY358062	Thailand	Tovanabuttra, S	<i>ARHR</i> 20 (5):465–75 (2004)
02_AG.NG.x.IBNG	L39106	Nigeria	Howard, TM	<i>ARHR</i> 10 (12):1755–7 (1994)
02_AG.FR.91.DJ264	AF063224	France	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 247 (1):22–31 (1998)
02_AG.CM.02.02CM_1669LE	AY371139	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
02_AG.UZ.02.02UZ693	AY829204	Uzbekistan	Carr, JK	Unpublished
03_AB.BY.00.98BY10443	AF414006	Belarus	Masharsky, AE	<i>ARHR</i> 19 (10):933–9 (2003)
03_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	Russia	Liitsola, K	<i>AIDS</i> 12 (14):1907–19 (1998)
03_AB.RU.98.RU98001	AF193277	Russia	Liitsola, K	<i>Scand J Infect Dis</i> 32 (5):475–80 (2000)
04_cpx.CY.94.CY032	AF049337	Cyprus	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (12):10234–41 (1998)
04_cpx.GR.91.97PVCH	AF119820	Greece	Nasioulas, G	<i>ARHR</i> 15 (8):745–58 (1999)
04_cpx.GR.97.97PVMY	AF119819	Greece	Nasioulas, G	<i>ARHR</i> 15 (8):745–58 (1999)
05_DF.BE.x.VI1310	AF193253	Belgium	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1):95–104 (2000)
05_DF.BE.93.VI961	AF076998	Belgium	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1):95–104 (2000)
05_DF.ES.99.X492	AY227107	Spain	Casado, G	<i>ARHR</i> 19 (8):719–25 (2003)
06_cpx.AU.96.BFP90	AF064699	Australia	Oelrichs, RB	<i>ARHR</i> 14 (16):1495–500 (1998)
06_cpx.EE.x.EE0359	AY535659	Estonia	Adojaan, M	Unpublished
06_cpx.ML.95.95ML127	AJ288982	Mali	Montavon, C	<i>ARHR</i> 15 (18):1707–12 (1999)
06_cpx.SN.97.97SE1078	AJ288981	Senegal	Montavon, C	<i>ARHR</i> 15 (18):1707–12 (1999)
07_BC.CN.x.CNGL179	AF503396	China	McClutchan, FE	<i>ARHR</i> 18 (15):1135–40 (2002)
07_BC.CN.97.97CN001	AF286226	China	Rodenburg, CM	<i>ARHR</i> 17 (2):161–8 (2001)
07_BC.CN.97.CN54	AX149771	China	Shao, Y	Patent: WO 0136614-A 125
07_BC.CN.98.98CN009	AF286230	China	Rodenburg, CM	<i>ARHR</i> 17 (2):161–8 (2001)
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	AY008715	China	Piyasirisilp, S	<i>J Virol</i> 74 (23):11286–95 (2000)
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	AY008716	China	Piyasirisilp, S	<i>J Virol</i> 74 (23):11286–95 (2000)
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	AY008717	China	Piyasirisilp, S	<i>J Virol</i> 74 (23):11286–95 (2000)
08_BC.CN.98.98CN006	AF286229	China	Rodenburg, CM	<i>ARHR</i> 17 (2):161–8 (2001)

09_cpx.GH.96.96GH2911	AY093605	Ghana	McCutchan, FE	<i>ARHR</i> 20 (8):819–26 (2004)
09_cpx.SN.95.95SN1795	AY093603	Senegal	McCutchan, FE	<i>ARHR</i> 20 (8):819–26 (2004)
09_cpx.SN.95.95SN7808	AY093604	Senegal	McCutchan, FE	<i>ARHR</i> 20 (8):819–26 (2004)
09_cpx.US.99.99DE4057	AY093607	U.S.A.	McCutchan, FE	<i>ARHR</i> 20 (8):819–26 (2004)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	AF289548	Tanzania	Koulinska, IN	<i>ARHR</i> 17 (5):423–31 (2001)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	AF289549	Tanzania	Koulinska, IN	<i>ARHR</i> 17 (5):423–31 (2001)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	AF289550	Tanzania	Koulinska, IN	<i>ARHR</i> 17 (5):423–31 (2001)
11_cpx.GR.x.GR17	AF179368	Greece	Paraskevis, D	<i>ARHR</i> 16 (9):845–55 (2000)
11_cpx.CM.96.4496	AF492623	Cameroon	Wilbe, K	<i>ARHR</i> 18 (12):849–856 (2002)
11_cpx.FR.99.MP1298	AJ291719	France	Montavon, C	<i>ARHR</i> 18 (3):231–6 (2002)
11_cpx.CM.02.02CM_2190SA	AY371151	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
12_BF.AR.99.ARMA159	AF385936	Argentina	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15); F41-7 (2001)
12_BF.ES.02.X1241	AY536238	Spain	Sierra, M	<i>Infect Genet Evol</i> 5 (3):209–17 (2005)
12_BF.UY.99.URTR23	AF385934	Uruguay	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15); F41-7 (2001)
12_BF.AR.97.A32879	AF408629	Argentina	Thomson, MM	<i>J Gen Virol</i> 83 (Pt 1):107–19 (2002)
13_cpx.CM.96.1849	AF460972	Cameroon	Wilbe, K	<i>ARHR</i> 18 (12):849–856 (2002)
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	AY371154	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5):521–30 (2004)
13_cpx.CM.96.4164	AF460974	Cameroon	Wilbe, K	<i>ARHR</i> 18 (12):849–856 (2002)
14_BG.ES.00.X605	AF450096	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5):536–43 (2002)
14_BG.ES.00.X623	AF450097	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5):536–43 (2002)
14_BG.ES.99.X397	AF423756	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5):536–43 (2002)
14_BG.ES.99.X421	AF423757	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5):536–43 (2002)
15_01B.TH.99.99TH_R2399	AF530576	Thailand	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 19 (7):561–567 (2003)
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	AF529572	Thailand	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 19 (7):561–567 (2003)
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	AF529573	Thailand	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 19 (7):561–567 (2003)
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	AF516184	Thailand	Viputtijul, K	<i>ARHR</i> 18 (16):1235–7 (2002)
16_A2D.KR.97.97KR004	AF286239	Korea	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8):675–88 (2001)
18_cpx.CM.97.CM53379	AF377959	Cameroon	Carr, JK	<i>Virology</i> 286 (1):168–81 (2001)
N.CM.97.YBF106	AJ271370	Cameroon	Ayouba, A	<i>AIDS</i> 14 (16):2623–5 (2000)
N.CM.02.DJO0131	AY532635	Cameroon	Bodelle, P	<i>ARHR</i> 20 (8):902–908 (2004)
N.CM.95.YBF30	AJ006022	Cameroon	Simon, F	<i>Nat Med</i> 4 (9):1032–7 (1998)
O.BE.87.ANT70	L20587	Belgium	Vanden Haesevelde, M	<i>J Virol</i> 68 (3):1586–96 (1994)
O.SN.99.SEMP1300	AJ302647	Senegal	Vergne, L	<i>J Clin Microbiol</i> 38 (11):3919–25 (2000)
O.CM.91.MVP5180	L20571	Cameroon	Gurtler, LG	<i>J Virol</i> 68 (3):1581–5 (1994)
O.CM.96.96CMABB637	AY169810	Cameroon	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 19 (11):979–988 (2003)
CPZ.CD.x.ANT	U42720	D.R.C.	Vanden Haesevelde, M	<i>Virology</i> 221 (2):346–50 (1996)
CPZ.TZ.x.TAN1	AF447763	Tanzania	Santiago, ML	<i>J Virol</i> 77 (3):2233–2242 (2003)
CPZ.GA.x.CPZGAB	X52154	Gabon	Huet, T	<i>Nature</i> 345 (6273):356–9 (1990)
CPZ.US.85.CPZUS	AF103818	U.S.A.	Gao, F	<i>Nature</i> 397 (6718):436–41 (1999)

Table 2. Notes on full-length HIV-1/SIVcpz complete genomes that appear in the alignment

Name	Accession	Country	Author	Reference
A1.KE.94.Q23_17	AF004885	Kenya	Poss, M	<i>J Virol</i> 72 (10):8240–51 (1998)
<p>This subtype A sequence was derived from a woman from Mombasa, Kenya, who had been recently infected with HIV-1. The blood sample was drawn in June 13, 1994. An env gene fragment from a PCR amplification from an earlier blood sample (July 1993) was published in Poss, M., et al. (<i>ARHR</i> 13(6):493–499(1997)). The full length sequence was kindly released prior to publication by M. Poss and colleagues, U. Washington. Many env sequences from this same patient are available with accession numbers AF004893 and AF047979–AF048346.</p>				
A1.UG.92.92UG037	U51190	Uganda	Gao, F	<i>J Virol</i> 70 (3):1651–67 (1996)
<p>This sequence is from a complete genome PCR amplified from proviral DNA. The patient was a 31 year old asymptomatic female from Entebbe, Uganda. 92UGO37 is one of a set of three complete genomes from a study linking the HIV-1 epidemic in the heterosexual population in Thailand to an A/E recombinant. It is obtained through the WHO Global Programme on AIDS (WHO Network, <i>ARHR</i> 10:1327–1344 (1994)) and comes from an asymptomatic 31-year old female from Entebbe, Uganda; she had not taken any anti-retroviral therapy prior to sampling. The risk factor for infection was heterosexual contact. The isolate 92UGO37 was established and propagated by short term cocultivation with normal donor lymphocytes and then the near full length genome was PCR amplified and sequenced. 92UGO37 is subtype A. An LTR sequence is available under accession number U51287 and an additional env/nef sequence with accession number U09127. There is an inframe stop codon in pol at position 3144 in this clone. The isolate from which this sequence was derived is NSI and uses CCR5 or CCR8 (Bjorndal, A. et al., <i>J Virol</i> 71:7478 (1997) and Rucker, J., et al., <i>J Virol</i> 71: 8999–9007 (1997). See also: Gao F. et al., <i>J Virol</i> 70: 7013–7029 (1996). This sequence was kindly made available prior to publication, and is now published (Gao F., et al., <i>J Virol</i> 72(7):5680–5698 (1997)). Biotypes were determined by MT-2 syncytium assay; however, both syncytium-inducing (SI) and non-syncytium-inducing (NSI) variants may be present in the viral “swarm” for each isolate. Recent studies indicate that NSI isolates contain predominantly CCR5-using variants while most SI isolates contain both CXCR4 (SI) and CCR5 (NSI) variants. Some SI isolates may contain dual-tropic variants that use both CXCR4 and CCR5 co-receptors. The isolate 93UG037 is available from the NIH AIDS Reagent program, and is NSI R5.</p>				
A1.SE.94.SE7253	AF069670	Sweden	Laukkanen, T	<i>AIDS</i> 13 (14):1819–26 (1999)
<p>This subtype A sequence is from a 27 year old male living in Sweden, who is thought to have been infected in Somalia via heterosexual contact. The patient was CDC stage C3 when sampled in 1994. The virus is NSI and uses the CCR5 coreceptor. The patient's CD4 count was zero. Virus was cocultured with donor PBMC before PCR amplification and direct sequencing. Small sections of the 5' and 3' LTRs are not included in this sequence.</p>				
A1.UG.98.98UG57136	AF484509	Uganda	Harris, ME	<i>ARHR</i> 18 (17):1281–90 (2002)
<p>One of a set of complete genomes from 46 patients from Uganda. These sequences are from volunteers from Rakai district, 37 of whom are enrolled in cohort studies; they were referred by an AIDS surveillance program or an STD clinic. Another nine sequences were obtained from anonymous discard samples. Of the set, more than half were subtype D; 15% were subtype A; and a quarter were AD recombinants with unique mosaic patterns. A few AC and CD recombinants were also found.</p>				
A1.UA.00.98UA0116	AF413987	Ukraine	Masharsky, AE	<i>ARHR</i> 19 (10):933–9 (2003)
<p>Source of HIV-1 isolate 98UA0116 was blood sample from HIV-1 infected 28-year-old woman from Kiev, Ukraine. She was found to be seropositive in 1998 and was presumed to be infected parenterally as intravenous drug user (IDU). Blood sample was obtained in 2000 as a part of large-scale molecular epidemiological survey in countries of the former Soviet Union (FSU): Ukraine, Belarus and Russia. Within the framework of this survey all samples were serotyped using gp120 V3 mimicking peptides and selected ones were genotyped by sequencing V3–V5 env and p17/p24 gag genome regions. According to these tests isolate 98UA0116 belonged to subtype A which was one of two prevalent HIV-1 variants among IDUs in countries of the FSU. Full-length genome of this isolate was obtained by amplifying eight overlapping subgenomic fragments from PBMCs DNA using nested PCR. Amplified fragments were cloned and sequenced. This is the second cloned and sequenced full-length genome of subtype A HIV-1 isolate from the FSU after isolate 97BL006 (GenBank accession number AF193275).</p>				
A1.RU.03.03RU200613	AY500393	Russia	Papuashvili, MN	Unpublished

- A1.TZ.01.A173 AY253305 Tanzania Herbinger, K-H *ARHR* **20**(8):895–901 (2004)
This sequence comes from a HIV-1-positive blood bank unit collected between October 2000 and August 2001 from Mbeya, Tanzania.
- A2.CD.97.97CDKFE4 AF286240 Congo Gao, F *ARHR* **17**(8):675–88 (2001)
This sequence was obtained from an asymptomatic pregnant woman from Kinshasa, DRC, as part of a molecular epidemiological survey conducted in April 1997. The sequence was derived from uncultured PBMCs.
- A2.CD.97.97CDKS10 AF286241 Congo Gao, F *ARHR* **17**(8):675–88 (2001)
This sample was obtained during a molecular epidemiological study survey in Kinshasa, DRC, in April 1997.
- A2.CD.97.97CDKTB48 AF286238 Congo Gao, F *ARHR* **17**(8):675–88 (2001)
This sample was obtained during a molecular epidemiological study survey in Kinshasa, DRC, in April 1997. This sequence is from a primary culture of virus obtained from a patient suffering from tuberculosis.
- A2.CY.94.94CY017_41 AF286237 Cyprus Gao, F *ARHR* **17**(8):675–88 (2001)
This sequence was obtained from a 35 year old female AIDS patient from Nicosia, Cyprus (HO17). Her husband and child and the husband's sexual partner were also infected with this strain, which may have originated in the UK. The sequence is from a primary isolate.
- A.SN.01.DDI579 AY521629 Senegal Meloni, ST *J Virol* **78**(22):12438–12445 (2004)
Nearly full length genome defined as sub-subtype A3.
- A.SN.01.DDJ369 AY521631 Senegal Meloni, ST *J Virol* **78**(22):12438–12445 (2004)
Nearly full length genome defined as sub-subtype A3.
- A.SN.96.DDJ360 AY521630 Senegal Meloni, ST *J Virol* **78**(22):12438–12445 (2004)
Nearly full length genome defined as sub-subtype A3.
- B.FR.83.HXB2 K03455 France Wong-Staal, F *Nature* **313**(6000):277–84 (1985)
This sequence was from provirus cloned lambda phage and is derived from IIIB isolate related to LAI. This clone has been extensively studied. Sequence for [25] kindly provided in computer readable form by L.Ratner, 19-AUG-1986. The HXB2R sequence is being used as a reference genome for all the HIV entries because it has been derived from a demonstrably infectious clone. Hence not all of the sites references above were concerned with this isolate. Since the earliest appearance of this sequences in the HIV database and in GenBank (prior to the 1987 publication of [3]), the 5 LTR only is shown with annotation of differences from [1] so as to facilitate coordination with [3] and with the latest information on splice sites. Revisions were made by [5], [6], and [7] with approval of the principal author of [3]. These affect restriction site analyses, in particular upstream of the gag cds start and in the envelope cds; the latter affect the RRE sequence at 7266. Many of the revisions bring the HXB2 sequence closer to the BH10 sequence, yet these were the differences receiving possible the more recent HXB2 sub clones are BH10 contaminants. Be that as it may, HXB2 clones currently in use have a sequence most closely approximated by the sequence below. For a full comparison of the IIIB/LAV sibling sequences, see Part III page 25 of the 1990 Compendium. 2 additional changes to the sequence of HXB2R were made per Marvin Reitz (personal correspondence) 6/91: the t at site 8383 was changed to c, and the g at site 8427 was changed to a. The vpU cds not annotated below do not possess a start codon in the normal position (bases 5608 to 5610; ACG). Schwartz et al., *J. Virol.* 64: 2519-2529, state that HXB2 does not produce vpU protein (it remain an infectious clone). The minimal continuous RRE (CAR) of 204 nt is defined by [7] to start coordinate 7327. Dr. Seth Pincus et al. [8] report a dingle base deletion after codon 686 of the envelope gene in an E variant set of clones, which results in premature termination of translations and the surface of infected cell. This sequences is from the French isolate LAI (formerly BRU) which is also referred to as IIIB. (Wain-Hobson85). Also see (Alizon86), (Lukashov95b) and (WainHobson91). GenBank accession numbers K02013, L23090-L23103, X01762, L48380-L48399, M64178-M64233, M64406-M64415 and M64768-M64775, AF033819. Other sequences which are of this type include: PV22, K08083; MFA, M33943 (Stevenson90); un-named, Z11530; and HXB, K03455, M15654; TH4, L31963; MCK1, D86068; PM213, D86069; F23CG, Z11530; and HXB, K03455, M38432, M64775 and M14100. The variation of the IIIB isolate in culture was studied by (Lockey96), GenBank accession numbers U54647, U54649, U87984, U54653, U654655, U54657, U54659, U54665, U54655, U54681, U54683, U54685 and U54689. The variation of IIIB/LAI in 9 years of infection in a chimpanzee has been studied by Fultz et al. unpublished, GenBank accession numbers U56866-U56833

and U56888 U56899. The IIIB/LAI isolate of HIV-1 has also been extensively studied in cases such as the infected lab worker. See for example (Reitz94), (Pincus94) U12030 U12055. The tropism of isolates from the lab worker for primary PBMCs and failure to grow in T-cell lines was localized to the V3-loop by Lishan Su et al. (Su97). Recombinant virus pNL4-3, with envelope from LAI(BRU) and gag-pol from NY5 has also been studied: (Adachi86) GenBank accession number M19921, (Duensing 95) GenBank accession number L42371 and (Salminen95) GenBank accession number U26942. Other Genbank entries with IIIB-LAI sequences can be found in the patented sequences section and in the cloning vector section (for example U19867 and A00647). Primary reference: Wain-Hobson S, Sonigo P, Danos O, Cole S, Alizon M. Nucleotide sequence of the AIDS virus, LAV. *Cell* 1985 Jan;40(1):9-17. Also see: Lukashov VV, Goudsmit J. Increasing genotypic and phenotypic selection from the original genomic RNA populations of HIV-1 strains LAI and MN (NM) by peripheral blood mononuclear cell culture, B-cell-line propagation and T-cell-line adaptation. *AIDS* 1995 Dec;9(12):1307-11. Wain-Hobson S, Vartanian JP, Henry M, Chenciner N, Cheyner R, Delassus S, Martins LP, Sala M, Nugeyre MT, Guetard D, et al. LAV revisited: origins of the early HIV-1 isolates from Institut Pasteur. *Science* 1991 May 17;252(5008):961-5. The NCBI REFSEQ for HIV-1 is also a clone of HXB2, but it lacks the first 454 bases of this sequence, and has the Vpu start codon (defective ACG in this sequence) corrected to ATG. See entries with accession numbers NC_001802 and AF033819.

- B.TH.90.BK132 AY173951 Thailand Hierholzer, J *ARHR* 18(18):1339-1350 (2002)
This sample originates from Thailand in 1990. Genome sequence lacks part of non-coding region.
- B.NL.00.671_00T36 AY423387 Netherlands Geels, MJ *J Virol* 77(23):12430-12440 (2003)
This sequence comes from a set of samples from patient H671. Patient H671 entered the Amsterdam Cohort Studies on 5 June 1986 and tested seropositive for HIV-1-specific antibodies on 22 March 1995. Serum samples and PBMCs were collected every 3 months. The CD4+ cell count at the set point was 1120 cells/ml. The patient showed wild-type homozygosity for CCR2 and SDF-1, but heterozygosity for CCR5delta32. The patient's complete HLA type was A3.32; B51.15; CW3.6; DR4.8; DQ7. The patient was infected with an AZT resistant virus, and has not received any antiviral treatment.
- B.US.98.1058_11 AY331295 USA Bernardin, F *J Virol* 79(17):11523-8 (2005)
Bernardin [PMID 16103205] studied 9 African-American plasma donors during seroconversion period. Each was sequenced at 2 time points separated by 7-28 days.
- B.US.90.WEAU160 U21135 USA Tozser, J *FEBS Lett* 281(1-2): 77-80 (1991)
Sequence kindly provided prior to publication by Sajal K. Ghosh, UAB, Birmingham. A cytopathic HIV-1 virus was cloned from an acutely infected patient in 1990. The clone WEAU 1.60 is replication competent and upon transfection produces highly cytopathic T-cell tropic virus. The clone and the viral isolate from which it was derived are syncytium-inducing (SI). Genbank accession number U21135. The WEAU 1.60 clone was obtained from a coculture of the patient's PBMCs, first with normal donor PHA-stimulated lymphocytes for 14 days, then with the H9 T-cell line for another 14 days. The patients' blood specimen was obtained 15 days after the onset of clinical symptoms of acute (primary) infection, and 35 days after a single sexual encounter with a partner whose virus was proven phylogenetically to be responsible for the transmission event. (According to Wei et al. 2003, seroconversion occurred 4 days after the 16-day sample, i.e., 20 days after the acute primary infection.) The patient is identified as "Patient #1" in *N. Engl. J. Med.* 324: 954-960 (1991) and as "WEAU 0575" in *Science* 259: 1749-1754 (1993). The patient is also discussed in Borrow et al., *Nat Med*, 3:205-11 (1997). The WEAU 1.60 clone has been completely sequenced from a plasmid. It appears to group with subtype B viruses. There is a deletion of a single T at position 9069, resulting in a frameshift mutation and premature termination of nef. The frameshifting deletion in nef was NOT present in the patients' unclutured PBMCs where instead there is a "T". The nef gene was not interrupted in 10 of 10 clones analyzed by PCR sequencing from the unclutured PBMCs. It has been sequenced in its entirety by two different labs (G. Shaw and L. Hood) with 100% concordance. This sequence has one extra base at the 3' end that has been removed from our multiple sequence alignments. Lentiviruses all end with TAGCA this one ends with TAGCAG so the terminal "G" is probably vector or host genome.
- B.AU.96.MBCD36 AF042105 Australia Oelrichs, RB *ARHR* 14(9):811-4 (1998)
Biological source: Peripheral blood cultured with donor PBMC on 10/4/96 from Sydney Blood Bank Cohort member D36; D36 is the Cohort donor; (Deacon, N.J. *Science* 270, 988-991 (1995)). Patient is a homosexual Caucasian male infected at age 22 in December 1980. He remains asymptomatic. Virus isolation: Donor PBMC co-culture. Sequencing: Hirt supernatant DNA was obtained from low-passage number donor PBMC culture and sequence derived from overlapping PCR products. Sequence shows previously described deletions in the nef/LTR region. All

other open reading frames are intact and the nucleic acid sequence clusters within subtype B in p17, pol and env. Viral phenotype: Dual tropic.

- B.RU.x.04RU129005 AY751406 Russia Papuashvili, MN Unpublished
- B.CO.01.PCM074 AY561240 Colombia Sanchez, GI Unpublished
- B.AR.00.ARMS008 AY037269 Argentina Carr, JK *AIDS* **15**(15); F41-7 (2001)
This sequence came from a 34 year old heterosexual female in Buenos Aires, Argentina. The sample was collected in 2000.
- B.GA.88.OYI M26727 Gabon Huet, T *AIDS* **3**(11):707-15 (1989)
This sequence is derived from the Gabonese isolate OYI, designated elsewhere as isolate 397, was obtained from a healthy HIV-1 infected individual presenting a typical Western Blot. This sequence is from a lambda phage clone, the cloned provirus being functionally defective. The vpu gene does not have a start codon. Phylogenetic analysis reveals that the sequence is closely related to the North American isolate SF2 and the European virus HAN (across the genome). This is the first report of a virus from Africa that clusters with North American rather than Zairean viruses: OYI and SF2 differ by approximately 7% in envelope. The single C -> S substitution at residue 22 of the OYI tat protein renders it inactive, but may not account for the avirulence of the virus. 5 sibling sequences for OYI(397), each 59 bases long, are available (see the 1989 HIV Database Compendium page I-A-181).
- C.BR.92.BR025-d U52953 Brazil Gao, F *J Virol* **70**(3):1651-1667 (1996)
This sequence is from a PCR clone from a primary isolate that is part of a set obtained through WHO Global Programme on AIDS (WHO Network, ARHR 10:1327-1344 (1994)). It is from a 23 year old male hemophilia patient from Porto Alegre, Brazil. He had seroconverted more than 1.2 months prior to the date this blood sample was collected in 1992. He was asymptomatic, and had not taken any anti-retroviral therapy prior to sampling. 92BR025 was established and propagated by short-term co-cultivation with normal donor lymphocytes, and then the near full length genome was PCR amplified and sequenced. The HIV isolate exhibited an NSI phenotype, when assayed by the WHO. The full length genome is clone 8, 92BR025.8. This clone has two inframe stop codons in pol at positions 2141, and 3115, and a frame shift mutation at position 4131. Additional env, nef and ltr region sequences are available from this isolate: U09126, U09132, U51282, and U15121. The isolate 92BR025 is available from the NIH AIDS Reagent program, and is NSI R5. A small region of Gag, beginning very near the junction of p1/p6 (position 2131 in the HXB2R K03455 genome; 1471 in this genome) and ending before the end of p6 (position 2237 in HXB2R; position 1579 in this genome) was discovered to be subtype B at the HIV Database. This region includes 3 indels that are highly indicative of either subtype B or C, that contribute to the B-like nature of this region in 92BR025, but which would be overlooked if gapstripping were used prior to bootscanning.
- C.ET.86.ETH2220 U46016 Ethiopia Salminen, MO *ARHR* **12**(14):1329-39 (1996)
ETH2220 is the first reported (almost full length) subtype C sequence from Ethiopia. The patient from which this clone was obtained was taken in 1986. In its genomic organization this clone closely resembles subtype A, B, and D isolates except that the core promoter contains three potential binding sites for the transcription factor NF-kB instead of containing two. This is a feature that was preserved in other Ethiopian C subtype samples, as well as C viruses from Zambia. This sequence was cloned as a PCR amplified near full length genome, and has a defective tat gene.
- C.IN.95.95IN21068 AF067155 India Lole, KS *J Virol* **73**(1):152-60 (1999)
A small section of the 5' LTR sequence present in the 21068 virus is not included in this sequence. It is derived from primary PBMC coculture taken Feb. 18, 1995 from a 21 year old man from Pune in Maharashtra State, India who seroconverted in 1994. His only identified risk factor for HIV infection was genital ulcer disease. This sample is available in plasmid form through the NIH AIDS Research and Reference Reagent Program and is named p95IN21068.
- C.ZA.04.SK164B1 AY772699 South africa Kiepiela, P *Nature* **432**(7018):769-775 (2004)
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- C.AR.01.ARG4006 AY563170 Argentina Carr, JK unpublished
Collected from patient ARG4006 a 39 year old male coinfectd with TB. Sample was collected in 2001. Subtype C.

- C.BR.x.04BR013 AY727522 Brazil Sanabani, SS Unpublished
- C.BW.00.00BW07621 AF443088 Botswana Novitsky, VA *J Virol* **76**(11):5435–51 (2002)
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- C.IN.99.01IN565_10 AY049708 India Khurana, S Unpublished
Additional clones from the same individual are presented in GenBank Accession Numbers AY047909, AY047910, and AY047911 obtained from 34 yr. old female probably infected during multiple transfusion 4-6 months prior to collection of blood on August 17, 1999; patient suffered from pulmonary tuberculosis and was on anti-tuberculosis drugs for 3 months at the time of blood collection
- C.TZ.01.BD9_11 AY253322 Tanzania Herbinger, K-H *ARHR* **20**(8):895–901 (2004)
This sample came from a HIV-1-positive blood bank unit collected between October 2000 and August 2001 from Mbeya, Tanzania.
- C.ZM.96.96ZM651 AF286224 Zambia Rodenburg, CM *ARHR* **17**(2):161–8 (2001)
This sequence is part of an international survey of subtype C, based mostly on isolates obtained by the UNAIDS and NIAID networks for isolation and characterization of HIV. DNA was isolated from PBMC after short-term coculture. The samples included CRF07 and CRF08 BC recombinants.
- C.UY.01.TRA3011 AY563169 Uruguay
Collected from patient TRA3011 a 25 year old male commercial sexworker. Sample collected in 2001. Subtype C. A premature stop in pol is due to a single base deletion around base 4032.
- C.KE.00.KER2010 AF457054 Kenya Dowling, WE *AIDS* **16**(13):1809–20 (2002)
Sample comes from a blood bank at Kericho District Hospital, Kenya in year 2000. An erratum to the publication was published in *AIDS* 2002 16(15); 2104.
- D.CD.83.ELI K03454 Congo Alizon, M *Cell* **46**(1):63–74 (1986)
This sequence is of a phage clone derived from the Zairean isolate ELI. ELI was recovered in 1983 from a 24 year old woman with AIDS. All reading frames in this sequence are intact. This sequence is from the Zairean isolate ELI. The complete genomic sequence and an infectious clone are available. In the 1995 Compendium (pages III-45 and III-47), ELI was listed as an unlikely D/A mosaic, with only gp41 being weakly A-like. Entry with accession number M27949 is from this same isolate.
- D.CM.01.01CM_4412HAL AY371157 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
- D.UG.94.94UG114 U88824 Uganda Gao, F *J Virol* **72**(7):5680–98 (1998)
Sample 94UG114 was obtained from an asymptomatic 31-year-old man from Butuku, Uganda as part of the WHO/UNAIDS study. He had not taken any anti-retroviral therapy prior to sampling. His risk factor for infection was heterosexual contact. The near full length genome was PCR amplified from a short term culture of a PBMC sample and sequenced. The isolate from which this sequence was derived is NSI by an MT-2 assay. This sequence was kindly made available prior to publication by Feng Gao. Biotypes were determined by MT-2 syncytium assay; however, both syncytium-inducing (SI) and non-syncytium-inducing (NSI) variants may be present in the viral “swarm” for each isolate. Recent studies indicate that NSI isolates contain predominantly CCR5-using variants while most SI isolates contain both CXCR4 (SI) and CCR5 (NSI) variants. Some SI isolates may contain dual-tropic variants that use both CXCR4 and CCR5 co-receptors. The isolate 94UG114 is available from the NIH AIDS Reagent program, and is NSI R5.
- D.TZ.01.A280 AY253311 Tanzania Herbinger, K-H *ARHR* **20**(8):895–901 (2004)
This sample came from a HIV-1-positive blood bank unit collected between October 2000 and August 2001 from Mbeya, Tanzania.
- D.CD.83.NDK M27323 Congo Spire, B *Gene* **81**(2):275–84 (1989)
The NDK virus was isolated from a Zairean man residing in France. He had AIDS and infected his wife; she infected her lover. The cytopathicity of this virus was found not to be localized to env, and might be regulated by regions of gag, vpr and env. Kindly provided prior to publication by J.-C. Chermann, Pasteur Institute, Marseille.

- D.TD.99.MN012 AJ488927 Chad Vidal, N *JAIDS* **33**(2):239–46 (2003)
This sample was taken from a native of Chad between 1999 and 2000 attending the National Hospital of N'Djamena, the main health center in Chad. DNA was extracted from primary PBMC.
- D.KE.01.NKU3006 AF457090 Kenya Dowling, WE *AIDS* **16**(13):1809–20 (2002)
Sample was taken 2001 from a blood bank at Rift Valley Provincial Hospital, Kenya.
- D.UG.99.99UGK09958 AF484499 Uganda Harris, ME *ARHR* **18**(17):1281–90 (2002)
One of a set of complete genomes from 46 patients from Uganda. These sequences are from volunteers from Rakai district, 37 of whom are enrolled in cohort studies; they were referred by an AIDS surveillance program or an STD clinic. Another nine sequences were obtained from anonymous discard samples. Of the set, more than half were subtype D; 15% were subtype A; and a quarter were AD recombinants with unique mosaic patterns. A few AC and CD recombinants were also found.
- D.UG.99.99UGD23550 AF484485 Uganda Harris, ME *ARHR* **18**(17):1281–90 (2002)
One of a set of complete genomes from 46 patients from Uganda. These sequences are from volunteers from Rakai district, 37 of whom are enrolled in cohort studies; they were referred by an AIDS surveillance program or an STD clinic. Another nine sequences were obtained from anonymous discard samples. Of the set, more than half were subtype D; 15% were subtype A; and a quarter were AD recombinants with unique mosaic patterns. A few AC and CD recombinants were also found.
- D.ZA.86.R482 AY773341 South Africa Loxton, AG Unpublished
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- F1.BE.93.VI850 AF077336 Belgium Laukkanen, T *Virology* **269**(1):95–104 (2000)
Small sections of the 5' and 3' LTRs are not included in this sequence. This sequence was isolated from a Belgian man in 1993 whose wife was infected in Zaire (now called the Dem Rep of the Congo). This sequence was kindly provided prior to publication by J. Carr et al. This sequence was originally classified as subtype F, but because F is readily subdivided into two distinct categories, it has been reclassified as subtype F1. See Triques et al, *Virology*, 259(1):99-109 (1999).
- F1.BR.89.BZ126 AY173957 Brazil Hierholzer, J *ARHR* **18**(18):1339–1350 (2002)
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- F1.BR.93.93BR020_1 AF005494 Brazil Gao, F *J Virol* **72**(7):5680–98 (1998)
This sequence was originally classified as subtype F, but because F is readily subdivided into two distinct categories, it has been reclassified as subtype F1. See Triques et al, *Virology*, 259(1):99-109 (1999). This sample is part of a set of sequences generated through the WHO Global Programme on AIDS (WHO Network, *ARHR* 10:1327-1344 (1994) and came from an asymptomatic HIV seropositive bisexual contact. The isolate 92BR020 was established and propagated by short term co-cultivation with normal donor lymphocytes, and then the near full length genome was PCR amplified and sequenced. The isolate 92BR020 was described as syncytium inducing (SI) using an MT-2 assay. An envelope gene sequence from this isolate is described in Gao, F., et al., *J Virol* 70:1651-1657 (1996). This sequence was kindly made available prior to publication, and was eventually published in Gao, F. et al., *J Virol* 72(7):5680-98 (1998). There were no defective genes. A summary of isolates with known co-receptor usage can be found in the HIV database reviews.
- F1.FI.93.FIN9363 AF075703 Finland Laukkanen, T *Virology* **269**(1):95–104 (2000)
The virus was isolated in 1993 from a Finnish male who claims that he was most likely infected in Finland in 1985 by a Kenyan woman, however, he had multiple partners. This sequence was originally classified as subtype F, but because F is readily subdivided into two distinct categories, it has been reclassified as subtype F1.
- F1.FR.96.MP411 AJ249238 France Peeters, M *ARHR* **16**(2):139–51 (2000)
Prior to 1999, the F subtype was made up of 3 distinctive clusters and very diverse viruses. Triques and colleagues have defined a new subtype K, and broken F into two subclusters, F1 and F2. This sequence is a complete genome reference for F1. This isolate was from a French patient who believes he was infected when deployed in Chad or Yugoslavia.

- F2.CM.02.02CM
_0016BBY AY371158 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
- F2.CM.95.MP255 AJ249236 Cameroon Peeters, M *ARHR* **16**(2):139–51 (2000)
Prior to 1999, the F subtype was made up of 3 distinctive clusters and very diverse viruses. Triques and colleagues have defined a new subtype K, and broken F into two subclusters, F1 and F2. This sequences is a complete genome reference for F2.
- F2.CM.95.MP257 AJ249237 Cameroon Peeters, M *ARHR* **16**(2):139–51 (2000)
Prior to 1999, the F subtype was made up of 3 distinctive clusters and very diverse viruses. Triques and colleagues have defined a new subtype K, and broken F into two subclusters, F1 and F2. This sequences is a complete genome reference for F2.
- F2.CM.97.CM53657 AF377956 Cameroon Carr, JK *Virology* **286**(1):168–81 (2001)
This sample came from a 40 year old male in Douala, a large seaport city in Cameroon. He was infected heterosexually and had a VL=307,000 RNA copies/ml.
- G.BE.96.DRCBL AF084936 Belgium Debyser, Z *ARHR* **14**(5):453–9 (1998)
Clinical details are discussed in *ARHR* **14**(5):453-9 (1998) and the analysis of the complete genome is in Oelrichs et al., *ARHR* **15**(6):585-9 (1999). A pregnant 26 year old women was sampled who had lived in Zaire (now called the Dem Rep of the Congo) until 1993, then moved to Belgium. She was diagnosed with AIDS and had a low CD4 when sampled in 1996. Her G subtype virus was not detected by Amplicor Monitor or Nasba RNA kits, although she was found to have a high viral load by branched DNA. The sequence was kindly provided prior to publication by R. Oelrichs et al. This complete genome sequence shows the same pattern of phylogenetic associations as 92NG083 (U88826), HH8793 (AF061640) and SE6165 (AF061642). These four (and other subtype G sequences) form their own clade (subtype G) when the complete gag, pol or env genes are included in the analysis. However, all G subtype genomes have some ambiguous A/G regions in the central part of the genome in a phylogenetically indistinct region in the the accessory gene region from the beginning of vif to the beginning of vpu. The coordinates of this region are 5055 to 6297 on HXB2, and there are several subtypes which become difficult to resolve unambiguously in this region: A, G, and the circulating recombinant forms which resemble the prototypes AE(CM240) and AG(IbNG) (pers. comm., Jean Carr). Of particular note is that a region of gp41 from these viruses clusters with the AE and IbNG circulating recombinant forms. See J. Carr et al *Virology* **247**:22-31 (1998) and F. Gao et al *J Virol* **72**(7):5680-5698 (1998) for analyses of the other genomes with this pattern. At this time (Jan. 1999) it is not clear whether the AE(CM240)circulating recombinant form is AEG triple recombinant, or if the above four genomes are AEG triple recombinant, or if an evolutionary anomaly rather than recombination is the basis for this pattern. This sequence has 2 extra bases on the 3' end. Lentiviruses end with TAGCA and therefor these 2 bases must be host or cloning vector DNA.
- G.CM.01.01CM
_4049HAN AY371121 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
- G.ES.99.X138 AF450098 Spain Delgado, E *JAIDS* **29**(5):536–43 (2002)
This sample is from a female IV drug user from Vigo, Galicia (Spain). The patient was diagnosed with HIV in 1996. The sample was taken in 1999. Genome sequence lacks part of non-coding region.
- G.KE.93.HH8793_12_1 AF061641 Kenya Salminen, MO *ARHR* **8**(9):1733–42 (1992)
Sections of the 5' and 3' LTRs are not included in this sequence. This sample was taken in Finland in June 1993 (Jean Carr, Pers. Communication)
- G.NG.92.92NG083 U88826 Nigeria Gao, F *J Virol* **72**(7):5680–98 (1998)
This sequence is from a PCR clone from a primary culture from the NSI isolate 92NG083; the sample was taken in 1992 from an AIDS patient from Jos, Nigeria. The isolate was originally called JV1083, but was renamed 92NG083 to be consistent with WHO nomenclature. The full length clone has an altered initiation codon at position 157, an inframe stop codon at position 360 in gag, and a vpu frameshift mutation at position 5462.
- G.SE.93.SE6165 AF061642 Sweden Laukkanen, T *Virology* **247**(1):22–31 (1998)
Siblings sequences from the same blood sample:L40743, L40761, L40752 Set: Two female sex partners of this individual. Set_IDs:L40744, L40745, L40753, L40754, L40762, L40763. Sections of the 5' and 3' LTRs are not

- included in this sequence. This patient (6165) was infected in Congo and moved to Sweden. He had tested HIV positive (ELISA and Western Blot) approximately 18 months prior to infecting patient 6167 via heterosexual intercourse and 19 months prior to infecting patient 6168, also via heterosexual intercourse. He had low (35 per ul) CD4 count and dermatological problems but no AIDS defining illness at the time of sampling in 1993. The molecular epidemiology of this patient and the persons he infected was published in Leitner et al, *Virology* 1995, 209:136-146.
- H.BE.93.VI991 AF190127 Belgium Janssens, W *AIDS* **14**(11):1533–43 (2000)
This sequence was isolated from a Belgian man who lived with his Belgian wife in the DRC for 20 years. The wife died of AIDS in 1990. The route of infection was unknown for both.
- H.BE.93.VI997 AF190128 Belgium Janssens, W *AIDS* **14**(11):1533–43 (2000)
This virus was isolated from a Belgian man with multiple sexual contacts in the DRC.
- H.CF.90.056 AF005496 C.A.R. Murphy, E *ARHR* **9**(10):997–1006 (1993)
This sequence clusters with available HIV-1 subtype H sequences in phylogenetic analysis, and is the first available full length H subtype sequence. The isolate comes from Bangui, in the Central African Republic, and was sampled in 1990, from an asymptomatic individual, who had no anti-retroviral therapy. The isolate had an NSI phenotype by an MT-2 assay, and the sample was obtained from the Pasteur Institute, Bangui. The isolate 90CF056 was established and propagated by short term cocultivation with normal donor lymphocytes, and then the near full length genome was PCR amplified, cloned and sequenced. The isolate was at one point designated 90CR056, but was changed to 90CF056 as CR stands for Costa Rica, and CF for Central African Republic. The first genetic characterization of this virus isolate (an env V3 sequence designated 4056, GB accession number L11497, Murphy et al., *ARHR* 9:997-1006 (1993)) left the subtype designation as unclassified, but a second study of this env region sequence classified it as subtype H (W. Janssens, *ARHR* 10:877-879 (1994)). This sequence was kindly made available prior to publication, and was the first subtype H full length genome available (Gao, F. et al., *J Virol* 72(7):5680-98 (1998))The patient was heterosexual, asymptomatic, and the biological phenotype of the isolate was NSI. There were no defective genes in the sequence.
- J.SE.93.SE7887 AF082394 Sweden Laukkanen, T *ARHR* **15**(3):293–7 (1999)
This sequence is from a male who was infected in Sweden between 1993 and 1994. Blood for sequencing was drawn in 1994. He was asymptomatic with aCD4 count of 567. The sequence was kindly provided prior to publication by M. Salminen. This sequence is from the same individual as SE7887 described by T. Leitner et al *ARHR* 11(8):995-997 (1985), see accession numbers L41176 and L41178 for env and gag genes from this individual.
- J.SE.94.SE7022 AF082395 Sweden Laukkanen, T *ARHR* **15**(3):293–7 (1999)
This sequence is from a woman who was infected in Zaire (now called the Democratic Republic of the Congo) between 1981 and 1986. Blood for sequencing was drawn in 1993. She was asymptomatic with a CD4 count of 184. The sequence was kindly provided prior to publication by M. Salminen. This sequence is from the same individual as SE7022 described by T. Leitner et al *ARHR* 11(8):995-997 (1985), see accession numbers L41177 and L41179 for env and gag genes from this individual. Other examples of subtype J have been found in Gambia, see accession numbers U33099, U33100 and U33102.
- K.CD.97.EQTB11C AJ249235 Congo Peeters, M *ARHR* **16**(2):139–51 (2000)
Prior to 1999, the F subtype was made up of 3 distinctive clusters and very diverse viruses. Triques and colleagues have defined a new subtype K, and broken F into two subclusters, F1 and F2. This sequences is a complete genome reference for subtype K.
- K.CM.96.MP535 AJ249239 Cameroon Peeters, M *ARHR* **16**(2):139–51 (2000)
Prior to 1999, the F subtype was made up of 3 distinctive clusters and very diverse viruses. Triques and colleagues have defined a new subtype K, and broken F into two subclusters, F1 and F2. This sequences is a complete genome reference for subtype K.
- 01_AE.TH.90.CM240 U54771 Thailand Laukkanen, T *J Virol* **70**(9):5935–43 (1996)
Blood from an asymptomatic heterosexual 21-year-old Thai man was transported from Thailand to the USA where PBMCs were separated and co-cultivated with PHA-stimulated donor PBMCs. DNA from p24 antigen-positive culture was used to amplify the proviral DNA. The complete genomic sequence of the provirus was determined by

the compilation of three clones containing different parts of the viral genome. CM240 is an example of a Thai subtype E virus, which is a mosaic of a clade A virus and clade E virus, with the gag gene (and other regions) of subtype E viral genome falling within clade A in phylogenetic analysis. This is the pattern of A-E sequences found through out Asia and Africa, and no full length E subtype reference strain has been identified (as for 93TH253). Carr et al., provide detailed analysis of the breakpoints, and point out that the A/E mosaic genomes have a natural pseudotype structure where the external envelope protein spikes on the virion essentially are contributed by the E subtype, and the rest of the viral proteins have a subtype A origin. See also the env sequence from the same isolate (L14572), Mascola J., et al., (JID 169:48-54 (1993)).

01_AE.TH.00.OUR200I AY358066 Thailand Tovanabutra, S *ARHR* **20**(5):465–75 (2004)
This sample came from a 22 year old Karen male injecting drug user in Chaing Mai, Thailand.

01_AE.TH.01.OUR414I AY358050 Thailand Tovanabutra, S *ARHR* **20**(5):465–75 (2004)
This sample came from a 14 year old Thai male in Chiang Mai, Thailand.

01_AE.TH.02.OUR769I AY358062 Thailand Tovanabutra, S *ARHR* **20**(5):465–75 (2004)
This sample came from a 41 year old Thai male injecting drug user in Chiang mai, Thailand.

02_AG.NG.x.IBNG L39106 Nigeria Howard, TM *ARHR* **10**(12):1755–7 (1994)
HIV-1 IbNg was isolated from the PBMCs of an apparently healthy 23 year old man from Nigeria. The patient's PBMCs were cocultured with PHA-stimulated donor PBMCs from an HIV sero-negative donor. After confirming HIV infection in the culture, a mixture of cells and culture supernatant were used to infect a second culture of donor PBMCs, with fresh PHA-stimulated PBMCs added on days 4 and 6. The cultured cells were harvested on day 8 and cytoplasmic RNA was harvested. RT-PCR was used to amplify the complete HIV-1 genome in 5 overlapping segments. The partial env gene sequence (U48628) was originally designated subtype A (Howard, T., et al., *ARHR* **10**:1755-1757 (1994)); as was the full length genome. The full length sequence was eventually shown to be an A/G recombinant with multiple cross-over points (Gao F, et al., (*J. Virol* **70**:7013 (1996)). The breakpoints are mapped in (Robertson, D., et al., part III pages 25-30 of the 1997 compendium). The IbNg sequence has a 16 bp insertion within the Lys-tRNA primer binding site, just 3' of the 5' LTR. It also has a single nucleotide deletion in tat cds at position 5449. See also the entry with accession number U48628, which is from another isolate taken from this same individual. There are many sequences which share recombination breakpoints with IbNG, and are essentially the same recombinant circulating form; IbNG is the prototype for CRF02_AG, and shares a similar structure with DJ264 and DJ263 (Carr et al., *Virology* **247**:22-31 (1998)).

02_AG.FR.91.DJ264 AF063224 France Laukkanen, T *Virology* **247**(1):22–31 (1998)
A small section of LTR sequence present in the DJ263 virus is not included in this file. Carr et al. states that this virus was from a French foreign legion soldier assigned to peace-keeping duties in Djibouti, referencing Louwagie et al (*J Virol* **69**(1):263-271 (1995)). However the Louwagie paper does not mention the French soldiers and only states that the blood sample was from Djibouti. The sample was isolated in 1991. There are several sequences which share AG recombination breakpoints with IbNG, and are essentially the same recombinant recirculating form, CRF02_AG; IbNG is the prototype, sharing a similar structure with DJ264 and DJ263.

02_AG.CM.02.02CM AY371139 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
_1669LE

02_AG.UZ.02.02UZ693 AY829204 Uzbekistan Carr, JK *JAIDS* **39**(5):570–5 (2005)

03_AB.BY.00.98BY AF414006 Belarus Masharsky, AE *ARHR* **19**(10):933–9 (2003)
10443

Source of HIV-1 isolate 98BY10443 was blood sample from HIV-1 infected 27-year-old man from Mogilev, Belarus. He was found to be seropositive in 1998 and was presumed to be infected parenterally as intravenous drug user (IDU) in Kaliningrad, Russia. Blood sample was obtained in 2000 as a part of large-scale molecular epidemiological survey in countries of the former Soviet Union (FSU): Ukraine, Belarus and Russia. Within the framework of this survey all samples were serotyped using gp120 V3 mimicking peptides and selected ones were genotyped by sequencing V3-V5 env and p17/p24 gag genome regions. According to these tests isolate 98BY10443 was gagA/envB recombinant and presumably belonged to circulating recombinant form CRF03-AB which was one of two prevalent HIV-1 variants among IDUs in countries of the FSU. Full-length genome of this isolate was obtained by

amplifying seven overlapping subgenomic fragments from PBMCs DNA using nested PCR. Amplified fragments were cloned and sequenced. This is the third cloned and sequenced full-length genome of CRF03-AB HIV-1 isolate from the FSU and the world over after isolates KAL153 and 98RU001 (GenBank accession numbers AF193276, AF193277).

- 03_AB.RU.97. AF193276 Russia Liitsola, K *AIDS* **12**(14):1907–19 (1998)
KAL153_2
This is the first complete genome sequence of the gag-A/env-B circulating recombinant form which is common among IV drug users in the Kaliningrad region of Russia, and so is considered the prototype of CRF03_AB. The non-recombinant subtype A and subtype B parents of this recombinant are common in southern Ukraine and in Russia. A gag gene sequence from this same patient is available with accession number AF082414. This sequence was kindly provided by Mika Salminen in 1998 as a CRF03 reference strain, prior to the published description.
- 03_AB.RU.98.RU98001 AF193277 Russia Liitsola, K *Scand J Infect Dis* **32**(5):475–80 (2000)
This sequence is subtype A/B recombinant of the CRF03_AB form for which the Kaliningrad sequence KAL153 is a prototype (accession AF193276). The sample was taken in Kaliningrad from a male IVDU in 1998.
- 04_cpx.CY.94.CY032 AF049337 Cyprus Gao, F *J Virol* **72**(12):10234–41 (1998)
This sample, like others in this study (see also subtypes A, B, C, and F) were collected in February 1994 from the AIDS clinic in Nicosia, Cyprus. Patient HO31 was a 24 year old asymptomatic female known to have been HIV seropositive for at least 5 years. Patient HO32 was a 35 year old asymptomatic male, also seropositive for at least 5 years. Both were IVDUs who had lived in Greece and used IV drugs there, before moving to Cyprus. DNA was extracted from patient PBMCs and PCR amplified. Products were cloned and sequenced. Two env gene clones from HO32 and one from HO31 were sequenced (accession numbers U28672, U28673 and U28685). Complete genome is only available for HO32 (CY032). For patient information see Kostrikis, L.G. et al (*J Virol* 69:6122–6130 (1995)). This sequence has the same genetic recombination breakpoints as PVCH and PVMY, and 94CY032 is the prototype of the circulating recombinant form. The Gao et al. 1998 paper characterizes this subtype in greater detail, presenting the first published account of this full length genome. The analysis of C2-V3 env gene sequences confirmed that 94CY032.3 was closely related to sequences previously classified as subtype I. However, the remainder of its genome various regions in which 94CY032.3 was significantly clustered with either subtype A or subtype G. Only regions in vpr, nef, and the middle portions of pol and env, formed independent lineages roughly equidistant from all other known subtypes. Since these latter regions most likely have a common origin, Gao et al. classified them all as subtype I, and report that 94CY032 represents a triple recombinant (A/G/I) with at least 11 points of recombination crossover. Since subtype I is now obsolete and has been found to consist of segments of subtype K as well as regions of unknown or undefined subtype, the designation for this CRF should be AGHKU.
- 04_cpx.GR.91.97PVCH AF119820 Greece Nasioulas, G *ARHR* **15**(8):745–58 (1999)
The sequence was isolated from patient GR11 (accession AF049292) is from the same patient as 97PVCHAF049292. The patient was a 32 year old male IVDU with symptoms (CDC stage B3) in 1991, when sampled. He is no longer living. For patient information see information on patient GR11 in Nasioulas, G. et al. (*ARHR* 14(8):685–90 (1998)). This sequence has the same genetic recombination breakpoints as CY032 and PVMY, and is one of the circulating recombinant forms of which CY032 is the prototype. HIV-1 sequences all begin with TGGAGGGG, and therefore the first seven bases of this sequence ggggact must be cloning vector or host DNA. These 7 bases are removed for the HIV Database genomes alignment.
- 04_cpx.GR.97.97PVMY AF119819 Greece Nasioulas, G *ARHR* **15**(8):745–58 (1999)
The sequence was isolated from a 13 year old whose mother and father were IVDUs. The isolate is also called GR84. This sequence has the same genetic recombination breakpoints as CY032 and PVCH, and is one of the circulating recombinant forms of which CY032 is the prototype. See the previous entry for more information on the mosaic pattern.
- 05_DF.BE.x.VII310 AF193253 Belgium Laukkanen, T *Virology* **269**(1):95–104 (2000)
This sequence is subtype D/F recombinant and is one of the CRF05_DF circulating recombinant form. Another genome of this form is available with accession number AF076998. CRF05_DF sequences have been found in individuals with links to the Democratic Republic of the Congo; VII310 was isolated from a woman who was infected by a man who traveled frequently in the DRC.

- 05_DF.BE.93.VI961 AF076998 Belgium Laukkanen, T *Virology* **269**(1):95–104 (2000)
 Small sections of the 5' and 3' LTRs are not included in this sequence. This sequence seems to be recombinant/mosaic between subtypes D and F. Another sequence of the env gene from this same patient is available with accession number X96530. CRF05_DF sequences have been found in individuals with links to the Democratic Republic of the Congo; VI961 was isolated from the partner of a seropositive man from the DRC.
- 05_DF.ES.99.X492 AY227107 Spain Casado, G *ARHR* **19**(8):719–25 (2003)
 Genome sequence lacks part of non-coding region. This sequence comes from a sample taken in 1999 as part of a study on genetic diversity in Galicia, Spain, originally studied on pol and V3 sequences (Thomson et al, *AIDS* 2001 15;509).
- 06_cpx.AU.96.BFP90 AF064699 Australia Oelrichs, RB *ARHR* **14**(16):1495–500 (1998)
 HIV-1 from Burkina Faso, identified in Australia. The patient is a 32 year old African male who acquired the infection heterosexually in 1991. The patient was diagnosed in August 1996 at which time he had a CD4 count of 125. This sequence was derived by PCR directly from patient PBMCs when therapy-naive. The genome of this virus is a mosaic between subtypes A, G and J. The LTR is subtype J, a segment of about 950 bp at the beginning of gag is subtype A, the remainder of gag and part of the protease sequence are subtype G. Most of the pol gene cannot be assigned to a subtype. The mid-genome accessory region is mostly subtype J. gp120 is subtype G. The 3' region of gp41, the third exons of tat and rev, and the nef gene are subtype J. The subtype G protease region clusters tightly in phylogenetic analysis, with three sequences from the Ivory Coast (accession numbers AF000482, AF000491 and AF000492), indicating that this is possibly a circulating recombinant form with 4 isolates from 2 different countries obtained to date (Aug 1999); BFP90 is now considered the prototype isolate of CRF06_cpx.
- 06_cpx.EE.x.EE0359 AY535659 Estonia Adojaan, M Unpublished
 Genome sequence lacks part of non-coding region.
- 06_cpx.ML.95.95ML127 AJ288982 Mali Montavon, C *ARHR* **15**(18):1707–12 (1999)
 This sequence was submitted with 95ML84, (AJ245481), and classified as the same CRF, however no details are provided about the source or phylogeny in the Montavon et al. paper. The sample is from a sex worker.
- 06_cpx.SN.97.97SE1078 AJ288981 Senegal Montavon, C *ARHR* **15**(18):1707–12 (1999)
 This sequence is noted in Montavon et al. to be most closely associated with the CRF06_cpx virus AJ245481 from Mali, ML84. CRF06 is found in several West African nations, Senegal, Mali, and Burkina Faso. They present in depth characterization of the sample from Mali, and note that SE1078 is similar.
- 07_BC.CN.x.CNGL179 AF503396 China McClutchan, FE *ARHR* **18**(15):1135–40 (2002)
 Genome sequence lacks part of non-coding region. Circulates mainly among IDU in China.
- 07_BC.CN.97.97CN001 AF286226 China Rodenburg, CM *ARHR* **17**(2):161–8 (2001)
 This sequence is reported (Feng Gao and Yiing Shao, personal communication to HIV-DB) to be from the same blood sample (also known as C54) as the sequences with accession numbers AX149647, AX149672, AX149771 and AX149898. The four AX- entries are 100% identical to each other in the env gene region and 98% identical to this sequence. The other CRF07_BC genome available at this time (Sept 2001) is AF286230 from sample CN-009 and is 97% identical to each of these 5 sequences in the env gene.
- 07_BC.CN.97.CN54 AX149771 China Shao, Y Patent: WO 0136614-A)
 This sequence, and the CN001 sequence with accession number AF286226 are both derived from the same blood sample.
- 07_BC.CN.98.98CN009 AF286230 China Rodenburg, CM *ARHR* **17**(2):161–8 (2001)
 This sequence is part of an international survey of subtype C, based mostly on isolates obtained by the UNAIDS and NIAID networks for isolation and characterization of HIV. DNA was isolated from PBMC after short-term coculture. The samples included CRF07 and CRF08 BC recombinants.
- 08_BC.CN.97.97CNGX_6F AY008715 China Piyasirisilp, S *J Virol* **74**(23):11286–95 (2000)
 This sequence is the first complete genome available for the CRF08_BC circulating recombinant form. The ge-

nome is mostly subtype C, with two regions of subtype B.

- 08_BC.CN.97. AY008716 China Piyasirisilp, S *J Virol* **74**(23):11286–95 (2000)
97CNGX_7F
This Chinese isolate is from a unrelated male IDU in Baise. He was in the asymptomatic phase of HIV-1 infection when samples were collected in July 1997. Since the Chinese surveillance system discovered that the epidemic of HIV-1 infection in Guangxi occurred during 1996 to 1997, it is estimated that the duration of infection in these five subjects was probably less than 2 years. The subject had a history of needle sharing.
- 08_BC.CN.97. AY008717 China Piyasirisilp, S *J Virol* **74**(23):11286–95 (2000)
97CNGX_9F
Although this sequence was initially labeled as subtype C, Rodenburg et al in *AIDS Res Hum Retroviruses* **17**(2):161-168 (2001) found that isolate 98CN006 (accession AF286229) is B/C recombinant, and analysis at LANL HIV-DB shows that 97CNGX-9F has the same form, and is closely related to 98CN006. This sequence has thus been re-labeled as a B/C intersubtype recombinant, June 12, 2001.
- 08_BC.CN.98.98CN006 AF286229 China Rodenburg, CM *ARHR* **17**(2):161–8 (2001)
This sequence is part of an international survey of subtype C, based mostly on isolates obtained by the UNAIDS and NIAID networks for isolation and characterization of HIV. DNA was isolated from PBMC after short-term coculture. The samples included CRF07 and CRF08 BC recombinants.
- 09_cpx.GH.96. AY093605 Ghana McCutchan, FE *ARHR* **20**(8):819–26 (2004)
96GH2911
This sequence came from a sample from a 33 year old female commercial sex worker in Ghana. She was infected before 1996 and when the sample was taken. Genome sequence lacks part of non-coding region.
- 09_cpx.SN.95.95SN1795 AY093603 Senegal McCutchan, FE *ARHR* **20**(8):819–26 (2004)
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- 09_cpx.SN.95.95SN7808 AY093604 Senegal McCutchan, FE *ARHR* **20**(8):819–26 (2004)
This sequence is from a sample from a 31 year old female attending an antenatal clinic in Senegal. The sample was taken in 1995 and she was infected before 1993. Genome sequence lacks part of non-coding region.
- 09_cpx.US.99.99DE4057 AY093607 USA McCutchan, FE *ARHR* **20**(8):819–26 (2004)
This sample was taken from a 38 year old male infected 1998 in Germany. Sample was taken in 1999. Genome sequence lacks part of non-coding region.
- 10_CD.TZ.96.96TZ_ AF289548 Tanzania Koulinska, IN *ARHR* **17**(5):423–31 (2001)
BF061
This sequence was isolated from a perinatally infected infant from Dar es Salaam, Tanzania in 1996, and was part of a set of full length HIV-1 genomes characterizing CRF10_CD.
- 10_CD.TZ.96.96TZ_ AF289549 Tanzania Koulinska, IN *ARHR* **17**(5):423–31 (2001)
BF071
This sequence was isolated from a perinatally infected infant from Dar es Salaam, Tanzania in 1996, and was part of a set of full length HIV-1 genomes characterizing CRF10_CD.
- 10_CD.TZ.96.96TZ_ AF289550 Tanzania Koulinska, IN *ARHR* **17**(5):423–31 (2001)
BF110
This sequence was isolated from a perinatally infected infant from Dar es Salaam, Tanzania in 1996, and was part of a set of full length HIV-1 genomes characterizing CRF10_CD.
- 11_cpx.GR.x.GR17 AF179368 Greece Paraskevis, D *ARHR* **16**(9):845–55 (2000)
This subject that this sequence was isolated from was born in 1971 in Zaire, probably infected heterosexually in the DRC in 1991, and moved to in Greece in 1992. The genome is thought to be a mosaic of A/G/E/J.

- 11_cpx.CM.96.4496 AF492623 Cameroon Wilbe, K *ARHR* **18**(12):849–856 (2002)
This genome lacks part of non-coding region. It has been classified by the authors as belonging to the CRF11_cpx circulating recombinant form. The sample was taken from a nontransmitting mother at delivery in Cameroon in 1996. The corresponding virus isolate was R5 tropic.
- 11_cpx.FR.99.MP1298 AJ291719 France Montavon, C *ARHR* **18**(3):231–6 (2002)
This is one of three full-length genome sequences with a similar mosaic structure from epidemiologically unlinked individuals from Cameroon (97CM-MP818) and the Central African Republic (99CF-MP1298 and 99CF-MP1307). Phylogenetic and recombinant analysis confirmed that the three strains had a similar complex recombinant genome, which is now designated CRF11-cpx. This new CRF is composed of successive fragments of subtype A, G, J, and CRF01-AE. The previously reported GR17 virus from a Greek patient infected in the Democratic Republic of Congo (DRC) has a similar structure and should be considered as the prototype strain of CRF11-cpx. This new CRF circulates in Cameroon, Central African Republic, Gabon, and DRC, although the exact prevalences remain to be determined. This patient attended a hospital in Montpellies, France, but was originally from the Cantral African Republic, and probably infected there. The sample was taken in 1999. Lentivirus genomes all end with TAGCA. This one has an extra base from the host genome or cloning vector, a “G” that is removed from the sequence in multiple sequence aignments at LANL.
- 11_cpx.CM.02.02CM_2190SA AY371151 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
- 12_BF.AR.99.ARMA159 AF385936 Argentina Carr, JK *AIDS* **15**(15); F41-7 (2001)
This sequence comes from a sample from a heterosexual 26 year old female from Argentina. She had CDC stage A2 at time of sampling in 1999 and she had a HCV coinfection. This sequence is part of a set of South American isolates from various countries. It is one of the reference strains for CRF12_BF.
- 12_BF.ES.02.X1241 AY536238 Spain Sierra, M *Infect Genet Evol* **5**(3):209–17 (2005)
Genome sequence lacks part of non-coding region.
- 12_BF.UY.99.URTR23 AF385934 Uruguay Carr, JK *AIDS* **15**(15); F41-7 (2001)
This sequence came from a sample derived from a 55 year old male commercial sex worker in 1999 in Uruguay. This sequence is part of a set of South American isolates from various countries. It is one of the reference strains for CRF12_BF.
- 12_BF.AR.97.A32879 AF408629 Argentina Thomson, MM *J Gen Virol* **83**(Pt 1):107-19 (2002)
Genome sequence lacks part of non-coding region. This sequence is CRF12_BF.
- 13_cpx.CM.96.1849 AF460972 Cameroon Wilbe, K *ARHR* **18**(12):849–856 (2002)
Sample comes from a non-transmitting mother in Cameroon, taken at delivery in 1996. Viral load at sampling was 4.9 log copies/ml. The corresponding isolate was R5 tropic. This genome sequence lacks part of non-coding sequence. It has been classified by the authors as belonging to the CRF13_cpx circulating recombinant form. The authors describe the CRF13_cpx recombinant genomic structure as being derived from subtypes A, CRF01_AE, CRF11_cpx, G, J and unclassified.
- 13_cpx.CM.02.02CM_3226MN AY371154 Cameroon Kijak, GH *ARHR* **20**(5):521–30 (2004)
- 13_cpx.CM.96.4164 AF460974 Cameroon Wilbe, K *ARHR* **18**(12):849–856 (2002)
Sample comes from a non-transmitting mother in Cameroon, taken at delivery in 1996. Viral load at sampling was 4.7 log copies/ml. The corresponding isolate was R5 tropic. This genome sequence lacks part of non-coding sequence. It has been classified by the authors as belonging to the CRF13_cpx circulating recombinant form. The authors describe the CRF13_cpx recombinant genomic structure as being derived from subtypes A, CRF01_AE, CRF11_cpx, G, J and unclassified.
- 14_BG.ES.00.X605 AF450096 Spain Delgado, E *JAIDS* **29**(5):536–43 (2002)
Genome sequence lacks part of non-coding region. This CRF appears to be a locally circulating form in Spain (Galicia) and Portugal.

- 14_BG.ES.00.X623 AF450097 Spain Delgado, E *JAIDS* **29**(5):536–43 (2002)
Sample from a Portugese heterosexual male taken 2000 in Pontevedra, Spain. Genome sequence lacks part of non-coding region. This CRF appears to be a locally circulating form in Spain (Galicia) and Portugal.
- 14_BG.ES.99.X397 AF423756 Spain Delgado, E *JAIDS* **29**(5):536–43 (2002)
Sample from a male IDU taken 1999 in Pontevedra, Spain. Genome sequence lacks part of non-coding region. This CRF appears to be a locally circulating form in Spain (Galicia) and Portugal.
- 14_BG.ES.99.X421 AF423757 Spain Delgado, E *JAIDS* **29**(5):536–43 (2002)
Genome sequence lacks part of non-coding region. This CRF appears to be a locally circulating form in Spain (Galicia) and Portugal.
- 15_01B.TH.99.99TH_ AF530576 Thailand Tovanabutra, S *ARHR* **19**(7):561–567 (2003)
R2399
Sample from a 23 year old heterosexual female from Rayong, Thailand taken in September 1999.
- 15_01B.TH.02.02TH_ AF529572 Thailand Tovanabutra, S *ARHR* **19**(7):561–567 (2003)
OUR1331
Sample taken from a 26 year old heterosexual male in Chiang Mai, Thailand in January 2002.
- 15_01B.TH.02.02TH_ AF529573 Thailand Tovanabutra, S *ARHR* **19**(7):561–567 (2003)
OUR1332
Sample from a 44 year old heterosexual and IDU female in Chiang Mai, Thailand taken in January 2002. At time of sampling she had a CD4 cell count of 1.
- 15_01B.TH.99.99TH_ AF516184 Thailand Viputtijul, K *ARHR* **18**(16):1235–7 (2002)
MU2079
This sequence is a CRF15_01B circulating recombinant form, i.e. a recombinant between CRF01_AE (majority of genome) and subtype B (primarily in the env region). The sample was obtained in 1999 from a 28 year old female sex worker in Bangkok, Thailand, who had late-stage AIDS.
- 16_A2D.KR.97. AF286239 Korea Gao, F *ARHR* **17**(8):675–88 (2001)
97KR004
This sequence is from a 1997 blood sample from Yosoo, Korea. It is sub-subtype A2 in some regions and subtype D in other regions of the genome [2]. The blood sample was from a 33 year old female sex worker who lived in Yosoo, and was first diagnosed with AIDS February 1997 with CD4+ T-cell count less than 30. She died of AIDS in October, 1997. She reported having clients from many continents, including Africa. AF457060 and AF286239 are two complete genomes representative of the CRF16_A2D circulating recombinant form.
- 18_cpx.CM.97.CM53379 AF377959 Cameroon Carr, JK *Virology* **286**(1):168–81 (2001)
This sequence is identified as a multi-subtype recombinant by the authors [1]. It does not appear to be a “modern” recombinant, and may in fact be as unique in many regions of the genome as are most subtypes which have been labeled as “pure” or non-recombinant. In no region of the genome does the sequence from this virus fall well within the “crown group” of any of the established subtypes. Isolated from PBMC of a 46-year-old male in 1997; infected by heterosexual contact and had a viral load of 153,000 RNA copies/ml. Sequences from Cuba, reported in *AIDS* **16**(12):1643-1653 (2002) by Cuevas et al as being H/U recombinant and apparently belonging to a circulating recombinant form (see entry with accession number AF425397 for example) appear to be related to this genome. Thomson et al 2005 describe more complete genomes of this form (ACCESSION numbers AY894993, AY586540) and name it CRF18_cpx.
- N.CM.97.YBF106 AJ271370 Cameroon Ayouba, A *AIDS* **14**(16):2623–5 (2000)
YBF106 is from a 51 year old male patient with AIDS, from the central part of Cameroon. He was found to be HIV-seropositive in October, 1997 and died of AIDS in December, 1998.
- N.CM.02.DJO0131 AY532635 Cameroon Bodelle, P *ARHR* **20**(8):902–908 (2004)
Genome sequence lacks part of non-coding region. This sequence is from a blood sample collected at the D’Joungolo hospital in Yaounde Cameroon in 2002, but no information on the blood donor is available. The blood was HIV-1

reactive on the 3A77 HIV immunoassay and showed reactivity to HIV-1 M and N group virus antigens in the MO2N test. HIV-1 N group seroprevalence in Cameroon is still low, as this was the only N group virus detected in 7,000 HIV-1 seropositive blood samples examined.

- N.CM.95.YBF30 AJ006022 Cameroon Simon, F *Nat Med* **4**(9):1032–7 (1998)
 YBF30 was isolated from a 40 year old woman who had never traveled outside Cameroon. She presented with Histoplasma capulatum infection of the colon in May, 1995 and died of AIDS (cachexia, neurological involvement and suspected disseminated histoplasmosis) in December, 1995. YBF30 was isolated from a May, 1995 blood sample and YBF31 from a December 1995 blood sample. YBF30 and YBF31 are greater than 98% identical to each other and less than 85% identical to HIV-1 M group, HIV-1 O group and SIV-CPZ sequences. The authors propose labeling this and similar viruses as N (between M and O, and also non-O non-M) group HIV-1. The N group designation is based upon sero-epidemiological surveys in Cameroon, and another sequence (YBF105 not yet submitted to the databases) which indicate that more than one patient is infected with this clade of HIV-1. 700 stored sera collected between 1988 and 1997 were serologically tested, with a peptide-based EIA. 611 (87%) were reactive with M-group. 65 (9%) were reactive with O group. 8 were indeterminate. 16 (2%) were reactive with SIV-CPZ and not M or O group, 3 of these were strongly reactive with YBF30 peptides. A partial Pol gene was sequenced for one (YBF105). YBF30 uses CCR5 as a co-receptor, and was also tested on cell lines expressing CCR2b and CCR3 and did not utilize these coreceptors. YBF30 grew on chimpanzee PBMCs, but did not replicate in T-cell lines (MT-2 and HUT78). YBF30 infection of cells was entirely blocked by RANTES alone or in combination with MIP-1alpha and MIP-1beta.
- O.BE.87.ANT70 L20587 Belgium Vanden Haesevelde, M *J Virol* **68**(3):1586–96 (1994)
 ANT70 was isolated from the first O group infection discovered, and the very divergent LTR sequence was published in 1990 (de Leys, R., et al., *J Virol* **64**:1207-1216 (1990)). The isolate came from CDC stage II infected 19 year old female with unusual serological reactivity, who progressed to CDC stage III before publication. A husband and wife were infected with an O group HIV-1. The wife seroconverted in March, 1987. Both the husband and wife were originally from Cameroon, and living in Belgium. The husband was CDC stage III at the time virus was isolated from the wife for sequencing. The wife had a CD4:CD8 ratio of 0.25. Supernatant from the original coculture of wife PBMCs plus PHA-stimulated donor PBMCs, was used to infect MOLT4 clone 8cells and MT-4 cells. Syncytia were formed in both these cell lines. After several weeks culture, chronically infected cell lines were obtained that shed virus, and supernatant from these stable lines were used for viral RNA isolation. HIV-1 O group viruses have the same genetic organization as HIV-1 M group viruses. For a review see Korber, B., et al., *Human Retroviruses and AIDS Database, Part III*, 41-56 1996.
- O.SN.99.SEMP1300 AJ302647 Senegal Vergne, L *J Clin Microbiol* **38**(11):3919–25 (2000)
 Sequence from spouse1 of a Senegalese man (patient 98SE-42HALD) with 2 wives. The man was apparently infected by spouse 2 (isolate 99SE-MP1299) who previously had lived in Cameroon.
- O.CM.91.MVP5180 L20571 Cameroon Gurtler, LG *J Virol* **68**(3):1581–5 (1994)
 This isolate was derived from a Cameroonian woman, sampled in 1991, who died of AIDS in 1992. The viral isolate MVP-5180 was grown in several human T-cell lines and the monocytic U937 line. The isolate MVP5180 is available from the NIH AIDS Reagent program, and is SI R5X4. A summary of isolates with known co-receptor usage can be found in the HIV database reviews.
- O.CM.96.96CMABB637 AY169810 Cameroon Yamaguchi, J *ARHR* **19**(11):979–988 (2003)
 Genome sequence lacks part of non-coding region.
- CPZ.CD.x.ANT U42720 Congo Vanden Haesevelde, MM *Virology* **221**(2):346–50 (1996)
 CPZANT is a simian immunodeficiency virus, phylogenetically linked to HIV-1. It was isolated from a captured wild chimpanzee from Zaire. This is the third SIV strain linked to HIV-1, after SIVCPZ-GAB (X52154) and SIVCPZ-GAB2 (U11495) were isolated from chimps in Gabon. Another chimpanzee virus was sequenced in 1998, and published in 1999 with accession number AF103818 (CPZ-US). The chimpanzee viral sequences are genetically more closely related to the HIV-1 sequences derived from infected humans than are HIV-2 strains or other SIVs. SIVCPZ-ANT is considered to be an outgroup of HIV-1 and is used to suggest the possibility of various introductions of HIV-1 into the human population. In 2002, B. Hahn et al reported (*Science* **295**[5554]: 465 2002) sequencing of virus from another Pan troglodytes schweinfurthii chimp. That sequence is available with accession number AF382822, and is more closely related to this schweinfurthii sequence, than to sequences from other chimpanzees or humans. The Hahn paper labels the CPZ-ANT chimpanzee as ch-No.

CPZ.TZ.x.TAN1 AF447763 Tanzania Santiago, ML *J Virol* **77**(3):2233–2242 (2003)
Genome lacks part of the non-coding region; sequence oriented in the R-U5-gag-pol-env-U3-R configuration.

CPZ.GA.x.CPZGAB X52154 Gabon Huet, T *Nature* **345**(6273):356–9 (1990)
SIV-CPZ isolate GAB1 is from a Pan troglodytes troglodytes subspecies of chimpanzee. The viruses isolated from Pan troglodytes troglodytes, such as GAB1, US, CAM3 and CAM5 are more closely related to HIV-1 M and N group viruses than are SIVs from Pan troglodytes schweinfurthii (see CPZ-ANT accession number U42720). In at least some regions of the genome, the HIV-1 O group viruses are close to equidistant between SIV-CPZ from troglodytes and SIV-CPZ from schweinfurthii chimpanzees. Also see CPZGAB2, U11495 for a sequence fragment from an additional chimpanzee caught in Gabon.

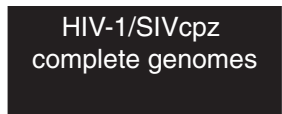
CPZ.US.85.CPZUS AF103818 USA Gao, F *Nature* **397**(6718):436–41 (1999)
This full length molecular clone of a simian immunodeficiency virus, which infected an African wild-caught chimpanzee (Marylin) who was the only chimpanzee identified as virus infected during a serosurvey of 98 chimpanzees in 1985. Marylin had never been used in AIDS research and had not received human blood products after 1969. She died in captivity in 1985 after giving birth to still born twins. The complete genome was sequenced from 4 overlapped PCR fragments, amplified in 1998 from spleen tissues frozen at autopsy in 1985. Recovery of infectious virus from the frozen tissue was attempted but unsuccessful. Lentivirus genomes end with TAGCA, so the extra 7 bases at the 3' end of this sequence (gtggcgc) are not included in multiple sequence alignments of genomes at the HIV Databases.

	/ 5' LTR U3 start	
B.FR.83.HXB2	.TGGAAGGGCTAATTCTACTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTG	129
A1.KE.94.Q23_17	0
A1.RU.03.03RU20_06_13	0
A1.SE.94.SE7253	0
A1.TZ.01.A173	0
A1.UA.00.98UA0116	0
A1.UG.92.92UG037	0
A1.UG.98.98UG57136	0
A2.CD.97.97CDKFE4	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	0
A2.CY.94.94CY017_41	0
A3.SN.01.DDI579	0
A3.SN.01.DDJ369	0
A3.SN.96.DDJ360	0
B.AR.00.ARMS008	0
B.AU.96.MBCD36	0
B.CO.01.PCM074	0
B.GA.88.OYI	0
B.NL.00.671_00T36	0
B.RU.-.04RUI29005	0
B.TH.90.BK132	0
B.US.90.WEAU160	0
B.US.98.1058_11	0
C.AR.01.ARG4006	0
C.BR.-.04BR013	0
C.BR.92.BR025-d	0
C.BW.00.00BW07621	0
C.ET.86.ETH2220	0
C.IN.95.95IN21068	0
C.IN.99.01IN565_10	0
C.KE.00.KER2010	0
C.TZ.01.BD9_11	0
C.UY.01.TRA3011	0
C.ZA.04.SK164B1	0
C.ZM.96.96ZM651	0
D.CD.83.ELI	0
D.CD.83.NDK	0
D.CM.01.01CM_4412HAL	0
D.KE.01.NKU3006	0
D.TD.99.MN012	0
D.TZ.01.A280	0
D.UG.94.94UG114	0
D.UG.99.99UGD23550	0
D.UG.99.99UGK09958	0
D.ZA.86.R482	0
F1.BE.93.VI850	0
F1.BR.89.BZ126	0
F1.BR.93.93BR020_1	0
F1.FI.93.FIN9363	0
F1.FR.96.MP411	0
F2.CM.02.02CM_0016BBY	0
F2.CM.95.MP255	0
F2.CM.95.MP257	0
F2.CM.97.CM53657	0
G.BE.96.DRCBL	0
G.CM.01.01CM_4049HAN	0
G.ES.99.X138	0
G.FI.93.HH8793_12_1	0
G.NG.92.92NG083	0
G.SE.93.SE6165	0
H.BE.93.VI991	0
H.BE.93.VI997	0
H.CF.90.056	0
J.SE.93.SE7887	0
J.SE.94.SE7022	0
K.CD.97.EQTB11C	0
K.CM.96.MP535	0
01_AE.TH.00.OUR200I	0
01_AE.TH.01.OUR414I	0
01_AE.TH.02.OUR769I	0
01_AE.TH.90.CM240	0

```

/ 5' LTR U3 start
B.FR.83.HXB2 .TGGAAGGGCTAATTCTACCTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACCAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTG 129
02 AG.CM.02.02CM.1669LE ..... 0
02 AG.FR.91.DJ264 ..... 0
02 AG.NG.-.IBNG ..... 0
02 AG.UZ.02.02UZ693 ..... 0
03 AB.BY.00.98BY10443 .---T--T---T---A-GAA---G-A-----G---T-----C-----G---T--T--C-----T---TC---A--A--- 129
03 AB.RU.97.KAL153_2 ..... 0
03 AB.RU.98.RU9800I ..... 0
04 cpx.CY.94.CY032 ..... 0
04 cpx.GR.91.97PVCH C---T---T---A-G-A-----G---TA-----T--T-C---C---G--A-----A---GAG---TC---TG--- 130
04 cpx.GR.97.97PVMY .---T---T---A-GAA---G---A-----G---TA-----T---T---G--A-----A---C---TC---TG--- 129
05 DF.BE.-.VI1310 ..... 0
05 DF.BE.93.VI961 ..... 0
05 DF.ES.99.X492 ..... 0
06 cpx.AU.96.BFP90 .---T-----T---A-GAA---G-G-----G---T-----T-T-----G--A-----CC---C---T---T--- 129
06 cpx.EE.-.EEO359 ..... 0
06 cpx.ML.95.95ML127 .---T---T---A-GAA---A-----C---G---T-----T---C---G--A-----T---C---T---T--- 129
06 cpx.SN.97.97SE1078 .---T---T---A-GAA---G-----T---T-----T-T-----G--A-----C---C---T---T--- 129
07 BC.CN.-.CNGL179 ..... 0
07 BC.CN.97.97CN001 ..... 0
07 BC.CN.97.CN54 ..... 0
07 BC.CN.98.98CN009 ..... 0
08 BC.CN.97.97CNGX_6F ..... 0
08 BC.CN.97.97CNGX_7F ..... 0
08 BC.CN.97.97CNGX_9F ..... 0
08 BC.CN.98.98CN006 ..... 0
09 cpx.GH.96.96GH2911 ..... 0
09 cpx.SN.95.95SN1795 ..... 0
09 cpx.SN.95.95SN7808 ..... 0
09 cpx.US.99.99DE4057 ..... 0
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061 ..... 0
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071 ..... 0
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110 ..... 0
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA ..... 0
11 cpx.CM.96.4496 ..... 0
11 cpx.FR.99.MP1298 .---T-----T---A-GAA---G-----C---G---T---T-----T---G--A-----C---C---TG--- 129
11 cpx.GR.-.GR17 ..... 0
12 BF.AR.97.A32879 ..... 0
12 BF.AR.99.ARMA159 .---T---T---A-GAA---G-----G---T-----G-----G---TG--- 129
12 BF.ES.02.X1241 ..... 0
12 BF.UY.99.URTR23 .---G--T---AG-GAA---A---G-----A---G-----T-T-----G---T-----G--- 129
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN ..... 0
13 cpx.CM.96.1849 ..... 0
13 cpx.CM.96.4164 ..... 0
14 BG.ES.00.X605 ..... 0
14 BG.ES.00.X623 ..... 0
14 BG.ES.99.X397 ..... 0
14 BG.ES.99.X421 ..... 0
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331 ..... 0
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332 ..... 0
15 01B.TH.99.99TH_MU2079 ..... 0
15 01B.TH.99.99TH_R2399 ..... 0
16 A2D.KR.97.97KR004 ..... 0
18 cpx.CM.97.CM53379 ..... 0
N.CM.-.YBF106 ..... 0
N.CM.02.DJO0131 ..... 0
N.CM.95.YBF30 ..... 0
O.BE.87.ANT70 C-----T---T---TAA---GC--A---G---T---G-G---TA---T---G--A-T-----G-----A---A-C---G-TC---A--- 130
O.CM.-.96CMABB637 ..... 0
O.CM.91.MVP5180 C---T---T---T---TAAG---GC--A---G---C---A---T---T---G--A-T-----G---TGT-----G--A---ACCT---TC---A--- 130
O.SN.99.SEMP1300 C---T---T---T---CTGA---GC--G---G---T---G-G---T---T---G--A-T-----G---T-----A---A-CA---TC---A--- 130
CPZ.CD.-.ANT ..... 0
CPZ.GA.-.CPZGAB .---T---G---T---AGGA---G-----C---C---G---T-----T-----T---C-G-----A---A---A-CA---TC---CTGT--- 129
CPZ.TZ.-.TAN1 ..... 0
CPZ.US.85.CPZUS .---T---G---T---AG-A-----G---A---C---G-T---T-----AAT-----C-G---T---C-----T---AG-A-----C---A---A-A--- 129

```

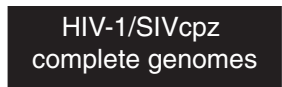


B.FR.83.HXB2	GATGGTGCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGAAGTTAGAAGAA...GCCAACAAAGGAGAGAACACCAGCTTGTACACCCCTGTGAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTTAGA	256
A1.KE.94.Q23_17	0
A1.RU.03.03RU20_06_13	0
A1.SE.94.SE7253	0
A1.TZ.01.A173	0
A1.UA.00.98UA0116	-G-----C-----CTG-CG-----G.....-CAG-G-----A---C-A-----A-AT---AA--C-----TGA---A-A-----AT	256
A1.UG.92.92UG037	0
A1.UG.98.98UG57136	0
A2.CD.97.97CDKFE4	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	0
A2.CY.94.94CY017_41	0
A3.SN.01.DDI579	0
A3.SN.01.DDJ369	0
A3.SN.96.DDJ360	0
B.AR.00.ARMS008	0
B.AU.96.MBCD36	0
B.CO.01.PCM074	0
B.GA.88.OYI	0
B.NL.00.671_00T36	0
B.RU.-.04RUI29005	0
B.TH.90.BK132	0
B.US.90.WEAU160	-----T-----G-A-----G-----T--TG-----A-----A-----G-----AT---A---A---AT	256
B.US.98.1058_11	0
C.AR.01.ARG4006	0
C.BR.-.04BR013	0
C.BR.92.BR025-d	0
C.BW.00.00BW07621	0
C.ET.86.ETH2220	0
C.IN.95.95IN21068	0
C.IN.99.01IN565_10	0
C.KE.00.KER2010	0
C.TZ.01.BD9_11	0
C.UY.01.TRA3011	0
C.ZA.04.SK164B1	0
C.ZM.96.96ZM651	0
D.CD.83.ELI	0
D.CD.83.NDK	0
D.CM.01.01CM_4412HAL	0
D.KE.01.NKU3006	0
D.TD.99.MN012	0
D.TZ.01.A280	0
D.UG.94.94UG114	0
D.UG.99.99UGD233550	0
D.UG.99.99UGK09958	0
D.ZA.86.R482	0
F1.BE.93.VI850	0
F1.BR.89.BZ126	0
F1.BR.93.93BR020_1	0
F1.FI.93.FIN9363	0
F1.FR.96.MP411	0
F2.CM.02.02CM_0016BBY	0
F2.CM.95.MP255	0
F2.CM.95.MP257	0
F2.CM.97.CM53657	0
G.BE.96.DRCBL	-G-----T---A-G-----A-G-T---TCAG-G---G-----T-----A---TC-A-----CA-CT---A-----G---GAA--C-----C-G-T	218
G.CM.01.01CM_4049HAN	0
G.ES.99.X138	0
G.FI.93.HH8793_12_1	0
G.NG.92.92NG083	0
G.SE.93.SE6165	0
H.BE.93.VI991	0
H.BE.93.VI997	0
H.CF.90.056	0
J.SE.93.SE7887	0
J.SE.94.SE7022	0
K.CD.97.EQTB11C	0
K.CM.96.MP535	0
01_AE.TH.00.OUR200I	0
01_AE.TH.01.OUR414I	0
01_AE.TH.02.OUR769I	0
01_AE.TH.90.CM240	0

B.FR.83.HXB2	GATGGTGCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGAAGTTAGAAGAA...GCCAACAAAGGAGAGAACCACCGCTTGTACACCCCTGTGAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTTAGA	256
02_AG.CM.02.02CM_1669LE	0
02_AG.FR.91.DJ264	0
02_AG.NG.-.IBNG	0
02_AG.UZ.02.02UZ693	0
03_AB.BY.00.98BY10443	-G-----C-C-A-G-AG-----G-----CAG-G-----A-C-A-----A-AT--AA-C-----TGA--A-A-----AT	256
03_AB.RU.97.KAL153_2	0
03_AB.RU.98.RU9800I	0
04_cpx.CY.94.CY032	0
04_cpx.GR.91.97PVCH	-T-----T-----A-T-C-G-G-G-----G-----TG-----A-T-T-C-G-----A-A--A-----G-TGAA-----A--A-	257
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----T-----A-T-C-G-G-G-----AT-CTGC-----G-A-T-T-C-G-----A-A--A-----G-TGAA-----C--A-	256
05_DF.BE.-.VI1310	0
05_DF.BE.93.VI961	0
05_DF.ES.99.X492	0
06_cpx.AU.96.BFP90	-----T-----G-G-----CTT-CT-----A-T-C-----CA-AT--A-----GCA--G--TGAA--A-----A-	256
06_cpx.EE.-.EE0359	0
06_cpx.ML.95.95ML127	-----G-----C-T--AG-G-AG-----AA-CT-----A-C-----CA-T--A-----GC--G--TGAA--AG-----C--AT	256
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----T-----T-G-----C-T--A-G-AG-----G--AG-CT-----G--C-----CA-T--A-----G-----T--A--A-----AT	256
07_BC.CN.-.CNGL179	0
07_BC.CN.97.97CN001	0
07_BC.CN.97.CN54	0
07_BC.CN.98.98CN009	0
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	0
08_BC.CN.98.98CN006	0
09_cpx.GH.96.96GH2911	0
09_cpx.SN.95.95SN1795	0
09_cpx.SN.95.95SN7808	0
09_cpx.US.99.99DE4057	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	0
11_cpx.CM.02.02CM_2190SA	0
11_cpx.CM.96.4496	0
11_cpx.FR.99.MP1298	-----T-----T--AG-G-AG-----G-G-----TG-----A--TC-C--T--CA-AT--AA-----TGAA--AG-----AT	256
11_cpx.GR.-.GR17	0
12_BF.AR.97.A32879	0
12_BF.AR.99.ARMA159	-G-----T-----C--T-G-G-----A-G-----TG-----A-T--C-----CA-----AA-----A--TGAA--C-----AC-GAT	256
12_BF.ES.02.X1241	0
12_BF.UY.99.URTR23	-G-----T-----C--G-G-----A-G-----G-----A-T-----G--CA-----AA-----A--G--TGGA--C-A-----AC-G-T	256
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	0
13_cpx.CM.96.1849	0
13_cpx.CM.96.4164	0
14_BG.ES.00.X605	0
14_BG.ES.00.X623	0
14_BG.ES.99.X397	0
14_BG.ES.99.X421	0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	0
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	0
15_01B.TH.99.99TH_R2399	0
16_A2D.KR.97.97KR004	0
18_cpx.CM.97.CM53379	0
N.CM.-.YBF106	0
N.CM.02.DJ00131	0
N.CM.95.YBF30	0
O.BE.87.ANT70	-----TG-TT--A-----GTCAGA--AG-GC--AG-CTA-GAG-T-C-T-T---GGG-T-ATC-CC-G--T--A-CAT-TGCC-----T-T--A--TA-AC-T-A---A-AC-GAT	260
O.CM.-.96CMABB637	0
O.CM.91.MVP5180	-----TG-TT--A-G-----GTCAG--AG-GC--GAG-CTG-GT--T-C-AAT-AG-TG-T--TC-TC---T--A-CTT-TAAT-----GCT--G--TG-AC-CG-G--GA-AC--A-	260
O.SN.99.SEMP1300	-G--CTA-TT-----GTCAGA--CTG-GC-----CTA-GA--T-GT-T--C-GGG-T-AAC-CC-G--T--A--TT--AAC-----CT-T--A--T--AC-C-AG--GA--C-GA-	260
CPZ.CD.-.ANT	0
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----T--A-----G--CC-GACAGAG--C-G-----C-----TG-----T--A-T--C--G--T--CA-AT-T-A-----G-----A--TGA--C-A--G--C--G-T	256
CPZ.TZ.-.TAN1	0
CPZ.US.85.CPZUS	-GC-----TT--T--C--TC-CACAGA--G-AG--GCGG...-----T-----C--A--TAC--C-G--CA--T--A-----A--TGAAC-TG-C--C--AT	256

	- TCF-1 alpha -	
B.FR.83.HXB2	GTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTCATCACATGGCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAG AACTGCTGACATCGAGCTTGCTACAA	349
A1.KE.94.Q23_17	0
A1.RU.03.03RU20_06_13	0
A1.SE.94.SE7253	0
A1.TZ.01.A173	0
A1.UA.00.98UA0116	-----A-----T-----G--TC-AACA---GA-----TT-A---A G-----CA--C TGCTGACA.TGAAGTTGCTGACA	361
A1.UG.92.92UG037	0
A1.UG.98.98UG57136	0
A2.CD.97.97CDKFE4	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	0
A2.CY.94.94CY017_41	0
A3.SN.01.DDI579	0
A3.SN.01.DDJ369	0
A3.SN.96.DDJ360	0
B.AR.00.ARMS008	0
B.AU.96.MBCD36	0
B.CO.01.PCM074	0
B.GA.88.OYI	0
B.NL.00.671_00T36	0
B.RU.-.04RUI29005	0
B.TH.90.BK132	0
B.US.90.WEAU160	-----A-----AAA-----G-A-----T--A G-----T--T-----	349
B.US.98.1058_11	0
C.AR.01.ARG4006	0
C.BR.-.04BR013	0
C.BR.92.BR025-d	0
C.BW.00.00BW07621	0
C.ET.86.ETH2220	0
C.IN.95.95IN21068	0
C.IN.99.01IN565_10	0
C.KE.00.KER2010	0
C.TZ.01.BD9_11	0
C.UY.01.TRA3011	0
C.ZA.04.SK164B1	0
C.ZM.96.96ZM651	0
D.CD.83.ELI	0
D.CD.83.NDK	0
D.CM.01.01CM_4412HAL	0
D.KE.01.NKU3006	0
D.TD.99.MN012	0
D.TZ.01.A280	0
D.UG.94.94UG114	0
D.UG.99.99UGD233550	0
D.UG.99.99UGK09958	0
D.ZA.86.R482	0
F1.BE.93.VI850	0
F1.BR.89.BZ126	0
F1.BR.93.93BR020_1	0
F1.FI.93.FIN9363	0
F1.FR.96.MP411	0
F2.CM.02.02CM_0016BBY	0
F2.CM.95.MP255	0
F2.CM.95.MP257	0
F2.CM.97.CM53657	0
G.BE.96.DRCBL	-----AA-----TA-----CGGAGA---A-----A--A G-----CA--AG---GAC-AG	313
G.CM.01.01CM_4049HAN	0
G.ES.99.X138	0
G.FI.93.HH8793_12_1	0
G.NG.92.92NG083	0
G.SE.93.SE6165	0
H.BE.93.VI991	0
H.BE.93.VI997	0
H.CF.90.056	0
J.SE.93.SE7887	0
J.SE.94.SE7022	0
K.CD.97.EQTB11C	0
K.CM.96.MP535	0
01_AE.TH.00.OUR200I	0
01_AE.TH.01.OUR414I	0
01_AE.TH.02.OUR769I	0
01_AE.TH.90.CM240	0

Accession	Sequence	Count
B.FR.83.HXB2	GTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTCATCACATGCGCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAG.....AACTGCTGACATCGAGCTTGCTACAA.....	349
02_AG.CM.02.02CM_1669LE	0
02_AG.FR.91.DJ264	0
02_AG.NG.-.IBNG	0
02_AG.UZ.02.02UZ693	0
03_AB.BY.00.98BY10443	-----A-----T-----G--TC-AACA-----GA-----T-A--A.....G-----CA-----G-TGACGTGAAGTTGCTGACA.....	361
03_AB.RU.97.KAL153_2	0
03_AB.RU.98.RU9800I	0
04_cpx.CY.94.CY032	0
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----A-----T-----CA-A-----A-----T-A--A.....G-----CA-AG-----GAC-AA.....	352
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----A-----T-TG-----ACAGA-----T-A--A.....G-----CA-AG-----GAC-AA.....	351
05_DF.BE.-.VI1310	0
05_DF.BE.93.VI961	0
05_DF.ES.99.X492	0
06_cpx.AU.96.BFP90	-----A-----TC-----AGGAGA-----A-----AAA-----TT-A--A.....G-----AG-CTGC--AC-A-GAAGTTTCTAATG.....	361
06_cpx.EE.-.EEO359	0
06_cpx.ML.95.95ML127	-----A-----TC-----CGAAGA-----A-----C-TT-A--A.....G-----AA-AG--T--ACG.....	349
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----A-----TC--G--CGGAGA-----A--A--A-----TT-AT--A.....G-----G-CTCACAAG--TGCTGACAAAGAAGTTTCTGACA.....	370
07_BC.CN.-.CNGL179	0
07_BC.CN.97.97CN001	0
07_BC.CN.97.CN54	0
07_BC.CN.98.98CN009	0
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	0
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	0
08_BC.CN.98.98CN006	0
09_cpx.GH.96.96GH2911	0
09_cpx.SN.95.95SN1795	0
09_cpx.SN.95.95SN7808	0
09_cpx.US.99.99DE4057	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	0
11_cpx.CM.02.02CM_2190SA	0
11_cpx.CM.96.4496	0
11_cpx.FR.99.MP1298	-----A-----TC-----CGAA-A-----A-----C-T--A--A.....G-----CAGAAGTTACTGACA.....	349
11_cpx.GR.-.GR17	0
12_BF.AR.97.A32879	A-----A-----G--GC-AAGA-----T-A--A-----AAA-----A-----GG-AT--AGACTGAG-----CA--AC-----GACACAG.....	358
12_BF.AR.99.ARMA159	0
12_BF.ES.02.X1241	0
12_BF.UY.99.URTR23	A-----A-----G--C-GAGG-----A--A-----AGA-----A-C-AGACTGAG-----CA--AG-----GACTGCTGACACAGAGAGTGCTGACACAG.....	379
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	0
13_cpx.CM.96.1849	0
13_cpx.CM.96.4164	0
14_BG.ES.00.X605	0
14_BG.ES.00.X623	0
14_BG.ES.99.X397	0
14_BG.ES.99.X421	0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	0
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	0
15_01B.TH.99.99TH_R2399	0
16_A2D.KR.97.97KR004	0
18_cpx.CM.97.CM53379	0
N.CM.-.YBF106	0
N.CM.02.DJO0131	0
N.CM.95.YBF30	0
O.BE.87.ANT70	-----A-----T--ATCT-----GCAACACC--TG-T--TATGATAACT--C-A--CT--C-----GGA--A-A-A-TGCTGAC--GA-GATTGCTGACTGT.....	367
O.CM.-.96CMABB637	0
O.CM.91.MVP5180	A--CA-----T--ATCAT--GC--AACA--T--A--TGC-AAA--C-A--CT--CCC...A.-GTAA-----CT-C.....	343
O.SN.99.SEMP1300	A--CA-----T--ATCA--GCAGCACC--TG-T--T-TGATAACC--C-A--CT--TCTC.....GGA--A-A-CT-TTGACATG-AG-TTGCTGACTGCTG.....	366
CPZ.CD.-.ANT	0
CPZ.GA.-.CPZGAB	C--C-C-----A-G-G--C--AAGA--T--T--A--A-AA-----A--A.....G-----ACTTT-GACT-GCGCA-G-GCACAAGAAGTCTGACTCTGC.....	369
CPZ.TZ.-.TAN1	0
CPZ.US.85.CPZUS	C--CA-----CTGAA--G--TCGGAGA--GA--TAA-----A-----CG-----A--G-TGTA-C-GC--AGGCGCAATAAACTGCTGACTG.....	367



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	NF-kappa-B-II	NF-kappa-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA Box	
B.FR.83.HXB2	GGGACTTTCCGCTG	GGGACTTTCCAGGG	AGGCGTGGCCTGGGCGGGACTGGGG	AGTGGCGAGCCCTCAGATCCTGCATATAAGCAGCT			437
A1.KE.94.Q23_17							0
A1.RU.03.03RU20_06_13							0
A1.SE.94.SE7253							0
A1.TZ.01.A173							0
A1.UA.00.98UA0116							0
A1.UG.92.92UG037							449
A1.UG.98.98UG57136							0
A2.CD.97.97CDKFE4							0
A2.CD.97.97CDKS10							0
A2.CD.97.97CDKTB48							0
A2.CY.94.94CY017_41							0
A3.SN.01.DDI579							0
A3.SN.01.DDJ369							0
A3.SN.96.DDJ360							0
B.AR.00.ARMS008							0
B.AU.96.MBCD36							0
B.CO.01.PCM074							0
B.GA.88.OYI							0
B.NL.00.671_00T36							0
B.RU.-.04RUI29005							0
B.TH.90.BK132							0
B.US.90.WEAU160							437
B.US.98.1058_11							0
C.AR.01.ARG4006							0
C.BR.-.04BR013							0
C.BR.92.BR025-d							0
C.BW.00.00BW07621							0
C.ET.86.ETH2220							0
C.IN.95.95IN21068							0
C.IN.99.01IN565_10							0
C.KE.00.KER2010							0
C.TZ.01.BD9_11							0
C.UY.01.TRA3011							0
C.ZA.04.SK164B1							0
C.ZM.96.96ZM651							0
D.CD.83.ELI							0
D.CD.83.NDK							0
D.CM.01.01CM_4412HAL							0
D.KE.01.NKU3006							0
D.TD.99.MN012							0
D.TZ.01.A280							0
D.UG.94.94UG114							0
D.UG.99.99UGD23550							0
D.UG.99.99UGK09958							0
D.ZA.86.R482							0
F1.BE.93.VI850							0
F1.BR.89.BZ126							0
F1.BR.93.93BR020_1							0
F1.FI.93.FIN9363							0
F1.FR.96.MP411							0
F2.CM.02.02CM_0016BBY							0
F2.CM.95.MP255							0
F2.CM.95.MP257							0
F2.CM.97.CM53657							0
G.BE.96.DRCBL							0
G.CM.01.01CM_4049HAN							402
G.ES.99.X138							0
G.FI.93.HH8793_12_1							0
G.NG.92.92NG083							0
G.SE.93.SE6165							0
H.BE.93.VI991							0
H.BE.93.VI997							0
H.CF.90.056							0
J.SE.93.SE7887							0
J.SE.94.SE7022							0
K.CD.97.EQTB11C							0
K.CM.96.MP535							0
01_AE.TH.00.OUR200I							0
01_AE.TH.01.OUR414I							0
01_AE.TH.02.OUR769I							0
01_AE.TH.90.CM240							0

	NF-kappa-B-II	NF-kappa-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA Box	
B.FR.83.HXB2	GGGACTTTCCGCTG	GGGACTTTCCAGGG	AGGCGTGGCCTGGGCGGACTGGGG	AGTGGCGAGCCCTCAGATCCTGCATATAAGCAGCT			437
02_AG.CM.02.02CM_1669LE							0
02_AG.FR.91.DJ264							0
02_AG.NG.-.IBNG							0
02_AG.UZ.02.02UZ693							0
03_AB.BY.00.98BY10443	-----G.	-----G.	---T---ATT---	---AGT---	---T-A---	---G---	449
03_AB.RU.97.KAL153_2							0
03_AB.RU.98.RU9800I							0
04_cpx.CY.94.CY032							0
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----CC	-----G.	---C---	---A---GT---	---T-A---	---G---A---	441
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----CC	-----G.	---C---	---A---AGT---	---T-A---	---G---	440
05_DF.BE.-.VI1310							0
05_DF.BE.93.VI961							0
05_DF.ES.99.X492							0
06_cpx.AU.96.BFP90			---T---	---G---	---T-A---	---G---A---	449
06_cpx.EE.-.EE0359			---T---	---G---	---A---A---	---G---	69
06_cpx.ML.95.95ML127			---G---T---A---	---G---	---T-A---	---A---AC---G---	437
06_cpx.SN.97.97SE1078		-----G.		---G---	---T-A---	---A---G---	459
07_BC.CN.-.CNGL179							0
07_BC.CN.97.97CN001							0
07_BC.CN.97.CN54							0
07_BC.CN.98.98CN009							0
08_BC.CN.97.97CNGX_6F							0
08_BC.CN.97.97CNGX_7F							0
08_BC.CN.97.97CNGX_9F							0
08_BC.CN.98.98CN006							0
09_cpx.GH.96.96GH2911							0
09_cpx.SN.95.95SN1795							0
09_cpx.SN.95.95SN7808							0
09_cpx.US.99.99DE4057							0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061							0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071							0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110							0
11_cpx.CM.02.02CM_2190SA							0
11_cpx.CM.96.4496							0
11_cpx.FR.99.MP1298		-----G.	---T---	---GT---	---T-A---	---G---A---	438
11_cpx.GR.-.GR17							0
12_BF.AR.97.A32879							4
12_BF.AR.99.ARMA159	AAGAATCTAAA	-----A-G.	---CG-GCCAGA---	---T---	---TCA---	---G---	457
12_BF.ES.02.X1241							0
12_BF.UY.99.URTR23	AAGAATCTAAA	-----A-G.	---CG-GCCAGA---	---T---	---TCA---	---G---	478
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN							0
13_cpx.CM.96.1849							0
13_cpx.CM.96.4164							0
14_BG.ES.00.X605							0
14_BG.ES.00.X623							0
14_BG.ES.99.X397							0
14_BG.ES.99.X421							0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331							0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332							0
15_01B.TH.99.99TH_MU2079							0
15_01B.TH.99.99TH_R2399							0
16_A2D.KR.97.97KR004							0
18_cpx.CM.97.CM53379							0
N.CM.-.YBF106							0
N.CM.02.DJO0131							0
N.CM.95.YBF30							0
O.BE.87.ANT70	-----A-----	AGCAAAGACTGCTGACACTGCG	-----T.	GGGAGGGACAGG	---TT-G---	472
O.CM.-.96CMABB637						---T-A---	AG
O.CM.91.MVP5180		-----AGACTGCTGACACTGCG	-----C	TGGGAGGGATAAG	---TT-G---	445
O.SN.99.SEMP1300		-----AGCAGAGGCTGCTGACACGGCG	-----T	TGGGAGGGACA.G	---TT-G---	472
CPZ.CD.-.ANT							0
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----AA.		-----GGGAG	---T-GTCGGGA	---GT---	TGTG-CTTT
CPZ.TZ.-.TAN1							0
CPZ.US.85.CPZUS	-----A-----	TAA	-----A.	GGACGTTCCAAGG	---GTG---T-A	---A-A---	CGTG-TTTTA
						---A-GA---	A

	/+1 mRNA start site	Poly-A signal	5' LTR R	5' LTR	
	5' LTR U3 end \ / 5' LTR R repeat begin	-	repeat end \ / U5 start		
B.FR.83.HXB2	GCTTTTGGCTGTACTGGGTCTCTCTGGTTAGACCAGACTCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACT...AGGGAACCCACTGCTT.AAGCCTCAATAAAGCTTGCCCT.TGAGTG.CTTCAAGTAGTGT				559
	TAR element stem	bulge	loop	TAR element stem	
02 AG.CM.02.02CM.1669LE				0
02 AG.FR.91.DJ264				0
02 AG.NG.-.IBNGG-G.....GA.....				88
02 AG.UZ.02.02UZ693				0
03 AB.BY.00.98BY10443	-----C-----T-----G-----T-----				570
03 AB.RU.97.KAL153.2				0
03 AB.RU.98.RU9800I				0
04 cpx.CY.94.CY032				0
04 cpx.GR.91.97PVCH	-----C-----G-----G-----G-----TA-----T-----C-----				556
04 cpx.GR.97.97PVMY	-----C-----A-----GCT-----				561
05 DF.BE.-.VI1310				0
05 DF.BE.93.VI961				0
05 DF.ES.99.X492				0
06 cpx.AU.96.BFP90	---C-C--T---T-C---T---A--G-A...G---AT---				571
06 cpx.EE.-.EE0359	---C-C--T---T-C---T---A--G-A...G---G---				191
06 cpx.ML.95.95ML127	---C-C--T---T-C---T---A--G-A...G---AC---				559
06 cpx.SN.97.97SE1078	---C-C--T---T-C---T---A--G-A...G---T---				581
07 BC.CN.-.CNGL179				0
07 BC.CN.97.97CN001				0
07 BC.CN.97.CN54				0
07 BC.CN.98.98CN009				0
08 BC.CN.97.97CNGX.6F				0
08 BC.CN.97.97CNGX.7F				0
08 BC.CN.97.97CNGX.9F				0
08 BC.CN.98.98CN006				0
09 cpx.GH.96.96GH2911				0
09 cpx.SN.95.95SN1795				0
09 cpx.SN.95.95SN7808				0
09 cpx.US.99.99DE4057				0
10 CD.TZ.96.96TZ.BF061				0
10 CD.TZ.96.96TZ.BF071				0
10 CD.TZ.96.96TZ.BF110				0
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA				0
11 cpx.CM.96.4496				0
11 cpx.FR.99.MP1298	---C-C--T---A-----T-G-----G-A-----T-----				560
11 cpx.GR.-.GR17				0
12 BF.AR.97.A32879	---C--T-----G-----T-----				126
12 BF.AR.99.ARMA159	---C-----A--G-----TA-----G-----				579
12 BF.ES.02.X1241				0
12 BF.UY.99.URTR23	---C-----A--G-----T-----G-----				600
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN				0
13 cpx.CM.96.1849				0
13 cpx.CM.96.4164				0
14 BG.ES.00.X605				0
14 BG.ES.00.X623				0
14 BG.ES.99.X397				0
14 BG.ES.99.X421				0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331				0
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332				0
15_01B.TH.99.99TH_MU2079				0
15_01B.TH.99.99TH_R2399				0
16_A2D.KR.97.97KR004				0
18 cpx.CM.97.CM53379				0
N.CM.-.YBF106	---GC--T--G-----T-----TA-----G-----A--A--G---				118
N.CM.02.DJO0131A--A--G---				30
N.CM.95.YBF30	---C-C--T---T-C-G-----TA-----G-----A--G---				118
O.BE.87.ANT70	---C--T---C-----GG-TAGAG---G-TA---C---C---CTCTA...GCT---G---CG---AG--C---				592
O.CM.-.96CMABB637AG--C---				23
O.CM.91.MVP5180	---CC--T---C-----TAG-TAGAG---G---C---C---CTCTA...GCT---G---CG---AG--C---				565
O.SN.99.SEMP1300	---ACC--T---C-----GG-TAGAGA---G---C---C---CTCTA...GCT---G---CG---AG--C---				592
CPZ.CD.-.ANT				0
CPZ.GA.-.CPZGAB	---C-----T-CAC-G-----T-----A--C-GTG...A-----TA--TG--C---				579
CPZ.TZ.-.TAN1-TG-CTAA-CTG-----GTGGCTGGCTA-GA--G---CG---C---GA-----AC---				107
CPZ.US.85.CPZUS	---C-C--T---C-----AA---C---GTG...TA-----T-----				584

	Extensive secondary structure in this region. See Rizvi, J Virology 67:2681-8(1993)	5' LTR U5 end	Lys tRNA primer binding site	
B.FR.83.HXB2	GTGCCCGTCTG.TTGTGT.G..ACTCTGGTAACTAGAGATCCCTCAGACC..CTTTTAGTCAGTGTGG...AAAATCTCTAGCAGTGGCGCCCGAACCA.GGG.....ACC			654
02 AG.CM.02.02CM.1669LE			0
02 AG.FR.91.DJ264-ACCCGGAAG.....TTAATAGGG--T	23
02 AG.NG.-.IBNG	-----A-----	..AC-C--A-T--A.....	..-ACTTGACGG.....TAATAGGG--T	199
02 AG.UZ.02.02UZ693			0
03 AB.BY.00.98BY10443	-----A-----	..AC-C--A-G--AA.....		665
03 AB.RU.97.KAL153.2			0
03 AB.RU.98.RU9800I			32
04 cpx.CY.94.CY032TTGAAAGTGAA.AGTTAATAGG.--T	24
04 cpx.GR.91.97PVCHAC-C--A-T--A-AA.....	..-ACTTGAAAGTGA.AAGTTAATAGGG--T	675
04 cpx.GR.97.97PVMY	-----G--T-----	..AC-C--A-G--A-A.....	..-ACCCGAAAGTGA.AAGTTAATAGGG--T	679
05 DF.BE.-.VI1310			30
05 DF.BE.93.VI961-A.....C-T	6
05 DF.ES.99.X492			6
06 cpx.AU.96.BFP90AC-C--A--A.....	..-ACTTGAAAGCGA.AAGTTAATAGGG--T	689
06 cpx.EE.-.EE0359	-----A-----	..AC-C--A--A.....	..-ACCAGAAAACGA.AAGTTAATAGGG--T	309
06 cpx.ML.95.95ML127ACGC--G-G-----	..-ACTTGAAAGCGA.AAGTTAATAGGG--T	676
06 cpx.SN.97.97SE1078	-----G--T-----	..AC-C--AAG--A.....	..-ACCCGAAAGCGA.AAGTTAATAGGG--T	699
07 BC.CN.-.CNGL179			0
07 BC.CN.97.97CN001			1
07 BC.CN.97.CN54CAGGG--T	31
07 BC.CN.98.98CN009			1
08 BC.CN.97.97CNGX.6F			0
08 BC.CN.97.97CNGX.7F			0
08 BC.CN.97.97CNGX.9F			0
08 BC.CN.98.98CN006			1
09 cpx.GH.96.96GH2911			0
09 cpx.SN.95.95SN1795			0
09 cpx.SN.95.95SN7808			0
09 cpx.US.99.99DE4057			0
10 CD.TZ.96.96TZ.BF061CC--T--	32
10 CD.TZ.96.96TZ.BF071CC--T--	31
10 CD.TZ.96.96TZ.BF110CC--T--	31
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA			0
11 cpx.CM.96.4496			22
11 cpx.FR.99.MP1298	-----A-----		..-C-----T	654
11 cpx.GR.-.GR17			0
12 BF.AR.97.A32879	-----A--G-----			221
12 BF.AR.99.ARMA159	-----A-T-----	..A-C-----		674
12 BF.ES.02.X1241			0
12 BF.UY.99.URTR23	-----T.A-----A-----			695
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN			0
13 cpx.CM.96.1849			32
13 cpx.CM.96.4164			32
14 BG.ES.00.X605AC-C--AAT--A.....	..-ACTTGAAAGCGA.AAGTTAACAGGG--T	107
14 BG.ES.00.X623AC-C--AT-----	..-ACTTGAAAGCGA.AAGTTAATAGGG--T	106
14 BG.ES.99.X397AC-C--AT--A.....	..-ACTTGAAAGCGA.AAGTTAACAGGG--T	107
14 BG.ES.99.X421AC-C--AT--A.....	..-ACTTGAAAGCGA.AAGTTAACAGGG--T	107
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331			0
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332			0
15 01B.TH.99.99TH_MU2079T-A-TC-CCCTT--	..-ACCTTAAAGTGA.AAGTTAATAGGG--T	68
15 01B.TH.99.99TH_R2399-ACTTGAAAGCGA.AAGTTAATAGGG--T	27
16 A2D.KR.97.97KR004CGTA.AAGTGA.AAGT.AATAGGG--T	24
18 cpx.CM.97.CM53379			0
N.CM.-.YBF106	-----A-CA--CG--A.....C-----	..TTA.-CA-AGACTGA.-A.....S		212
N.CM.02.DJ00131	-----A-CA--CG--A.....C-----	..ACC-GGAC.T-A--A.....		124
N.CM.95.YBF30	-----A-CA--CG--A.....C-----	..A-C-AGACTGA.-A.....		212
O.BE.87.ANT70	-----T-A-----C.A.--C--GT-----	..T..AC-AGACTGAA-CA.....		684
O.CM.-.96CMABB637	-----T-A-----C.A.--C--T-----	..T..ACG-AGACTGAA-CA.....		115
O.CM.91.MVP5180	-----T-A-----C.A.--C--GT-----	..T..AC-AGACTGAA-CA.....		657
O.SN.99.SEMP1300	-----T-A-----C.A.--C--T-----	..T..ACG-AGACTGAG-GA.....		684
CPZ.CD.-.ANT			0
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----TA--A--CA-A.C.....	..TTAAA--A-----A.....		673
CPZ.TZ.-.TAN1	-----A-T-CA-ACC-CGTCTG-C.....GG-----	..TTT.G-AG-G-CT-AA--A.....		203
CPZ.US.85.CPZUS	-----TA--C--CA-----	..A..TC--A-AAGTAG--		677

Gag p7 nucleocapsid binds these loops, see DeGuzman, Science 279:384-8
 Packaging signal secondary structure, see Harrison, J Virol 72:5886-96

B.FR.83.HXB2	TGAAAGC.GAAAGGG...AAA.CCAGAGG..AGCT.....CTCTCGACGCA..GGACTCGGCTTGCTGA.A.....GCGC.GCACGGCAAGAGGCGAGGG..GCGGC...GACTGGTGGATAC.GCC	754
A1.KE.94.Q23_17	C-----TT.....A--T.....G.....T--A--A--A.....A.....	219
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----TT.....A--T.....-G.....G.....T--A--A--A--GA-C.....	236
A1.SE.94.SE7253	0
A1.TZ.01.A173	0
A1.UA.00.98UA0116	C-----TT.....A--T.....G.....T--A--A--A.....A.....	760
A1.UG.92.92UG037	C--A-----TT.....A--AAGC..T--T-----G.....T--A--A--A.....A.....	126
A1.UG.98.98UG57136	0
A2.CD.97.97CDKFE4	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48TTTTTCGAA-CGA-GTA---G-A--T-----A-----G.....T--A--A--AA---A--G-----	100
A2.CY.94.94CY017_41	C-----TT.....T-----G.....T--A--A-----	122
A3.SN.01.DDI579	0
A3.SN.01.DDJ369	0
A3.SN.96.DDJ360	0
B.AR.00.ARMS008	0
B.AU.96.MBCD36	-----A--A-----A-----	109
B.CO.01.PCM074	0
B.GA.88.OYI	-T--T--T--G-----T-----	299
B.NL.00.671_00T36	-----TA-----A-----GAAGAA--G-----	279
B.RU.-.04RUI29005	-----T-----	240
B.TH.90.BK132	-----A-----	105
B.US.90.WEAU160	C-----	754
B.US.98.1058_11	0
C.AR.01.ARG4006	0
C.BR.-.04BR013	-----TA..G--A-----T--A-T-----A-----G-----	214
C.BR.92.BR025-d	-----TA..G--A-----T--A-T-----A-----G-----	103
C.BW.00.00BW07621	-----T-----A-----T-----A-----	128
C.ET.86.ETH2220	-----T-----A-----T-----A-----	132
C.IN.95.95IN21068	-----TA..G--A-----T--A-T-----A-----	131
C.IN.99.01IN565_10	C-----TA..G--A-----T--A-T-----A..G-----	133
C.KE.00.KER2010	0
C.TZ.01.BD9_11	0
C.UY.01.TRA3011	0
C.ZA.04.SK164B1	G-----TA-----A--A-----T--A-T-----A-----G-----	187
C.ZM.96.96ZM651	-----TA..G--A-----T--A-T-----A-----G-----	99
D.CD.83.ELI	-----TA..G--A-----A-----T-----	300
D.CD.83.NDK	-----TA..G--A--A-----A-----A-----T-----	298
D.CM.01.01CM_4412HAL	0
D.KE.01.NKU3006	0
D.TD.99.MN012	0
D.TZ.01.A280	0
D.UG.94.94UG114	-----TA..G--A-----A-----GAA-----T-----	101
D.UG.99.99UGD23550	0
D.UG.99.99UGK09958	0
D.ZA.86.R482	15
F1.BE.93.VI850	-----TA..G--A--A-----G.G-----T--AA-----A-----	105
F1.BR.89.BZ126	C-----TA..G--A--A-----T--A-----A..G-----	121
F1.BR.93.93BR020_1	-----TA-----AA-----T--A-----A-----	99
F1.FI.93.FIN9363	-----TA..G--A--A-----T--A-----A-----	97
F1.FR.96.MP411	0
F2.CM.02.02CM_0016BBY	0
F2.CM.95.MP255	0
F2.CM.95.MP257	0
F2.CM.97.CM53657	0
G.BE.96.DRCBL	C-----TT.....A--T-----G.....T--A--A--A-----A-----	739
G.CM.01.01CM_4049HAN	0
G.ES.99.X138	C-----TT.....A--T-----AG-----T--R--A-----A-----	204
G.FI.93.HH8793_12_1	C-----TT.....A--A-----G.....T--A-G-A-----A-----	156
G.IG.92.92IG083	C--A-----TT.....A--T-----T--A-----A-----	121
G.SE.93.SE6165	C-----TT.....A--T-----G.....T--A--A-----A-----	157
H.BE.93.VI991	-----CA-----A-----T--A--A-----G.T-----	134
H.BE.93.VI997	-----T-----A-----T--A-----G.C-----	75
H.CF.90.056	-T--T-----TA-----A--A-----T--A--A-----A-----	100
J.SE.93.SE7887T-----T--A-----	74
J.SE.94.SE7022T-----T--A-----A-----	74
K.CD.97.EQTB11C	0
K.CM.96.MP535	0
01_AE.TH.00.OUR200I	0
01_AE.TH.01.OUR414I	0
01_AE.TH.02.OUR769I	0
01_AE.TH.90.CM240	C-----TT.....A--T-----G.....T--A--A-----A-----	321

Gag p7 nucleocapsid binds these loops, see DeGuzman, Science 279:384-8
 Packaging signal secondary structure, see Harrison, J Virol 72:5886-96

B.FR.83.HXB2	TGAAAGC.GAAAGGG...AAA.CCAGAGG..AGCT.....CTCTCGACGCA..GGACTCGGCTTGCTGA.A.....GCGC.GCACGGCAAGAGCGAGGG..GCGGC...GACTGGTGGATAC.GCC	754
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	0
02 AG.FR.91.DJ264	C-----TT.....A--A.....G-----G.....T--A--A-----A.....	120
02 AG.NG.--IBNG	C-----TT.....A--A.....A-----G.....T--A--A-----A.....	296
02 AG.UZ.02.02UZ693	0
03 AB.BY.00.98BY10443	-----TT.....A--T.....G.....T--A--A-----A.....T.....	761
03 AB.RU.97.KAL153.2	0
03 AB.RU.98.RU98001	-----TT.....A--A.....G.....T--A--A-----A.....	128
04 cpx.CY.94.CY032	C-----TT.....A--T.....G.....T--A--A-----A.....	120
04 cpx.GR.91.97PVCH	C-----G--TT.....A--T.....G.....T--A--A-----A.....	771
04 cpx.GR.97.97PVMY	C-----G--TT.....A--T.....G.....T--A--A-----A.....	775
05 DF.BE.--VI1310	---A---TA..G--A--AA.....-TA--.....T	130
05 DF.BE.93.VI961	---A---TA..G--A--AA.....-TA--.....T	106
05 DF.ES.99.X492	---A---TA..A--A.....-TA--.....T	104
06 cpx.AU.96.BFP90	C-----TT.....A--T.....G.....T--A--A-----A.....	785
06 cpx.EE.--EE0359	C-----TT.....A--T.....G.....T--A--A-----A.....A.....	405
06 cpx.ML.95.95ML127	C-----TT.....A--T.....G.....T--A--A-----A.....	772
06 cpx.SN.97.97SE1078	C-----TT.....A--T.....G.....T--A--A-----C.....	796
07 BC.CN.--CNG179	0
07 BC.CN.97.97CN001	-----TA..G--A--.....T--A-T-----A.....	100
07 BC.CN.97.CN54	-----TA..G--A--.....T--A-T-----A.....	130
07 BC.CN.98.98CN009	-----TA..G--A--.....T--A-T-----A.....	100
08 BC.CN.97.97CNGX.6F	0
08 BC.CN.97.97CNGX.7F	0
08 BC.CN.97.97CNGX.9F	0
08 BC.CN.98.98CN006	-----TA..G--A--.....T--A-T-----A.....	100
09 cpx.GH.96.96GH2911	0
09 cpx.SN.95.95SN1795	0
09 cpx.SN.95.95SN7808	0
09 cpx.US.99.99DE4057	0
10 CD.TZ.96.96TZ.BF061	-----TA..G--A--.....A-----A-----AC-----T	132
10 CD.TZ.96.96TZ.BF071	-----TA..G--A--.....A-----A-----AC-----T	131
10 CD.TZ.96.96TZ.BF110	-----TA..G--A-----A-----A-----AC-----T	131
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	0
11 cpx.CM.96.4496	-----TA..G--A--T-----N-----T--G.....T--A--A-----A-----T-----	121
11 cpx.FR.99.MP1298	-----TA..G--A--A--T-----T-----G.....T--A--A-----A-----G-----	754
11 cpx.GR.--GR17	-----T-----T-----G.....T--A--G--A-----A-----G-----	69
12 BF.AR.97.A32879	-----TA..G--A--A-----A-----	321
12 BF.AR.99.ARMA159	-----TA..G--A-----A-----	774
12 BF.ES.02.X1241	0
12 BF.UY.99.URTR23	A-----TA..G--A--A-----A--G.....	793
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	0
13 cpx.CM.96.1849	-----CT.....A--T-----A-----G-----	130
13 cpx.CM.96.4164	-A-----CT.....A--T-----A-----G-----	130
14 BG.ES.00.X605	C-----TT.....A--T-----AG.....T--A--A-----A-----	201
14 BG.ES.00.X623	C-----TT.....A--T-----AG.....T--A--A-----A-----	203
14 BG.ES.99.X397	C-----TT.....A--T-----AG.....T--A--A-----A-----T-----	204
14 BG.ES.99.X421	C-----TT.....A--T-----AG.....T--A--A-----A-----	201
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	0
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	0
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	C-----TT.....A--T.....G.....T--A--A-----A-----	164
15 01B.TH.99.99TH_R2399	C-----G--TT.....A--T.....G.....T--A--A-----A-----G-----	123
16 A2D.KR.97.97KR004	-----TT.....A--A-----A--G.....	119
18 cpx.CM.97.CM53379	0
N.CM.--YBF106	---A---TA..G--G--CTGAA.....A-----C-T--G.....T--A--A--G-----G--AGT-----A	312
N.CM.02.DJ00131	---A---TA..G--G--CTGAA.....C-T--G.....T--A--A--G-----G--AGT-----A	223
N.CM.95.YBF30	---A---TA..G--G--CTGAA.....C-T--G.....T--A--A--G-----G--AGT-----A	311
O.BE.87.ANT70	-----T-----T-----G-A--AAA...A-CTC-----AC-G-----AGC-G.....T--A-C-CT-----A-G.AACT-A.CAGAG.....	786
O.CM.--.96CMABB637	-----T-----T-----G-A--AAA...A-CTC-----AC-G-----AGC-G.....T--A-C-CT-----A-G.AACT-ACAAGAG-----	213
O.CM.91.MVP5180	C-----T-----T-----G-A--AAA...A-CTC-----AC-G-----AGC-G.....T--A-CT-CT-----A-G.AACT-ACAAGAG-----	761
O.SN.99.SEMP1300	G-----A-----T-----G-A--AAA...A-CTC-----AC-G-----AGC-G.....T--A-C-CT-----A-G.AACT-ACA--GG-----	788
CPZ.CD.--ANTGG--TT-----ACAGAAA-CTGT-----C.A-----TC-----C.....-GTA--GA-----AG-----CTT	91
CPZ.GA.--CPZGAB	-----T-----TA.....G--G--CTGAA-----C-----C-----T--A--A-----A-----	770
CPZ.TZ.--TAN1	---G--AA-C-G--G--GC-GC.....C-CTGGA.....GCA-----TGAC.....AAT.CA-----CG-ACT-C-----GAGTA-	292
CPZ.US.85.CPZUS	---A---TA..C-----CTGAAA.....-TC-----G-----C-----T--A--A--G-----CG.AACT--C-GA-----	776

	AAAAA.....TTTTGACTAGCGGA.GGCTAG.AAG.....	end packaging loops -// Gag and Gag-Pol CDS start GAGAGA...GATGGGTGCGAGAGCGTCACTATTAAAGCGGGGAGAAATTAGATCGATGGGAAAAAA		844
B.FR.83.HXB2	--T.....T-----	-----A---C---GC---G---		308
A1.KE.94.Q23_17	T--G-.....T-----	-----G-----A---GC---G---		327
A1.RU.03.03RU20_06_13T-----	-----T---A---GC---G---		51
A1.SE.94.SE7253T-----	-----T---A---GC---G---		49
A1.TZ.01.A173T-----	-----A---G---GC---G---		852
A1.UA.00.98UA0116	T--GG...AT-----	-----A---GC---G---		214
A1.UG.92.92UG037	-T.....T-----	-----T---A---GC---G---		49
A1.UG.98.98UG57136T-----	-----T---A---GCG---G---		0
A2.CD.97.97CDKFE4T-----	-----G---C---A---AGCT---G---		191
A2.CD.97.97CDKS10T-----	-----G---C---A---GCT---G---		213
A2.CD.97.97CDKTB48	T--T-.....T-----A--	-----A---G---C---A---GCT---G---		51
A2.CY.94.94CY017_41T-----	-----A---A---AAG---G---		51
A3.SN.01.DDI579T-----	-----A---GC---G---		51
A3.SN.01.DDJ369T-----	-----A---GC---G---		51
A3.SN.96.DDJ360T-----	-----A---AAG---G---		49
B.AR.00.ARMS008T-----	-----A---A---G---		199
B.AU.96.MBCD36T-----	-----A---A---		49
B.CO.01.PCM074T-----	-----CAA---A---		390
B.GA.88.OYIT-----	-----AA---A---		370
B.NL.00.671_00T36	T--T-.....A-----	-----A---A---		330
B.RU.-.04RUI29005T-----	-----A---CAA---G---		195
B.TH.90.BK132T-----	-----C---A---G---		843
B.US.90.WEAU160	G-----T-----	-----G---A---G---		43
B.US.98.1058_11T-----	-----A---AC---G---		49
C.AR.01.ARG4006T-----	-----A---A---C---A---ACT---G---		305
C.BR.-.04BR013	-TTTT.....A-----	-----C---A---C---A---ACT---G---		194
C.BR.92.BR025-d	-TTTT.....TA-----	-----A---A---C---A---GCT---G---		221
C.BW.00.00BW07621	---TT...TTA-----	-----A---A---A---AA---		224
C.ET.86.ETH2220	-TTT...TTA-----	-----A---A---C---A---GCC---		222
C.IN.95.95IN21068	-TTT...TTA-----	-----A---A---A---AA---		225
C.IN.99.01IN565_10	-TTT...TTA-----	-----A---A---C---A---AA---		49
C.KE.00.KER2010T-----	-----A---A---A---GC---		49
C.TZ.01.BD9_11T-----	-----A---A---A---AC---		49
C.UY.01.TRA3011T-----	-----A---A---C---A---AC---G---		49
C.ZA.04.SK164B1	-TTT...TTA-----	-----A---A---C---A---AC---		279
C.ZM.96.96ZM651	---TT...TTA-----	-----A---A---A---AA---		191
D.CD.83.ELI	---T.....T-----	-----A---A---AA---		390
D.CD.83.NDK	G---T.....T-----	-----A---A---AC---G---		388
D.CM.01.01CM_4412HALT-----	-----A---A---G---GC---		49
D.KE.01.NKU3006T-----	-----A---A---G---GA---		49
D.TD.99.MN012T-----	-----A---GA---G---GA---G---		62
D.TZ.01.A280T-----	-----A---C---G---GC---		49
D.UG.94.94UG114AT-----	-----A---A---G---GA---		193
D.UG.99.99UGD23550T-----	-----A---A---G---GA---		49
D.UG.99.99UGK09958T-----	-----T---C---G---GA---		49
D.ZA.86.R482	---T.....T-----	-----T---A---GC---G---		105
F1.BE.93.VI850	G---TTT...TTT-----	-----A---A---GA---		199
F1.BR.89.BZ126T-----	-----A---A---C---GC---		209
F1.BR.93.93BR020_1T-----	-----A---A---GCT---		187
F1.FI.93.FIN9363T-----	-----A---A---C---GC---		185
F1.FR.96.MP411T-----	-----A---A---GC---G---		55
F2.CM.02.02CM_0016BBYT-----	-----A---A---GAC---G---		49
F2.CM.95.MP255T-----	-----A---A---GC---		55
F2.CM.95.MP257T-----	-----A---A---GC---		55
F2.CM.97.CM53657T-----	-----A---A---GAT-T---		49
G.BE.96.DRCBL	---T.....T-----	-----A---A---GCT---G---		829
G.CM.01.01CM_4049HANT-----	-----A---A---TCT---		49
G.ES.99.X138	-T-----T-----	-----A---A---GC---		294
G.FI.93.HH8793_12_1	-CT-----T-----	-----A---A---GC---		246
G.NG.92.92NG083	-T.....T-----G-----	-----A---A---TCT---		210
G.SE.93.SE6165	---T.....T-----G-----	-----C---A---GCT---		247
H.BE.93.VI991	G---TTTTTTA-----	-----A---A---GCT---G---		230
H.BE.93.VI997	G---TTTTTTA-----	-----CG---ACT-T---G---		171
H.CF.90.056	-TTTT...G-----	-----C---A---GCT---G---		191
J.SE.93.SE7887	---T...AT-----	-----A---T---A---GAT---		167
J.SE.94.SE7022	---T...ATT-----	-----A---T---A---CGAT---		168
K.CD.97.EQTB11CT-----	-----T---A---CAA---		55
K.CM.96.MP535T-----	-----A---A---GC---G---		55
01_AE.TH.00.OUR200IT-----	-----G---CT---A---GC---		49
01_AE.TH.01.OUR414IT-----	-----A---T---A---GC---G---		49
01_AE.TH.02.OUR769IT-----	-----T---A---GC---		49
01_AE.TH.90.CM240T-----	-----T---A---GC---		409

	AAAAA.....TTTTGACTAGCGGA.GGCTAG.AAG.....	end packaging loops -// Gag and Gag-Pol CDS start GAGAGA...GATGGGTGCGAGAGCGTCTAGTATTAAGCGGGGAGAATTAGATCGATGGGAAAAAA		844
B.FR.83.HXB2-A-----T-----AG-----GC-----G----		49
02_AG_CM.02.02CM.1669LET-----A-----TC-----G----		208
02_AG_FR.91.DJ264T-----A-----GC-----G----		384
02_AG_NG.-.IBNGT-----A-----GC-----G----		49
02_AG_UZ.02.02UZ693T-----A-----GC-----G----		853
03_AB_BY.00.98BY10443	T---G...AT-----A-----T-----A-----GC-----G----		76
03_AB_RU.97.KAL153_2T-----A-----GC-----G----		220
03_AB_RU.98.RU9800I	T---G...AT-----T-----A-----GC-----G----		210
04_cpx_CY.94.CY032	---TT.....T-----A-----G-----GC-----G-GG-		861
04_cpx_GR.91.97PVCH	---TT.....T-----A-----G-----GC-----G-GG-		864
04_cpx_GR.97.97PVMY	---TT.....T-----T-----A-----G-----GC-----G-GG-		220
05_DF_BE.-.VI1310	---T.....T-----A-----GC-----G----		196
05_DF_BE.93.VI961	---C.....-G-----T-----A-----GC-----G----		194
05_DF_ES.99.X492	---T.....T-----A-----GC-----G----		872
06_cpx_AU.96.BFP90	---T.....T-----A-----T-----A-----GA-----G----		497
06_cpx_EE.-.EEO359	---G...TT-G-----A-----T-----A-----GAT-----G----		861
06_cpx_ML.95.95ML127	---A...C-----A-----T-----A-----GA-----G----		888
06_cpx_SN.97.97SE1078	---TTT...TTG-----T-----A-----GA-----G----		71
07_BC_CN.-.CNGL179AA--S--A.....A-----A-----A-----AA-----		191
07_BC_CN.97.97CN001	---TT...TA-----A-----A-----A-----AA-----		221
07_BC_CN.97.CN54	---TT...TA-----A-----A-----A-----AA-----		191
07_BC_CN.98.98CN009	---TT...TA-----A-----A-----A-----AA-----		51
08_BC_CN.97.97CNGX_6FA-----A-----A-----AA-----		57
08_BC_CN.97.97CNGX_7FA-----A-----A-----AA-----		51
08_BC_CN.97.97CNGX_9FA-----A-----A-----AA-----		191
08_BC_CN.98.98CN006	---TTT...TA-----A-----A-----A-----AA-----		55
09_cpx_GH.96.96GH2911C-----T-----A-----GC-----G----		55
09_cpx_SN.95.95SN1795T-----A-----CAA-----G----		55
09_cpx_SN.95.95SN7808G-----T-----A-----AC-----G----		49
09_cpx_US.99.99DE4057A-----T-----A-----GC-----G----		223
10_CD_TZ.96.96TZ_BF061	---T...T-----A-----A-----GA-----G----		221
10_CD_TZ.96.96TZ_BF071	---T...T-----A-----A-----GA-----G----		221
10_CD_TZ.96.96TZ_BF110	G---T...G-----A-----A-----GA-----G----		49
11_cpx_CM.02.02CM.2190SAA-----A-----GC-----G----		213
11_cpx_CM.96.4496	---TT.....A-----A-----GA-----G-----G----		847
11_cpx_FR.99.MP1298	---A...TT-----A-----A-----C-----A-----A-----GC-----G----		161
11_cpx_GR.-.GR17	---A...AT-----A-----A-----GC-----G----		411
12_BF_AR.97.A32879	---T.....G-----A-----A-----		864
12_BF_AR.99.ARMA159A-----A-----A-----		92
12_BF_ES.02.X1241	---TT.....A-----A-----AA-----		885
12_BF_UY.99.URTR23	---C...AT-----A-----A-----A-----		49
13_cpx_CM.02.02CM.3226MNA-----A-----A-----		222
13_cpx_CM.96.1849	---TT...TT-C-----T-----A-----A-----AA-----		222
13_cpx_CM.96.4164	---T...TT-C-----A-----A-----AA-----		291
14_BG_ES.00.X605	-T-----A-----A-----GC-----G----		293
14_BG_ES.00.X623	-T-----A-----A-----GC-----G----		294
14_BG_ES.99.X397	-T-----A-----A-----GC-----G----		291
14_BG_ES.99.X421	-T-----A-----A-----GC-----G----		70
15_01B_TH.02.02TH_OUR1331T-----T-----A-----GC-----G----		77
15_01B_TH.02.02TH_OUR1332T-----T-----T-----A-----TC-----		252
15_01B_TH.99.99TH_MU2079T-----T-----T-----A-----GC-----G----		211
15_01B_TH.99.99TH_R2399T-----T-----A-----GC-----G----		211
16_A2D_KR.97.97KR004	G---TT-----A-----A-----A-----GC-----G----		49
18_cpx_CM.97.CM53379A-----G-----GC-----G-----G----		403
N_CM.-.YBF106	---G---T---C---A-----TAG-----G-----G---CA---A---A---GC---		314	
N_CM.02.DJO0131	---G---T---C---A-----CAG-----G-----G---CA---A---A---GC---		402	
N_CM.95.YBF30	---G---T---C---A-----TAG-----G-----G---CA---A---A---TC---		896	
O_BE.87.ANT70	---G---T---C---ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG---GA...T---T---G---G---CA---AA---CA---G---GC---C---		322	
O_CM.-.96CMABB637	---G---T---C---ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG---GA...T---T---G---G---CA---A---TA---G---GC---C---		871	
O_CM.91.MVP5180	---A---G---T---C---ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG---GA...T---G---G---CA---A---TA---G---GC---CG---		898	
O_SN.99.SEMP1300	---G---T---C---ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG---GAG...T---G---GTCA---A---CA---G---AC---C---		208	
CPZ_CD.-.ANT	C-TTT...TG-----T-GCTA-T-AGC-A...TCCTAGGGGAAGGTTCGAAGTCTCTAGGAACAG---A-----A---G-G-----T-T-G-G-A-AGA-GC-----AC-----GT-		881	
CPZ_GA.-.CPZGAB	---T-----T-----T-----ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG-GAGA...TC---CA-----A-----C-----G-----		407	
CPZ_TZ.-.TAN1	---T...TT-G-----TCG-T-G...C-A...CCCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGTA-C-GGGA-A-----G-G-G-A-ATA-GC-G---AC-----TCC-		886	
CPZ_US.85.CPZUS	---C---A-T---G---ACCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTCTAGGG---AGAG...TC-G-CA-----CG-----GCT-----G-----			

Gag p17

M G A R A S V L S G G E L D R W E K
 \ Gag, Gag-Pol,
 Gag p17 Matrix start

B.FR.83.HXB2	TTCGGTTAAGGCCAGGGGAAAGAAAAATATAAAATAAAACATATAGTATGGGCAAGCAGGGAGCTAGAACGATTCGCAGTTAATCTGGCCCTGTTAGAAACATCAGAAGGCTGTAGACAAATACTGGG	974
A1.KE.94.Q23_17	-----G-A-G-G--C-A-----G-CA---T--C---C--A---T-----G---C-A--CA-----A---A	438
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----G-A-----CC-----T-G--A---GC--C--A--T-----A--CA-----A	457
A1.SE.94.SE7253	-----G-A-G-----G-A-G--C-----G--A---T--C---C--A---T-----A---A--CA-----A---A	181
A1.TZ.01.A173	-----G-C-----CC-----G-CA---C---C--A---T-----A---A--CA--G---A--AA	179
A1.UA.00.98UA0116	-----G-A-----CC-----G--A---GC--C--A---TC-----A---A--CA-----A	982
A1.UG.92.92UG037	-----G-----C-----G--A---T--C---C--A---T-----A---A--CA-----A---A	344
A1.UG.98.98UG57136	-----G--C-----C-----G-CA---C---C--CA---T-----G---A--CA---G--A-A-A	179
A2.CD.97.97CDKFE4	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-C-G--T-----G--AA--T--A-C--C--CA---T-----GA-AC--A-----G---T-T--	321
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-C-G--T-G-----G--GAA--T--A--C---T-----C---G--A-----A-AA-	343
A3.SN.01.DDI579	-----C-----G-A--T-----G--A---C---C--A---T-----A---A--CA--G---A--CA	181
A3.SN.01.DDJ369	-----G-A-G--C-A-----G--A---T--C---C--A---T-----G---A--CA--G---A-A-A	181
A3.SN.96.DDJ360	-----C-----G-A-G--T-A-----G--A---C---C--A---T-----A---A--CA--G---A--A	181
B.AR.00.ARMS008	-----A-----C-----C-----A-----G-----T--G-----	179
B.AU.96.MBCD36	-----C-----A--G-----C-----	329
B.CO.01.PCM074	-----A-----G-----	179
B.GA.88.OYI	-----C--C-----A-----T-----	520
B.NL.00.671_00T36	-----G-----A-----T-----G-----	500
B.RU.-.04RUI29005	-----C-----T-G-----T-----R---A-ARR	460
B.TH.90.BK132	-----C-----G-----A--G-----	325
B.US.90.WEAU160	-----T-----C-----C-----G-----T--T-----	973
B.US.98.1058_11	-----T--C---C-----G-----T--T-----	173
C.AR.01.ARG4006	--AA--A-----CC--TGA-G--CC--C-----G--A---T--C---G-C---T-----A-----A-AA-	179
C.BR.-.04BR013	--A--C-----TGA-G--CC--C-----G--A---T--C---GCC---T-----G--G-----A-AAA	435
C.BR.92.BR025-d	--AA--A-----C--C--TGA-G--CC--C-----G--A---T--C---G-C---T-----G---C-----A---A-AA	324
C.BW.00.00BW07621	--A-----G-GA--GC-T--TGA--C-----G--A---T--C---C---T-----G---G-----A---A-AAA	351
C.ET.86.ETH2220	--AA--A-----C--C--TGC-G--CC--C-----A-----G--AA--T--C---C--A---T-----T---C-----A---A-TAA	354
C.IN.95.95IN21068	--A-----C-GC--TGC--CC--C-----G--CA---T--C---C---T-----T--G--G-----A---A-AAA	352
C.IN.99.01IN565_10	--A-----CGC--TGA--CT-----G--A---T--C---C---T-----T--G--G-----A---A-AAA	355
C.KE.00.KER2010	--A-A-----C-T--GGC--CC-----G--A---T--C---C---T-----T--G--G-----A---A-AAA	179
C.TZ.01.BD9_11	--A-----C-T--CC-G--T-----A-----G--A---T--C---C---T-----T--G-----T---A---A-AAA	179
C.UY.01.TRA3011	--A-----A-----C-T--TGA-G--CC--C-----G--A---T--C---G-C---T-----T---A---A-AAA	179
C.ZA.04.SK164B1	--A-----C--C--TGC--C-----G--A---T--C---C---T-----T-----A---T--C	409
C.ZM.96.96ZM651	--A-C-----CGC--TGA--CC-----G--A---T--GC--C---T-----T-----A---A-AA	321
D.CD.83.ELI	-----C-----A-----G-C-----AT--C-----T-----A-----A-A-	520
D.CD.83.NDK	-----C-----A-----GC-C-----T-GA-----TA--C-----T--G-----A-----A-A-	518
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----C-----GC--G--GGC--C--A-----AT-----T--C-----T--G-----T-----A-----A-	179
D.KE.01.NKU3006	-----C-----T--C--G--GC-----T--A-----T--T-----T--G--C-----T-----C-A-----A	179
D.TD.99.MN012	-----C-----G--GGC-----T--C-----T--G-----T--G-----C-----T-----A-----A	192
D.TZ.01.A280	-----C-----C--C-----T-----T-----C-----T-----G-----C-----A-----A	173
D.UG.94.94UG114	-----C-----G-C-----G-C-----C-----C-----T-----T-----G-----A-AA-	323
D.UG.99.99UGD23550	--A--C-----C-C--G-----G-----T-----A-----T-----G---T-----A---A-	179
D.UG.99.99UGK09958	-----C-----G-GC--C-----T-----T-----C-----T-----A-----G---A-AA-	179
D.ZA.86.R482	-----A-----A-----C--C--G-----T-----T-----C-----C-----T-----A-----A-AA	235
F1.BE.93.VI850	--A-----G-----G-----A-G--C--A-----T--C--G-----TC-----CA-A-----A-AA-	329
F1.BR.89.BZ126	-----G-----G-----G--G--G--C-----T--A-----TC-----CA-A-----A-A-	339
F1.BR.93.93BR020_1	-----G-----G--C-----C--TC--G--A-----TC-----C--A-----A-A-	317
F1.FI.93.FIN9363	-----G-----G--A-----C-----T--A--AG-----TC-----CA-A-----A-A-C	315
F1.FR.96.MP411	--A-----A--G-----G-A-G--G--C-----T-----T--G-----A--TC-----C-----AG-----A-AA-	185
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----G--A--G-----GGC-----A-----T--C-----T--G--A-----A-----A-A-	179
F2.CM.95.MP255	--A--G-----G--GGC-----C-----A-----T--C-----A-----T-----G--A-----AGA-----A-A-	185
F2.CM.95.MP257	-----G-----G--GGC--G-----A-----T--C-----T--G--A-----AGA-----A-A-	185
F2.CM.97.CM53657	-----G-----G--GGC--G-----A-----T--C-----T--G--AAG-----A-----A-A-	179
G.BE.96.DRCBL	-----G-----G-----G-A-G--T-----G--CA---T--C---C---T-----T---G---A---A---C	959
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----C--C--G-----A--G--GA---T--C---C---A---T-----G-----A--CAG--GC-A---	179
G.ES.99.X138	-----G-----G--W--G--T-----G--A---T--C---C---A---T-----G-----T--CAG--M---	424
G.FI.93.HH8793_12_1	--SC-G-C-----C--G--C--G-----A--A--GA---T--C---C---A---T-----G-----T--CA-----A-A-	376
G.NG.92.92NG083	-----G-----G-----A--G--GA---T--C---C--G--A---T-----G-----T--GTG-----A-AA-	340
G.SE.93.SE6165	-----G-----G--TC-----A-----C-----G--GA---T--C---C---A---T-----G-----T--GA-----A-A-	377
H.BE.93.VI991	-----G-----G-GC--C--G-----G--A---T--C---C--C--A---T-----G---T-----CCA-----A-	360
H.BE.93.VI997	-----G-----GGC-----A-----G--A---T--C---C--C---T-----T--G-----CT-----A-A-A	301
H.CF.90.056	-----C-----G-GC--C-----G--A---T--C---C--C---T-----C-----CT--G---A-A-A	321
J.SE.93.SE7887	-----G-----G-----GGA--G--C-----G--CA---T--C---C---TC--GT--G--A-----CA-----A-T	297
J.SE.94.SE7022	-----G-----G-----GGA-----C-----G--CA---T--C---C---TC--GT--G--A-----CA-----A-T	298
K.CD.97.EQTB11C	--A--C-----C--GGC-----C-----T--C---C---AA---T-----G--GT-----C--G-----A-AA-	185
K.CM.96.MP535	-----C-----C--G-----C-----T--C---C---T-----G--A-----C--G-----A-AAC	185
01_AE.TH.00.OUR200I	-----C-----GGC--G--T-----A--T-G--A-----C--C---T--G-----A--CA-----A-A-A	179
01_AE.TH.01.OUR4141	-----C-----GG--G--T-----A--T-G--A-----C--C---T-----G-----A--CA-----A-A-A	179
01_AE.TH.02.OUR769I	-----C-----G-----GA--G--T--A-----A--T-G--A-----C--C---T-----G-----A--CA-----A-A	179
01_AE.TH.90.CM240	-----GC-----GA-----GGC--G--T-----A--T-G--A-----C--C---A--T--T-----G-----A--CA-----A-A-A	539

B. FR. 83. HXB2	TTTCGGTTAAGGCCAGGGGAAAGAAAAATATAAAATTAACAATATAGTATGGGCAAGCAGGAGCTAGAACGATTCGCAGTTAATCCTGGCCGTGTAGAAACATCAGAAGGCTGTAGACAAATACTGGG	974
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE	-----C-----G-C-----C-----T-G--A-G-----C-----T-----G---T--A--C-A---T--A---A	179
02 AG. FR. 91. DJ264	-----C-----G-C-----C-----G--A-----C-----C-----T-----G---A--CA--GT--A--AA	338
02 AG. NG. -. IBNG	-----G-C-----C-----G--A-----C-----C-----T-----G---G--A--CA--C--A--A	514
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	-----GGC-----C-----G--A-----C-----C-----T-----G---A--CCA---C--A--A	179
03 AB. BY. 00. 98BY10443	-----A-----A-----CC-----G--A-----GC--C--A--T-----A--CA-----A	983
03 AB. RU. 97. KAL153 2	-----G-----G-A-----CC-----G--A-----GC--C--A--T-----A--CA-----A	206
03 AB. RU. 98. RU9800I	-----A-----G-A-----CC-----G--A-----GA--C--A--T-----A--CA-----A	350
04 cpx. CY. 94. CY032	-----A-----G-C-G-----C-----A--T-G--A-----C-----C-----T-----G---A--CA---T--A--A	340
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	-----G-C-G-----C-----T-G--A-----C-----C-----T-----G---G--A--CA---T--A--A	991
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	-----G-----G-A-----C--A-----A--T-G--A-----C-----C-----T-----G---A--CAG---T--A--A	994
05 DF. BE. -. VI1310	-----C-----A-----G-C-----T-----T-----C-----T-----G---A--AA-	350
05 DF. BE. 93. VI961	-----C-----A-----G-C-----C-----C-----T-----G---A--A-A-C	326
05 DF. ES. 99. X492	-----C-----A-----G-C-----C-----T-----C-----T-----G---A--A-AA-	324
06 cpx. AU. 96. BFP90	-----C-----A-G-----CC-----G--A-----A--C-----T-----G---A--CA--G--A--A	1002
06 cpx. EE. -. EEO359	-----GG-----C-----G--A-----C-----C-----T-----A-G--A--CAG--G--A--A	627
06 cpx. ML. 95. 95ML127	-----G-C-G-----CT-----G--A-----T--C-----C--A--T-----G---A--CA--G--A--A	991
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	-----G-C-G-----CT-----G--CA-----C-----C-----T-----G---A--CAG--G--A--A	1018
07 BC. CN. -. CNGL179	-----A-----C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G---A--A-AA	201
07 BC. CN. 97. 97CN001	-----A-----C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G---A--A-AA	321
07 BC. CN. 97. CN54	-----A-----C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G---A--A-AA	351
07 BC. CN. 98. 98CN009	-----A-----GC-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G---A--A-AA	321
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	-----A-----A--C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G---AG--A-AAA	181
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	-----A-----A--C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G---AG--A-AAA	187
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	-----A-----A--C-C-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G---AG--A-AAA	181
08 BC. CN. 98. 98CN006	-----A-----A--C-C-G-----TGC-----CC-----G--A-----T--C-----C-----T-----G---AG--A-AAA	321
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-----A-----A-----G-A-G-G-----C-----T-G--A-----G-----A--C-----A--G--G--CA---T--A	185
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	-----C-----A-G-----C-----G--A-----C-----C--A--T-----G---G--CA--A--A	185
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	-----G-----G-A-G-----C-----G--A-----C-----C--A--T-----A--G--CA--A--A	185
09 cpx. US. 99. 99DE4057	-----C-----G-A-G-----C-----A-----A-----G-A-G-----C-----G--G--CA---A	179
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-----C-C-----C-----C-----T-----C-----T-----A-----T-----A--A--	353
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071	-----C-----G-C-----T-----A-----T-----C-----C-----T-----A--A--	351
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110	-----CA-A--C-----G-C-----T-----A-----T-----C-----C-----T-----A--A--	351
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA	-----G-----G-----GGC-----CC-----G--A-----T--C-----C--A--T-----A--CA---A-A-A	179
11 cpx. CM. 96. 4496	-----G-----G-----GGC-----C-----G-----GAY-----A--CA---A-A-A	343
11 cpx. FR. 99. MP1298	-----G-----C-----GGC-G-G-----C-----G--A-----C-----C--A--T-----G---A--CA---T--	977
11 cpx. GR. -. GR17	-----G-----G-----GGC-----C-----G--A-----C-----C--A--T-----GG-----A--A---A	291
12 BF. AR. 97. A32879	-----A-----G-C-----C-----A-----A-----G-----G-----CAGA---A-A-C	541
12 BF. AR. 99. ARMA159	-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----C--A--TA-A--	994
12 BF. ES. 02. X1241	-----G-----T-----A-----A-----C--A--A--A--C	222
12 BF. UY. 99. URTR23	-----G-----A-----A-----G-----C--A--A--A--	1015
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	-----C-----A-G-----C-----A--G--GA---T--C-----C-----TC-----G---T--CA---A-AA-	179
13 cpx. CM. 96. 1849	-----G-----A--G--GA---T--C-----C-----T-----A-----T--CA---A	352
13 cpx. CM. 96. 4164	-----G-----G-A-G-----C-----A--G--GA---T--C-----C-----T-----A-----T--CA---T	352
14 BG. ES. 00. X605	-----G-----G-C-G-----T-----G--A-----T--C-----C--A--T-----G---T--T--CA---A---	421
14 BG. ES. 00. X623	-----G-----C-----T-----G--TA---T--C--C--A--T-----G---T--T--CA---A---	423
14 BG. ES. 99. X397	-----C-G-----G-A-G-----T-----G--A-----T--C--C--A--T-----G---G--T--CA---A--A-	424
14 BG. ES. 99. X421	-----G-----G-A-G-----T-----G--A-----T--C--C--A--T-----G---T--T--CA---A---	421
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331	-----C-----GGA-G-----T-----A--T-G--A---T--C-----C--A--T-----A--CAG---A-A-A	200
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332	-----C-----T-----A--T-G--A---T--A--C--A--T-----G---A--CA---A-A-A	207
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-----C-----A-----G-----C-----C-----A--T-G--A---A--C--A--T-----T--G---A--CA---A-A	382
15 01B. TH. 99. 99TH R2399	-----C-----GGA-----T-----A--T--A---A--C--A--T-----T--G---A--CA---A-A-A	341
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-----C-----A-----G-C-----C-----C--T--A---C-----T-----G---A--A--A--	341
18 cpx. CM. 97. CM53379	-----G-----G-----G--A---T--A-C-C-----T-----CA-A--G--G--CA---A--AA	179
N. CM. -. YBF106	-----TAT--G-----C-G--G-----T-----G--A-----TTG--C--A--T--CA-G--C--G-GA-T-----GCC--GT--A-AAA	533
N. CM. 02. DJ00131	-----TAT--G--A-----C-G-A-G-----T-----G--A-----TTG--C--A--T--CA-G--C--G-GAG--GCC--GT--AAA	444
N. CM. 95. YBF30	-----TAT--G--A-----C-G-A-G-----T-----G--A-----TTG--C--A--T--CA-G--C--G-G--C-----GCCA-GT--AAA	532
O. BE. 87. AN770	-----A-----A-----ATCT--A--G-----G-C-----CT-----A-----G--A-----TG-----AG--AC-----TG---G--TAA-GAGA-GC-G--ACA	1026
O. CM. -. 96CMABB637	-----A-----A-----ATCT--A--G-----GGC-----C-----G--CA-----T--TG---Y--AG--A-----TG-----TAA-GAGAC-C-GT-ACA	452
O. CM. 91. MVP5180	-----A-----A-----ATCT--A--GGC-----GGC-----T-----G--A-----A-----TG-----T--A-----TG-----TAC-GAG---C-G--ACA	1001
O. SN. 99. SEMP1300	-----A-----A-----AT-T--A--G-----C-G-C-----T-----G--A-----T-----TG-----AG--AC-----TG---G--AA-GAGG--C-GT-ACA	1028
CPZ. CD. -. AN7	-----CA--C-TC---C--T--C-----G--C-TGA-----C-G--T-----ATC-----GC-G--T--T--GC--C-GCT-CTC---TC-----T---GA--A-GGTA-CCA	338
CPZ. GA. -. CPZGAB	-----C--T-----C-----GA-----G-----TGA-G-----T-----G--A-----TG-G-C--C--G--AA-G-----GTAAG-----A-----CTA--T-GT-ACA	1011
CPZ. T.Z. -. TAN1	-----AA--C--T--AAT-CA-A--C-G-----TT--A-----C-----CG-A--C--A-----C-G--T-----GA-G-----C--T--CA-G--G--ACGT-----CT-GA---CA--CCT	537
CPZ. US. 85. CPZUS	-----C--T--A--T-----G-----TGA-G-----T-----T-----G--A---T--TTG---C--A--T--AA-G-----G---C-----CTC---T--T-AAA	1016
Gag p17	I R L R P G G K K K Y K L K H I V W A S R E L E R F A V N P G L L E T S E G C R Q I L G	Gag

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	ACAGCTACAACCATCCCTTCAGACAGGATCAGAAGAACCTTAGATCATTATATAATACAGTAGCAACCCCTCTATTGTGTGCATCAAAGGATAGAGATAAAAGACACCAAGGAAGCTTTAGACAAG...ATA	1101
A1.KE.94.Q23_17	-A-AT-----G-T-CA-----A-----A-A-A-----T-----T-----A-----C-----TG-----C-----T-A...	565
A1.RU.03.03RU20_06_13	---T-----A-T-CA-----A-----A-----T-----T-----A-----C-----TG-----C-----T-A...	584
A1.SE.94.SE7253	---T-----T-G-T-CA-----A-----A-----T-----GT-----C-A-----C-----C-----T-A...	308
A1.TZ.01.A173	C---T-----G-TG-CA-----A-----A-A-----T-----A-----C-----TG-----T-----C-----T-A...	306
A1.UA.00.98UA0116	---T-----A-T-CA-----A-----G-A-----T-----A-----C-----T-----G-T-A...	1109
A1.UG.92.92UG037	---AT-----T-G-T-CAGA-----A-----A-----C-A-----C-----G-----C-----T-A...	471
A1.UG.98.98UG57136	---A-----G-TT-CA-----A-----A-----C-A-----C-----TG-----T-A...	306
A2.CD.97.97CDKFE4	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	G-AT-----G-T-CG-----A-----A-----GT-----C-T-T-----A-----G-----C-----T-A...	448
A2.CY.94.94CY017_41	G---T-----G-T-C-A-----A-----A-----T-GT-----C-G-A-----G-----TG-----C-----T-A...	470
A3.SN.01.DDI579	---T-----G-T-CA-----A-----G-----C-----C-----TG-----T-----T-A...	308
A3.SN.01.DDJ369	---T-----T-G-T-CA-----A-----A-----T-----T-----C-----G-G-----T-----T-A...	308
A3.SN.96.DDJ360	T---T-----G-T-CA-----A-----G-----C-----T-----C-A-----TG-----T-----T-A...	308
B.AR.00.ARMS008	---T-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----C	306
B.AU.96.MBCD36	G---T---C-A---C-----A-----A-----GT-----A-----T-----G-----A	456
B.CO.01.PCM074	---T---G---C-----A-----A-----GT-----G-----AG-----A	306
B.GA.88.OYI	---G---A-----A-----T-----T-----A-----G-----T-----A	647
B.NL.00.671_00T36	---G-----A-----A-----T-----GC-----G-----A-----A	627
B.RU.-.04RUI29005	---T-----T-----R-R-----A-----T-----AC-----TG-GC-----G-----A	587
B.TH.90.BK132	---AG-----A-----GT-----A-----A-----G-----G-----T-----A	452
B.US.90.WEAU160	---AT-----TGT-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----A	1100
B.US.98.1058_11	---G-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----A-G-----T-----A	300
C.AR.01.ARG4006	---G-T-----A-G-----T-----T-----T-----A-GC-AA-----CG-----A-----C-----A	306
C.BR.-.04BR013	---G-T-CA-----A-A-G-----T-----T-----T-----A-----A-----CG-----T-----C-----A	562
C.BR.92.BR025-d	---G-T-----A-A-G-----T-----C-----G-T-----T-----A-G-A-----TG-CG-----C-----A	451
C.BW.00.00BW07621	---G-T-----A-G-----T-----C-----C-----T-----A-A-----TG-CG-----G-A-----C-----A	478
C.ET.86.ETH2220	---G-T-----A-G-----A-----T-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----A	481
C.IN.95.95IN21068	---G-T-----A-G-----TC-C-----T-----A-GC-G-----AG-CG-----A-----C-----A	479
C.IN.99.01IN565_10	---T-----G-T-----A-G-----G-----C-C-----T-----A-GC-GAT-----G-CG-----T-----C-----A	482
C.KE.00.KER2010	---G-T-----A-G-----C-C-----T-----A-A-T-A-----AG-CG-----C-----C-----A	306
C.TZ.01.BD9_11	---T-----G-T-----A-G-----C-CG-----T-----T-----C-----A-GC-GA-----C-G-CG-----T-----A	306
C.UY.01.TRA3011	---A-----G-T-C-----A-A-G-----C-T-----C-----T-----G-----A-----G-CG-----C-----A	306
C.ZA.04.SK164B1	---AA-----G-TA-----A-G-----A-----TC-C-A-----GTT-----A-A-----TG-G-----C-----A	536
C.ZM.96.96ZM651	---G-T-----A-G-G-----C-C-----T-----T-----A-G-G-G-----G-CG-----C-----G-----A	448
D.CD.83.ELI	G-----G-TA-----A-----A-----A-----A-----A-G-A-----TG-----A-----A-----G	647
D.CD.83.NDK	---TA-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----G	645
D.CM.01.01CM_4412HAL	C-----G-T---A-A---A-----A-----T---G---GTA-----A-G-----G-----G-----C-----A	306
D.KE.01.NKU3006	---G-TA-----A-----G-G-A-----A-----T-----A-----A-G-A-----C-G-GC-----T-----A	306
D.TD.99.MN012	T-----G-TA-GA-----T-----A-----T-----A-----A-G-G-----G-G-----T-----A-----T-----C	319
D.TZ.01.A280	...---G-TA-----A-----T-----A-----AG-A-----G-----A-----A-----T-----C	296
D.UG.94.94UG114	---TA-----G-A-----A-----G-T-----A-G-G-----A-G-GC-AG-----A-----A-----T-----C	450
D.UG.99.99UGD23550	---G-TA-----G-----A-----A-----A-G-----A-AG-GC-----T-----A-----A-----T-----C	306
D.UG.99.99UGK09958	---A-----G-TA-----A-----G-----A-----A-G-A-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----C	306
D.ZA.86.R482	---G-----A-----A-----A-----A-----A-G-----A-----TG-----A-----A-----T-----C	362
F1.BE.93.VI850	---T-----G-----AG-----T-----GT-----A-----A-----GC-G-G-----C-----C-----A	456
F1.BR.89.BZ126	---T-----G-----GT-----T-----A-----R-----G-----G-----C-----C-----A	466
F1.BR.93.93BR020_1	---T-----G-----G-C-A-----A-----GT-----A-----A-----A-G-----G-----G-----C-----A	444
F1.FI.93.FIN9363	---A-----G-----A-----G-----C-----A-----GT-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----A	442
F1.FR.96.MP411	---G-----G-----G-----G-----G-----GTT-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----A	312
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---A-----T-----GA-----A-----C-----GT-----A-----A-----A-----C-A-----G-----T-----C-----A	306
F2.CM.95.MP255	---AT-----T-----G-----A-----C-----C-----G-----T-GTT-----A-----A-----TG-G-----T-----C-----A	312
F2.CM.95.MP257	---A-----G-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----T-GTT-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----A	312
F2.CM.97.CM53657	---A-----G-----G-----A-----TC-C-----A-----T-GT-----A-----A-----A-A-----GG-----T-----C-----A	306
G.BE.96.DRCBL	---T-G-----G-T-C-A-----A-----G-GA-----A-----C-----T-----C-----GT-----A-----A-----G-----G-----A-G-----C-----GG-A-----G-G	1086
G.CM.01.01CM_4049HAN	---A-----G-T-C-----A-----A-----G-GA-----CT-----C-----GT-----A-----A-----G-----A-----C-----GG-A-----G-G	306
G.ES.99.X138	---T-G-----G-T-C-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----GG-A-----G-G	551
G.FI.93.HH8793_12_1	C---T-G-----G-TA-C-M-----A-----G-GA-----A-----T-----G-----A-----CC-A-----G-----G-----A-----C-----GG-A-----G	503
G.NG.92.92NG083	---T-G-----G-T-CT-----A-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----A-----CC-----GG-A-----G-G	467
G.SE.93.SE6165	---T-G-----T-C-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----C-----AG-A-----G-G	504
H.BE.93.VI991	---G-----G-T-----A-----A-----C-----CA-----A-----GT-----C-----A-----A-----TG-G-----G-----GG-----A	487
H.BE.93.VI997	---A-----GG-----TA-----A-----A-----CW-----T-----C-----G-----C-A-T-----A-----G-----GG-----A	428
H.CF.90.056	---A-----G-----G-TA-----A-----A-----A-----T-----CT-----GT-----C-----A-----G-AA-----TG-G-----G-----T-----A	448
J.SE.93.SE7887	---C-----G-T-C-----A-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----A	424
J.SE.94.SE7022	---C-----G-T-----A-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----A-----G-----T-----G-----G-----A	425
K.CD.97.EQTB11C	---A-----A-----A-----C-----G-----G-----C-----T-----A-----G-----T-----C-----G-----GG-----C-----A-----C	312
K.CM.96.MP535	---AA-----G-----A-----A-----GA-----A-----C-----A-----GT-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----C	312
01_AE.TH.00.OUR200I	---T-G-----GT-----A-T-CA-----C-----T-----T-----GG-----C-----C-----G-----A-----T-----A-----C-----A	306
01_AE.TH.01.OUR414I	---T-----GT-----A-T-CA-----T-----A-----GG-----A-----C-----A-----TG-----T-----A-----A-----C	306
01_AE.TH.02.OUR769I	---T-----G-----AGT-----CA-----T-----G-----T-----GG-----C-----A-----C-----A-----G-----T-----A-----A-----C	306
01_AE.TH.90.CM240	---T-----GT-----A-T-CA-----T-----A-----T-----GG-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----C	666

B. FR. 83. HXB2	ACAGCTACAACCATCCCTTCAGACAGGATCAGAAGAACCTTAGATCATTATATAATACAGTAGCAACCCCTCTATTGTGTGCATCAAAGGATAGAGATAAAAAGACACCAAGGAAGCTTTAGACAAG...ATA	1101
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE	---T-----A-T--CAGA-----CA-----C-----T-GG--A-----C-----C-----A--A...G--	306
02 AG. FR. 91. DJ264	---T-----T-G-T--CGG-----A-----A-----T-GG-C-A-----C-----C-----T--A...--	465
02 AG. NG. - . IBNG	---T-----T-G-T--CAG-----A-----T-----A-----T-GG-C-A-----C-----C-----T--A...-G	641
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	---T-----T-G-T--CA-----C-----T-----A-----T-GG-C-A-----T--C-----G--C-----T--A...--	306
03 AB. BY. 00. 98BY10443	G--T-----T-A-T--CA-----A-----C-----A-----A-----A-----T--A...--	1110
03 AB. RU. 97. KAL153 2	---T-----A-T--CA-----A-----C-----A-----C-----A-----T--A...--	333
03 AB. RU. 98. RU9800I	---T-----A-T--CA-----A-----A-----AG-C-----A-----A-----T--A...--	477
04 cpx. CY. 94. CY032	---T-----T-A-T--CA-A-----G-----G-----TA--A-----GG-C-A-----A-----TG--C-----T--A...--	467
04 cpx. GR. 91. 97PVCB	---T-----A-T--CAGA-----G-----A-----G-----T-----TT-----GG--A-----C-A-----TG-----T--A...G--	1118
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	---T-----T-A-T--CA-A-----G-----A-----G-----T-----TT-A-----GG--C-A-----A-----AG-----C-----T--A...G--	1121
05 DF. BE. - . VI1310	C--T-----G-TA-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----A...--	477
05 DF. BE. 93. VI961	---T-----G-TA-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----A...--	453
05 DF. ES. 99. X492	---T-----TA-----A-----T-----C-----C-----G-----G-----G-----A-----A...-G	451
06 cpx. AU. 96. BFP90	G--T-----T-A-T--CA-----A-----T-----T-----A-----A-----A-AG--C-----CA-----T--A...--	1129
06 cpx. EE. - . EEO359	---T-----T-G-T--CAG-----G-----AG-----GT-----A-----A-----A-AG--GC-----C-----T--A...--	754
06 cpx. ML. 95. 95ML127	---T-----T-G-T--CAG-----A-----A-----A-----A-----A-AG--C-----T--A...--	1118
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	---T-----T-G-T--CA-----G-----T-----A-----A-----A-AG--C-G-----G-----T--A...G--	1145
07 BC. CN. - . CNGL179	---T-----G-T-----A-----G-----TC--C-----T-----A-----A--AC-GA-----TG--CG-----A-----C-----	328
07 BC. CN. 97. 97CN001	---T-----G-T-----A-----G-----TC--C-----C-----A-----A--AC-GA-----TG--CG-----A-----C-----	448
07 BC. CN. 97. CN54	---T-----T-G-T-----A-----G-----TC--C-----T-----C-----A-----A--AC-GA-----TG--CG-----GA-----C-----	478
07 BC. CN. 98. 98CN009	---T-----G-T-----A-----G-----TC--C-----G-----T-----A-----A--AC-GA-----TG--CG-----A-----C-----	448
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	---T-----G-T-----A-----G-----TC--C-----T-----T-----A-----A--G-GA-----AG--CG-----A-----C-----	308
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	---T-----G-T-----A-----G-----TC--C-----C-----T-----A-----A--G-GA-----AG--CG-----A-----C-----	314
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	---T-----G-T-----A-----G-----TC--C-----G-----T-----A-----A--G-GA-----AG--CG-----A-----C-----	308
08 BC. CN. 98. 98CN006	---T-----G-T-----A-----G-----TC--C-----C-----T-----A-----A--GC-GA-----AG--CG-----A-----C-----	448
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	---T---G---T---AG-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T--A...--	312
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	---T-G---G-T--CAG-----C-A-----G-----A-----A-----A-----TG--G-----T--A...--	312
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	---T-----G-T--CAG-G-----A-----G-----T-----T-----GG-----A-----G-----TG--G-----T--A...T--	312
09 cpx. US. 99. 99DE4057	---T-----G-T--CA-----A-----T-----T-----GG-----A-----G-----TG--G-----T--A...--	306
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	---T-----G-TA-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----GC-----G-----	480
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071	---T-----G-TA-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----C-----G-----G-----	478
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110	---T-----TA-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----C-----G-----	478
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA	---AT-----G-T--CGG-----A-----A-----A-----T-----G-----GT-----C-A-----A-----TG-----A--G-----T--A...--	306
11 cpx. CM. 96. 4496	---AT-----G-T--CGG-----A-----A-----A-----R-----A-----GCC-----G-GC-----G-----T--A...--	470
11 cpx. FR. 99. MP1298	---AT-----G-T--GG-----GA-----C-----C-----A-----C-----TG-----G-----G-----C-----T--A...--	1104
11 cpx. GR. - . GR17	---AT-----G-T--CGG-----A-----A-----A-----G-----A-----TC-----A-----G-----G-----G-----T--A...G--	418
12 BF. AR. 97. A32879	---G-----G-----C-----A-----GT-----T-----A-----A--G-----G-----G-----T-----C...--	668
12 BF. AR. 99. ARMA159	---G-----G-----T-----GT-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G...C--	1121
12 BF. ES. 02. X1241	---G-----G-----A-----T-----T-----T-----GT-----C-A-----A-----A--G-----T-----C--G-----T-----C...--	349
12 BF. UY. 99. URTR23	---G-----G-----A-----GT-----A-----A-----A--G-----G-----G-----G-----T-----C...C--	1142
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	---T-G---TA--C-----G--G-----A-----C-----GG-----A-----A-----G-----G-----A-----C---GGCA...G--	306
13 cpx. CM. 96. 1849	---T-G---T--C-----G--G-----A-----A-----C-----A-----G-----G-----A-----C---GG-A...G-G	479
13 cpx. CM. 96. 4164	C--T-G---T--C-----G--G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C---GG-A...G--	479
14 BG. ES. 00. X605	---T-G---G-G-----A--G-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C---GG-A...G-G	548
14 BG. ES. 00. X623	---T-G---G-T--CA-----A--G-----GA-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C---GG-A...G-G	550
14 BG. ES. 99. X397	---T-G---G-T--C-----A--G-----GA-----T-----A-----A-----A-----TG-----A-----C---GG-A...G-G	551
14 BG. ES. 99. X421	---T-G---K-T--C-----A--G-----GA-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----C---GG-A...G-G	548
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331	---T---GT--AAT--CA-----A-----T-----T-----GG-----A--C-----G-----A--G-----TCCA...G	327
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332	---T---GT--A-T--CA-----A-----T-----T-----GG-----A--C-----G-----A--G-----T--A...T--	334
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	---T---GT--A-T--CA-----A-----T-----T-----GG-----C--A--AA--C-----G-----T-----A...--	509
15 01B. TH. 99. 99TH R2399	---G---ATG--CA-----G-----T-----C-----A-----T-----GG-----C--A--C-----G-----T-----A...T--	468
16 A2D. KR. 97. 97KR004	---G---TA--A-----A--AG-----G-T-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----T--A...T--	468
18 cpx. CM. 97. CM53379	---AT-----G-T--CA--C-----G-----GTT-----A-----TG-----C-----T--A...--	306
N. CM. - . YBF106	C--AT--G---G-T--CA-----G-----G-----GC--C--T--G-W-----C--CC--G-----GTT--T-----C---AGT--AC---CC--G---C--CA--T--AC--A--G-----	660
N. CM. 02. DJ00131	C--AT--G---G-T--CGCA-----G-----G-----GC--C--C-----CG--CC-----GTT--T-----C---AGT--AC---C--G--C--CA--T--AC--A--G-----G-----	571
N. CM. 95. YBF30	T--AT--G---G-T--CA-----G-----GC--C--T-----CG--TC-----GTT--T-----C---AGT--AC---C---CA--AC-----G-----	659
O. BE. 87. AN770	G---T--G-G---G-T--CA-----G-----GAGC--GCAG---C--C--GG--CG--A---T--GTG---GG---T--CA--C--ATATA--A--TGG---T--GC--C--G--AA--C--A---T--	1153
O. CM. - . 96CMABB637	---T--G---G-T--CA-----G-----M--RT--G--AG---C--C--GG--C---A---GGTA---GG--C--T--A--C--AT--TA--AG--TG---T--GC--C--G--AA--C--G--A---T--	579
O. CM. 91. MVP5180	G---T--G-G---G-T--CA-----G-----G--C--G--A---TC--C--GG--CG--A---GTA---GG--C--T--CA--C--AT--T--C---CCG---T--AC--C--G--AA--C--A---T--	1128
O. SN. 99. SEMP1300	G---T--G-G---G-T--CA-----G-----AGC--GCAG---C--C--GG--C---A---GTG---GG---T--CA---AT--TA--AG--TG---T--AC--C--G--AA--C--G--A---C--	1155
CPZ. CD. - . ANT	T--AT--GAGC--T---A--AG--A--T--A---CCCT---A--A--T---T--G--T---C--CA--TTGTGTT--G--GG--C--A---A--G--GA--A-----AG--AC---C---TT--A...C--	462
CPZ. GA. - . CPZGAB	---AT--G--G---G-T--CA--A---C-----G-----GC--G--C--G--T---C--TC--G---GTA--G--GG--CA--A---AGTGAC--CACTG--G-----AC--A---C---AC---A...T--	1138
CPZ. TZ. - . TAN1	C---G--G--T--GG--AG--C--TT--T--TCC---A--C--TT--T--G--T---CA--CTGTGTA---C--C--A--CGC--G--AGA--AGAG--CC---T--GG--A---A...T---AATTG--G	664
CPZ. US. 85. CPZUS	---T--G---G-T--AA--A---G-----GC--GC---GC--C--T---C--CT---GGT---T--GG---C--CAGT---G--GACAG--GG--G--T--GC--C--G--C---TG--A...C--G	1143
Gag p17	Q L Q P S L Q T G S E E L R S L Y N T V A T L Y C V H Q R I E I K D T K E A L D K . I	Gag

B.FR.83.HXB2	GAGGAAGAGCAAACAAA AGTAAG AAAAAA GCACAGCAAGCAGCAGCT GACACAGGA	1158
A1.KE.94.Q23_17	-----ATAA-----T-G -C-----C-----G A---A-G-----A---	622
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----GATA-----TG-G -AC-----C-----G A-C-A-G-----A---	641
A1.SE.94.SE7253	-----ATA-----G-G -C-----C-----G A---A-G-----A---	365
A1.TZ.01.A173	-----ATA-G-T-G -C-----C-----G A---A-G-----A---	363
A1.UA.00.98UA0116	-----GATA-----TG-G -AC-----C-----G A-C-A-G-----A---	1163
A1.UG.92.92UG037	-----GATA-----G--- -C-----C-----G A---A-G-----A---	528
A1.UG.98.98UG57136	-----CTA-----T--- -C-----C-----G A---A-G-----A---	363
A2.CD.97.97CDKFE4	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----A----- T-C--- C-G-G A---G	505
A2.CY.94.94CY017_41	-----A-----G C-G--- A---T-----G	521
A3.SN.01.DDI579	-----ATA-----T-G -AC-----C-----G A---G-----A---	365
A3.SN.01.DDJ369	-----ATA-----G-GG CAC--- C-----G A---G-----A---	368
A3.SN.96.DDJ360	-----ATA-----AGGG -C-----C-----G A---G-----A---	365
B.AR.00.ARMS008	366
B.AU.96.MBCD36	----- T---A -G--- A GCT---G-----	513
B.CO.01.PCM074	-----G -G A-C -G-----	363
B.GA.88.OYI	704
B.NL.00.671_00T36	-----A----- -CGG GCACAGCAA A -G-----	693
B.RU.-.04RUI29005	-----A----- -G -G-----	644
B.TH.90.BK132	-----A----- -G A---A---	509
B.US.90.WEAU160	-----A----- -C-----G A---A---	1157
B.US.98.1058_11	363
C.AR.01.ARG4006	A-----G-A--- -C-----C----- A---G---A---G GCT---A---	366
C.BR.-.04BR013	C-----A----- -C-----CT--- AT---G---A---G GCT---A---A---	622
C.BR.92.BR025-d	A-----A----- -C-----C----- A---G---A---G GCT---A---	511
C.BW.00.00BW07621	--A---A---C--- -C-----C----- A---G---A---A---G GCT---AA---	535
C.ET.86.ETH2220	C-----A---G--- -C-----C----- A---G---G---A--- GCT---G---	541
C.IN.95.95IN21068	--A---A--- -T---C-----C----- A---G---AA---AG GAT---G---	536
C.IN.99.01IN565_10	-----A----- T---C-----C----- A---A---G---AA---GG GCT---GAAAGTCA	546
C.KE.00.KER2010	-----A----- -C-----C----- A---G-G-AA---G GCT---T---	363
C.TZ.01.BD9_11	-----A----- -C-----C----- ACACAGCAAAAAA G-A-AA---G GCT---G---	375
C.UY.01.TRA3011	A-----A----- -G G---A---G GCT---A---	354
C.ZA.04.SK164B1	-----A----- -C-----C----- A---G---AA---G GCT---A---	593
C.ZM.96.96ZM651	-----A----- -T-C---C--- AT---AA-A-CAGCAA GCGGCT---	511
D.CD.83.ELI	-----A----- -G	704
D.CD.83.NDK	-----A----- -G A T	696
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----A----- -G T	363
D.KE.01.NKU3006	-----A---C--- A-A--- AA---	363
D.TD.99.MN012	-----A----- -G	376
D.TZ.01.A280	-----C----- -G A	353
D.UG.94.94UG114	-----A---GC--- A	507
D.UG.99.99UGD23550	-----A---C--- -A---C---G--- A	363
D.UG.99.99UGK09958	-----A---C--- -A---C---G--- A	357
D.ZA.86.R482	-----A----- -G AAG---AG--- -G	422
F1.BE.93.VI850	-----A----- -C-----C---G--- A---G--- -A---G	513
F1.BR.89.BZ126	-----A----- -A-C---C---G--- A-A---G--- -A---G	523
F1.BR.93.93BR020_1	-----A----- G-CG---C---G--- A---GA-T--- -A---G	501
F1.FI.93.FIN9363	-----A----- -C-----C---G--- A---G--- GCAGCT---A---G	505
F1.FR.96.MP411	-----G-A--- G-C---C---G--- A---G--- -A---G	369
F2.CM.02.02CM_0016BBY	C-----A---G--- TA-C---C--- A---A-C---G--- -T-A---G	363
F2.CM.95.MP255	C-----A---G---T--- -C---C---G--- A---A---AAG---G--- -A---AG	369
F2.CM.95.MP257	C-----A---G--- CA-C---C--- A---A---A---G--- -A---G	369
F2.CM.97.CM53657	C-----A---G--- -C---C--- A---A-C---G--- -A---G	363
G.BE.96.DRCBL	--AA-GATA---G-G -C---C--- GA-AAC	1122
G.CM.01.01CM_4049HAN	--AA-GATA---G-G -CC---C--- AT---G---AGA TGA	363
G.ES.99.X138	--AA-G-CA-G-G -C--- CA---G---ATG -GA	608
G.FI.93.HH8793_12_1	--AA-GATA---G -C---C--- AT---G---AGG TGA	560
G.NG.92.92NG083	--AA-ATA---G-C -C---C---G--- AT---G---AAG A-TGA	524
G.SE.93.SE6165	--AA-GATA---G -C---G--- AT---G---ATG -T-A	561
H.BE.93.VI991	-----ATA-G-T-G -AC---C---G--- A---G---CC---A GCAGCT---T-A-A	550
H.BE.93.VI997	-----ATA----- -GC---C--- A---A--- A-T-AG-A	485
H.CF.90.056	-----ATA----- C---C--- A T-AG-A	505
J.SE.93.SE7887	-----ATT-----G -AC-A---C-GC-G -A---A---A -A-AA	481
J.SE.94.SE7022	-----ATT----- -AC-A---C-GC-G -A---A---A -A-AA	482
K.CD.97.EQTB11C	-----A-----G -C---C---G--- A---G---A -A---G	369
K.CM.96.MP535	-----A----- -C---CG---G--- A---A---A -A---G	369
01_AE.TH.00.OUR200I	-----CA---T-G -CC---C---G--- A-G---G---	363
01_AE.TH.01.OUR414I	-----A---G -CC---C---G--- A---G---	363
01_AE.TH.02.OUR769I	-----TA---T-G -C---C---G--- AT---G---	363
01_AE.TH.90.CM240	-----TA---T-G -CC---CG---G--- A---G---	723

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

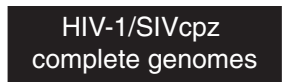
	Gag p17 Matrix end \ /	Gag p24 Capsid start	
B.FR.83.HXB2CACAGCAATCAG.....GTCCAGCCAAAATTACCTTATAGTGCAGAACATCCAGGGGCAAAATGGTACA.....	1220
A1.KE.94.Q23_17A----GCA-T.....-A-TGCA-A-----A----	684
A1.RU.03.03RU20_06_13AG---GCA--.....-A-TGCA-A-----AC---	703
A1.SE.94.SE7253A----GCA--.....-A-TGCA-A-----AC---	427
A1.TZ.01.A173G----GCA--.....A-A-A-TGCA-A-----A----	425
A1.UA.00.98UA0116AG---GCA-A.....-T-----C-----A-TGCA-A-----AC---	1225
A1.UG.92.92UG037AGT---GCA--.....-A-TGCA-A-----A-C---	590
A1.UG.98.98UG57136A---T-GCA--.....-A-TGCA-A-----A----	425
A2.CD.97.97CDKFE4C-----TGCA-A-----	49
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48AG---GCAGTCAAAAATTACAGAGGTAGCAG--T.....-A-TGCA-A-----	585
A2.CY.94.94CY017_41A---GC------T-----T-C-----A-TGCA-A-----	577
A3.SN.01.DDI579A----GA---.....-A-TGCA-A-----	427
A3.SN.01.DDJ369AG---GA---.....-A-TTCA-A-----	430
A3.SN.96.DDJ360A----GA---.....-A-TGCA-A-----	427
B.AR.00.ARMS008A-A-A--C----C-T-----	428
B.AU.96.MBCD36A---GC-----	575
B.CO.01.PCM074AGT-A-GC--GTCA.....GCCAA.....G-----	434
B.GA.88.OYIA---GC-----C-T-----	766
B.NL.00.671_00T36A-A-A--C-C-G-----TC--A--	755
B.RU.-.04RUI29005A---GC------A-----	706
B.TH.90.BK132A---GC------T-----A-T-G--	571
B.US.90.WEAU160A---A-C----C-A--A-----	1219
B.US.98.1058_11A---GC-----C--A--	425
C.AR.01.ARG4006A-----T-----T-----TC--A-----	419
C.BR.-.04BR013A--T-----T-----TC--A-----TG-----	675
C.BR.92.BR025-dA-----T-----A-----TC--A-----	564
C.BW.00.00BW07621A-----T-----A-----T-----A-----	588
C.ET.86.ETH2220A-----T-----A-----T-----G-----	594
C.IN.95.95IN21068A-----T-----T-----TC--A-----	589
C.IN.99.01IN565_10GTCAAAAGGGGCTGACGGG.....-T-T-----T-----A-----TC--A-----	619
C.KE.00.KER2010A-----T-----T-----A-----TC--A-----	416
C.TZ.01.BD9_11A-----T-----T-----TC--G--A-----	428
C.UY.01.TRA3011A-----T-----T-----TG--A-----	407
C.ZA.04.SK164B1A-----T-----TT-----A-----TC--T--A-----	646
C.ZM.96.96ZM651A-----T-----T-----TC--A-----	564
D.CD.83.ELIA--A-GC----T-----C-A-----	766
D.CD.83.NDK-GC------C-A-----	755
D.CM.01.01CM_4412HALG--A--A----C-T-----T-A-----	425
D.KE.01.NKU3006AG---GC---C-T-----A-----C-A-----	425
D.TD.99.MN012A---GC---T-----T-A-----	438
D.TZ.01.A280AG---GC---T-----A-----C-A-----	415
D.UG.94.94UG114A---GC---T-----A-----C-A-----	569
D.UG.99.99UGD23550A---GC---T-----T-----G-GT-----A-----C-A-----AC-T-----	425
D.UG.99.99UGK09958A---GC---T-----T-----A-----C-A-----	419
D.ZA.86.R482A---G---T-----C-A-----	484
F1.BE.93.VI850T-----A-----TC-T--A-----	563
F1.BR.89.BZ126A-----TC-T--A-----	573
F1.BR.93.93BR020_1T-----A-----TC-T--A-----	551
F1.FI.93.FIN9363_1T-----A-----TC-T--A-----	555
F1.FR.96.MP411T-----A-A-TC-T--A-G-----	419
F2.CM.02.02CM_0016BBYT-----A-----TC-T--	413
F2.CM.95.MP255T-----T-----	419
F2.CM.95.MP257GTCAGT-AAGGG.....T-----C-A-A-TC-T--	431
F2.CM.97.CM53657T-----A-----TC-T--A-----	413
G.BE.96.DRCBLAG---GC--A.....-T-----TGCA-A-----	1184
G.CM.01.01CM_4049HANG---C--A.....AG-----TGCA-A-----A-----	425
G.ES.99.X138A--A-GC--A.....C-----T-----TGCA-A-----	670
G.FI.93.HH8793_12_1A---GC--A.....T-----T-----GCA--A--A--G-----	622
G.NG.92.92NG083A--T--C-CA.....T-----T-----TGCA-A-----A-----	586
G.SE.93.SE6165A---C--A.....T-----T-----TGCA-A-----	623
H.BE.93.VI991A-GGA-GCA--.....A--T-----A-----TGC--A-----	612
H.BE.93.VI997AGAGA--CA.....T-----T-----A-----TGCT--A-----G-----	547
H.CF.90.056A-AGA--CA.....T-----T-----A-----TGCT--A-----G-----	567
J.SE.93.SE7887G--A-G----T-----T-----TC-G--A-----CC-----	543
J.SE.94.SE7022G--A-G----T-----T-----TC-G--A-----CC-----	544
K.CD.97.EQTB11C-T-----T-----A-----TC-T--	419
K.CM.96.MP535-T-----T-----A-----TC-G--	419
01_AE.TH.00.OUR200IA---GCA-A.....-A-----A-TGCA-A-----	425
01_AE.TH.01.OUR414IAG---GCA-A.....-A-A-TGCA-A-----	425
01_AE.TH.02.OUR769IAG---GCACA.....-A-TGCA-A-----	425
01_AE.TH.90.CM240AG---GCA-A.....-A-TGCA-A-----C---	785

		Gag p17 Matrix end \ / Gag p24 Capsid start	
B. FR. 83. HXB2CACAGCAATCAG.....	.GTCAGCCAAAATTACCTTATAGTGCAGAACATCCAGGGGCAAAATGGTACA	1220
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE-GC.....	..AG-----A--TGCA--A-----AC---	416
02 AG. FR. 91. DJ264-GC.....	..AG-----A--TGCA--A-----AC---	575
02 AG. NG. -. IBNG-GC.....	..AG-----A--TGCA--A-----AC---	751
02 AG. UZ. 02. 02UZ693-GC.....	..AG-----A--TGCA--A-----A----	416
03 AB. BY. 00. 98BY10443AG---GCA--.....T-----C-----A--TGCA--A-----A----	1229
03 AB. RU. 97. KAL153 2AG---GCA--.....T-----C-----A--TGCA--A-----AC---	452
03 AB. RU. 98. RU9800IAG---G-A-.....T-----C-----A--TGCA--A-----AC---	596
04 cpx. CY. 94. CY032GGT---GCA-T.....-----A--TGCA--A-----	586
04 cpx. GR. 91. 97PVCHGGT---GCA--.....-----A--TGCA--A-----	1237
04 cpx. GR. 97. 97PVMYA-T---GCA-T.....-----C--A--TGCA--A-----	1234
05 DF. BE. -. VI1310A---GC--.....-C-----T-----A-----	599
05 DF. BE. 93. VI961A---GGC-C.....-TT-----C-A-----	575
05 DF. ES. 99. X492A---G--.....-T-----T-----A-----	573
06 cpx. AU. 96. BFP90A---G-A-T.....C---T-----C-----A--TGCA--A-----	1245
06 cpx. EE. -. EEO359A---G-A-T.....C---T-----C-----A--TGCA--A-----	873
06 cpx. ML. 95. 95ML127A---G-A-T.....C---T-----C-----A--TGCA--A-----	1237
06 cpx. SN. 97. 97SE1078A---G-A-T.....C---T-----C-----A--TGCA--A-----	1264
07 BC. CN. -. CNGL179A---A-.....-T-----T-----TC--A-----	438
07 BC. CN. 97. 97CN001A---A-.....-T-----T-----A--TC--A-----	558
07 BC. CN. 97. CN54A---A-.....-T-----T-----A--TC--A-----	588
07 BC. CN. 98. 98CN009A---A-.....-T-----T-----TC--A-----	558
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6FA---A-.....-T-----T-----TCC--A-----	418
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7FA---A-.....-T-----T-----TCC--A-----	424
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9FA---A-.....-T-----T-----TCC--A-----	418
08 BC. CN. 98. 98CN006A---A-.....-T-----T-----TC--A-----	570
09 cpx. GH. 96. 96GH2911A--A-GCA--.....-A-----A--TGCA--A-----G---	431
09 cpx. SN. 95. 95SN1795AG--A-GCA--.....-T-----C-----A--TGCA--A-----	431
09 cpx. SN. 95. 95SN7808AG--A-GAA-T.....-A-----A--TGCA--A-----	416
09 cpx. US. 99. 99DE4057AG--A-GAA-T.....-A-----A--GCA--A-----	425
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061A---GC--.....-T-----A--TT-A-----	599
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071A---GC--.....-T-----A--CA--A-----GT-	597
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110A---GC--.....-T-----A--T-A--A-----	597
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SAA--A-GC--.....-T-----A--TGCA--A-----	425
11 cpx. CM. 96. 4496G--A-GCA-A.....-T-----C-----A--TGCA--A-----CCAA--	589
11 cpx. FR. 99. MP1298A--A-GCA-T.....-T-----C-----A--TGCA--A-----	1223
11 cpx. GR. -. GR17A---CA-.....-T-----A--TGCA--A-----	531
12 BF. AR. 97. A32879A---A-.....-T-----A--TC-T--A-----	787
12 BF. AR. 99. ARMA159A---A-.....-T-G-----A--TC-T--A-----	1228
12 BF. ES. 02. X1241A---A-.....-T-----A--TC-T--A-----	474
12 BF. UY. 99. URTR23A---A-.....-T-----A--TC-T--A-----	1249
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MNA-----C--A.....-C---T-----T-----TGCA--A-----	425
13 cpx. CM. 96. 1849A-----C--A.....-T-----T-----TGCA--A-----G--	598
13 cpx. CM. 96. 4164A-----C--A.....-T-----T-----TGCA--A-----	598
14 BG. ES. 00. X605A--A-GC--A.....-C---T-----A--TGCA--A-----	664
14 BG. ES. 00. X623A--A-GC--.....-C---T-----A--TGCA--A-----	666
14 BG. ES. 99. X397A--A-GC--A.....-C---T-----A--TGCA--A-----	667
14 BG. ES. 99. X421A--A-GC--A.....-C---T-----A--TGCA--A-----	664
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331A---GCA-A.....-T-----A--TGCA--A-----	443
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332A---A-A.....-T-----A--A--TGCA--A-----	450
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079AG---GCACA.....-T-----A--TGCA--A-----	628
15 01B. TH. 99. 99TH R2399AG---GCA-A.....-T-----A--TGCA--A-----	587
16 A2D. KR. 97. 97KR004A---GC.....-G---T-----C-----A--TGCA--A-----AC-T-	581
18 cpx. CM. 97. CM53379AG---GCA--.....-C-----A--TGCA--A-----A----	422
N. CM. -. YBF106GCTGA--GCAGT.....A---TAGG---T---C---C---TGCT--A--A-----	785
N. CM. 02. DJO0131GCTGAT--CA-T.....A---TAGG---T---C---C---TGCT--A--A-----	705
N. CM. 95. YBF30ACTGAT-GCA-T.....A---TAGG---T---C---C---CTGCT--A--A-----	784
O. BE. 87. ANT70A---A-.....-CGG-T-----ATCA--TGCG--A-----	1266
O. CM. -. 96CMABB637A---A-.....ACA-T-----AG--AGCA--G--A-----	689
O. CM. 91. MVP5180A---A-.....ACA-T-----AACA--TGCA--A-----	1241
O. SN. 99. SEMP1300A---A-.....ACGG-T---C---G---AGCA--TGCA--A-----	1268
CPZ. CD. -. ANT	GCATGCTTCTGCGGCTGCTCCTGTTAACAACAAACAGTGGTGTGAGCGA.....-TCTT-G-GGC.....-AAG-GAG-----C--CA-AGT-G-TGCAGGA--AAT-GCAAGG--	632
CPZ. GA. -. CPZGABTCTGC-GGC.....A-T-TGG-----TGCT--A-----G-----	1281
CPZ. TZ. -. TAN1	ACACAGGGAGAGCAACAGAGACACCT.....AGT-----GG-TAG-CTA---AG-GA-AACTG-TGCA---AGTTGCAAGG--	852
CPZ. US. 85. CPZUSGG---T-CATT.....GT---AGC-----AG--A--GCT---A--G-----	1268
Gag p17/p24H S N Q.....V S Q N Y P I V Q N I Q G Q M V H	Gag
		Gag p17 Matrix end \ / Gag p24 Capsid start	

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	TCAGGCCATATCACCTAGAACTTTAAATGCATGGGTAAAAGTAGTAGAAGAGAAGGCTTTCAGCCCAGAAGTGATACCCATGTTTTCAGCATTATCAGAAGGAGCCACCCACAAAGATTTAAACACCATG	1350
A1.KE.94.Q23_17	C--T--T-G-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----T-TG--	814
A1.RU.03.03RU20_06_13	C--T--T-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----TG--	833
A1.SE.94.SE7253	C--T--T-G-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----C-----T-----T-TG--	557
A1.TZ.01.A173	C--AA-T-G-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----TGTG--	555
A1.UA.00.98UA0116	C--T--G-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----C-----TG--	1355
A1.UG.92.92UG037	C--T--T-G-----G-----G-----G-G--A-----A-----C-----A-----C-----T-----T-TG--	720
A1.UG.98.98UG57136	C--T--T-A--A--A-----G-----G-----G-----A-----A-G-G-----T-----C-----GG-----T-TG--	555
A2.CD.97.97CDKFE4	C-----C-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-T--	179
A2.CD.97.97CDKS10G-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----C-----T-----T--	0
A2.CD.97.97CDKTB48	C-----G-G-----G-----G-----C-----T-----T-----A-----A-----C-----T-----T--	715
A2.CY.94.94CY017_41	C-----T-----G-G-G-----C-----C-----T-----A-----A-----T-----A-----C-----T-----T--	707
A3.SN.01.DDI579	--T--T-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G--A-----T-----T-TG--	557
A3.SN.01.DDJ369	C--T--T-----G-----G-----G-----A-----C-----G--T-----A-----A-----C-----T-----T-TG--	560
A3.SN.96.DDJ360	--T--T-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----T-TG--	557
B.AR.00.ARMS008	-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----T--	558
B.AU.96.MBCD36	-----G-----C-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----T-----T--	705
B.CO.01.PCM074	-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----T--	564
B.GA.88.OYI	-----C-----C-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----T--	896
B.NL.00.671_00T36	-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----T--	885
B.RU.-.04RUI29005	-----T-----TA-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T--	836
B.TH.90.BK132	-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G--	701
B.US.90.WEAU160	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G--	1349
B.US.98.1058_11	-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----T-----T--	555
C.AR.01.ARG4006	C--C--C-G-----G-----G-----A--G--A-----G--C-----A-----A-----T-----T--	549
C.BR.-.04BR013	---C---C---G-C-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----T--	805
C.BR.92.BR025-d	C--C--C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----T--	694
C.BW.00.00BW07621	C--T--T-----G-----G-----A-----G--T-----G--A--T-----A-----A-----C-----T--	718
C.ET.86.ETH2220	---C---G-----G-----G-----G-----A-----G--A-----G--A-----A-----T-----T--	724
C.IN.95.95IN21068	C--A--A-----G-----G-----A-----G--A-----T-----G--A-----A-----A-----T--	719
C.IN.99.01IN565_10	C---T---T-----G-----G-----A-----G--A-----T-----G--A-----A-----A-----T--	749
C.KE.00.KER2010	C---C---C-----G-----G-----A-----G--A-----T-----G--A-----A-----A-----T--	546
C.TZ.01.BD9_11	---A---C---G-----G-----A-----G--C-----C-----G--A-----A-----A-----C-----T--	558
C.UY.01.TRA3011	C--C--T-----G-C-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----G--A-----A-----T--	537
C.ZA.04.SK164B1	---AC---C-----C-----G-----G-----A-----G-----G--T--A-----G--A-----A-----G-----G--	776
C.ZM.96.96ZM651	C---AAAC-----G-----A-----A-----A-----T-----G--A-----A-----A-----G-----G--	694
D.CD.83.ELI	-----A-----G--C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T--	896
D.CD.83.NDK	-----G--C-----A-----A-----C-----G--A-----A-----A-----A-----T-----T--	885
D.CM.01.01CM_4412HAL	C--A--C-----C-----C--G--C-----A-----G--A-----A-----A-----A-----G-----T--	555
D.KE.01.NKU3006	C--A--T-----C--G--C-----A-----G--A-----A-----A-----A-----A-----T-----T--	555
D.TD.99.MN012	C--A--T-----C--G--C-----A-----G--A-----A-----A-----A-----A-----C-----T--	568
D.TZ.01.A280	C-----C--G--C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T--	545
D.UG.94.94UG114	C--TC--C-----G--C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----T--	699
D.UG.99.99UGD23550	C--G--T-----G--C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----T--	555
D.UG.99.99UGK09958	C-----T-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----T--	549
D.ZA.86.R482	-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----T--	614
F1.BE.93.VI850	C--T--TC-----G--GA-----T-----A-----A-----G-----T--CAC-----	693
F1.BR.89.BZ126	---T--T-----G--GA-----T-----A-----A-----G-----T-----T-----	703
F1.BR.93.93BR020_1	C--T--TT-----G--GA-----T-----T-----A-----A-----G-----T-----T-----	681
F1.FI.93.FIN9363	---T-----G--GA-----T-----T-----A-----A-----G-----T-----T-----	685
F1.FR.96.MP411	---C--T-----G--GA-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----	549
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---T-----C-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----T-----T--	543
F2.CM.95.MP255	C---TC-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----T--	549
F2.CM.95.MP257	C---AGTC-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----T--	561
F2.CM.97.CM53657	C---T--TC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T--	543
G.BE.96.DRCBL	C-----A-----C-----G-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----T-----T--	1314
G.CM.01.01CM_4049HAN	C---A--A--C-----C-----A-----A-----C-----T-----C-----A-----T-----G-----CTCC-----T--	555
G.ES.99.X138	C-----C-----C-----R-----C-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----T--	800
G.FI.93.HH8793_12_1	C-----A-----C-----T-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----T-----T--	752
G.NG.92.92NG083	C-----G-----G-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----T--	716
G.SE.93.SE6165	C-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----T-----TCT-----	753
H.BE.93.VI991	C---A-----G--C-----T-----A-----A-----C-----T-----TG-----	742
H.BE.93.VI997	C--C-----V--G--C-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----T-----TG--T--	677
H.CF.90.056	C-----G--C-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----T-----TG--T--	697
J.SE.93.SE7887	C---C-----GA-----A--A-----G-----G-----T-----T--	673
J.SE.94.SE7022	C---T-----GA-----A--A--C-----G-----G-----T-----T--	674
K.CD.97.EQTB11C	C-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----T--	549
K.CM.96.MP535	C-----C-----G--G--A--G-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----	549
01_AE.TH.00.OUR200I	---C--TT-----G-----A-----A-----GC--T--AT-----A-----T-----C-----G-----T--TG--	555
01_AE.TH.01.OUR414I	---T--TT-----G-----A-----G--T--A-----A-----A-----C-----G-----T-----C-----T--TG--	555
01_AE.TH.02.OUR769I	---C--TG-----G-----A-----G--T--AT-----A-----A-----C-----C-----G-----T-----T--TG--	555
01_AE.TH.90.CM240	---C--TT-----G-----G-----A-----G--T--A-----A-----A-----C-----G-----T-----T--TG--	915

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	TCAGCCATATCACCTAGAACTTTAAATGCATGGGTAAGTAGTAGAAGAGAAGGCTTTCAGCCAGAGTGATACCCATGTTTTCAGCATTATCAGAAGGAGCCACCCACAAGATTTAAACACCATG	1350
02_AG.CM.02.02CM.1669LE	-----C-----G-----G-----G-C-A-----A-A-----A-----A-----G-----G-----G-----	546
02_AG.FR.91.DJ264	---C---G-----G-----G-----G-A-----A-----A-----A-----G-----C---T-TG---	705
02_AG.NG.-.IBNG	---T---G-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----C---T-TG---	881
02_AG.UZ.02.02UZ693	---T-T-G-----G-----G-----G-G-A-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----T-TG---	546
03_AB.BY.00.98BY10443	C---T---G-G-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----TG---	1359
03_AB.RU.97.KAL153.2	C---T---G-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----TG---	582
03_AB.RU.98.RU9800I	C---T---G-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----TG---	726
04_cpx.CY.94.CY032	---AG---T-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----TG---	716
04_cpx.GR.91.97PVCH	---C---G-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----TG---	1367
04_cpx.GR.97.97PVMY	---AGT---G-----C-G-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----C-----G-----G-----C-----TG---	1364
05_DF.BE.-.VI1310	C-----C-----G-C-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----TG---	729
05_DF.BE.93.VI961	C-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----T-----TG---	705
05_DF.ES.99.X492	C-AC-C-----A-----G-C-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----T-----TG---	703
06_cpx.AU.96.BFP90	-----G-----AC-----G-----A-----T-----A-----A-----CA-----G-----G-----G-----TG---	1375
06_cpx.EE.-.EE0359	-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----GG-----T-TG---	1003
06_cpx.ML.95.95ML127	-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----T-TG---	1367
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----T-----A-----G-----C-A-----G-----T-----A-----C-----C-----C-----T-TG---	1394
07_BC.CN.-.CNGL179	---C-----G-----T-----A-----A-----CA-----G-----G-----G-----TG---	568
07_BC.CN.97.97CN001	---C-----G-----T-----A-----A-----CA-----G-----G-----G-----TG---	688
07_BC.CN.97.CN54	---C-----G-----T-----A-----A-----CA-----G-----G-----G-----TG---	718
07_BC.CN.98.98CN009	---C-----G-----T-----A-----A-----CA-----G-----G-----G-----TG---	688
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	---C-C-----G-----T-----A-----CA-----G-----G-----G-----TG---	548
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	---C-C-----G-----T-----A-----CA-----G-----G-----G-----TG---	554
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	---C-C-----G-----T-----A-----CA-----G-----G-----G-----TG---	548
08_BC.CN.98.98CN006	---C-C-----G-----T-----A-----CA-----G-----G-----G-----TG---	700
09_cpx.GH.96.96GH2911	---C-----R-----A-----A-----A-----CA-----G-----C-----T-TG---	561
09_cpx.SN.95.95SN1795	---G-----G-----A-----A-----A-----CA-----G-----C-----T-TG---	561
09_cpx.SN.95.95SN7808	---G-----G-----A-----A-----A-----CA-----G-----T-----T-TG---	546
09_cpx.US.99.99DE4057	---G-----G-----A-----A-----G-----A-----CA-----G-----T-----T-TG---	555
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	C---C---T---A-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----G-----TG---	729
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	---C---G-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----TG---	727
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	C-AC-T---G-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----TG---	727
11_cpx.CM.02.02CM.2190SA	C-A-----G-----C-G-----G-----A-----C-----A-----A-----T-----T-TG---	555
11_cpx.CM.96.4496	C---G-----G-----C-G-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----T-TG---	719
11_cpx.FR.99.MP1298	C-AA-----G-----C-G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-TG---	1353
11_cpx.GR.-.GR17	C-----G-----C-G-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----T-TG---	661
12_BF.AR.97.A32879	---T-T-----G-----GA-----T-----A-----A-----G-----T-----TG---	917
12_BF.AR.99.ARMA159	C---C-TT-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----TG---	1358
12_BF.ES.02.X1241	---T-T-----G-----GA-----T-----A-----A-----G-----T-----TG---	604
12_BF.UY.99.URTR23	C---C-T-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----TG---	1379
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	C-----C-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----TG---	555
13_cpx.CM.96.1849	C---T-----C-----T-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----TG---	728
13_cpx.CM.96.4164	C-----C-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----TG---	728
14_BG.ES.00.X605	---C-----C-----A-----C-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----TG---	794
14_BG.ES.00.X623	---C-----C-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----TG---	796
14_BG.ES.99.X397	---C-----C-----A-----C-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----TG---	797
14_BG.ES.99.X421	---C-----C-----A-----C-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----TG---	794
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	---T-TT-----G-----A-----G-----T-A-----A-----C-----G-----T-----TG---	573
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	---T-TT-----G-----A-----G-----T-A-----A-----A-----G-----G-----T-----TG---	580
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	---C-TG-----G-----G-----A-----A-G-----T-A-----A-----C-----G-----T-----TG---	758
15_01B.TH.99.99TH_R2399	---C-TG-----G-----G-----A-----G-----T-AT-----A-----C-----G-----T-----TG---	717
16_A2D.KR.97.97KR004	---AA-T-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----TG---	711
18_cpx.CM.97.CM53379	---AG-G-----G-----G-----C-A-----G-A-----T-----A-----CA-----G-----T-----TG---	552
N.CM.-.YBF106	---C-GC-GA-----T-----A-----G-----A-----C-----T-AT-----A-----A-----ATG-----C-----G-----G-----A-----G-----CTC-----C-----T-TG---	915
N.CM.02.DJ00131	---C-GC-GA-----C-----T-----G-----GA-----G-----C-----T-AT-----A-----A-----ATG-----C-----G-----G-----A-----A-----CGC-----C-----T-TG---	835
N.CM.95.YBF30	---C-GC-GA-----C-----C-----T-----G-----GA-----G-----C-----T-T-----A-----A-----ATG-----C-----G-----G-----A-----G-----CTC-----C-----T-TG---	914
O.BE.87.ANT70	---C-C-C-C-C-G-----G-C-----A-----A-----C-----T-A-----T-----A-----C-----T-----CATG-----G-----G-----A-----TTT-----CT-----T-----A-----T-----T-----TG---	1396
O.CM.-.96CMABB637	---C-C-C-C-C-G-----G-C-----A-----C-----T-A-----T-----A-----T-----T-----ATG-----G-----G-----T-----TT-----CT-----T-----CA-----C-----T-----TG---	819
O.CM.91.MVP5180	---A-----C-----C-----C-----G-----G-C-----A-----C-----T-A-----T-----A-----T-----T-----ATG-----G-----G-----G-----TGT-----CT-----T-----A-----C-----T-----TG---	1371
O.SN.99.SEMP1300	---T-----C-----C-----C-----G-----G-C-----A-----C-----T-A-----T-----A-----C-----T-----CATG-----G-----G-----T-----TT-----TT-----T-----ACT-----T-----TG---	1398
CPZ.CD.-.ANT	---C-AC-GA-----A-----C-----C-----GTGT-----AAA-----AT-----C-----C-----T-----T-----T-----G-----A-----T-----T-----T-----TG---	762
CPZ.GA.-.CPZGAB	---C-----C-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----A-----TC-----G-----G-----TTA-----T-----G-----G-----T-----TG---	1411
CPZ.TZ.-.TAN1	---C-T-----T-----C-----C-----GG-----A-----A-----A-----GG-----T-AT-----A-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----TT-----T-----C-----T-----GT-----TG---	982
CPZ.US.85.CPZUS	---A-----G-----T-----C-----C-----CG-----A-----C-----T-A-----G-----C-----C-----G-----CATG-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----C-----T-----TG---	1398
Gag p24	Q A I S P R T L N A W V K V V E E K A F S P E V I P M F S A L S E G A T P Q D L N T M	Gag



B.FR.83.HXB2	CTAAACACAGTGGGGGACATCAAGCAGCCATGCAAAATGTTAAAAGAGACCATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGATAGAGTGCATCCAGTGCATGCAGGGCCTATTGCACCAGCCAGATGAGAGAAC	1480
A1.KE.94.Q23_17	--G---T-----C-G---T-----T-----T-----C-GT-A-----A-----CC-----	944
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----T-----C-G---T-----G---T-----T-----T-----GT-A-----ACA-G-----T-C-----G-----	963
A1.SE.94.SE7253	--G---T-----G---T-----T-----T-----C-GT-A-----CA-----G-----	687
A1.TZ.01.A173	--G---T-----T-----T-----C-----A-----C-GT-A-----A-G-----C-----A-----	685
A1.UA.00.98UA0116	--G---T-----C-G---T-----G---T-----T-----T-----GT-A-----CA-G-----T-C-----G-----	1485
A1.UG.92.92UG037	--G---T-----C-G---T-----T-----T-----C-GC-A-----A-----G-----	850
A1.UG.98.98UG57136	--G---TG-----C-G---T-----T-----T-----GT-A-----A-A-----C-----	685
A2.CD.97.97CDKFE4	-----G-----T-----A-----T-----C-GC-A-----A-----C-----	309
A2.CD.97.97CDKS10	-----T-----T-----C-GT-A-----A-G-----C-----	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----T-----T-----C-G-A-----A-----C-----	845
A2.CY.94.94CY017_41	-----T-----T-----C-G-A-----A-----C-----	837
A3.SN.01.DDI579	T-G--T-T-----T-----T-----A-----C-GA-----A-----C-----	687
A3.SN.01.DDJ369	--G---T-----C-----T-----T-----C-----A-----C-----	690
A3.SN.96.DDJ360	T-G--T-T-----C-----T-----T-----A-----C-GA-A-----A-----C-----	687
B.AR.00.ARMS008	T-----A-----G-----G-----A-----C-----	688
B.AU.96.MBCD36	-----C-----T-----A-G-----G-C-----A-----	835
B.CO.01.PCM074	-----T-----T-----C-----GC-----T-A-----A-----	694
B.GA.88.OYI	-----T-----A-----C-----	1026
B.NL.00.671_00T36	-----T-----T-----C-----	1015
B.RU.-.04RUI29005	-----A---G-----C-----T-----G-G-----	966
B.TH.90.BK132	-----T-----T-----	831
B.US.90.WEAU160	-----T-A-----T-----	1479
B.US.98.1058_11	-----A-----A-A-----C-A-----A-----A-----C-----	685
C.AR.01.ARG4006	T---T-----T-----G-----G-----C---T-A-----R-----G-C-----A-----	679
C.BR.-.04BR013	T---T---A-----A-----G-----G-----GT-A-----C-----T-A-----	935
C.BR.92.BR025-d	T---T-----C-----T-----G-----T-----T-----G-C-----A-----	824
C.BW.00.00BW07621	T---T---A-----T-----G-----GT-A-----A-----A-----	848
C.ET.86.ETH2220	-----T-----C-----G-----C-GT-A-----G-----A-----C-----	854
C.IN.95.95IN21068	T---T-----A-----G-----T-A-----A-C-----AC-----	849
C.IN.99.01IN565_10	T---T---AA-----T-----A-----G-----T-A-C-----C-----A-----	879
C.KE.00.KER2010	T---T---A-----G-----T-----G-----T-A-----G-----A-C-----A-----	676
C.TZ.01.BD9_11	T---T-----T-----G-----T-----T-A-----A-----A-----A-----	688
C.UY.01.TRA3011	T---T-----C-----T-----T-----C---T-A-----A-----A-----A-----	667
C.ZA.04.SK164B1	T---T---G-----G-----T-----A-----G-----T-A-----A-----G-C-----A-----	906
C.ZM.96.96ZM651	T---T-----T-----T-----G-----T-----T-A-----A-----A-----A-----	824
D.CD.83.ELI	-----C-----A-----GT-A-----	1026
D.CD.83.NDK	-----T-----C-----C-----C---T-A-----G-----A-----	1015
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----C-GC-A-----A-----G-----	685
D.KE.01.NKU3006	-----GC-A-----A-A-----A-----A-----	685
D.TD.99.MN012	-----G-----C-----C-GT-A-----A-A-----G-----C-----	698
D.TZ.01.A280	-----T-----T-----GC-A-----A-----A-----	675
D.UG.94.94UG114	-----G---T-----G---T-----GC-A-----G-----AT-----	829
D.UG.99.99UGD23550	T-----T-----A-----GC-A-----TA-----AC-----	685
D.UG.99.99UGK09958	T-----T-----GC-A-----A-----A-----A-----	679
D.ZA.86.R482	-----C-----C-----GC-A-----T-----	744
F1.BE.93.VI850	-----T-----C-----C---T-A-----GCCC-----G-----	823
F1.BR.89.BZ126	T---T-----C-----C---T-A-----C---G---A---CC-----A-G-----	833
F1.BR.93.93BR020_1	T---T-----C-----G-----C---T-A-----ACA-G---A---CC-C---T---A-G-----	811
F1.FI.93.FIN9363	-----T-----C-----T-----C---T-A-----A---C---C---A-G-----	815
F1.FR.96.MP411	-----T-----T-----C-----T-A-----C-----CCT-----	679
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----A-----T-----C-GT-A-----G---A---CC---T---A-----	673
F2.CM.95.MP255	-----T---T-----G-----C-GT-A-----CC---G-----	679
F2.CM.95.MP257	-----T-----T-----C-GT-A-----A---CC---T-----	691
F2.CM.97.CM53657	-----T-----T-----C---T-A-----G---A---C---CC---T---A-----	673
G.BE.96.DRCBL	-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----C-GC-A-----CA-G-----A-G---C-----	1444
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----G-----T-----C-T-G-T-T-----C-GT-A-----CC---G-----C-----	685
G.ES.99.X138	-----G-----T-----C---G---T---T-----C-GA-----CAR-K-----CC-----A-----	930
G.FI.93.HH8793_12_1	-----G-----T-----C-----T-----T-----G---C---A---CCA-G-----C-----A-----	882
G.NG.92.92NG083	-----T-----G-----T-----C---G---T---T-----T-----G---C---GA-A---CA-G-----C-----A-A---G-----	846
G.SE.93.SE6165	T-----T-----G-----T-----C---G---T---T-----T-----G---C---GA-A---CAA-G-----T---C-----A-----	883
H.BE.93.VI991	-----T-----T-----T-A-----GC-A-----A-----C-----	872
H.BE.93.VI997	-----T-----T-----T-A-----GC-A-----C-----	807
H.CF.90.056	-----T-----G-----T-----A-----C-G-A-----C-----A-----	827
J.SE.93.SE7887	-----A-A-----C-----T-----T-----C-G-A-----A-----G-----	803
J.SE.94.SE7022	-----A-A-----C-----T-----T-----C-G-A-----A-----G-----	804
K.CD.97.EQTB11C	-----T---T-----T---T-----C-GA---C---A-----CC-----A-A-----	679
K.CM.96.MP535	-----T---T-----T---T-----T-----T-----C-GT-A---C-----CC-----A-----	679
01_AE.TH.00.OUR200I	-----T-T-----C-G---A-----A-T-----C-----C---A---C---A-----C-----G-----	685
01_AE.TH.01.OUR414I	-----T-T-----C-G---A-----G-A-----T-----GT-A---C---A-----C-----G-----	685
01_AE.TH.02.OUR769I	-----T-T-----G-C---A-----G-A-----A-----G-A---C---A---G-----C-----T-G---G-----	685
01_AE.TH.90.CM240	-----T-T-----C-G---A-----A-----C-----G-A---C---A-----C-----G-----	1045

B. FR. 83. HXB2	CCTAAACACAGTGGGGGACATCAAGCAGCCATGCAAAATGTTAAAAGAGACCATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGATAGAGTGCATCCAGTGCATGCAGGGCCTATTGCACCAGCCAGATGAGAGAAC	1480
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE	-----GT-----C-G-----A-----G-----C-----G-----T-----C-----GT-A-----A-----A-----CC-----G-----	676
02 AG. FR. 91. DJ264	-----T-----C-G-----A-----G-----T-----T-----C-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----	835
02 AG. NG. -. IBNG	-----T-----C-G-----A-----G-----T-----T-----C-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----	1011
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	-----T-----C-G-----A-----G-----T-----G-----C-----GACA-----A-----CA-----C-----G-----	676
03 AB. BY. 00. 98BY10443	--G--T-----C-G-----T-----G-----T-----T-----GT-A-----CA-G-----T-C-----G-----	1489
03 AB. RU. 97. KAL153 2	--G--T-----C-G-----T-----G-----T-----T-----GT-A-----CA-G-----T-C-----G-----	712
03 AB. RU. 98. RU9800I	--G--T-----C-G-----T-----G-----T-----T-----GT-A-----CA-G-----T-C-----G-----	856
04 cpx. CY. 94. CY032	-----T-T-----C-G-----A-----T-----C-----C-----GACA-----A-----C-----	846
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	-----T-T-----G-----A-----T-----T-----C-----G-----CA-----A-----C-----	1497
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	-----T-T-----C-G-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----CA-----ACC-----G-----	1494
05 DF. BE. -. VI1310	-----T-----C-----GT-A-----G-----G-----G-----A-----T-----	859
05 DF. BE. 93. VI961	-----G-----A-----CA-----G-----G-----A-----A-----	835
05 DF. ES. 99. X492	-----GT-A-----A-----A-----A-----A-----	833
06 cpx. AU. 96. BFP90	--G--T-----C-G-----T-----T-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----A-----	1505
06 cpx. EE. -. EEO359	--G--T-----C-G-----T-----T-----C-----GACA-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----	1133
06 cpx. ML. 95. 95ML127	--G--T-----C-G-----T-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----A-----	1497
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	--G--T-----C-G-----T-----T-----C-----A-----CA-----G-----C-----A-----C-----	1524
07 BC. CN. -. CNGL179	-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----	698
07 BC. CN. 97. 97CN001	-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----	818
07 BC. CN. 97. CN54	-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----	848
07 BC. CN. 98. 98CN009	-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----	818
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	T-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----AG-G-----	678
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	T-----T-----A-----T-----T-----A-----G-----T-----AG-G-----	684
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	T-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----AG-G-----	678
08 BC. CN. 98. 98CN006	T-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----AG-G-----	830
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-----T--T--A-----G-----T-----C-----T-----G--A--A--A--C-----A-----	691
09 cpx. SN. 95. 95SNI795	-----T--T--A-----G-----T-----C-----T-----GACA-----A-----A--C-----A-----	691
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	-----T--T--A-----G-----T-----C-----T-----G--A--A--A--C-----A-----	676
09 cpx. US. 99. 99DE4057	T-----T-A-T-A-----T-----C-----T-----G--A--A--A--A--C-----A-----	685
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----A-----A-----	859
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071	-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----A-----A-----	857
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----	857
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA	T-----T-----C-G-----A-----T-----T-----C-----G-----T-----C-----A-----C-----	685
11 cpx. CM. 96. 4496	--G--T-----C-G-----T-----T-----C-----GC-A-----A-----C-----A-----	849
11 cpx. FR. 99. MP1298	--G--T-----C-G-----T-----T-----C-----GA-A-----A-----A-----C-----	1483
11 cpx. GR. -. GR17	--G--T-----C-G-----T-----T-----C-----G--A--A-----GCCC-----G-----	791
12 BF. AR. 97. A32879	T-----T-----A-----C-----T-----A-----C-----T-----A-----C-----CC-----G-----	1047
12 BF. AR. 99. ARMA159	T-----T-----A-A-----T-----C-----C-----T-----A-----A-----CC-----G-----	1488
12 BF. ES. 02. X1241	-----A-----G-----C-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----CC-----A-----A-----G-----	734
12 BF. UY. 99. URTR23	-----T--T--A-----C-----C-----T-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----	1509
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	T-----G-----T-----T-----C-----T-----T-----C-----GC-A-----C-A--A-----C-----A--A-----	685
13 cpx. CM. 96. 1849	-----G-----T-----C-----G-----T-----T-----GA-----CAA-GA-----T--C-----A--A-----	858
13 cpx. CM. 96. 4164	-----G-----T-----C-----T-----T-----G-----C-----A-----CAA--A-----T--C-----AC--A-----	858
14 BG. ES. 00. X605	-----Y--A--G--G--T--C--G--T--T--C--GA--CAA--G--CC--A--A--	924
14 BG. ES. 00. X623	-----A--G--T--C--G--T--T--G--C--C--CAA--G--CC--A--A--	926
14 BG. ES. 99. X397	-----A--G--G--T--C--G--T--T--G--C--GA--A--C--CAA--G--CC--A--A--	927
14 BG. ES. 99. X421	-----A--G--G--T--C--G--T--T--G--C--GA--A--CAA--G--CC--A--A--	924
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331	T-G--T-T-----G-----A-----A-----G-----G--A--C--A--G-----C-----G-----	703
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332	--G--T-T-----G-----A-----A-----G-----G--A--C--A-----C-----C-----	710
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-----T-T-----C-G-----A-----A-----A-----A-----A--C-----A-----C-----G-----	888
15 01B. TH. 99. 99TH R2399	-----T-T-----C-G-----A-----A-----T-----G-----G--A--C--A-----C-----A-----G-----	847
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-----G--T--T-----G-----T-----G-----C-----GC-----A-----C-----G-----	841
18 cpx. CM. 97. CM53379	--G--T-----C-G-----T-----T-----C-----GA-A-----A--A-----T--C-----A--C-----	682
N. CM. -. YBF106	T-----T-----A--A-----G-----T-----G-----C-----G--AGT-----G--G--G-----C-----GAC-----CC--C--TG--A--AC--AC--C-----G--A-----C-----	1045
N. CM. 02. DJ00131	T-----T-----A--A-----G-----T-----G-----C-----G--AGT-----A-----C-----C-----GAC-----R--C--Y--G--A--AT--AC--C-----A--AC-----	965
N. CM. 95. YBF30	T-----T-----A-----G-----A-----G-----C--G--AGT-----A-----C-----GACA-----C--C--TG--A--AC--AC--C-----G--AC-----C-----	1044
O. BE. 87. ANT70	-----TG--CA--A--A-----G-----TT--A--G--C-----G--AGTA-----A--T--G-----ACT--C-----CCA--CG--T-----GT--GC-----G-----A--G-----	1526
O. CM. -. 96CMABB637	-----TG--CA--A--A-----C--G--GG--TT--A--G-----G--G--AGT-----A-----T-----ACC--C-----CCA--CAAT-----GT--AC-----G--A--A--G-----	949
O. CM. 91. MVP5180	--G--TG--CA--A-----C--GG--TT--A--G-----G--G--AGTA-----A-----ACT-----CCAGCAATG-----GT--AC-----G-----A--G-----	1501
O. SN. 99. SEMP1300	-----TG--CA--A--A-----G-----TT--A--G--C-----AGTA-----A-----ACT--C-----CAAGCG-----AT--GC--T-----G-----A--G-----	1528
CPZ. CD. -. ANT	--T--TG-----T-----AC-----G-----G-----G-----AGTA-----A--T--G-----GT--A--C-----CACT-----A--AG--ACAGG-----A--AT--A--G-----	892
CPZ. GA. -. CPZGAB	T-----TG--A-----G-----G-----G-----AGT-----T-----C-----C-----C--T--A-----CACT-----T--T--G--A--C-----A--C--A--G--G-----	1541
CPZ. TZ. -. TAN1	--C--TG--T--T-----A-----A-----G-----G--AGT-----A-----G-----C-----CA-----C--CT-----A--CCAGCA--G-----GAT--C--A-----G-----	1112
CPZ. US. 85. CPZUS	--C--TG--TA--A-----G--G--A-----G--T-----G--AG-----A-----T--A-----ACA-----TC-----C-----A-----G-----G-----	1528
Gag p24	L N T V G G H Q A A M Q M L K E T I N E E A A E W D R V H P V H A G P I A P G Q M R E	Gag

B.FR.83.HXB2	CAAGGGGAAGTGACATAGCAGGAAGTACTAGTACCCCTTCAGGAACAAATAGGATGGATGACA.....AATAATCCACCTATCCCAGTAGGAGAAATTTATAAAGATGGATAATCTGGGATTTAAA	1601
A1.KE.94.Q23_17	-----C--A-----G-----GGC-C-----G--C-C-----T-----	1065
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----C-----A-----GC-C-----G--C-C-----A-----	1084
A1.SE.94.SE7253	-----C-T-----C-A-----GGC-C-----T--G--C-C-----G-----	808
A1.TZ.01.A173	-A-----C--C-A--T-CA-----GG-C-----G--A-C-----G-----	806
A1.UA.00.98UA0116	-----T-----A-----GC-C-----G--C-C-----A-----	1606
A1.UG.92.92UG037	-----T-----C-A-----C-----GGC-C-----G--C-C-----G-----	971
A1.UG.98.98UG57136	-----T-C-A-----C-----GGC-C-G-----G--C-C-----	806
A2.CD.97.97CDKFE4	-----T-----GC-C-----G--C-----	430
A2.CD.97.97CDKS10	-----G--G-----A-----C-----GC-C-----T--G-----C-----	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G--G-----A-----T-----C-----GC-C-----T--G-----C-----	966
A2.CY.94.94CY017_41	-----T-----C-----GCG-----C--T--G-----	958
A3.SN.01.DDI579	-----G-----A-----GC-----G--G--G--C--G-----G-----	808
A3.SN.01.DDJ369	-----A-----A-----G-----G--G--G--C--G-----A-----	811
A3.SN.96.DDJ360	-----G-----A-----GC-----G--G--G--C--G-----	808
B.AR.00.ARMS008	-----G-----G-----C-----C-----C-----	809
B.AU.96.MBCD36	-C-----G-----C-----C-----G-----	956
B.CO.01.PCM074	-----G-----C-----T-----	815
B.GA.88.OYI	-----C-----	1147
B.NL.00.671_00T36	-----A-----G-----	1136
B.RU.-.04RUI29005	-A-----GC-----C-----T-----C-----	1087
B.TH.90.BK132	-----C-----G-----C-----	952
B.US.90.WEAU160	-----C-----C-----C-----A-----	1600
B.US.98.1058_11	AC-----C-----A-----A-----	806
C.AR.01.ARG4006	-----C--A-----C-----G--C-----T-----C--C-----T-----G-----	800
C.BR.-.04BR013	-----C-----AC-----GC--C-A-----T-----C--C-----T--A--G-----	1056
C.BR.92.BR025-d	-----C-----AC-----C-----G-----C--C-----T-----G-----	945
C.BW.00.00BW07621	-----C-----G--C-----G-----C--C-----T-----G-----	969
C.ET.86.ETH2220	-----A-----C-----GGG--C-----G--T--G--C--C-----G-----	975
C.IN.95.95IN21068	-----T-----C-----G-----G--C-----T-----G--C-----	970
C.IN.99.01IN565_10	-----GG--C-----GG--C-----G--T-----C-----T-----G-----	1000
C.KE.00.KER2010	-----C-----G-----T-----C-----T-----G-----	797
C.TZ.01.BD9_11	-----C-----G-----G--T-----G--C--C-----G-----T-----GC-----	809
C.UY.01.TRA3011	-----C-----G-----G-----C-----C-----T-----G-----	788
C.ZA.04.SK164B1	-----T-----A-----C-----G-----G--C-----T-----G--C--C-----T-----	1027
C.ZM.96.96ZM651	-----T-----C--A--G-----C-----G--C-----T-----G--C--C-----T-----G-----	945
D.CD.83.ELI	-----T-----C-----G--C-----C-----C-----TG-----	1147
D.CD.83.NDK	-----T-----C-----GC--C-----C-----C-----	1136
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----T--T-----G-----G-----A-----G-----C-----T--A--G-----	806
D.KE.01.NKU3006	-----T-----C-----GC-----C-----A-----	806
D.TD.99.MN012	-----T--T-----C-----C-----T-----	819
D.TZ.01.A280	-----T-----C-----G-----A-----	796
D.UG.94.94UG114	-----T-----A-----GC-----C-----A-----	950
D.UG.99.99UGD233550	-----T-----G-----GC-----C-----A-----	806
D.UG.99.99UGK09958	-----T-----GGC-----C-----C-----A-----	800
D.ZA.86.R482	-----T-----G--C--T--G-----C-----C-----	865
F1.BE.93.VI850	-T---G---T---T---CA-----G-----GGC--C-----G--G--C--C-----C--A-----	944
F1.BR.89.BZ126	-T---T---T---CA-----GC--C-----G--G--C--C-----C--A-----	954
F1.BR.93.93BR020_1	-T---T---T---CA-----GGC--C-----G--G--C--C-----C--A-----	932
F1.FI.93.FIN9363	-T---C---T---T---CA-----G--C-----G--G--C--C-----C--A-----	936
F1.FR.96.MP411	-T---T---T---T---CA-----GC--C-----G--G--C--C-----C--A-----	800
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-T---T---T---C-----GC--C-----G-----C-----A-----	794
F2.CM.95.MP255	-T---T---AC-----GGC--C-----CG-----C-----A-----	800
F2.CM.95.MP257	-T---C-----T---C-----GC--C-----G-----C-----A-----	812
F2.CM.97.CM53657	-T---T---T---C-A--A-----C-----GC--C-----G-----C-----A-----	794
G.BE.96.DRCBL	--C-----T-----G-----G--A-----C-----GC--C-----G-----G-----G-----	1565
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----T-----G-----A-----C-----GC--C-----G-----T--C-----G-----	806
G.ES.99.X138	-A-----T-----G-----A-----C-----GC-----G-----	1051
G.FI.93.HH8793_12_1	-----C-----A-----G-----A-----C-----GC--C-----G-----	1003
G.NG.92.92NG083	-T--T-----T-----G-----A-----C-----GC--C-----G-----C-----	967
G.SE.93.SE6165	-----T-----G-----ACT-----C-----GGC--C-----G-----G-----	1004
H.BE.93.VI991	-----T-----G--C-----GGC--C--A--T-----G--C--C-----G-----	993
H.BE.93.VI997	-----C--T-----T-----GGC-----AG-----G--C--C-----	928
H.CF.90.056	-----C-----T-----G-----GC-----G-----G--C--C-----	948
J.SE.93.SE7887	-----T-----C-----GGC-----G-----G-----T-----C-----	924
J.SE.94.SE7022	-----T-----A--C-----GGC--C--G-----G-----G-----T-----C-----	925
K.CD.97.EQTB11C	-T---G---T---C--T-----AC-----GC--C-----G-----C-----G-----	800
K.CM.96.MP535	-G---G---C--C-----C-----GC--C-----G-----G--G--C-----T-----	800
01_AE.TH.00.OUR200I	-----T-----A-----C-----G-----C-----G-----A-----	806
01_AE.TH.01.OUR414I	-----T-----A--G-----A-----GC-----G--C--C-----G-----	806
01_AE.TH.02.OUR769I	-----A-----A-----A-----C-----G--G--C--C-----G-----	806
01_AE.TH.90.CM240	-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----	1166

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	CAAGGGGAAGTGACATAGCAGGAAGTACTAGTACCCCTTCAGGAACAAATAGGATGGATGACA AATAATCCACCTATCCCAGTAGGAGAAATTTATAAAGATGGATAATCCTGGGATTAAA	1601
02_AG.CM.02.02CM.1669LE	-----GCA-----G-C-----A-----GGC-----G-----C-----G-----T-----G-----	797
02_AG.FR.91.DJ264	-----A-----G-----C-----G-----C-----G-----G-----G-----	956
02_AG.NG.-.IBNG	-----A-----G-----C-----G-----C-----G-----G-----G-----	1132
02_AG.UZ.02.02UZ693	-----C-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----G-----T-----	797
03_AB.BY.00.98BY10443	-----A-----C-----G-----C-----G-----C-----C-----A-----	1610
03_AB.RU.97.KAL153.2	-----G-G-----A-----G-----C-----G-----C-----C-----A-----	833
03_AB.RU.98.RU9800I	-----A-----G-----C-----G-----C-----C-----C-----A-----	977
04_cpx.CY.94.CY032	-----T-----A-----G-----C-----G-----C-----C-----T-----G-----	967
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----A-----G-----C-----G-----C-----C-----C-----	1618
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----A-G-----G-----C-----G-----T-----C-----	1615
05_DF.BE.-.VI1310	-----T-----C-C-----C-----C-----T-----C-----C-----T-----	980
05_DF.BE.93.VI961	-----T-----AC-----C-----C-----C-----C-----T-----	956
05_DF.ES.99.X492	-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----	954
06_cpx.AU.96.BFP90	-----T-----G-----C-----G-----C-----A-----	1626
06_cpx.EE.-.EE0359	-----T-----C-----G-----C-----T-----G-----C-----A-----	1254
06_cpx.ML.95.95ML127	-----T-----GGC-----C-----G-----G-----C-----A-----	1618
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----T-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----	1645
07_BC.CN.-.CNGL179	-----A-G-----C-----G-----GG-C-----G-T-----C-C-----T-----	819
07_BC.CN.97.97CN001	-----C-----A-A-----C-----G-----G-----C-----G-T-----C-C-----T-----	939
07_BC.CN.97.CN54	-----A-A-----C-----G-----G-----C-----G-T-----C-C-----T-----	969
07_BC.CN.98.98CN009	-----A-----C-----G-----G-----C-----G-T-----C-C-----T-----	939
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----T-----G-----C-----	799
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----AT-----G-----C-----	805
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----GT-----G-----C-----	799
08_BC.CN.98.98CN006	-----T-----G-----C-----	951
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----G-----A-----C-----GG-C-----C-----G-----G-----	812
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----A-C-A-----C-----GGC-----C-----T-----G-----C-----G-----A-----	812
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----C-----	797
09_cpx.US.99.99DE4057	-----A-----A-----C-----GC-----C-----G-----G-----	806
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----T-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----	980
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----T-----AC-----GGC-----GT-----G-----C-----T-----A-----G-----	978
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----AC-----GC-----G-----C-----G-----A-----	978
11_cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----C-----A-----A-----C-----GGC-----C-----G-T-----G-----C-----G-----T-----A-----	806
11_cpx.CM.96.4496	-----A-----A-----G-----GGC-----C-----G-----G-----C-----G-----T-----	970
11_cpx.FR.99.MP1298	-----A-----T-----A-----G-----GC-----C-----G-----G-----C-----G-----T-----	1604
11_cpx.GR.-.GR17	-----A-----G-----A-----G-----GGC-----C-----G-----C-----G-----T-----	912
12_BF.AR.97.A32879	-T-----T-----T-----CA-----GC-----C-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----	1168
12_BF.AR.99.ARMA159	-T-----T-----T-----CA-----GC-----C-----G-----G-----C-----C-----A-----	1609
12_BF.ES.02.X1241	-T-----T-----T-----GC-----CA-----GC-----GG-----G-----C-----C-----A-----	855
12_BF.UY.99.URTR23	-T-----T-----T-----C-----CA-----GC-----C-----G-----G-----C-----C-----A-----	1630
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----C-----T-----G-----G-----ACG-----C-----C-----C-----G-----G-----	806
13_cpx.CM.96.1849	-----T-----G-----C-----G-----AC-----C-----C-----G-----G-----G-----	979
13_cpx.CM.96.4164	-----T-----C-----G-----G-----C-----C-----G-----G-----T-----G-----	979
14_BG.ES.00.X605	-----T-----G-----A-----C-----GC-----G-----	1045
14_BG.ES.00.X623	-----T-----G-----G-----ACT-----C-----GGC-----G-----	1047
14_BG.ES.99.X397	-----T-----G-----A-----C-----GC-----G-----C-----	1048
14_BG.ES.99.X421	-----T-----C-----G-----A-----C-----GC-----G-----	1045
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----A-----G-----GC-----G-----G-----C-----C-----G-----	824
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----C-----A-----G-----G-----GGC-----G-----G-----C-----C-----G-----	831
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----A-----G-----GC-----G-----G-----C-----C-----G-----	1009
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----A-----A-----GC-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----	968
16_A2D.KR.97.97KR004	-----T-----C-----GC-----C-----G-----G-----C-----C-----T-----	962
18_cpx.CM.97.CM53379	-----A-----GC-----C-----T-----T-----G-----C-----G-----A-----	803
N.CM.-.YBF106	-T-----A-----T-----G-----A-----T-----GGCA-----GG-G-C-----T-----TC-----T-----T-----G-----G-T-----G-----	1166
N.CM.02.DJ00131	-T-----A-----T-----G-----A-----T-----GMT-----GG-GACC-----T-----TC-----T-----G-T-----C-----G-----A-----G-T-----G-----	1086
N.CM.95.YBF30	-T-----A-----T-----A-----C-----GGCA-----GG-G-CT-----T-----TC-----T-----G-T-----T-----G-----G-----G-----G-----	1165
O.BE.87.ANT70	-----CA-----T-----T-----G-----A-----C-----AG-----A-----G-----TCAC-----CT-----C-----AGGCC-----C-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----GT-----A-----C-----	1650
O.CM.-.96CMABB637	-----CA-----T-----T-----A-----C-----A-----AG-----A-----G-----G-----CCAC-----T-----C-----AGGCC-----CG-----C-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----G-----A-----C-----	1073
O.CM.91.MVP5180	-----CA-----T-----T-----A-----C-----A-----AG-----A-----G-----TAT-----CT-----T-----AGAGGGGC-----AACT-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----A-----C-----	1625
O.SN.99.SEMP1300	-----CA-----C-----T-----G-----A-----C-----AG-----A-----G-----G-----TCAC-----T-----T-----AGGCC-----C-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----GT-----A-----G-----	1652
CPZ.CD.-.ANT	-----CA-----T-----G-----A-----A-----C-----AG-----G-----G-----G-----GCA-----T-----ACACCTCAAC-----G-----GG-GGAG-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----	1022
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----T-----T-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----G-----CA-----GCA-----T-----C-----G-----TG-----G-----G-----TT-----A-----G-----	1662
CPZ.TZ.-.TAN1	-C-----CA-----GGCA-----T-----T-----G-----C-----G-----A-----A-----G-----CTG-----ACCCACAGGCAC-----AGG-GGAG-----G-----C-----C-----G-----G-----TT-----A-----	1242
CPZ.US.85.CPZUS	-C-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----G-----GCA-----C-----C-----T-----C-----A-----G-----G-----GG-----A-----GC-----T-----	1649
Gag p24	P_R_G_S_D_I_A_G_T_T_S_T_L_Q_E_Q_I_G_W_M_T N_N_P_P_I_P_V_G_E_I_Y_K_R_W_I_I_L_G_L_N	Gag

B.FR.83.HXB2	TAAATAGTAAAGATGTATAGCCCTACCAGCATTCTGGACATAAGACAAGGACCAAGGAAACCCCTTAGAGACTATGTAGACCGGTTCTATAAACTCTAAGAGCCGAGCAAGCTTTCACAGGAGGTAAAA	1731
A1.KE.94.Q23_17	-----GTT-----T---T---A-----G---A-----C---T-----TA---T---T---C---T---T---A-----T-----	1195
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----C-----GTT-----T-A-----G---A-----C---T-----TA---T---T---T---T---A-----T-----G	1214
A1.SE.94.SE7253	-----GTT-----T---T---A-----G---A-----C---T-----TA---T---T---C---T---T---A-----T-----	938
A1.TZ.01.A173	-----GTT-----T---T---A-----G---A-----C---T-----TA---T---GG---C---T---T---A-----T-----	936
A1.UA.00.98UA0116	---G-----GTT-----T-A-----G---A-----C---T-----TA---T---T---T---T---A-----T-----G	1736
A1.UG.92.92UG037	-----GTT-----T---T---A-----G---A-----C---T-----TA---T---T---C---T---T---A-----T-----	1101
A1.UG.98.98UG57136	-----GTT-----T---T---A-----G---A-----T---C---T-----T---TG---C---T---A---A-----T-----	936
A2.CD.97.97CDKFE4	---G-----GTT-----T---T-----G---A-----A-----T-----TA---T-----C---T---T---A---A-----	560
A2.CD.97.97CDKS10	-----GTT-----T---T-----G---A-----A-----T-----TA---T-----C---T---T---A---A-----	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----GT-----T-----A---G---A-----TA---T-----C---T---T---A---A-----	1096
A2.CY.94.94CY017_41	-----GT-----T-----G---A-----T---G---TA---T-----T-----CA-----	1088
A3.SN.01.DDI579	---G-----GTT-----T-----G---A-----C-----TA-A---T---TG---C---G---T-----A-----T-----G	938
A3.SN.01.DDJ369	---G-----GTT-----T---C-----G---A-----TA---T---TG---C---T---T---G---A-----A-----	941
A3.SN.96.DDJ360	---G-----GTT-----T-----G---A-----C-----TA---T---TG---C---G---T-----A-----A-----	938
B.AR.00.ARMS008	-----T-----T-----A-----T-----T-----A-----	939
B.AU.96.MBCD36	-----G-----T-----A-----G-----TG-A---A-----	1086
B.CO.01.PCM074	-----A-----T-----A-----TG-A---A-----	945
B.GA.88.OYI	-----T-----A-----T-----	1277
B.NL.00.671_00T36	-----A-----T-----T-----C-----A-----	1266
B.RU.-.04RUI29005	-----G-----T---TT---C-----G-----C-----Y-----T-----	1217
B.TH.90.BK132	-----G-----T-----T-----G-----C-----C-----	1082
B.US.90.WEAU160	-----GT-----T-----A-----T-----A-----	1730
B.US.98.1058_11	-----G-----T-----G-----	936
C.AR.01.ARG4006	-----GT-----T-----A-----G---A-----A-----T-----T-----T-----A---A-----A---C---A-----	930
C.BR.-.04BR013	-----GT-----T-----A-----G---A-----A-----A-----A---C---A---T-----G	1186
C.BR.92.BR025-d	-----GT-----T-----A-----G-----T-----T-----A-----A---C---A---T-----	1075
C.BW.00.00BW07621	-----GT-----T-----A-----G-----T-----TC---GT-----T---A-----A---A-----G	1099
C.ET.86.ETH2220	-----GT-----T-----A-----T-----T-----CT-----T---A-----A---A---T-----	1105
C.IN.95.95IN21068	-----GTG-----T-----G-----T-----T-----T-----T---A-----A---A---T-----	1100
C.IN.99.01IN565_10	-----GT-----T-----A-----G---A-----T-----T---G---T-----T---A-----A---A---T-----	1130
C.KE.00.KER2010	-----GTT-----T-----G-----T-----T-----T-----T---A-----A---A---A-----	927
C.TZ.01.BD9_11	-----GT-----T-----G-----T-----T-----TG-T-----T---A-----A---A---T---G-----	939
C.UY.01.TRA3011	-----GT-----T-----G-----T-----T-----T-----A---A-----A---C---A-----	918
C.ZA.04.SK164B1	-----G---G-----GGT-----T-----A-----G-----T-----T-----T-----T---A-----A---A-----	1157
C.ZM.96.96ZM651	-----GT-----T-----A-----G-----TC-----T-----T---A---G---A---A---A-----	1075
D.CD.83.ELI	-----GT-----T-----G-----T-----T-----T-----A---A-----A---C---A-----	1277
D.CD.83.NDK	-----GT-----T-----G-----T-----T-----T-----A---A-----A---C---A-----	1266
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----GT-----T---T---T-----A-----A-----A-----A-----	936
D.KE.01.NKU3006	-----GT-----T-----A-----G---T-----G---T-----A-----A-----	936
D.TD.99.MN012	-----GT-----T---T-----A-----G---T-----G---T-----A-----A-----	949
D.TZ.01.A280	-----GTT-----T-----G-----G-----G-----T-----T-----A---T-----	926
D.UG.94.94UG114	-----GT-----T-----T-----T-----T-----T-----A---T-----	1080
D.UG.99.99UGD23550	-----GT---T---T-----T-----T-----T---A-----	936
D.UG.99.99UGK09958	-----GT-----CT-----G-----T-----T-----T-----	930
D.ZA.86.R482	-----T-----GT-----T-----G-----T-----T-----T-----	995
F1.BE.93.VI850	-----T---GT-----T-----A-----G---A-----A-----A---A---T---GTC-----T-----C---G	1074
F1.BR.89.BZ126	-----GT-----T-----G-----G-----A---T---C-----T-----A-----A---G	1084
F1.BR.93.93BR020_1	-----GT-G-----T-----G---A-----A---T---C-----T-----A-----A---G	1062
F1.FI.93.FIN9363	-----G-----GT-----T-----G---A-----A---T---G-----T-----A-----A---G	1066
F1.FR.96.MP411	-----GTT-----T-----G---A-----T-----G-----T-----T-----A---G	930
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----GT-----T-----G---A-----A---T-----T-----T---A-----A-----	924
F2.CM.95.MP255	-----GT-----T-----A-----G---A-----A---T-----T---A-----A-----	930
F2.CM.95.MP257	-----GT-----T-----A-----G---A-----A---T-----T-----CA-G---A-----	942
F2.CM.97.CM53657	-----GT-----T-----A-----G---A-----A---T-----T-----T-----A-----	924
G.BE.96.DRCBL	-----C-----GT-----T-----G---G---A-----T---G---TA-A---T---C---G-----T-----A---A-----	1695
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----GT-----T-----A-----G---A-----A-----T-----T---G---T---A-----A---A-----	936
G.ES.99.X138	-----GT-----T---T-----G---G---A-----T-----T---TM-----T---T---T---A-----A---W-----	1181
G.FI.93.HH8793_12_1	-----GT-----T-----G---A-----A---T-----T-----T-----T---A-----A---A-----	1133
G.NG.92.92NG083	-----G-----GT-----T-----G---A-----T-----TA---T-----T---G-----T-----A-----	1097
G.SE.93.SE6165	-----GT-----T-A-----G---A-----T-----TA---T-----TG-T-G-----T-----T-----	1134
H.BE.93.VI991	-----GT-----T-----A-----A-----C-----A---T---G-GT---T---T-----T-----A---T-----	1123
H.BE.93.VI997	---G-----T---GTT---T-----A---G---A-----A---T-----T-----T-----CA-----G-G	1058
H.CF.90.056	---G-----T---GT-----T-----A---G---A-----A---T---T-----T-----CA-----T---G-G	1078
J.SE.93.SE7887	-----GT---T---T---T-----A-----T-----A---T---G-----T-----A---T-----	1054
J.SE.94.SE7022	-----G-----GT---T---T-----A---T---C-----A---A---T---G-----T-----T-----	1055
K.CD.97.EQTB11C	-----G-----GT-----T-----G---A-----TA-----T---G-GT-----T---A-----CA-----A-----	930
K.CM.96.MP535	C-----GT-----T-----G---A-----TA-----T---C-----T---A-----CA-----A---G	930
01_AE.TH.00.OUR200I	-----GTT-----T-----G---A-----C-----T-----TA-----C---G---A-----A-----	936
01_AE.TH.01.OUR414I	-----T-----T-----G---A-----A-----TA-----C---G---A-----A-----	936
01_AE.TH.02.OUR769I	-----GTGG-----T-----G---A-----C-----T-----TA-----C---A---A-----	936
01_AE.TH.90.CM240	-----GTT-----T-----G---A-----C-----TA-----C---G---A-----A-----	1296

B. FR. 83. HXB2	TAAAATAGTAAGAATGTATAGCCCTACCAGCATCTTGGACATAAGACAAGGCCAAAGGAACCCCTTAGAGACTATGTAGACCGGTTCTATAAACTCTAAGAGCCGAGCAAGCTTACAGGAGGTAAAA	1731
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE	-----T-----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----T-G-----T-A-----A-G-----	927
02 AG. FR. 91. DJ264	-----GT-----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----T-G-----T-A-----GA-----	1086
02 AG. NG. - . IBNG	-----G-----G-----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----T-G-----T-A-----A-G-----	1262
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	-----GT-----T-----G-----A-----T-----TA-----T-----T-G-----T-A-----A-G-----	927
03 AB. BY. 00. 98BY10443	-----GTT-----T-A-----G-----A-----C-----TA-----T-----T-----T-----A-----T-----G	1740
03 AB. RU. 97. KAL153 2	---G---GTT-----T-A-----G-----A-----C-----TA-----T-----T-----T-----A-----T-----G	963
03 AB. RU. 98. RU9800I	---G---GTT-----T-A-----G-----A-----C-----TA-----T-----T-----T-----A-----T-----G	1107
04 cpx. CY. 94. CY032	-----C---TT---CT-----A-----A-----C-----T-----TA-----T-----TG---C---A---A---A---C-----G---	1097
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	-----T-----GT-----CT-----G-----GA-----A-----C-----T-----TA-----T-----TG---C---A---A---A---C-----	1748
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	-----GTT-----CT-----G-----GA-----A-----C-----T-----TA-----T-----TG---C---A---A---A---C-----	1745
05 DF. BE. - . VI1310	-----GT-----T-----T-----G-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----	1110
05 DF. BE. 93. VI961	-----GT-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----C-----T-----	1086
05 DF. ES. 99. X492	-----GT-----T-----G-----T-----A-----T-----A-----A-----A-----	1084
06 cpx. AU. 96. BFP90	-----GTTG---T-----A-----A-----C---G---T-----TA-----T-----T-----T-----A-----A-----	1756
06 cpx. EE. - . EEO359	---G---C---GT-----T-----A-----A-----C---G---T-----TA-----T---TG---T-----T---A---A---A---A-----	1384
06 cpx. ML. 95. 95ML127	-----GT-----T-A-----G-----A-----T---C---G---T-----TA-----TC---T-----T---A---A---A---A-----	1748
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	-----GT-----T-----G-----A-----C---G---T-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----	1775
07 BC. CN. - . CNGL179	-----A-----G-----T-----T-----T-----G---A---A---A---A---T-----	949
07 BC. CN. 97. 97CN001	-----A-----G-----G---A---A---A---A---T-----	1069
07 BC. CN. 97. CN54	-----A-----G-----T-----T-----G---A---A---G---A---GT-----	1099
07 BC. CN. 98. 98CN009	-----A-----G-----G---A---A---A---A---T-----	1069
08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F	-----A-----G-----T-----T-----T---A---A---A---A---T-----	929
08 BC. CN. 97. 97CNGX_7F	-----A-----G-----T-----T-----T---A---A---A---A---T-----	935
08 BC. CN. 97. 97CNGX_9F	-----A-----G-----T-----T-----T---A---A---A---A---T-----	929
08 BC. CN. 98. 98CN006	-----A-----G-----T-----T-----T---A---A---A---A---T-----	1081
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-----GT---T---T-----G-----A-----C---G---TA---A---C-----T-----A-----T-----	942
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	-----GT-----T---T-----G-----A-----C---G---TA-----T-----C-----T-----	942
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	-----GT-----T-----G-----A-----T---C---TA-----T-----C-----T-----	927
09 cpx. US. 99. 99DE4057	-----GT-----T-----G-----A-----C---G---A-----T-----C---G---G---A---T-----	936
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061	-----GT-----T-A-----G-----T-----T-----T-----G-----T-----	1110
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071	-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----T-----	1108
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110	-----GT-----T-----T-----T-----T-----	1108
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA	-----GTT-----T-----A-----G-----A-----C-----TA-----T-----C-----T-----A-----A-----	936
11 cpx. CM. 96. 4496	-----GTT-----T-R-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----A-----	1100
11 cpx. FR. 99. MP1298	-----GTT-----T-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-TC-----C-----T-----A-----T-----	1734
11 cpx. GR. - . GR17	-----GTT-----T-----G-----A-----C-----T-----A---A---T-TC-----T-----T---A-----G	1042
12 BF. AR. 97. A32879	-----GT-----T-----T-----G-----A-----T-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----	1298
12 BF. AR. 99. ARMA159	-----GT-----T-----T-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----G	1739
12 BF. ES. 02. X1241	-----GT-----T---T-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----G	985
12 BF. UY. 99. URTR23	-----GT---T---T-----G-----A-----G---A---T-----C-----T-----A-----A-----	1760
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	-----GT-----T-----A-----G-----A-----T-----A-----T-----T-G-----T-----A-----T-----	936
13 cpx. CM. 96. 1849	-----GT-----T-----G-----A-----T-----A-----T-----T-G-----T-----A-----T-----	1109
13 cpx. CM. 96. 4164	-----G---GT-----T-A-----G-----A-----T-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----	1109
14 BG. ES. 00. X605	-----GT-----T---T-----G-----A-----T-----T-----TA-----T-----T-----T---A---A---A---A-----	1175
14 BG. ES. 00. X623	-----GT-----T---T-----G-----A---G---T-----T-----TA-----T-----T-----T---A---A---A---A-----	1177
14 BG. ES. 99. X397	-----GT-----T---T-----G-----A---T-----T-----TA-----T-----T-----T---A---A---A---A-----	1178
14 BG. ES. 99. X421	-----GT-----T---T-----G-----A---T-----T-----TA-----T-----T-----T---A---A---A---A-----	1175
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331	-----GTTG---T-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----C-----A---A-----	954
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332	-----GTT-----T-----G-----A-----C-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----A-----	961
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-----GTT-----T-----G-----A-----C-----TA-----T-----C-----A---A-----	1139
15 01B. TH. 99. 99TH R2399	-----GTT-----T-----G-----A-----C---G---A-----T-----T-----C-----G---A-----	1098
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-----GT-----T-----TA-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----	1092
18 cpx. CM. 97. CM53379	-----GTT-----T-----C-----G-----A-----G---A---T-----C-----T-----G---A-----	933
N. CM. - . YBF106	C-G---T-G-----T---GT-----A---G---C-AG-----A---G-----T-----A-----C-----T-----A---G---AA-----T---G	1296
N. CM. 02. DJ00131	-G---T-G-----T---GT-----A---G---C-A-----A---G-----T-----A-----C-----T-----A---G---A-----T---G	1216
N. CM. 95. YBF30	C-G---T-G-----T---GT-----A---G---C-A-----A---C-----A-----C-----A-----G---AA-----A---G	1295
O. BE. 87. ANT70	C-----G---A-----C-----AGTG---CT-A---T---T-AG-G-----A-----A-----T-----C-----AT-----T-----A---T---A---A-----	1780
O. CM. - . 96CMABB637	-----G---A-----C---T---AGTG---CT-A---T---T-A---G-----A-----A---C---T-----TA-----C-----AT-----T---A---AA-C---A---R-----	1203
O. CM. 91. MVP5180	C-----G---A-----C---T---AGTG---CT-A---T---T---G---G-----A-----A---C---T-----T-----T---C-----AT-----T-----A---T---A---A-----G	1755
O. SN. 99. SEMP1300	C---G---A-----C---AGTG---CT-A---T---T---G-----A-----A-----T-----T-----AT-----C-----AT-----T---A---G---AA-T---A---A-----	1782
CPZ. CD. - . ANT	---GG-G---C---G-N-----T---AGT-----A---G---A-----A---G---C-----T-----G---TA---A-----AA-T-----A---A---G-----CCT---G---	1152
CPZ. GA. - . CPZGAB	C---G-G---T-----T---AGTA---T---C---T-----C-----G-----G-----T-----G---A---A---C-----T-----G---T-----A---G---	1792
CPZ. TZ. - . TAN1	---T---C-----C---GTT-----T-----A---G-----A---A---C---T-----A---A---C-----AA-C-----A---A---A---T---ACCA-----	1372
CPZ. US. 85. CPZUS	---G---A-----CT-T---CGTTG-T---CT-A---T---C-AG-G-----T---A---G-----A-----C-----AT-----A---A-----T---CA---A-----	1779
Gag p24	K I V R M Y S P T S I L D I R Q G P K E P F R D Y V D R F Y K T L R A E Q A S Q E V K	Gag

B.FR.83.HXB2	AATTGGATGACAGAAACCTTGTGGTCCAAAATGCGAACCCAGATTGTAAGACTATTTTAAAGCATTGGGACCAGCGGCTACACTAGAGAAATGATGACAGCATGTCAGGGAGTAGGAGGACCCGGCC	1861
A1.KE.94.Q23_17	-----C-A-AC-----A-T-----C-G-A-----G-----A-----G-----T-----C-----G-----	1325
A1.RU.03.03RU20_06_13	--C-----C-C-----A-T-----A-----G-----A-T-GA-----T-----C-----G-----	1344
A1.SE.94.SE7253	-----A-AC-----A-T-----T-C-----G-----A-G-G-----T-----T-----G-A-----	1068
A1.TZ.01.A173	GG-----A-----A-T-----T-C-C-----A-T-G-----T-----C-----G-----T-----	1066
A1.UA.00.98UA0116	--C-----C-C-----AG-T-----AG-C-----G-----A-----G-----T-----C-----G-----	1866
A1.UG.92.92UG037	GG-----G-AC-A-----A-T-----AT-C-CC--G-----A-G-G-----T-----C-----G-----	1231
A1.UG.98.98UG57136	-----C-----C-----A-T-----T-C-----G-----A-T-G-----T-----G-----C-----G-----A-----	1066
A2.CD.97.97CDKFE4	--C-----C-----C-----AT-A-CC-G-----A-----G-----T-----G-G-----	690
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-----C-----A-----AT-C-C-G-GG--A-----G-----T-----G-----	1226
A2.CY.94.94CY017_41	--C-----G-C-----C-----GAT-C-C-G-G-----A-----G--CT-T-----G-----A-----	1218
A3.SN.01.DDI579	--C-----C-----T-----C-----T-C-----G-----A-A-G-----T-----C-----G-----G-----	1068
A3.SN.01.DDJ369	--C-----C-----T-----C-----T-C-----G-----A-T-G-----T-----C-----G-----	1071
A3.SN.96.DDJ360	--C-----C-----T-----C-----T-C-----G-----A-A-G-----T-----C-----G-----G-----	1068
B.AR.00.ARMS008	C-----A-----A-----A-----A-----G-G-----T-----	1069
B.AU.96.MBCD36	-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----G-----	1216
B.CO.01.PCM074	C-----G-----C-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----	1075
B.GA.88.OYI	-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----	1407
B.NL.00.671_00T36	-----T-----A-----A-----C-----R-----R-----GA-----G-----C-----G-----	1396
B.RU.-.04RUI29005	-----A-----A-----C-----R-----R-----GA-----G-----C-----G-----C-T	1347
B.TH.90.BK132	-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----	1212
B.US.90.WEAU160	-----T-G-----GA-----C-----G-----G-----	1860
B.US.98.1058_11	-----T-G-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----	1066
C.AR.01.ARG4006	-----G-----C-----C-----G-----A-G--G--T-GT-----T-----	1060
C.BR.-.04BR013	-----T-----T-----C-----C-----GG--A-G--G--T-T-----T-----	1316
C.BR.92.BR025-d	-----T-----C-----C-----G-----A-G--G--T-T-----T-----	1205
C.BW.00.00BW07621	-----C-----A-----C-----G-----A-----G--T-T-----T-----TA-----	1229
C.ET.86.ETH2220	-----C-----A-----C-----G-----A-----G--T-T-----T-----C-----	1235
C.IN.95.95IN21068	-----C-----T-----C-----G-----A-----G--T-T-----G-----TA-----	1230
C.IN.99.01IN565_10	-----C-----A-----C-----C-----G-----A-----G--T-T-----T-----TA-----	1260
C.KE.00.KER2010	-----C-----T-----C-----G-----A-----G--T-T-----T-----T-----T-----	1057
C.TZ.01.BD9_11	-----G-----A-----C-----G-----A-----A-----T-T-----G-----G-----	1069
C.UY.01.TRA3011	-----T-----C-----C-----G-----A-G--G--T-T-----T-----G-----	1048
C.ZA.04.SK164B1	-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----G-----T-----	1287
C.ZM.96.96ZM651	-----C-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----A-----G-----TA-----	1205
D.CD.83.ELI	-----A-----C-----C-----CA-----C-----G-G-----A-----	1407
D.CD.83.NDK	--C-----A-----A-----C-----CA-----C-----G-G-----C-----G-G-----	1396
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----T-----A-----C-----A-----C-----G-G-----G-----G-----G-----	1066
D.KE.01.NKU3006	-----C-----A-----C-----A-----C-----G-----A-----G-----T-----G-----A-----A-T	1066
D.TD.99.MN012	GG-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----T-----G-----G-----G-----CAG-	1079
D.TZ.01.A280	-----T-----A-----C-----C-----G-----T-----T-----G-----G-----A-----A-T	1056
D.UG.94.94UG114	-----T-----A-----C-----C-----G-----T-----T-----G-----G-----A-----A-T	1210
D.UG.99.99UGD23550	GGC-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----T-----	1066
D.UG.99.99UGK09958	-----T-----A-----A-----CC-----T-----G-----G-----G-----A-----A-T	1060
D.ZA.86.R482	--C-----A-----G-----A-----C-----A-----CA-----G-----G-----G-----	1125
F1.BE.93.VI850	GG-----C-A-----C-----A-----G-----G-----TA-----	1204
F1.BR.89.BZ126	GG-----C-----C-----G-----G-----T-----	1214
F1.BR.93.93BR020_1	GG-----C-----C-----G-----G-----G-----TA-----	1192
F1.FI.93.FIN9363	GG-----C-----C-----TC-----G-----AT-----G-----G-----T-----	1196
F1.FR.96.MP411	-----G--C--G--T-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----T-----	1060
F2.CM.02.02CM_0016BBY	GGC-----C-----C-----C-A-----G-----G-----T-----	1054
F2.CM.95.MP255	--C-----T-----A-----G-----G-----T-----	1060
F2.CM.95.MP257	GGC-----C-----G-----G-----T-----G-----TA-----	1072
F2.CM.97.CM53657	GGC-----C-----TC-----G--A-A-G-----G-G-G-----T-----	1054
G.BE.96.DRCBL	-GC-----C-----A-----A-----TC-C-----G--A-A-GA-----G-----A-----	1825
G.CM.01.01CM_4049HAN	GGC-----T-----C-----C-----A-----GA-----G-----G-----A-----	1066
G.ES.99.X138	GGC-----C-----C-----G-----R-----GA-----G-----A-----T-----	1311
G.FI.93.HH8793_12_1	GGC-----C-----C-----G-----A-----C-----GA-----C-----G-----	1263
G.NG.92.92NG083	GG-----C-----T-----A-----C-----G-----A-----GA-----G-----A-----	1227
G.SE.93.SE6165	GGC-----C-----C-----G-----A-----A-----GA-----T-----G-----A-----	1264
H.BE.93.VI991	--C-----C-----T-----C-G-----A-----G-----G-----T-A-----G-----AA-----	1253
H.BE.93.VI997	-----C-----G-----A-T-----C-----G-----A-----A-----G-----T-A-----G-----TA-T	1188
H.CF.90.056	-----A-----T-----C-----A-----G-----A-----A-----G-----T-A-----G-----TA-T	1208
J.SE.93.SE7887	-----T-----C-----A-----T-----C-----C-----A-----T-----GA-----G-----T-----T	1184
J.SE.94.SE7022	-----T-----A-----T-----C-----C-----A-----T-----GA-----G-----T-----T	1185
K.CD.97.EQTB11C	-----C-----C-----A-----G-----C-----G-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----	1060
K.CM.96.MP535	-----C-----C-----C-----A-----C-----G-----G-----T-----T-----G-----G-----TA-----	1060
01_AE.TH.00.OUR200I	--C-----A-----T-----T-----T-C-----A-----A-----GA-----T-----C-----G-----TA-----	1066
01_AE.TH.01.OUR4141	--C-----C-A-----T-----C-----T-C-----A-----A-----GA-----CT-----G-----C-----G-----TA-----	1066
01_AE.TH.02.OUR769I	--C-----C-A-----T-----C-----T-C-----C-----A-----A-----GA-----T-----C-----G-----TA-----	1066
01_AE.TH.90.CM240	--C-----C-A-----C-----T-----C-----T-C-----A-----A-----GA-----T-----C-----G-----TA-----	1426

B. FR. 83. HXB2	AATTTGGATGACAGAAACCTTGTGGTCCAAAATGCGAACCCAGATTTGTAAGACTATTTTAAAGCATTGGGACCAGCGGCTACACTAGAGAAATGATGACAGCATGTCAGGGAGTAGGAGGACCCGGCC	1861
02 AG. CM. 02. 02CM. 1669LE	--C-----C-----T-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----G-----T-----	1057
02 AG. FR. 91. DJ264	--C-----C-----T-----C-----T-C-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----T-----	1216
02 AG. NG. -. IBNG	--C-----C-----T-----C-----T-C-----G-----A-----A-----G-----T-----T-----G-----T-----	1392
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	--C-----C-----T-----C-----T-C-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----T-----	1057
03 AB. BY. 00. 98BY10443	--C-----C-----C-----A-----T-----A-----AC-----G-----G-----A-----G-----T-----C-----G-----	1870
03 AB. RU. 97. KAL153 2	--C-----C-----C-----A-----T-----A-----C-----G-----A-----T-----G-----T-----C-----G-----	1093
03 AB. RU. 98. RU9800I	--C-----C-----C-----A-----T-----A-----C-----G-----A-----T-----G-----T-----C-----G-----	1237
04 cpx. CY. 94. CY032	---C-----C-----T-----T-----C-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----	1227
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	---C-----C-----T-----T-----C-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----G-----G-----C-----	1878
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	---C-----C-----A-----T-----C-----T-----C-----C-----A-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----	1875
05 DF. BE. -. VI1310	--C-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----CA-----A-----G-----G-----G-----A-----	1240
05 DF. BE. 93. VI961	--C-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----CA-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----	1216
05 DF. ES. 99. X492	--C-----A-----A-----A-----CC-----G-----A-----CA-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----	1214
06 cpx. AU. 96. BFP90	-----C-----A-----C-----G-----A-----GA-----G-----T-----G-----T-----	1886
06 cpx. EE. -. EEO359	GGC-----T-----A-----C-----A-----A-----G-----C-----A-----G-----A-----	1514
06 cpx. ML. 95. 95ML127	--C-----C-----C-----A-----GA-----G-----C-----G-----G-----A-----	1878
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	--C-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----A-----GA-----T-----G-----T-----	1905
07 BC. CN. -. CNGL179	-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----A-----G-----TA-----	1079
07 BC. CN. 97. 97CN001	-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----A-----G-----TA-----	1199
07 BC. CN. 97. CN54	-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----A-----G-----TA-----	1229
07 BC. CN. 98. 98CN009	-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----CA-----G-----TA-----	1199
08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F	-----C-----A-----C-----G-----A-----T-----G-----T-----T-----TA-----	1059
08 BC. CN. 97. 97CNGX_7F	-----C-----A-----C-----G-----A-----T-----G-----T-----T-----TA-----	1065
08 BC. CN. 97. 97CNGX_9F	-----C-----A-----C-----G-----A-----T-----G-----T-----T-----TA-----	1059
08 BC. CN. 98. 98CN006	-----C-----A-----C-----G-----A-----G-----T-----T-----TA-----	1211
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	---A-----C-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----G-----T-----	1072
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	---C-----C-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----GA-----T-----G-----TA-----	1072
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	---C-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----G-----CT-----G-----T-----	1057
09 cpx. US. 99. 99DE4057	---C-----C-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----G-----T-----G-----T-----T-----	1066
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061	-----C-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----T-----	1240
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071	-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----G-----G-----T-----	1238
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110	-----A-----A-----C-----A-----T-----T-----G-----G-----A-----T-----	1238
11 cpx. CM. 02. 02CM. 2190SA	--C-----T-----C-----A-----T-----C-----T-----C-----G-----A-----GA-----T-----G-----G-----	1066
11 cpx. CM. 96. 4496	--GC-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----G-----A-----G-----GA-----T-----C-----G-----	1230
11 cpx. FR. 99. MP1298	--C-----C-----AC-----A-----T-----C-----T-----C-----G-----A-----GA-----T-----G-----C-----G-----	1864
11 cpx. GR. -. GR17	--C-----C-----C-----T-----C-----G-----A-----GT-----GA-----C-----A-----	1172
12 BF. AR. 97. A32879	GG-----C-----C-----A-----C-----G-----A-----G-----T-----A-----G-----T-----	1428
12 BF. AR. 99. ARMA159	GG-----C-----C-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----G-----T-----	1869
12 BF. ES. 02. X1241	GG-----A-----C-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----G-----T-----	1115
12 BF. UY. 99. URTR23	GG-----C-----A-----C-----G-----T-----G-----T-----G-----T-----T-----	1890
13 cpx. CM. 02. 02CM. 3226MN	--C-----C-----T-----C-----C-----G-----G-----G-----T-----C-----G-----	1066
13 cpx. CM. 96. 1849	--C-----C-----T-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----	1239
13 cpx. CM. 96. 4164	GGC-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----G-----	1239
14 BG. ES. 00. X605	GGC-----C-----C-----G-----A-----GA-----G-----T-----	1305
14 BG. ES. 00. X623	GGC-----C-----C-----G-----A-----GA-----G-----A-----T-----	1307
14 BG. ES. 99. X397	GGC-----C-----C-----G-----A-----GA-----G-----GA-----T-----	1308
14 BG. ES. 99. X421	GGC-----C-----C-----G-----A-----GA-----G-----A-----T-----	1305
15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1331	--C-----T-----C-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----GA-----T-----C-----G-----TA-----	1084
15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1332	--C-----C-----A-----A-----T-----C-----T-----G-----A-----GA-----T-----G-----C-----G-----TA-----	1091
15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079	---A-----C-----A-----C-----T-----C-----T-----C-----A-----T-----GA-----T-----T-----G-----TA-----	1269
15 01B. TH. 99. 99TH_R2399	--C-----AC-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----A-----A-----GA-----C-----G-----TA-----	1228
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-----C-----AT-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----	1222
18 cpx. CM. 97. CM53379	GG-----C-----G-----T-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----G-----	1063
N. CM. -. YBF106	-----AC-----C-----A-----A-----A-----ACAG-----CC-----A-----GA-----CT-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----CA-----	1426
N. CM. 02. DJ00131	-----AC-----C-----A-----A-----A-----T-----ACAG-----AC-----A-----G-----A-----CT-----G-----C-----C-----G-----G-----A-----CG-----	1346
N. CM. 95. YBF30	-----AC-----C-----A-----A-----A-----ACAGC-----CC-----A-----G-----GA-----CT-----G-----G-----C-----C-----G-----G-----A-----CA-----	1425
O. BE. 87. ANT70	-----TC-----C-----T-----T-----C-----T-----C-----ACAG-----G-----T-----A-----G-----GA-----CT-----G-----GT-----C-----AACT-----	1910
O. CM. -. 96CMABB637	-----C-----AC-----T-----T-----G-----C-----T-----Y-----ACAA-----T-----C-----A-----G-----GA-----CT-----G-----GT-----G-----AACT-----	1333
O. CM. 91. MVP5180	-----C-----T-----T-----G-----T-----A-----C-----ACAA-----C-----G-----A-----A-----AA-----TT-----GT-----C-----A-----G-----AACT-----	1885
O. SN. 99. SEMP1300	-----C-----C-----T-----T-----C-----ACAG-----G-----T-----A-----G-----GA-----CT-----T-----T-----T-----AACT-----	1912
CPZ. CD. -. ANT	GCC-----AA-----C-----T-----C-----ACAC-----CC-----G-----G-----T-----A-----GA-----CT-----CT-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----C-----	1282
CPZ. GA. -. CPZGAB	-----T-----C-----TC-----C-----A-----G-----G-----A-----CA-----C-----T-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----ATCT-----	1922
CPZ. TZ. -. TAN1	--C-----T-----AC-----A-----A-----A-----CA-----C-----C-----G-----A-----GA-----A-----T-----C-----C-----C-----A-----G-----TCT-----	1502
CPZ. US. 85. CPZUS	--CC-----G-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----A-----G-----C-----G-----T-----GA-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----CT-----	1909
Gag p24	N W M T E T L L V Q N A N P D C K T I L K A L G P A A T L E E M M T A C Q G V G G P G	Gag

	Gag p24 Capsid end \/ Gag p2 start		Gag p2 end \/ Nucleocapsid (NC) start	/ Gag-Pol fusion TF protein start	
	ATAAGGCCAAGAGTTTTGGCTGAAGCAATG	AGCCAAGTAACAATTTCA	GCTACCATA	ATGATGCAGAGAGGCAAT	TTTAGGAACCAAGAAAGATTGT
B.FR.83.HXB2					1958
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	-----G-----G-----	-----T-----CA-C-G--C-----	-----A-----	-----AGG--G---CA...A	1148
02 AG.FR.91.DJ264	-C-A-----G-----G-----	-----T-----CA-C-A--C-----	-----A-----	-----GG--G---CA...A	1307
02 AG.NG.-.IBNG	-----A-----G-----G-----	-----T-----CA-C-GG-C-----	-----A-G-----	-----GG--G---CA...A	1483
02 AG.UZ.02.02UZ693	-----A-----G-----G-----	-----T-----CA-C-G--C-----	-----A-----	-----GG--G---CA...A	1145
03 AB.BY.00.98BY10443	-----A-----G-----C-G-----	-----T-----CA--G-----	-----A-----	-----A-A-T-----GG--C--A--GA...A	1961
03 AB.RU.97.KAL153 2	-----A-----G-----C-G-----	-----T-----CA--G-----	-----A-----	-----A-A-T-----GG--C--A--GA...A	1184
03 AB.RU.98.RU98001	-----A-----G-----C-G-----	-----T-----CA--G-----	-----A-----	-----A-A-T-----GG--C--A--GA...A	1328
04 cpx.CY.94.CY032	-----A-----A-----G-----	-----G-C-T-----G-GCAGCA-----	-----G-----	-----A-A--A-----A-GG-----GA-C-A	1327
04 cpx.GR.91.97PVCH	-----A-----A-----G-----	-----G-C-T-----G-GCAGCA-----	-----G-----	-----A-A-----A-GG-----GA-C-A	1978
04 cpx.GR.97.97PVMY	-C-A-----A-----G-----	-----G-C-T-----G-GCAGCA-----	-----G-----	-----A-A-----A-GG--CG-----GA-G-A	1975
05 DF.BE.-.VI1310	-----A-----G-----G-----	-----C-----GCTGCT-----	-----A-AGC-----	-----A-GG--C-----A--A	1340
05 DF.BE.93.VI961	-----A-----G-----G-----	-----C-----GGA--CCT-----	-----G-AG-----	-----A-GG--C-----A-G-A	1313
05 DF.ES.99.X492	-----A-----C-----G-----	-----C-----AG--ACT-----	-----G-AG-----	-----A-GG--C-----GA-G-A	1311
06 cpx.AU.96.BFP90	-----A-----A-----G-----	-----G-C-T-----GT-GG-----	-----G-----	-----A-A-----A-GG--CG-A--GA-G-A	1980
06 cpx.BE.-.EE0359	-----A-----A-----G-----	-----G--T-----A-GCA-----	-----AG--C-----	-----A-----C-A-GG--C--A--GA-A-A	1614
06 cpx.ML.95.95ML127	-----A-----A-----G-----	-----G-C-T-----GGCA--TTAACA-----	-----G-----	-----A-A-----A-GG--CG-A--GA-G-A	1978
06 cpx.SN.97.97SE1078	-----A-----A-----G-----	-----G--T-----GG-G--ACAGCA-----	-----G-----	-----AGA-----A-GG--G-----A-A-A	2005
07 BC.CN.-.CNGL179	-----A-----A-A-G-----G-----	-----AC--AC-G-G-C-----	-----C-----	-----A-----A-GG--TCT-A--GA-G--	1170
07 BC.CN.97.97CN001	-----A-----A-----G-----C-----	-----AC--AC-G-G-C-----	-----C-----	-----A-----AAGG--TCT-A--GA-----	1290
07 BC.CN.97.CN54	-----A-----A-----G-----C-----	-----AC--AC-G-G-C-----	-----C-----	-----A-----AAGG--TCT-A--GA-----	1320
07 BC.CN.98.98CN009	-----A-----A-----G-----G-----	-----AC--AC-G-A-C-----	-----C-----	-----A-----AAGG--TCT-A--GA-----	1290
08 BC.CN.97.97CNGX 6F	-C-A-----G-----G-----	-----AC--AC--A-C-----	-----C-----	-----A-----AAGG--TCT-A--GA-----	1150
08 BC.CN.97.97CNGX 7F	-C-A-----G-----G-----	-----AC--AC--A-C-----	-----C-----	-----A-----AAGG--CT-A--GA-----	1156
08 BC.CN.97.97CNGX 9F	-C-A-----G-----G-----	-----AC--GC--A-C-----	-----C-----	-----A-----AAGG--TCT-A--GA-----	1150
08 BC.CN.98.98CN006	-C-A-----G-----G-----	-----AC--AC-G-A-C-----	-----C-----	-----A-----AAGG--TCT-A--GA-----	1302
09 cpx.GH.96.96GH2911	-----A-----Y-----	-----T-----CA--A-----	-----A-----	-----C-A-----A-GGT--G-A--GA...A	1163
09 cpx.SN.95.95SN1795	-----A-----A-----	-----T-G-C-A-----	-----A-----	-----C-A--A-----A-GG-----A-GA...A	1163
09 cpx.SN.95.95SN7808	-----A-----A-----	-----T-----GCA--A-----	-----A-----	-----C-A-----A-GG--G-A--GA...A	1148
09 cpx.US.99.99DE4057	-----A-----A-----	-----T-----CA--A-----	-----A-----	-----C-A-----G-----A-GGT--G-A--GA...A	1157
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A-----A-----G-----	-----G-C-----GG-GG-----	-----AA--T-----	-----A-GG--C--AG--A-GCA-----	1337
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----A-----G-----G-----	-----C-----GGG-----	-----AA-G-T-----	-----A-GG--CC-AG-GA--CA-----	1335
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----A-----G-----G-----	-----C-----G-GG-----	-----AA-G-T-----	-----A-GG--C--AG--A-ACA-----	1335
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----A-----G-----G-----	-----CA-C-A-----	-----AT-----	-----A-GG--G-A--GA...A	1157
11 cpx.CM.96.4496	-----A-----G-----G-----	-----CA-C-GA-----	-----AT-----	-----A-----A-GG--G-A--GA...A	1321
11 cpx.FR.99.MP1298	-----A-----A-----G-----	-----C-G-C-AA-----	-----ATG-----	-----AG-----A-GG--G--GA...A	1955
11 cpx.GR.-.GR17	-----A-----G-----G-----	-----C-CA-C-A-----	-----AT-----	-----A-GG--G-A--GA...A	1263
12 BF.AR.97.A32879	-----A-----G-----G-----	-----C-----	-----A-TG-----	-----A-A-T--C-----A-GG-----GA-----	1522
12 BF.AR.99.ARMA159	-----A-----G-----G-----	-----C-----G-A-----	-----G-TG-----	-----C-----A-A-T-GC-----ATGG-----GA-----	1963
12 BF.ES.02.X1241	-----A-----C-----G-----	-----G-----	-----TG-----	-----A-A-T--C-----A-GG-----A--A	1209
12 BF.UY.99.URTR23	-----A-----G-----G-----	-----C-----	-----TG-----	-----A-A-T--C-----A-GG-----GA--A	1984
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----A-----A-----	-----G-C-T-----GG-G--ACA-----	-----AG-----	-----C-----A-A-T-----A-GG--C--A--GA--A	1166
13 cpx.CM.96.1849	-----A-----A-----	-----G-CCT--G-G--GCAGCA-----	-----AG-----	-----A-C-----A-GG--C--A--GA--A	1342
13 cpx.CM.96.4164	-----A-----A-----C-----	-----G-C-T-----GG-G--GTAACA-----	-----AG-A-----	-----A-A-T-----A-GG--C--A--GGA-GGA	1342
14 BG.ES.00.X605	-C-A-----A-----G-----	-----TG-C-T-----GGGG-----	-----A-----	-----A-A-A-----A-GGT--C--A--GA-A-A	1399
14 BG.ES.00.X623	-C-A-----A-----G-----	-----G-C-T-----GGGG-----	-----A-----	-----A-A-----A-GGT--C-G--GA-AGA	1401
14 BG.ES.99.X397	-C-A-----A-----G-----	-----G-C-T-----GGGG-----	-----A-----	-----A-A-A-----A-GGT-----GA-ACA	1402
14 BG.ES.99.X421	-C-A-----A-----G-----	-----TG-C-T-----GGGG-----	-----A-----	-----A-A-A-----A-GGT--C-----GA-A-A	1399
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----A-----G-----G-----	-----A--C-CA-C-GG-----	-----AT-----	-----A-----A-GG--G-A--G...A	1175
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----A-----G-----G-----	-----A--C-CA-C-GG-----	-----AT-----	-----A-----A-GG--G-A--GA...A	1182
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	-----A-----G-----G-----	-----T-----CA-C-GA-----	-----ATG-----	-----A-GG--G-A--GA...A	1360
15 01B.TH.99.99TH_R2399	-----A-----G-----G-----	-----C-CA-C-G-----	-----ATG-----	-----A-GG--G-A--GA...A	1319
16 A2D.KR.97.97KR004	-----A-----G-----	-----CA-----	-----AATT-A-A--ATG-----	-----A-----A-GG-----A...A	1321
18 cpx.CM.97.CM53379	-----A--C--G-----G-----	-----T-----CA-C--G-C-----	-----A-----	-----C-----GG--G-A--GA...A	1154
N.CM.-.YBF106	-----GC-A--A--G--T-----	-----GCA--G-C-CA--CAG-----	-----A--GTG-C-----	-----T-TG-A--A--G--A--C-----A-GG--AT-----A-CCA	1523
N.CM.02.DJ00131	-----GC-A--A--G--T-----	-----TCA--G--CAG-CAG-----	-----A--GTG-C-----	-----T-TGCA--AG-GA-A--C-----AAGG--AT-----G-GA-CCA	1443
N.CM.95.YBF30	-----GC-A--A--G--T-----	-----TCA--G--GCAGC-GC-----	-----ACAA-----	-----GTG-C-----T-TGCA--A--G--A--C-----AAGG--AT-----G--ACCA	1525
O.BE.87.ANT70	-----C-----GC-A--A-----	-----GCTAC--CCCAGC-AGAT-----	-----TTGAAAGGAGGATACA-AG-AG-----	-----T-C-----A-----GC-A...AA-CCA-TTAGG-A-GGA-C-A	2022
O.CM.-.96CMABB637	-----A-AC-A--A--R-----	-----GC-TC--C-ACC-AGAT-----	-----CTAAAAGGAGGCTACA-AG-AG-----	-----T-T-----A-----AC-A...AACCCA-CTAGGCAG-G-CC-A	1445
O.CM.91.MVP5180	-C-----A-A-AC-A--A-----	-----GCTTCT--CCCAGC-AGAT-----	-----TTAAAAGGAGGATACA-AG-AG-----	-----T-C-----A-----GC-G...AA-CCA--TAG--A-GG-CCCA	1997
O.SN.99.SEMP1300	-----C-----AC-A--A-----	-----TCTGC--CCCA-G--CTG-----	-----AAGGGAGGATACT-AG-AG-----	-----T-T-----A-----GC-A...AACCAGGTAGG-A-GG-CC-A	2021
CPZ.CD.-.ANT	-----G-----A-----A-----T-----	-----GCTTCT-CT-AT--G-----	-----CAGGGAA-CG-AG-C-----	-----T-TC-----GGAAA--AGGAGG--A--GACC-C	1388
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----G-----C-----A-----C-----	-----TCAATG--TCAG--CA-----	-----GGGAGA--AGATG-T-----	-----T-CT-C-----AG--AC-A...GG-GC-GG--C--A--GA-AAA	2025
CPZ.TZ.-.TAN1	-----AGA--C-----	-----GCCTCAGCAAC--C-GGGGGAGT-----	-----AA--TGC-G-----	-----G-----A--AAGACCACCTTAA--AGGGTCAGC-	1602
CPZ.US.85.CPZUS	-----G--C--A-----C-----	-----T-----A-G-A--CC-C-----	-----T-A-G-G-----	-----T-TC-A-----A--A--C...GC-G--G-C-G-G-GA-AAA	2006
Gag p24/p2/p7	H K A R V L A E A M	S Q V T N S	A T I . M M Q R G N . F R N Q R K I V	Gag	
Gag p24 Capsid end \/ Gag p2 start			Gag p2 end \/ Gag p7 (NC), Gag-Pol TF start		

B.FR.83.HXB2	TAAGTGTTCATTTGTGGCAAAGAAGGGCCACACAGCCAGAAATTCAGGGCCCCCTAGGAAAAAGGGCTGTTGGAAATGTGAAAGGAAGGACACCAATGAAAGATTGTACT.....GAGAGA...	2076
A1.KE.94.Q23_17	-----C-----A-CT-----T-----G---G-----C-----A-----	1534
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----C-----G---A-TCT-----C-----C-T-----C-----A-----	1553
A1.SE.94.SE7253	-----C-----A-CT-----G-A-G-----G-C-C-----A-----	1280
A1.TZ.01.A173	-----T-C-----G---A-CT-----G-A-G-----C-----C-----	1275
A1.UA.00.98UA0116	-----C-----A-CT-----C-T-----A-C-C-----C-----	2075
A1.UG.92.92UG037	-----C-----A-TCT---A-----T---A-----G---G-----G-C-C-----	1440
A1.UG.98.98UG57136	-----C-----A-CT-----A-----G-A-----C-C-----	1281
A2.CD.97.97CDKFE4	C--A-----C-----G---A-CT-----C-----C-----G-----T-G-----C-C-----	905
A2.CD.97.97CDKS10	-----C-----G---A-CT---T-----C-----G-----T-----C-C-----	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-----G---A-CT---T-----C-----G-----T-----C-C-----	1435
A2.CY.94.94CY017_41	-----C-----G---A-CT-----C-----T-----C-----	1433
A3.SN.01.DDI579	-----C-----A-CT---T-----G---G-----C-C-----	1277
A3.SN.01.DDJ369	-----C-----A-CT-----G---G-----C-C-----	1280
A3.SN.96.DDJ360	-----C-----A-CT---A-----G---G-----C-C-----	1277
B.AR.00.ARMS008	-----GG-----T---A-----A-----A-----G-----	1281
B.AU.96.MBCD36	-----T---A-----T-----G---T-----R---A-----G-----	1431
B.CO.01.PCM074	-----T---T-A-----T-----R-----T-----C-----A-----	1290
B.GA.88.OYI	-----T---A-----T-----N-----G-----N-----N-----	1619
B.NL.00.671_00T36	-----G---G-----T-----AA---C---G-----G-----A-----	1611
B.RU.-.04RUI29005	-----G---G-----T-----AA---C---G-----G-----A-----	1562
B.TH.90.BK132	-----A---T---C-----G-----G-----A-----	1427
B.US.90.WEAU160	-----A---T---C-----G-----C-----A-----	2075
B.US.98.1058_11	--G-----T-----T---A-----G-----A-----GA-----C-----	1275
C.AR.01.ARG4006	--A-C---C-----GG---A---TT-----A-----C-----	1272
C.BR.-.04BR013	--A-C-T-C-----G---TT---A-----A-----C-----A-----	1528
C.BR.92.BR025-d	--A-C---C-----G---TT-----A-----T-----A-----G-----C-----	1417
C.BW.00.00BW07621	--A---C---G---G---T-T---G-----C---A-----A-----G-----	1441
C.ET.86.ETH2220	--A---C---G---CT-----A-----C-----C-----	1447
C.IN.95.95IN21068	--A---C---G---CT-----A-----C-----A-----G-----	1439
C.IN.99.01IN565_10	--A---C---G---T---A-A-----G---A-----A-----G-----	1469
C.KE.00.KER2010	--A---C---C---G---T-----A-----G-----C-----A-----G-----	1269
C.TZ.01.BD9_11	--A---C---C---G---T-----A-----C-----C-----G-----	1278
C.UY.01.TRA3011	--A---C---C---G---CT---G-C-----A-----A-----G---G-----C-----	1260
C.ZA.04.SK164B1	--A---T---C---G---GGA---T---A---A-----A-----G-----C-----	1499
C.ZM.96.96ZM651	--A---T---C---T---G---T-----T-----G-----G-----C-----	1417
D.CD.83.ELI	-----T---A-A-----G-----C-A-----C-----	1625
D.CD.83.NDK	-----C---G-----A-A-----A-----C---G-----C-----A-----	1614
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----C---T---A-A-----G-----GA-----C---A-----A-----	1287
D.KE.01.NKU3006	--A---C---C---T---A-A-----T-----G-----G-----C-----A-----	1284
D.TD.99.MN012	--A---C---C---T---A-A---C-----A---A-----C-----A-----	1297
D.TZ.01.A280	-----A---T---A-A-----T---A-----A-----G-----C-----A-----	1274
D.UG.94.94UG114	-----C---G---A-A-----T---A-----G-----C-----A-----	1428
D.UG.99.99UGD23550	-----C---T---A---T---A-A-----T---A-----A-----T-----C-----A-----	1284
D.UG.99.99UGK09958	-----C---C---CT---A-A-----T---A---G---A-----G-----C-----A-----	1278
D.ZA.86.R482	-----C---GT---A-A-----AA-----G-----C-----A-----	1343
F1.BE.93.VI850	--A---T-----A---T-----A-----GA-----C---C-----A-----	1413
F1.BR.89.BZ126	--A---T-----C---A---T---A---T-----A-----GA-----C---C-----AG-----	1426
F1.BR.93.93BR020_1	--A---C---T-----A---T---A-----A-----G-----GA---G-----G---C---C-----	1404
F1.FI.93.FIN9363	--A---T-----A---T-----C-----C---A---G-----C---C-----A-----	1405
F1.FR.96.MP411	--A---T-----A---T-----A-----A-----A-----T-----C---C-----A-----	1272
F2.CM.02.02CM_0016BBY	C-----C-----A---T---T---T---A-----A---G-----C---C-----A-----	1266
F2.CM.95.MP255	-----C-----A---T---T---T-----A-----A-----C---C-----A---G-----	1272
F2.CM.95.MP257	-----T---C---C-----A---T---T---T-----A---G---C-----C-----C-----	1284
F2.CM.97.CM53657	-----C-----C-----A---T---T---T---A-----A---G-----C---C-----	1266
G.BE.96.DRCBL	--A-----C---G---A---TCT-----G---T---A---C---A-----A-----	2043
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----C---G---A---TCT-----C-----G---T---G-----C---C---A-----	1281
G.ES.99.X138	-----C---G---A---CT---T---A---C-----A-----G---T-----C---C---A-----	1523
G.FI.93.HH8793_12_1	C-----C---G---A---TT-----A-----C-----C-----G---T-----C---C---A-----	1481
G.NG.92.92NG083	-----C---G---A---TCT-----G---T-----A---C---G-----A---G-----	1448
G.SE.93.SE6165	C--A-----C---G---A---TCT-----T-----C---C---G-----A-----	1482
H.BE.93.VI991	--A---C---C---A---T-----A-----A-----C-----G-----C---C---A-----GA-----	1471
H.BE.93.VI997	--A---C---C---G---A---T-----G-----T---G---G---C---C---A-----	1406
H.CF.90.056	--A---C---C---G---A---T-----GA-----T---G-----C---C---A-----	1426
J.SE.93.SE7887	-----C---A---T---A---A---C-----A-----C-----C-----	1396
J.SE.94.SE7022	-----C---A---T---A---A---C-----A-----C-----C-----	1397
K.CD.97.EQTB11C	-----C---C-----A---CT-----T-----A-----G---A-----T---G-----C---T-----	1272
K.CM.96.MP535	-----C---C-----T-----A-----A-----G-----T---G-----C---C-----	1272
01_AE.TH.00.OUR200I	--A---C---T---C-----G---C---A---CT-----A-----T-----G---A-----T-----C---C-----CCG	1278
01_AE.TH.01.OUR414I	-----C---C-----A---CT-----A-----T-----T-----C---C-----	1275
01_AE.TH.02.OUR769I	-----C---C-----A---CT-----A-----T---C-----G---G-----T-----C-----	1275
01_AE.TH.90.CM240	-----C---C---T---G---A---CT-----A---C---T-----C---G-----T-----C---C-----	1635

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	TAAGTGTTCATTTGGTGGCAAAGAAGGGCCACACAGCCAGAAATTCAGAGGCCCCCTAGGAAAAAGGCTGTTGGAAATGTGAAAGGAAGGACACCAATGAAAGATTGTACT.....GAGAGA...	2076
02_AG.CM.02.02CM.1669LE	A-----C-----A-CT-----AA-----C-----	1266
02_AG.FR.91.DJ264	A-----C-----A-CT-----A-----G-----G-----T-----C-----	1425
02_AG.NG.-.IBNG	A-----C-----A-CT-----A-----G-----G-A-----C-----	1601
02_AG.UZ.02.02UZ693	A-A-----C-----A-CT-----A-----G-----G-----C-----	1263
03_AB.BY.00.98BY10443	-----C-----C-A-C-----C-T-----C-C-----	2079
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----C-----A-CT-----C-T-----C-C-----	1302
03_AB.RU.98.RU9800I	-----C-----C-A-CT-----C-T-----C-C-A-----	1446
04_cpx.CY.94.CY032	-----C-----G-A-TCT-----C-G-----G-T-----C-C-----	1445
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----C-----G-A-TCT-----G-C-C-----T-----C-C-----	2096
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----C-----G-A-TCT-----C-----G-T-G-----C-CC-----	2093
05_DF.BE.-.VI1310	-----C-----T-----T-A-----T-----T-G-A-----G-GA-----C-C-----G-----	1458
05_DF.BE.93.VI961	-----C-----A-A-----G-----GA-----C-C-T-----G-----	1431
05_DF.ES.99.X492	--A-----C-----T-A-A-----T-----GA-----C-C-----	1429
06_cpx.AU.96.BFP90	-----C-----G-A-TCT-----A-----G-----T-----A-----	2098
06_cpx.EE.-.EEO359	-----C-----G-A-T-T-----A-----T-----C-C-A-----A-----	1732
06_cpx.ML.95.95ML127	-----C-----GG-A-TCT-----G-----T-----C-A-----	2096
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----C-----G-A-TCT-----A-----A-G-----T-----C-C-A-----	2123
07_BC.CN.-.CNGL179	--A-----C-----G-----T-----A-----	1288
07_BC.CN.97.97CN001	--A-----C-----G-----T-----A-----	1408
07_BC.CN.97.CN54	--A-----C-----G-----T-----A-----	1438
07_BC.CN.98.98CN009	--A-----C-----G-----T-----A-----	1408
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	--A-----C-----G-----T-A-----A-----C-----A-G-----	1268
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	--A-----C-----G-----T-A-----A-----G-----C-----A-G-----	1274
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	--A-----C-----G-----T-A-----A-----C-----A-G-----	1268
08_BC.CN.98.98CN006	--A-----C-----G-----T-A-----A-----C-----A-G-----	1420
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----C-----A-MYT-----G-----C-C-----	1281
09_cpx.SN.95.95SN1795	C-----T-G-A-CT-----G-----C-C-----	1281
09_cpx.SN.95.95SN7808	C-----A-T-----G-----T-----C-C-----	1266
09_cpx.US.99.99DE4057	-----C-----A-CTG-----G-----G-C-C-----	1275
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----C-----A-A-----T-----G-G-----G-----C-----CC-A-----GAAAGA-----	1458
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----C-----G-----T-A-----T-----C-----C-----A-----	1453
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----C-----A-T-A-C-----T-----G-----G-----C-----A-----	1453
11_cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----C-----A-TCT-----C-----C-----G-----G-C-C-----	1275
11_cpx.CM.96.4496	-----C-----A-CT-----A-----G-----C-C-----R-----	1439
11_cpx.FR.99.MP1298	-----C-----A-CT-----A-----G-----G-----C-C-C-----	2073
11_cpx.GR.-.GR17	-----C-----A-TCT-----A-----A-----G-A-----C-C-C-----	1381
12_BF.AR.97.A32879	--A-----A-T-A-----A-----A-----GA-----G-----C-----A-----	1640
12_BF.AR.99.ARMA159	--A-----AC-A-T-A-----A-T-----A-----C-CC-----A-----	2081
12_BF.ES.02.X1241	--A-----A-T-T-A-----A-----T-----GA-----C-C-----A-----	1327
12_BF.UY.99.URTR23	--A-----G-A-T-A-----A-----A-----C-C-----A-----	2102
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----C-----G-A-TCT-----G-----G-----T-----C-C-G-----A-----	1284
13_cpx.CM.96.1849	-----C-----GG-A-TCT-----G-----G-----T-----C-C-TG-----A-----	1460
13_cpx.CM.96.4164	-----C-----G-A-TGT-----G-----G-----T-----C-C-G-----A-----	1460
14_BG.ES.00.X605	-----C-----GG-A-CT-----T-----A-----G-----T-----C-C-A-----C-----	1517
14_BG.ES.00.X623	-----C-----G-A-CT-----T-----A-----G-----T-----A-C-A-----A-----	1519
14_BG.ES.99.X397	-----C-----G-A-CT-----T-----A-----G-----G-----T-----C-C-A-----A-C-----	1520
14_BG.ES.99.X421	-----C-----G-A-CT-----T-----A-----G-----G-----T-----C-C-A-----A-----C-----	1517
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----C-----G-A-CT-----A-----T-----T-----C-C-----	1293
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----C-----C-----CT-----T-----T-----T-----C-C-----	1300
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----C-----C-----A-CT-----G-----A-----T-----GG-----T-----C-C-----	1478
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----C-----C-----A-CT-----A-----T-----G-----T-----C-C-T-----	1437
16_A2D.KR.97.97KR004	-----C-----G-A-CT-----C-----G-----T-----C-C-----	1439
18_cpx.CM.97.CM53379	-----T-----A-CT-----G-----T-----C-C-----	1272
N.CM.-.YBF106	--A-----T-----G-C-TTTG-A-----C-T-A-----A-G-G-----G-----GC-A-----T-----AAAATGAG...-GA-M...	1647
N.CM.02.DJ00131	--GA-----G-C-TTTG-A-----C-T-A-----A-G-GG-----GC-A-----T-----AAAATGAA...-GA...	1567
N.CM.95.YBF30	--A-----G-C-TTTG-A-----C-T-A-----A-G-GGA-----G-----GC-A-----T-----AAAATGAA...-GA...	1649
O.BE.87.ANT70	A-A-----C-----A-----G-A-T-T-----A-----TC-A-A-----T-C-----C-----T-----C-GAAAT...-GA-A...	2143
O.CM.-.96CMABB637	A-A-----A-----G-A-TCT-----A-----T-A-A-----A-G-A-T-C-----C-----T-----C-GAAAT...-GA-A...	1566
O.CM.91.MVP5180	A-A-C-----A-----G-A-T-T-----A-----C-----TC-A-A-----A-----G-----T-C-----C-----T-----C-GAAAT...-GA...	2118
O.SN.99.SEMP1300	A-A-----A-----A-----TCT-----A-----TC-A-A-----A-G-A-T-C-----C-----T-----C-GAAAT...-GA-A...	2142
CPZ.CD.-.ANT	C-A-----T-C-C-T-----G-C-T-T-----A-----A-----A-GG-A-----C-----G-----C-----GC-T---A-C---C-AGCAACAAATACAG...	1515
CPZ.GA.-.CPZGAB	A-A-C-----T-----G-----T-----T-----T-AA-A-A-A-G-A-----CGG-----GC-A-G-----C-----C-A-----C-GA...	2143
CPZ.TZ.-.TAN1	GC-----T-C-----G-----T-----C-----T-----T-----T-A-A-G-A-T-C-----GG-----C-A-G-----T-----G-C-----C-CACCAGAAACA-C-C...	1729
CPZ.US.85.CPZUS	C-A-----T-----G-A-TCT-----T-----T-A-A-G-----A-G-C-----G-----GC-----T-----C-C-AGCAGGA...A-C-----	2130
Gag p7	K C F N C G K E G H T A R N C R A P R K K G C W K C G K E G H Q M K D C T E R	Gag

	Gag p7	Nucleocapsid end \ / p1 start	Gag p1 end \ / Gag p6 start		
B.FR.83.HXB2CAG.....	GCTAATTTTTTAGGGAAGATCTG...GCCTTCCTACAA.....	GGG...AAGGCCAGGGAATTTTCTTCAGAG.....	CAG.....	AC 2146
A1.KE.94.Q23_17-A-T-.....-AGA-.....G-.....C-A.....	1604
A1.RU.03.03RU20_06_13-GA-T-.....-AG-.....A-G-.....-A-C-.....	1623
A1.SE.94.SE7253-A-G-.....-AG-.....G-.....-C-.....	1350
A1.TZ.01.A173-A-T-.....-AG-.....A-G-.....-CC-.....	1345
A1.UA.00.98UA0116-A-GA-T-.....-AG-.....A-G-.....-C-.....	2145
A1.UG.92.92UG037-A-.....-AG-.....A-G-.....-C-.....	1510
A1.UG.98.98UG57136-A-T-.....-C-AG-.....G-.....-A-C-.....	1351
A2.CD.97.97CDKFE4-A-T-.....-C-A-G-.....A-G-.....-A-CC-.....	975
A2.CD.97.97CDKS10-A-T-.....-A-.....A-G-.....-C-.....	0
A2.CD.97.97CDKTB48-A-T-.....-A-.....A-G-.....-C-.....	GA 1505
A2.CY.94.94CY017_41-A-T-.....-A-.....A-G-.....-C-.....	A 1503
A3.SN.01.DDI579-A-.....-A-.....G-.....-A-C-.....	1347
A3.SN.01.DDJ369-A-T-.....-AG-.....G-.....-C-.....	1350
A3.SN.96.DDJ360-A-T-.....-AG-.....A-G-.....-C-C-.....	1347
B.AR.00.ARMS008-A-A-.....-A-G-.....C-.....-C-.....	1351
B.AU.96.MBCD36-A-A-.....-C-.....G-.....-A-A-C-.....	1501
B.CO.01.PCM074-A-.....-C-.....G-.....-C-.....	1360
B.GA.88.OYI-A-.....-C-.....G-.....-A-.....	1689
B.NL.00.671_00T36-N-.....-T-.....C-.....G-.....	1681
B.RU.-.04RU129005-G-.....-C-.....G-.....-A-.....	1632
B.TH.90.BK132-A-.....-C-.....G-.....-A-.....	1497
B.US.90.WEAU160-T-.....-C-A-.....G-.....-C-.....	2145
B.US.98.1058_11-A-.....-C-.....A-.....-C-.....	1345
C.AR.01.ARG4006-A-T-.....-A-.....G-.....-A-Y-C-.....	1342
C.BR.-.04BR013-A-.....-C-.....GGGG-.....-C-A-.....	1601
C.BR.92.BR025-d-A-T-.....-C-G-.....G-.....-A-C-.....	A 1487
C.BW.00.00BW07621-A-T-.....-C-.....G-.....-C-C-.....	1511
C.ET.86.ETH2220-GAC-T-.....-A-.....G-.....-C-.....	1517
C.IN.95.95IN21068-A-T-.....-C-.....G-.....-C-C-.....	T- 1509
C.IN.99.01IN565_10-A-T-.....-C-.....G-.....-C-A-.....	1539
C.KE.00.KER2010-A-T-.....-C-.....G-.....-C-A-.....	G- 1339
C.TZ.01.BD9_11-A-T-.....-C-.....G-.....-C-CC-.....	A 1348
C.UY.01.TRA3011-T-.....-C-.....G-.....-A-C-CC-.....	1330
C.ZA.04.SK164B1-A-T-.....-C-G-.....G-.....-C-A-.....	1569
C.ZM.96.96ZM651-A-T-.....-C-.....G-.....-C-A-.....	G- 1487
D.CD.83.ELI-GA-T-.....-C-.....G-.....-C-C-A-.....	1695
D.CD.83.NDK-T-.....-C-.....G-.....-C-.....	1684
D.CM.01.01CM_4412HAL-A-T-.....-A-.....G-.....-C-.....	1357
D.KE.01.NKU3006-A-T-.....-C-.....G-.....-C-C-.....	A 1354
D.TD.99.MN012-A-T-.....-AG-.....G-.....-G-.....	1367
D.TZ.01.A280-A-T-.....-C-.....A-.....-C-C-.....	1344
D.UG.94.94UG114-A-T-.....-C-.....T-.....-C-.....	ACCCCC-G 1504
D.UG.99.99UGD23550-A-T-.....-C-G-.....A-.....-C-C-.....	1354
D.UG.99.99UGK09958-A-T-.....-T-C-.....A-.....-C-A-.....	1348
D.ZA.86.R482-C-.....-T-C-.....G-.....-C-.....	1413
F1.BE.93.VI850-A-T-.....-A-.....G-.....-C-A-.....	C- 1483
F1.BR.89.BZ126-A-T-.....-C-.....G-.....-C-A-.....	C- 1496
F1.BR.93.93BR020_1-A-T-.....-A-.....G-.....-C-A-C-.....	CA-C- 1474
F1.FI.93.FIN9363-A-T-.....-A-.....G-.....-C-.....	T- 1475
F1.FR.96.MP411-A-T-.....-A-.....G-.....-C-A-.....	A 1342
F2.CM.02.02CM_0016BBY-A-T-.....-A-.....A-G-.....-T-CA-.....	1336
F2.CM.95.MP255-A-T-.....-A-G-.....G-.....-A-.....	1342
F2.CM.95.MP257-A-G-.....-A-.....G-.....-C-A-.....	1354
F2.CM.97.CM53657-A-T-.....-A-.....G-.....-T-A-.....	A 1336
G.BE.96.DRCBL-A-T-.....-A-.....G-.....-C-.....	A 2113
G.CM.01.01CM_4049HANGA-.....-A-.....A-.....-C-.....	C- 1351
G.ES.99.X138-A-T-.....-A-.....G-.....-C-.....	A 1593
G.FI.93.HH8793_12_1-A-T-.....-A-.....G-.....-A-.....	A 1550
G.NG.92.92NG083-A-T-.....-A-.....G-.....-A-C-.....	C- 1518
G.SE.93.SE6165-A-T-.....-A-.....G-.....-A-.....	A 1552
H.BE.93.VI991-A-T-.....-AG-.....G-.....-C-CC-.....	A 1541
H.BE.93.VI997-A-.....-AG-.....A-G-.....-A-C-.....	G- 1476
H.CF.90.056-A-T-.....-AG-.....A-G-.....-A-C-.....	G- 1496
J.SE.93.SE7887-T-.....-AG-.....A-G-.....-C-.....	C- 1466
J.SE.94.SE7022-T-.....-AG-.....A-G-.....-C-.....	C- 1467
K.CD.97.EQTB11C-T-.....-CT-A-.....A-A-.....-A-.....	A 1342
K.CM.96.MP535-A-.....-C-.....G-.....-C-.....	1342
01_AE.TH.00.OUR200IGCTACT-.....-AT-T-.....-C-.....-C-.....	1354
01_AE.TH.01.OUR414I-A-T-.....-A-.....G-.....-A-C-.....	1345
01_AE.TH.02.OUR769I-A-.....-A-.....G-.....-C-.....	1345
01_AE.TH.90.CM240-A-T-.....-A-.....G-.....-C-.....	1705

	Gag p7 Nucleocapsid end \ / p1 start	Gag p1 end \ / Gag p6 start	
B.FR.83.HXB2CAG...GCTAATTTTTTGGGGAAGATCTG...GCCTTCCTACAA.....GGG...AAGGCCAGGGAATTTTCTTCAGAG.....CAG.....AC		2146
02_AG.CM.02.02CM.1669LE-A--T-----AG-----AG-----G-----A-----C-C--A--		1336
02_AG.FR.91.DJ264-A--T-----AG-----G-----A-----C--A--		1495
02_AG.NG.-.IBNG-A--T-----AG-----G-----A-----C-----		1671
02_AG.UZ.02.02UZ693-A--T-----AG-----G-----A-----C-----		1333
03_AB.BY.00.98BY10443GA--T-----AG-----A--G-----A-----C-----		2149
03_AB.RU.97.KAL153_2GA--T-----AG-----A--G-----A-----C-----		1372
03_AB.RU.98.RU98001-A--T-----AG-----A--G-----A-----C-----		1516
04_cpx.CY.94.CY032GA--G-----AG-----A--G-----A-----A-----G--		1515
04_cpx.GR.91.97PVCHGA--G-----AG-----A--G-----G-----G-----G--		2166
04_cpx.GR.97.97PVMY-C--GA--G-----AG-----A--G-----A-----G-----GA		2163
05_DF.BE.-.VI1310-AG-T-----C-----G-----C-----C-----C-----		1528
05_DF.BE.93.VI961GAG-T-----T-----C-----G-----C-----C-----G--		1501
05_DF.ES.99.X492-A-----C-----G-----C-----C-----G--		1499
06_cpx.AU.96.BFP90-A-----A-----G-----A-----A-----G--		2168
06_cpx.EE.-.EE0359-A-----A-----G-----C-----A-----G--		1802
06_cpx.ML.95.95ML127-A-----A-----G-----A-----A-----G--		2166
06_cpx.SN.97.97SE1078-A-----C-----G-----C-----ACAGGCC.....AGAACAGAA--G--		2208
07_BC.CN.-.CNGL179-C-----A-----C-----C-----A-----G--		1358
07_BC.CN.97.97CN001-C-----A-----C-----C-----A-----G--		1478
07_BC.CN.97.CN54-C-----A-----C-----C-----G-----A-----		1508
07_BC.CN.98.98CN009-C-----A-----C-----C-----G-----A-----		1478
08_BC.CN.97.97CNGX_6F-G-----AT-T-----C-----G-----C-----C-----		1338
08_BC.CN.97.97CNGX_7F-G-----AT-T-----C-----G-----C-----C-----		1344
08_BC.CN.97.97CNGX_9F-G-----AT-T-----C-----G-----C-----C-----		1338
08_BC.CN.98.98CN006-G-----A--T-----C-----G-----C-----C-----		1490
09_cpx.GH.96.96GH2911-A--T-----A-----A--G-----C-----CY-----		1351
09_cpx.SN.95.95SN1795-A--T-----A-----A--G-----C-----C-----		1351
09_cpx.SN.95.95SN7808-A--T-----A-----A--G-----C-----C-----		1336
09_cpx.US.99.99DE4057-A--T-----A-----A--G-----C-----C-----		1345
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061-A--T-----A-----A--C-----C-----		1528
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071-A--T-----A-----A--C-----C-----		1523
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110-C-----GA--T-----A-----A--C-----C-----		1523
11_cpx.CM.02.02CM.2190SA-A--T-----AG-----A--G-----C-----C-----G--		1345
11_cpx.CM.96.4496-C-----A--T-----AG-----A--G-----C-----A-----G--		1509
11_cpx.FR.99.MP1298-A-----A-----AG-----A-----A-----C-----G--		2143
11_cpx.GR.-.GR17-A--T-----AG-----G-----C-----A-----G--		1451
12_BF.AR.97.A32879GAC-T-----A-----G-----C-----A-----A-----G--		1710
12_BF.AR.99.ARMA159-A--T-----A-----G-----C-----A-----A-----G--		2151
12_BF.ES.02.X1241-A--T-----C-G-----G-----C-----A-----C-----G--		1397
12_BF.UY.99.URTR23GA--T-----A-----A--G-----T-----A-----A-----G--		2172
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN-A-----AG--G-----T-----G-----A-----A-----G--		1354
13_cpx.CM.96.1849-A-----A-----A-----G-----CAGACCAGGACCAACAGCCCCACCAGAGAG-----G--		1560
13_cpx.CM.96.4164-A-----C--AG-----C-----G-----CAAACCAGGGCCAACAGCCCCACCAGAGAG-----G--		1557
14_BG.ES.00.X605A-----A--T-----A-----G-----A-----C-----A-----G--		1587
14_BG.ES.00.X623A-----A--T-----A-----G-----A-----C-----A-----G--		1589
14_BG.ES.99.X397A-----A--T-----A-----G-----A-----C-----A-----G--		1590
14_BG.ES.99.X421A-----A--T-----A-----G-----A-----C-----A-----G--		1587
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331-AC-T-----A-----C-----C-----		1363
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332-C-----T-----A-----C-----		1367
15_01B.TH.99.99TH_MU2079GAC-T-----A-----G-----A-----C-----		1545
15_01B.TH.99.99TH_R2399-A--T-----A-----G-----A-----C-----		1507
16_A2D.KR.97.97KR004-A--T-----C--G-----C--G-----C-----A-----		1509
18_cpx.CM.97.CM53379-A--T-----A-----G-----C-----C-----A-----		1342
N.CM.-.YBF106-A--GG-----T--C--T-----A--G--A--A--C--C--CC--CAAC.....AACAA-----GA		1723
N.CM.02.DJ00131-A--GG-----T--C--T-----A--G--A--C--C--CC--CAAC.....AACAA-----GA		1646
N.CM.95.YBF30-A--G-----T--C--T-----A--G--A--A--C--C--CC--CAAC.....AACAA-----GA		1725
O.BE.87.ANT70-A-----C--ATA-----C--GGGGGG.....CAC.....G-----C--A--G--G-----ACC.....G		2213
O.CM.-.96CMABB637-A-----C--G--TA-----C--GGGAGG.....CAC.....G-----C--A--G--A-----A-----GCA.....G		1636
O.CM.91.MVP5180-A-----TA-----C--GGGGGG.....CAC.....G-----C--A--G--G-----A-----ACA.....G		2188
O.SN.99.SEMP1300-A-----ATA-----C--GGGGGG.....CAC.....G-----C--A--G--CA-----ACA.....G		2212
CPZ.CD.-.ANTA--A-----TA-----ACCAGC...C--CA--G--GGTG.....GTGC--A-----C--G--G-----AGGA.....G		1594
CPZ.GA.-.CPZGAB-TG-----AGGT-----CG--G.....C-----G-----C--G--G-----A-----A-----		2213
CPZ.TZ.-.TAN1ACTGGG--TA-----ACG.....CA--CC--TGTG.....GTGC--A-----C--G--G-----		1794
CPZ.US.85.CPZUS-ACAT--GTCC--A--G--GG--CGGGGGATCAAA...G--A-----C--C--GG--A--A-----GA		2212
Gag p7/p1/p6Q...A N F L G K I W...P S Y K.....G...R P G N F L Q S.....R.....T		Gag
Gag-Pol TFF F R E D L...A F L Q.....G...K A R E F S S E.....Q.....T		Gag-Pol

HIV-1/SIVcpz complete genomes

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	CAGAGCCAACAGC	CCCACCAGA	AGAGAGCTTCAGGTCTGG	GGTAGAGACAACAACCTCCCC	2207		
A1.KE.94.Q23_17	TG--A-----	T-----C-----	C-GTG--ATG--	-A-----	-GTCT--	1662	
A1.RU.03.03RU20_06_13	-R--R---T-----	-----C-----	A-R--TG--ATGR--	-A---T-----	-C---T-----	1681	
A1.SE.94.SE7253	-G-----	-----C-----	CTT--TG--ATG--	-A---T-----	G-CT--	1408	
A1.TZ.01.A173	-G-----	-----C-----	CT--TG--ATG--	-A-G-T-----	G-CT--T-----	1403	
A1.UA.00.98UA0116	-----T-----	-----C-----	AGA--TG--AGG--	-A---T-----	-C-----	2203	
A1.UG.92.92UG037	---A-----	-----CAGC--	T--TG--ATGA--	-A---T-----	-GTCT--	1571	
A1.UG.98.98UG57136	TG---G-----	-----C-----	CTG--TG--ATG--	-A---T-----	-CT-----	1409	
A2.CD.97.97CDKFE4		-----C-----	GA--TG--AATG--	-A-----	-A-----	1027	
A2.CD.97.97CDKS10						0	
A2.CD.97.97CDKTB48			AATG-A	-A---T-----	-CT--T-----	1548	
A2.CY.94.94CY017_41		-----C-----	A--G--AATG--	-A---T-----	-CT--T-----	1561	
A3.SN.01.DDI579		-----C-----	TCT-C-GG--ATG--	A-A---T-----	-CT--T-----	1405	
A3.SN.01.DDJ369		-----C-----	CT-C-TG--AGG--	-A---T-----	-C---T-----	1408	
A3.SN.96.DDJ360		-----C-----	TCT-C-GG--ATG--	A-A---T-----	-C-CT--T-----	1405	
B.AR.00.ARMS008	-G-----	-----C-----		-GG-----	-G-----	1412	
B.AU.96.MBCD36	-----T-----			-AGA-A-----	C-----	1562	
B.CO.01.PCM074	---AG-G-CT-----	AGAGCCAACAGC	G-----CA-----	-AG-----		1424	
B.GA.88.OYI		-----C-----	G--T-----	-A-----		1750	
B.NL.00.671_00T36		---CCCTTCTCA-----	GAGCAGACCAGAGCCAACAGC	-A-----	T-----	1772	
B.RU.-.04RUI29005	---A--T-----	---CCCACCAGC-----	GCCATCAGC	-R-C-----	T-----	1711	
B.TH.90.BK132	---G-----	-----C-----		-A-----	T-----	1558	
B.US.90.WEAU160	T--A-----	-----C-----		-A-----	T-----	2206	
B.US.98.1058_11		-----C-----		-AG-----	T-----	1406	
C.AR.01.ARG4006		-----C-----	TC-A-----	-A-----	-C---T-----	1397	
C.BR.-.04BR013	---CCCACCACT-----	AGAGCCAACAGC	TC-C-----	-A-----	-C---T-----	1677	
C.BR.92.BR025-d			T-----	-A-----	T-----	1548	
C.BW.00.00BW07621		-----C-----	A--TC-A-----	-A-----	-AC--A-----	1566	
C.ET.86.ETH2220	---CCCACCAGAGAGTCT-----	CAGACCAGAGCCAACAGC	CC-----	-A--AG-----	-A--TT-----	1605	
C.IN.95.95IN21068		-----C-----	TC-A-----	-A-----	-C--AG-----	1564	
C.IN.99.01IN565_10		-----C-----	TC-A-----	-A-----	G--C--A-----	1594	
C.KE.00.KER2010		-----C-----	TC-A-----	-A-----	-G-C-TTG-----	1394	
C.TZ.01.BD9_11	---CCCCTAGAA-----	GCCAACAGC	TC-A-----	-A-----	-C--TG-----	1421	
C.UY.01.TRA3011	T-----	-----C-----	TC-A-----	A-A-----	-G-----	1385	
C.ZA.04.SK164B1	T-----	-----C-----	TC-A-----	-A-----	G--C--TG-----	1624	
C.ZM.96.96ZM651		-----C-----	TC-A-----	-A-----	-C--G-----	1542	
D.CD.83.ELI		-----C-----	G--T-----	-A---T-----	-C---T-----	1753	
D.CD.83.NDK		-----C-----	G--T-----	-AG---T-----	-C---T-----	1742	
D.CM.01.01CM_4412HAL		-----C-----	G--TC-----	-AG---T-----	-G-C--T-----	1415	
D.KE.01.NKU3006		-----C-----	G--T-----	-AG---T-----	-A--T-----	1412	
D.TD.99.MN012		-----C-----	G--T-----	-A---T-----	-C-----	1425	
D.TZ.01.A280		-----C-----	T--G--T-----	-AG---T-----	-AA--T-----	1402	
D.UG.94.94UG114		-----C-----	T--G-A-TA-----	-AG---T-----	-A--T-----	1562	
D.UG.99.99UGD23550		-----C-----	T-----	-AG---T-----	-A--T-----	1412	
D.UG.99.99UGK09958	---G-----	-----C-----	G--T-----	-A---T-----	-A--T-----	1406	
D.ZA.86.R482		-----C-----	G--T-----	-G-----	-C--T-----	1471	
F1.BE.93.VI850		-----C-----	G--TCA-----	A-AG---T-----	-C---T-----	1541	
F1.BR.89.BZ126		-----C-----	G--TCA-----	A-AG---T-----	-AC--T-----	1554	
F1.BR.93.93BR020_1	---GT-----	-----C-----	TC-----	-AG---T-----	-C--AT-----	1532	
F1.FI.93.FIN9363		-----G-----	C--G--ATCA-----	A-A---GT-----	-T-----	1533	
F1.FR.96.MP411		-----G-----	G--G--TCAA-----	A-AG--A-T-----	-C--T-----	1400	
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---G-----	---G---C-----	G--G--TC-----	A-A---G-T-----	-C---T-----	1394	
F2.CM.95.MP255		---G---C-----	A--G--TC-----	A-AG-G-T-----	-C---T-----	1400	
F2.CM.95.MP257		---G---C-----	G--TC-----	-AG---T-----	-G---T-----	1412	
F2.CM.97.CM53657		---G---C-----	A--G--TC-----	A-A---T-----	-T-----	1394	
G.BE.96.DRCBL		---C---C-----	A--TC-----	-AG---T-----	-G-C--T-----	2171	
G.CM.01.01CM_4049HAN		---C---C-----	G-AGTC-----	A-AG---T-----	-G-C--T-----	1409	
G.ES.99.X138	-G-----	-----C-----	TC-----	A-AG---T-----	-G-C--T-----	1651	
G.FI.93.HH8793_12_1		-----C-----	G--TC-----	A-AG--A-T-----	-G-C--T-----	1608	
G.IG.92.92NG083		-----C-----	G-A-TC-----	A-AG---T-----	-G-C--T-----	1576	
G.SE.93.SE6165	---A-----	-A--T-C-----	A--C--G--TC-----	A-AG---T-----	-G-C--T-----	1610	
H.BE.93.VI991	T-----	-----C-----	G--TC-----	A-AG---T-----	-C--C--T-----	1599	
H.BE.93.VI997		-----C-----	G--TC-----	-AG---T-----	-G-CT--T-----	1534	
H.CF.90.056	---A-----	-----C-----	G--TC-----	A-AG---T-----	-G-C--T-----	1554	
J.SE.93.SE7887		-----C-----	C--G--CTC-----	A-AG---T-----	-C---T-----	1521	
J.SE.94.SE7022		-----C-----	C--G--TC-----	A-AG---T-----	-C---T-----	1522	
K.CD.97.EQTB11C		-----C-----	TG--TC-----	-AGA---T-----	-C---T-----	1400	
K.CM.96.MP535		-----T-----	G--TC-----	-AG---T-----	-C---T-----	1400	
01_AE.TH.00.OUR200I		-----C-----	A--A--GGG--ATG--	-A---T-----	-G-C--T-----	1412	
01_AE.TH.01.OUR414I		-----C-----	G--A--GGG--ATG--	-A---T-----	-CT-----	1403	
01_AE.TH.02.OUR769I	---A-----	---G---C-----	A--A--GGG--ATG--	-A---T-----	-CT-----	1403	
01_AE.TH.90.CM240		-----C-----	A--A--GGG--ATG--	GGAAGAGATAACGGG--A-----	-T-----	-CT--TT-----	1778

B.FR.83.HXB2	CAGAGCCAACAGC	CCCACCAGA	AGAGAGCTTCAGGCTTGG	GGTAGACACAACACTCCCC	2207
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	---A-----	-----C-----	---G---ATG-A	---AA---T---CT--T	1394
02 AG.FR.91.DJ264	-G-A-----	-----C-----	-----TG--ATG	---A---T---CT--T	1553
02 AG.NG.-.IBNG	-G-A-----	T-----C-----	-----TG--ATG	---A---T---C---T	1729
02 AG.UZ.02.02UZ693	---A-----	-----G-C-----	---A-G-GG--ATG	---A---T---CT--T	1391
03 AB.BY.00.98BY10443	-----T-----	-----C-----	---A-A---TG--ATG	---A---T---C---T	2207
03 AB.RU.97.KAL153 2	-----T-----	-----C-----	---A-A---TG--ATG	---A---T---C---T	1430
03 AB.RU.98.RU9800I	-----T-----	-----C-----	---A-A---TG--ATG	---A---T---C---T	1574
04 cpx.CY.94.CY032	-----	---G--C-C-.G-	AT---AGA-AGGAA	A-AG---CT--T	1573
04 cpx.GR.91.97PVCH	-----	-----C-----	-----AGA-ATGAA	A-AG---CT--T	2224
04 cpx.GR.97.97PVMY	-----	---G--C-C-.G-	-----GA-ATGAA	A-AG---CT--T	2221
05 DF.BE.-.VI1310	-G-----CT-----	-----G-C-----	-----T-----	---AG---T---G-CT--T	1586
05 DF.BE.93.VI961	---A---CT-----	-----C-----	-----G--T-----	A-AG---T---C---T	1559
05 DF.ES.99.X492	---A---CT-----	-----C-----	-----T--G--T-----	A-AG---T---C---T	1557
06 cpx.AU.96.BFP90	-----	-----CAT-----	-----G-T-TC-----	A-AG---T---G-C---T	2226
06 cpx.EE.-.EEO359	-----	-----T-C-----	-----G--TC-A-----	---AG---G--G-C---T	1863
06 cpx.ML.95.95ML127	-----	---C-C-.G-	-----G--TC-----	A-AG---G--G-C---T	2224
06 cpx.SN.97.97SE1078	---A---CT-----	-----T-C-----	-----G--TC-----	---AG--A-T---G-C---T	2266
07 BC.CN.-.CNGL179	-----	-----TG-----	-----T-----	---A---AT-----	1419
07 BC.CN.97.97CN001	-----	-----G-----	-----T-----	---A---AT-----	1539
07 BC.CN.97.CN54	-----	-----G-----	-----T-----	---A---AT-----	1569
07 BC.CN.98.98CN009	-----	-----G-----	-----T-----	---A---AT-----	1539
08 BC.CN.97.97CNGX_6F	-----	-----C-----	-----TC-A-----	---A---C---AG-----	1393
08 BC.CN.97.97CNGX_7F	-----	-----C-----	-----TC-A-----	---A---C---AG-----	1399
08 BC.CN.97.97CNGX_9F	-----	-----C-----	-----TC-A-----	---A---C---AG-----	1393
08 BC.CN.98.98CN006	-----	-----C-----	-----TC-A-----	---A---G-C---AG-----	1545
09 cpx.GH.96.96GH2911	-G-----T-G--	---R---C-----	-----TG--ATGA-----	---A---M---CT--T	1409
09 cpx.SN.95.95SN1795	-G-----T-----	-----C-----	-----GG--ATGA-----	---A---T---CT--T	1409
09 cpx.SN.95.95SN7808	-G-----T-----	-----C-----	-----ATG--ATGA-----	---A---A-T---CT--T	1394
09 cpx.US.99.99DE4057	-G-----CT-----	T--G--C-----	---A---TG--ATGAA-----	---A---A-T---G-CT--T	1403
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----	T-----C-----	-----G--T-----	---AG---T---A---T	1586
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----	-----C-----	-----G--T-----	---AG---T---G-A---TT	1581
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----	-----C-----	-----G--T-----	A-A---G---T	1575
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----	-----C-----	-----G--TC-----	A-AG---G-C---T	1403
11 cpx.CM.96.4496	-----	-----C-----	-----G--TC-----	A-AG---T---G-C---T	1567
11 cpx.FR.99.MP1298	-----	-----C-----	-----G--TC-----	---AG---T---G-C---T	2201
11 cpx.GR.-.GR17	-----	-----C-----	-----G--TC-----	---AG---T---C---T	1509
12 BF.AR.97.A32879	-----	---T---C-----	-----TG--TC-----	A-AG-G-T---C---T	1768
12 BF.AR.99.ARMA159	-----	---G---C-----	-----TG--TC-----	A-AG---T---CT--T	2209
12 BF.ES.02.X1241	-----	---G---C-----	-----TG--TC-----	A-AG---T---C---T	1455
12 BF.UY.99.URTR23	-----	---G---C-----	-----G--TC-----	A-AG---T---C---T	2230
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	---A-----	CCCACCAGAA	AGCAGACCAGAGCCGACAGC	---T---G-----T-----	1442
13 cpx.CM.96.1849	-----	-----C-----	-----G--TC-----	A-AG---T---G-C---T	1618
13 cpx.CM.96.4164	-----	-----C-----	-----G-C-TC-----	A-AG---T---G-C---T	1615
14 BG.ES.00.X605	-----	---C-C-.G-	-----TG--TC-----	A-AG---T---G-C---T	1645
14 BG.ES.00.X623	---A-----	---C---C-----	-----G--TC-----	A-AG---T---G-C---T	1647
14 BG.ES.99.X397	T-----	---C---C-----	-----GG--TC-----	A-AG---T---G-C---T	1648
14 BG.ES.99.X421	-----	---C---C-----	-----TG--TC-----	A-AG---T---G-C---T	1645
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	T-----	-----C-----	---A-A---GGG--ATG-----	---A---T---CT--T	1421
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	T-----	---G---C-----	---AGA---GGG--ATG-----	---AG-G-T---G-CT--TT	1425
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	-----	-----C-----	---A---GGG--ATG-----	---A---T---CT--TT	1603
15 01B.TH.99.99TH_R2399	-----	-----C-----	---A---GGG--ATG-----	---A---T---CT--TT	1565
16 A2D.KR.97.97KR004	---A-----	-----C-----	---GA---TG-AATG-----	---AG---T---C---TT	1567
18 cpx.CM.97.CM53379	-----	-----C-----	---G---G---G--TC-----	A-AG---T---G-C---T-C	1401
N.CM.-.YBF106	G-----	---G---CT-----	-----T-ATG---CA-----	---AG---A---G-GCA-----	1778
N.CM.02.DJ00131	A-----	---G---CT-----	-----AT-ATG---CA-----	---AG---G---G-GCA-A-AGGGGAA	1710
N.CM.95.YBF30	A-----	---G---CT-----	-----T-ATG---T-CA-----	---AG---A---G-GCA-----	1780
O.BE.87.ANT70	---C-C---T-----	-----GAT-----	-----G-A-----	---AG---AGT---G-AGGGA-A	2256
O.CM.-.96CMABB637	TGCCC---T-----	---AT---G---GAGG-AGT-AAG-----	-----G-A-----	---AG---GCAAGAGAA	1685
O.CM.91.MVP5180	TGTCC---T-----	---AT-----	-----G-A-----	---AG---CAGTG-AGGAA-AAGAGAATCAGAG	2243
O.SN.99.SEMP1300	TGTCC---T-----	---GAT-----	-----GAC-----	---AG---A-T---G-AGGGA-A	2255
CPZ.CD.-.ANT	TG-----	T---CAT-----	-----T-ATCA-GAG-A-----	---CACA---G---G-----	1646
CPZ.GA.-.CPZGAB	---A---G-----	-----GAT-----	-----T-ATG---ACCA-----	---AG---AGA-----	2262
CPZ.TZ.-.TAN1	---AAC-CC-AGA-----	---GAA-GGGA-----	---G-CTCA-----	---G-A-----	1854
CPZ.US.85.CPZUS	AG-----	T-----AT-----	---GAT---G---A-CA-----	A-A---GTGA-A-A-----	2270
Gag p6	P E P T A	P P E	E S F R S G	V V E T T T P P	Gag
Gag-Pol TF	R A N S	P T R	R E L Q V W	G R D N N S P	Gag-Pol

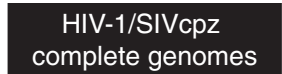
	TCAGAAGCAGGAGCC	GATAGACAA	Gag-Pol TF end	Pol Protease start	Gag end	
B.FR.83.HXB2TCAGAAGCAGGAGCC.....	GATAGACAA.....GGAAGTGTGTA.....	TCCTTTAACTTCCTCAGGTCACTCTTTGGCAACGACCCCTCGTCAATAAAGA	2295
A1.KE.94.Q23_17-T-----A.....-A---G.....-A-GCCCAA-C---GT------AA-----T-T-----G---GA-	1753
A1.RU.03.03RU20_06_13C-T---A---A-A.....-A---G.....-AACGTCC---C-T------AA-----T-----G---RA-	1772
A1.SE.94.SE7253-C-----A.....-A---G.....-A-A-CTCA---C-GT------AA-----T-T-----G---A-	1499
A1.TZ.01.A173-C-A---A---A.....-AG---G.....-A-GTCCA-C---GT------AA-----T-----G---GA-	1494
A1.UA.00.98UA0116C-T---A---A-A.....-A---G.....-A-C-TCC---C-T------AA-----T-----G---GA-	2294
A1.UG.92.92UG037-C-----A.....-AC---G.....-C-A-A-CCCA---C-GT------AA-----T-T-----G---G-	1662
A1.UG.98.98UG57136-C-----A.....-A---G.....-G-A-A-CTCA-C---GT------AA-----G-T-----G---A-	1500
A2.CD.97.97CDKFE4-A---G.....-C-C-TAC---GC-T------AA-----G---T-T-----G---A-	1100
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48G-T-----AA.....-G.....-G-C-CCACC---GC-T------AA-----T-T-----G---G-A-	1633
A2.CY.94.94CY017_41C-T-----A-T.....-GAGAC-G.....-CA-CAA---GC-T------AA-----T-T-T---G---G-	1652
A3.SN.01.DDI579C-C-----A.....-AG---G.....-C-CC-----GT------A-----A-T-----G---GA-	1493
A3.SN.01.DDJ369-C-----A.....-AG---G.....-AACCC-----T------AA-----T-----G---AG	1496
A3.SN.96.DDJ360C-C-----A.....-AG---G.....-C-CC-----C-GT------A-----A-T-----G---GA-	1493
B.AR.00.ARMS008-TC------GAA-----G------AA-----T-----G-----	1500
B.AU.96.MBCD36G-----G------A-----A-----	1650
B.CO.01.PCM074A-G-----TA-----C-G-----C------A-----A-----G-----	1512
B.GA.88.OYIG-----C------A-----A-----	1838
B.NL.00.671_00T36-G-----A-C-----G-----G------AA-----G---A-A-----	1860
B.RU.-.04RU129005-A------C------GA-----C-R-C------AA-----T-T-----G---	1799
B.TH.90.BK132-A-----A------A-----G------AA-----G-----	1646
B.US.90.WEAU160A------G-----G------AA-----	2294
B.US.98.1058_11AC-----A---A-----G------A-----	1485
C.AR.01.ARG4006-C------A---G.....A-C-----AA-----G-----T-----AG	1479
C.BR.-.04BR013-C-----A------AG---G.....A-----AA-----G-----A-T-----A-	1759
C.BR.92.BR025-d-G-----A-----G-C-----AA-----G-----T---AC---AG	1633
C.BW.00.00BW07621-C------A---G.....A-C-----AA-----G-----T-T-----G	1648
C.ET.86.ETH2220-C-----T------A---G.....AG-C-----AA-----A-T-T---A-	1687
C.IN.95.95IN21068-C------A---G.....A-----AA-----G-----T-T---GAG	1646
C.IN.99.01IN565_10-C------A---G.....A-C-----AA-----G-----T-T---GAG	1676
C.KE.00.KER2010-C-----T------A---G-G.....A-C-----AA-----G-----T-----G---A-	1476
C.TZ.01.BD9_11-C------A---G.....A-C-----AA-----G-----T-----AG	1503
C.UY.01.TRA3011-C-G------A---G.....A-----AA-----G-----T-----A-	1467
C.ZA.04.SK164B1-C-A-----T------A---G.....A-----A-----G-----T-T---A-	1706
C.ZM.96.96ZM651-C-----T------A---G.....AG-C-----AA-----G-----T-T---G	1624
D.CD.83.ELI-A-A-----A------A------AA-----T-G---A-	1841
D.CD.83.NDK-A-----A------A-----G------AA-----	1830
D.CM.01.01CM_4412HAL-A-----AGAAAGAC-A-----C------AA-----T-----A-	1509
D.KE.01.NKU3006C-A-----A------A-----GA-----C-G------AA-T-----T-----G-----	1500
D.TD.99.MN012-A-----A------AG---AGACAA.....C-----G-----T-----	1519
D.TZ.01.A280-A-----A------A---GGACAA.....C-G------AA-----T-----A-	1496
D.UG.94.94UG114-A-----A------A-----C------AA-----G-T-----G-----	1650
D.UG.99.99UGD23550-A-G---A------GA-----G-----C-G------AA-----G-G-----	1500
D.UG.99.99UGK09958-C-A-G---A------A---C-----GT-G---C-----GT------AA-----G-----G-----	1494
D.ZA.86.R482-A---A-----C-----T-C------AA-----G-G-----T-----	1559
F1.BE.93.VI850-C-----A------A---GG-----CCC-C-G------AA-----T-A-----A-	1632
F1.BR.89.BZ126-C-----A------A---AG-----G---CCC-C-G------AA-----A-A-----AG	1645
F1.BR.93.93BR020_1-C-----A------A---G-----G---CCC-C-G------AA-----A-----GAG	1623
F1.FI.93.FIN9363-C-G-----A------A---AG-----G-A---CCC-C-G------AA-----A-----A-	1624
F1.FR.96.MP411-C-----A------AG---G-GGGACA.....G---TCC-C-G-C------AA-----T-----G---T-A---C---GAG	1497
F2.CM.02.02CM_0016BBY-C-C-----A------A---G-----G---A-GTCC-C-G------AA-----G-A-----G	1485
F2.CM.95.MP255-C-C-----A------A---G-G-----A-GTCC-C-GT------AA-----G---T-A---G---GAG	1491
F2.CM.95.MP257-C-C-----A------A---G-----A-GTCC-C-G-T------AA-----G---AG-A---AG	1503
F2.CM.97.CM53657-C-C-----A------A---G-----A---CCC-C-G------AA-----T-A-----AG	1485
G.BE.96.DRCBL-C-C-----A------AG---A-----A---C-T------AA-----AA-A---A-G---GA-	2259
G.CM.01.01CM_4049HAN-C-C-----A-----A-GG---G-----G-A---C-G-C------AA-----G---A---G-----	1497
G.ES.99.X138-C-C-----A------AG---A-----A---C-G-C------AA-----G---A---G---GA-	1736
G.FI.93.HH8793_12_1-C-C-----CA------AG---A-----GA-AC---C-G------AA-----G---A---G---A-	1696
G.NG.92.92NG083-C-C-----A-AG---G-----G-A---C------AA-----G---A---G---A-	1664
G.SE.93.SE6165-C-C-----AT------AG---A-----G-A---C------AA-----G---A---G---A-	1692
H.BE.93.VI991-C-G-----T------A---AC-----C------AA-A-----G---A-	1684
H.BE.93.VI997-C-C-----T------AG-----C-----C-TG------AA-----T---G---A-	1619
H.CF.90.056-C-----A-----GCT-AG-----C-----C-G------A-----G---T---G---A-	1642
J.SE.93.SE7887-C-C---A------AG-----C------AA-----G---T---GA-	1609
J.SE.94.SE7022-C-C---A------AG-----C------A-----G---T---GA-	1610
K.CD.97.EQTB11C-T-GA---AAT------A---TC-----A-GGTCC------AA-----G---G-T---AG	1491
K.CM.96.MP535-C-G-----A-----C-A-----A-AGCCC------AA-----A-T---AG	1491
01_AE.TH.00.OUR2001A-T-----A------AG-----TCCTCC---C-GT------AA-----T---G---A-	1503
01_AE.TH.01.OUR4141A-T-----A------A-----A---TCC---GT------AA-----G-T---G---A-	1491
01_AE.TH.02.OUR7691A-T-----A------A-----A-ECTCC---GT------AA-----T---G---A-	1494
01_AE.TH.90.CM240A-C-----A------A-----ATCCTCC---GT------AA-----T---G---A-	1869

	Gag-Pol TF end \ / Pol Protease start	Gag end \	
B.FR.83.HXB2TCAGAAGCAGGAGCC.....GATAGACAA.....GGAAGTGTGA...TCCTTTAACTTCCTCAGGTCACTCTTTGGCAACGACCCCTCGTACAATAAAGA	2295	
02 AG.CM.02.02CM.1669LET-----CA--A-----GG--AC-----A-TCC-C-----AA-----T-A-----G--GA-	1485	
02 AG.FR.91.DJ264C-----G-----A-----GG--C-----A-----TCCC-C-G-----AA-----T-A-----G--GA-	1644	
02 AG.NG.-.IBNGCAC-----A-----GG-----GG-A-TCC-----AA-----T-A-T-----G--GA-	1820	
02 AG.UZ.02.02UZ693C-C-----C-----GG-----GG-A-TCC-----G-----AA-----T-A-----G--GA-	1482	
03 AB.BY.00.98BY10443C-T--A-----A-A.....-A-----G-----A-C-TCC-----C-T-----AA-----T-----G--GA-	2298	
03 AB.RU.97.KAL153_2C-T--A-----A-A.....-AG-----G-----A-C-TCC-----C-T-----AA-----G-----T-----G--GA-	1521	
03 AB.RU.98.RU9800IC-T--A-----A-A.....-A-----G-----G-A-A-C-TCC-----C-TC-----AA-----T-----G--GA-	1665	
04 cpx.CY.94.CY032T-----A-----GG-----A-----A-----AA-----G-----T-----AC	1661	
04 cpx.GR.91.97PVCHC-----A-----GG-----A-----A-----AA-----C-----T-----A	2312	
04 cpx.GR.97.97PVMYC-----A-A-----GG-----A-----CA-----AA-----G-----T-----A	2309	
05 DF.BE.-.VI1310C-----A-----AG--G-----G-----CCC-C-G-----AA-----G-T-----G--	1677	
05 DF.BE.93.VI961G-C-----A-----AG--G-----GGAA--CCC-C-G-----AA--T-----G-T-----	1650	
05 DF.ES.99.X492C-----AA-----AG--G-----GG-----CCC-C-G-C-----AA-----A-T-----	1648	
06 cpx.AU.96.BFP90C-C--A-----T-----AG--G--GGAGGAAAA.....GG--A-----C--G-C-----AA-----G-----A-----G--GA-	2323	
06 cpx.EE.-.EEO359CTC-----G-A-----AG--A-----CA-----AA-----G-----A-----G--GA-	1951	
06 cpx.ML.95.95ML127C-C-G--A-----AG--A-----G-A-----C-----A-----A-----G--GA-	2312	
06 cpx.SN.97.97SE1078C-C-----A-----AG--G-----G-A-----C-G-----AA-----G-----A-----G--AG	2354	
07 BC.CN.-.CNGL179A-----A-----AA-----	1507	
07 BC.CN.97.97CN001A-----A-----AA-----	1627	
07 BC.CN.97.CN54A-----A-----AA-----	1657	
07 BC.CN.98.98CN009A-----A-----AA-----	1627	
08 BC.CN.97.97CNGX_6FC-----A-----A--G-----A-C-----A-----G-----T-----T-----AG	1475	
08 BC.CN.97.97CNGX_7FC-----A-----A--G-----A-C-----A-----G-----T-----T-----AG	1481	
08 BC.CN.97.97CNGX_9FC-----A-----A--G-----A-C-----A-----G-----T-----T-----AG	1475	
08 BC.CN.98.98CN006C-----A-----A-A--G-----A-C-----A-----G-----T-----T-----AG	1627	
09 cpx.GH.96.96GH2911YR-R--R--AA.....-GAC-GGG.....ACRG-C...CCC---RT---AA-----A-T-----G--A-	1497	
09 cpx.SN.95.95SN1795T-----A-----AG--GGG.....G-A--CTCC-----GT---AA-----A-T-----G--A-	1497	
09 cpx.SN.95.95SN7808C-----A-----AG--G-----A-C-----AG-----GT---AA-----A-T-----G--A-	1485	
09 cpx.US.99.99DE4057CA-A-----AA.....C-G-----C-----GT---AA-----A-T-----G--A-	1479	
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061A-----A-----A-----G-C-C-----C-G-----AA-----T-----G--	1674	
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071A-----A-A-----A-----GGA.....G-A-----T-----G-----AA-----G-----	1672	
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110A-----A-----A-----C-G-----C-----G-----AA-----G-----	1663	
11 cpx.CM.02.02CM.2190SAC-C--C--A-----A-----GGG--A-----G-A-----C-----AA-----AA-T--A-A-----A-	1491	
11 cpx.CM.96.4496C-C--A-----A-----AG--G-----A-G-A-----G-G-----AA-----G-----T-----AG	1655	
11 cpx.FR.99.MP1298C-C-----A-----AG--G-----G-A-----C-----AA-----T-----AG	2289	
11 cpx.GR.-.GR17C-C--A-----C-AG--G-----A-----A-----AA-----G-----G-T--C--G--AG	1597	
12 BF.AR.97.A32879C-----A-----A--G-----G-----CCC-C-G-----AA-----A-----T-----AG	1859	
12 BF.AR.99.ARMAL59C-----G-----A-----A--G-----G-----A-----CCC-C-G-----AA-----A-----T-----AG	2300	
12 BF.ES.02.X1241C-----G-----A-----AG--G-----G-C--CCC-C-G-----A-----A-----GA-----AG	1546	
12 BF.UY.99.URTR23C-----G-----A-----A--G-----G-----TCC-C-G-----A-----AG-A--T-----AG	2321	
13 cpx.CM.02.02CM.3226MNC-----AA-----G-----GT-A-----G-----AA-----G-----A-----G-----	1521	
13 cpx.CM.96.1849C-----A-----AG-----GACA-----C-G-G-----AA-----G-----A-A--T-G-----	1700	
13 cpx.CM.96.4164C-C-----A-----AG-----G-A-----G-----AA-----G-----A-----G--G--	1697	
14 BG.ES.00.X605C-C-----A-----AG--A-----GG-A-----C-C--G-C-----AA-----G-----A-A-----G--GA-	1733	
14 BG.ES.00.X623C-C-----A-----AG--G-G-----GG-T-----C-C--G-C-----AA-----G-----A-----G--GA-	1735	
14 BG.ES.99.X397C-C-----A-----AG--A-----GA-A-----C-C--G-C-----AA-----G-----A-----G--GA-	1736	
14 BG.ES.99.X421C-C-----A-----AG--A-----GA-A-----C-C--G-C-----AA-----G-----A-----G--GA-	1733	
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331A-T-----A-----A-----A-----GGAGCAGAAACACAA.....-C-ATCCTCC-----GT-----T-----G--A-	1527	
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332A-C-----A-----A-----C-----AATCCTCC-----G-----AA-----T-----G--AG	1516	
15 01B.TH.99.99TH_MU2079A-T-----A-----A-----G-----ATACTCC-----GT-----T-----T-----A-	1694	
15 01B.TH.99.99TH_R2399A-CA-----A-----A-----TCCTCC-----A-----GT-----AA-----T-----G--A-	1650	
16 A2D.KR.97.97KR004G-----T-----A-A--G-----AAC-CAC--GC--T-----AA-----T-----T--G--A-	1658	
18 cpx.CM.97.CM53379C-C--A-----AG--A-----G-A-----CGG-----AA-----G-----A-----G--GA-	1489	
N.CM.-.YBF106A--GGAA--AT-----CAG--G--CCAGGAGAAGACAGA.....GACCTCT-----CCCA-C-----A-----TG-R--G--A-	1887	
N.CM.02.DJO0131GG--G-----AA.....C-C--G-----CTCT--A--CCCA-C-----A-----TG-A-----G--A-	1801	
N.CM.95.YBF30A--GG-A--AT-----CAG--G--CCAGGAGAGGACAGA.....GAACTCT-----CCCA-----A-----G--A-	1889	
O.BE.87.ANT70GG--T-----A-A-----A-----GGGGCCC.....GAAC--G--C-----G-TG-C-----AA-C-----G-CA--AA-A--T--G--GAG	2350	
O.CM.-.96CMABB637T--A-C-A-----AGGG-GGG-CCA.....CGA-CTTTA--G-TG-C-----A-C-----G-CA--AG-A--TGT-GC--G	1779	
O.CM.91.MVP5180GG--T-A-----GA-----G-----C-A-TG-C-----AA-C-----G-CA--AA-A--TC--GC--G	2325	
O.SN.99.SEMP1300AG-A--T-----A-A-----AG-GGG-CCA.....GAAC-----C-----G-TG-C-----AA-C-----G-CA--AA-A--TC--GC--G-G	2349	
CPZ.CD.-.ANTGGTCTCAA.....GGG--GG-----ACC-----C-CGTA-----G-AA-C-----A-----AA-GA-GGA-G-TCTC-	1734	
CPZ.GA.-.CPZGABGA--GC-----AA.....-A--GGG.....AGAGAGCAGTCT-TATCC...A-----C-----AA-----A-C-G--AG	2356	
CPZ.TZ.-.TAN1	AACTGCCCA-CACT-G-AT.....-ACGA--A-----AGGGGGTTC-----A-----A-----G-----AA-GA-G--AG	1939	
CPZ.US.85.CPZUSGG--A-----G-----A-AG--A-----G-CC-T-----AGC-----AA-----G-----C--G--AG	2355	

Gag p6Q K Q E P.....I D K.....E L V.....P L T S L R S L F G N D P S S Q *	Gag
Gag-Pol TF/Pol ProteaseS E A G A.....D R Q.....G T Y.....S F N F P Q V T L W Q R P L V T I K	Gag-Pol
	Gag-Pol TF end \ / Pol Protease start	

B.FR.83.HXB2	TAGGGGGGCAACTAAAGGAAGCTCTATTAGATACAGGAGCAGATGATACAGTATTAGAAGAAATGAGTTTGCCAGGAAGATGGAAACCAAAAATGATAGGGGGAATTGGAGGTTTTTATCAAAGTAAGACA	2425
A1.KE.94.Q23_17	-----A-G-----A-----C-A-A-----A-----C-----G---A---	1883
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----A-A-G-----A-----R-----C-A-A-----A-----G-----G---A---	1902
A1.SE.94.SE7253	-----T-G-----GA-----G-----C-A-A-----A-----G-C-----G---A---	1629
A1.TZ.01.A173	-----A-A-G-----A-----C-----C-A-A-----A-----G-----G---A---	1624
A1.UA.00.98UA0116	-----A-A-G-----A-----C-AGA-----A-----G-----G---A---	2424
A1.UG.92.92UG037	-----A-G-----AA-----C-A-A-----A-----C-----G---AG---	1792
A1.UG.98.98UG57136	---AA-A-G-----A-----T-A-A-----A-----C-CT-G---A---	1630
A2.CD.97.97CDKFE4	---AA-A-G-----GA-----G-----C-A-A-----A-----C-----G---A---	1230
A2.CD.97.97CDKS10	-----A-A-G-----A-----G-----C-A-A-----A-----T-G-A-----G---A---	0
A2.CD.97.97CDKTB48	---AA-A-G-----GA-----T-----G-----C-A-A-C-----T-G-A-----G---A---	1763
A2.CY.94.94CY017_41	-----A-A-G-----A-----G-----A-A-----A-----T-G-A-----G---A---	1782
A3.SN.01.DDI579	-----A-A-G-----A-----G-----C-A-A-----A-----G-----G---A---	1623
A3.SN.01.DDJ369	-----A-A-G-----A-----G-G-----C-A-A-----A-----G-A-----G---A---	1626
A3.SN.96.DDJ360	-----A-A-G-----A-----G-----C-A-A-----A-----G-----G---A---	1623
B.AR.00.ARMS008	-----G-----AGA-----A-----A-----A-----G---A---	1630
B.AU.96.MBCD36	-----A-----A-----C-AGA-A-----A-----A-----G---A---	1780
B.CO.01.PCM074	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1642
B.GA.88.OYI	-----G-----A-----GA-----A-----A-----A-----G---A---	1968
B.NL.00.671_00T36	-----G-----C-----C-----GA-----A-----A-----A-----G---A---	1990
B.RU.-.04RUI29005	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1929
B.TH.90.BK132	-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1776
B.US.90.WEAU160	-----A-----G-----C-----A-----G-A-----A-----A-----G---A---	2424
B.US.98.1058_11	-----G-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----G---A---	1615
C.AR.01.ARG4006	-----A-G-----G-----C-----C-----AA-----AT-----A-----A-----G---A---	1609
C.BR.-.04BR013	-----A-G-----G-----CA-----C-----AGAA-----AG-----A-----TA-----G---A---	1889
C.BR.92.BR025-d	-----A-G-----G-----C-----C-----A-AA-----AT-----A-----A-----G---A---	1763
C.BW.00.00BW07621	-----T-----A-----G-----T-----C-----C-A-A-----AG-----A-----A-----G---A---	1778
C.ET.86.ETH2220	-----A-G-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G---A---	1817
C.IN.95.95IN21068	-----C-GA-----A-G-----C-C-G-----G-A-----A-----G-----A-----A-----G---A---	1776
C.IN.99.01IN565_10	-----C-GA-----A-G-----C-C-G-----T-AGC-----A-----A-----G-----A-----A-----G---A---	1806
C.KE.00.KER2010	-----C-A-----G-G-----C-C-----A-A-----C-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----G---A---	1606
C.TZ.01.BD9_11	-----C-GAC-----G-----G-----C-----C-----A-A-----A-----A-----G-----A-----A-----G---A---	1633
C.UY.01.TRA3011	-----A-G-----G-----C-----C-----AA-----A-----AT-----A-----A-----G-----A-----A-----G---A---	1597
C.ZA.04.SK164B1	-----C-GAC-----G-----G-----C-----C-----A-A-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----G---A---	1836
C.ZM.96.96ZM651	-----C-----A-----G-----C-----C-G-----G-----A-A-----C-----A-----A-----C-----G-----A-----G---A---	1754
D.CD.83.ELI	-----A-G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1971
D.CD.83.NDK	-----A-G-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----G---A---	1960
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----A-G-----A-----G-----C-----A-A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1639
D.KE.01.NKU3006	-----A-G-----G-----AGA-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1630
D.TD.99.MN012	-----A-G-----A-----C-----AGA-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1649
D.TZ.01.A280	-----A-G-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1626
D.UG.94.94UG114	-----A-G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----A-----G---A---	1780
D.UG.99.99UGD23550	-----A-G-C-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----C-----A-----G---A---	1630
D.UG.99.99UGK09958	-----A-GA-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----G---A---	1624
D.ZA.86.R482	-----A-G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----G---A---	1689
F1.BE.93.VI850	-----A-GA-----G-----C-----A-A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1762
F1.BR.89.BZ126	-----A-G-----G-----C-----A-A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1775
F1.BR.93.93BR020_1	-----A-G-----CG-A-A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1753
F1.FI.93.FIN9363	-----A-G-----C-----A-A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----G---A---	1754
F1.FR.96.MP411	-G-----A-G-----G-----C-----AGA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1627
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----A-----G-----G-----G-----G-----T-----A-A-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----G---A---	1615
F2.CM.95.MP255	-----A-----G-----G-----T-----G-----C-----A-A-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----G---A---	1621
F2.CM.95.MP257	-----A-----G-----G-----G-----G-----T-----A-A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1633
F2.CM.97.CM53657	-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----A-A-----T-----A-----A-----GG-----A-----A-----G---A---	1615
G.BE.96.DRCBL	-----A-G-----TA-----C-----C-----C-----AGA-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	2389
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----A-G-----TA-----C-G-----C-----C-----C-----A-A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1627
G.ES.99.X138	-----A-----C-----TA-----C-G-----C-----G-----G-----T-----A-A-----A-----A-----T-----A-----A-----G---A---	1866
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A-G-----TA-----C-----C-----G-----G-----G-----C-----A-AG-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1826
G.NG.92.92NG083	-----A-G-----TA-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1794
G.SE.93.SE6165	-----A-G-----TA-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1822
H.BE.93.VI991	-----A-----A-GT-G-----G-----C-----C-----C-----A-A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1814
H.BE.93.VI997	-----A-----A-GT-----G-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1749
H.CF.90.056	-----A-----A-GT-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1772
J.SE.93.SE7887	-----G-----G-G-----G-----C-----AGAC-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1739
J.SE.94.SE7022	-----G-----G-----G-----C-----AGA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1740
K.CD.97.EQTB11C	-----A-GT-----GA-----A-----A-----A-G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1621
K.CM.96.MP535	-----A-GT-----GA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A---	1621
01_AE.TH.00.OUR200I	-----A-A-GT-----A-----T-----A-A-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----G---A---	1633
01_AE.TH.01.OUR4141I	-----A-A-G-----G-----A-----T-----A-A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AG-----A---	1621
01_AE.TH.02.OUR769I	-----A-A-G-----A-----G-----T-----A-A-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----G---A---	1624
01_AE.TH.90.CM240	-----A-A-G-----G-----A-----T-----A-A-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----AG-----A---	1999

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	TAGGGGGGCAACTAAAGGAAGCTCTATTAGATACAGGAGCAGATGATACAGTATTAGAAGAAATGAGTTTGCCAGGAAGATGGAAACCAAAAATGATAGGGGGAATTGGAGGTTTTATCAAAGTAAGACA	2425
02_AG.CM.02.02CM.1669LE	-----A-G---TA---C-----C-----A-A--A-----A-----	1615
02_AG.FR.91.DJ264	-----A-G---TA---C-----C-----A-A--A-----A-----	1774
02_AG.NG.-.IBNG	---A--A-G---C---A-A--A-----A-----A-----	1950
02_AG.UZ.02.02UZ693	---A--A-G---TA---C-----C-----C-AGA--A-----A-----C-----	1612
03_AB.BY.00.98BY10443	---A--A-G---A-----C--A-A-----A-----G-----	2428
03_AB.RU.97.KAL153_2	---A--A-G---A-----C--A-A-----A-----G-----G-----	1651
03_AB.RU.98.RU9800I	---A--A-G---A-----C--A-A-----A-----G-----G-----	1795
04_cpx.CY.94.CY032	---A--GA--G--G---T-----A-----A-----G-----C-----	1791
04_cpx.GR.91.97PVCH	---A--A-G--G--G---T-----T--A-A-----A-----G-----A-----	2442
04_cpx.GR.97.97PVMY	---A--G--GA--G---T-----A--A-C-----A-----G-----A-----	2439
05_DF.BE.-.VI1310	-----G---C--A-A-----A-----G-----C-----	1807
05_DF.BE.93.VI961	---A--A-G-----C-----A-----A-----C-----	1780
05_DF.ES.99.X492	---A--G-----C-----A-----A-----	1778
06_cpx.AU.96.BFP90	-----A-G---TA---C-----C-----C--A-A--A-----A-----A-----	2453
06_cpx.EE.-.EE0359	---AA--G---TA---C-----T--A-A--A-----A-----G-----	2081
06_cpx.ML.95.95ML127	---A--G---TA---C-----C-----C--A-A--A-----A-----G-----	2442
06_cpx.SN.97.97SE1078	---AA--G---TA---C-----A--A--A-----A-----G-----	2484
07_BC.CN.-.CNGL179	-----T-----C--A-----G-A-----	1637
07_BC.CN.97.97CN001	-----T-----CC-A-----G-A-----	1757
07_BC.CN.97.CN54	-----T-----T-----CC-A-----G-A-----	1787
07_BC.CN.98.98CN009	-----T-----C--A-----G-A-----	1757
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----C-GA--A-G---C---C-C-----G-A-A-----A-----A-----	1605
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----C-GA--A-G---C---C-C-----G-A-A-----A-----A-----	1611
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----C-GA--A-G---C---C-C-----G-A-A-----A-----A-----	1605
08_BC.CN.98.98CN006	-----C-GA--A-G---C---C-C-----A-G-A-A-----A-----A-----	1757
09_cpx.GH.96.96GH2911	---A--A--T-----G-----A-A-----A-----	1627
09_cpx.SN.95.95SN1795	---A--A-G-----G-----A-A-----A-----	1627
09_cpx.SN.95.95SN7808	---A--A-G-----G-----A-A-----A-----G-----	1615
09_cpx.US.99.99DE4057	---A--A-G-----ACA-----A-----A-----	1609
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	---A--G-----T-----A-----A-----G-A-----	1804
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-C---A-G-----G-----C--A-----A-----G-----A-----G-----	1802
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	---A--G---A---C-----A-----A-----	1793
11_cpx.CM.02.02CM.2190SA	---C---G-G-----A-T--AGA-----T-----A-----	1621
11_cpx.CM.96.4496	---C---G-G-----GA--A-----G-----	1785
11_cpx.FR.99.MP1298	---C---T-G-A-----AGAG-----G-----	2419
11_cpx.GR.-.GR17	---C---G-G-----A-----	1727
12_BF.AR.97.A32879	---A--G---C--AGA-----A-----	1989
12_BF.AR.99.ARMA159	---A--G---C--A-A-----A-----	2430
12_BF.ES.02.X1241	---A--GA--A-T--A-A-----A-----	1676
12_BF.UY.99.URTR23	---A--G---C--A-A-----A-----	2451
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	---AA--G---T-----A-----A-A--A-----	1651
13_cpx.CM.96.1849	---AA--G---TA---C-----G-----A-----A-----	1830
13_cpx.CM.96.4164	---AA--GT--TA---C-----A-----A-----C-----	1827
14_BG.ES.00.X605	---A--G---TA---C-G-----G-----T--A-A--A-----A-----T-----	1863
14_BG.ES.00.X623	---A--G---TA---C-G-----C-----G-----T--A-A--A-----A-----T-----	1865
14_BG.ES.99.X397	---A--G---TA---C-G-----G-----T--A-A--A-----A-----G-----T-----	1866
14_BG.ES.99.X421	---A--G---TA---C-G-----G-----T--A-A--A-----A-----T-----	1863
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	---A--A--G-G--A-----A-----T--A-A-----A-----G-----	1657
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	---A--A--G-G--A-----A-----T--A-A-----A-----G-----AG-----	1646
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	---A--A--G-G--A-----C-----C-----T--A-A--C--G-A-----C-----G-----	1824
15_01B.TH.99.99TH_R2399	---A--A--GT--A-----G-----T--A-A-----A-----G-----G-----	1780
16_A2D.KR.97.97KR004	---AA--A--G---A-----G-----T--A-A-C-A-----A-----G-----	1788
18_cpx.CM.97.CM53379	---A--G---TA---C-----C-----A-A--A-----A-----G-G-----	1619
N.CM.-.YBF106	---AAA-G--A--GA-----T-----T-----A-----ACAA--AGA-----A-----A-----A-----	2017
N.CM.02.DJ00131	---AAAAG--G--GA-----TC-----T-----GA-----G--ACAA--AGA-----A-----G-----A-----A-----	1931
N.CM.95.YBF30	---AAAAG--G--GA-----T-----T-----A-----GC--ACAA--AGAG-----A-----A-----A-----G-----	2019
O.BE.87.ANT70	-T-----C-C---TGT---T-T-GC-G-----C-----C-A-CA-C--ACAA--GA-----A-----T-A-----A-----A-G-----	2480
O.CM.-.96CMABB637	---C-C---TGT---G-T-T-C-G-----G-----C-A-CA-C-CACAA--GA-----C-----T-A-R--G-----A-----A-G-----	1909
O.CM.91.MVP5180	-T-----T-T---TGT---G--T-C-G-----G-----A-TA-C--ACAA--AGA-----C-----T-A-----C-----A-----A-G-----	2455
O.SN.99.SEMP1300	-T-----C-T---TGT---T-T-C-G-----G-----C-A-TA-C--ACAA--GA-----A-----C-----T-A-----C-----A-----A-G-----	2479
CPZ.CD.-.ANT	--CA--A--AA-TGTC-G-----T-----C-----G--G---TCA-----A-----AC-----G-----CA-T-T-----G-----TTCC--CA-----	1864
CPZ.GA.-.CPZGAB	---AA-----TGT---T-GC-----T-----A-----GAG--ACAA--A-A--CTT-----A-----A-----C-A-----	2486
CPZ.TZ.-.TAN1	-CCA--A--G-CTGTC-----T-----T-----C-GT-T--TTGTA-C--C-AA--AAAG--CAG-----C-----CC--A-----A-----A--G-ACC--T--TG-----	2069
CPZ.US.85.CPZUS	---CA-----GA--GTA-----T-----C-----T-----C--CA-C--ACAAA-TGA--G-C-----G-----G-----A-----A-----	2485
Pol Protease	I G G Q L K E A L L D T G A D D T V L E E M S L P G R W K P K M I G G I G G F I K V R Q	Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Pol Protease end	RT p66/p51	start
B.FR.83.HXB2	GTATGATCAGATACTCATAGAAATCTGTGGACATAAAGCTATAGGTACAGTATTAGTAGGACCTACACCTGTCAACATAATTTGGAAGAAATCTGTTGACTCAGATTGGTTGCACCTTTAAATTTTCCCATT		2555
A1.KE.94.Q23_17	A-----T-----T-----GA-A-G-----CA-----T-----C-A--		2013
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----T-----T-----A-A-G-----G-----A-----G-----C-----T-----C-----A-A		2032
A1.SE.94.SE7253	-----T-----T-----A-A-G-----A-----A-----C-----T-----C-----C-A--		1759
A1.TZ.01.A173	-----CT-----T-----GA-A-GG-----A-----C-----T-----C-----C-A--		1754
A1.UA.00.98UA0116	-----A-----T-----T-----A-A-G-----G-----C-----A-A-----C-----T-----A-A		2554
A1.UG.92.92UG037	-----T-----T-----A-A-G-----G-----G-----A-----C-T-----T-----C-A--		1922
A1.UG.98.98UG57136	-----GCT-----T-----A-A-G-----G-----A-----A-----T-----T-----A--		1760
A2.CD.97.97CDKFE4	A-----GCT-----T-----A-A-GG--C-----A-----GT--C-----T-----A-A		1360
A2.CD.97.97CDKS10	-----G-T-----T-----A-A-GG--C-----A-----GT--C-----T-----C-----A--		1893
A2.CD.97.97CDKTB48	A-----GCT-----T-----A-A-GG--C-----A-----GT--C-----T-----A--		1912
A2.CY.94.94CY017_41	-----GCT-----T-----A-A-GG--C-----A-----GT--C-----T-----A--		1912
A3.SN.01.DDI579	-----T-----T-----A-A-G-----G-T-----C-----CA-----T-----A--		1753
A3.SN.01.DDJ369	A-----T-----T-----A-A-G-----G-C-----CA-----T-----A--		1756
A3.SN.96.DDJ360	-----T-----T-----A-A-G-----G-C-----CA-----T-----A--		1753
B.AR.00.ARMS008	-----ACTG-----A-----A-G-----C-----C-----		1760
B.AU.96.MBCD36	A-----G-----G-----A-----A-----		1910
B.CO.01.PCM074	A-----G-----AC-----T-----C-----C-----		1772
B.GA.88.OYI	-----C-----T-----		2098
B.NL.00.671_00T36	-----TA-----A-----C-----C-----T-----		2120
B.RU.-.04RUI29005	-----C-----A-----T-----A-----Y-----C-----T-----		2059
B.TH.90.BK132	A-----TG-----A-----T-----C-----T-----		1906
B.US.90.WEAU160	-----G-----C-----C-----C-----		2554
B.US.98.1058_11	-----C-----T-----A-----G-----A-----C-----C-----		1745
C.AR.01.ARG4006	-----A-----G-T-G-----T-----A-A-G-----G-----C-----CA-----C-----A-----AC-C-----A--		1739
C.BR.-.04BR013	-----AG-----CT-----T-----A-A-G-----G-----C-----CA-----C-----A-----T-----AC-----		2019
C.BR.92.BR025-d	-----A-----T-----T-----A-A-G-----C-----CA-----C-----A-----AC-----A--		1893
C.BW.00.00BW07621	-----A-----T-----G-T-----A-A-GG-----A-----C-----A-----AC-----A--		1908
C.ET.86.ETH2220	-----A-----A-----T-----A-A-G-----C-----CA-----C-----AC-----A-----C-----A--		1947
C.IN.95.95IN21068	A-----GG-A-----C-----T-----A-A-G-----C-----A-----C-----A-----AC-----A-----C		1906
C.IN.99.01IN565_10	A-----A-----ACT-----T-----A-A-G-----C-----A-----C-----A-----AC-----A--		1936
C.KE.00.KER2010	-----AG-CA-T-----T-----GA-A-GA-----T-----A-A-----C-----A-----AC-----A--		1736
C.TZ.01.BD9_11	-----A-----T-----T-----A-A-G-----A-----CA-----C-----A-----AC-----A--		1763
C.UY.01.TRA3011	C-----U-Y-----T-----A-A-G-----T-----C-----A-----CA-----C-----A-----AC-----A--		1727
C.ZA.04.SK164B1	C-----Z-A-----T-----A-A-G-----G-----G-----CA-----C-----A-----AC-----A--		1966
C.ZM.96.96ZM651	A-----A-----CT-G-----T-----A-A-G-----A-----CA-----C-----A-----AC-----A--		1884
D.CD.83.ELI	-----A-----C-----G-----G-----G-----C-----T-----C-----C-----A--		2101
D.CD.83.NDK	-----A-----T-----T-----G-----G-----G-----T-----C-----C-----A--		2090
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----CT-----C-----T-----G-----G-----G-----T-----C-----C-----A--		1769
D.KE.01.NKU3006	-----A-----AG-----C-----D-----G-----G-----T-----C-----C-----A--		1760
D.DT.99.MN012	-----A-----G-C-----TG-----G-----G-----T-----C-----A-----C-----C-----A--		1779
D.TZ.01.A280	-----A-----A-----A-----G-----G-----CT-----C-----T-----C-----A--		1756
D.UG.94.94UG114	-----A-----C-T-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----		1910
D.UG.99.99UGD23550	-----G-AG-----C-G-----T-----T-----G-----T-----T-----A-----		1760
D.UG.99.99UGK09958	-----A-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----		1754
D.ZA.86.R482	-----A-----C-T-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----A--		1819
F1.BE.93.VI850	-----A-C-----T-----T-----C-G-----G-----G-----A-----T-----AG--		1892
F1.BR.89.BZ126	-----A-C-----T-----T-----C-G-----G-----G-----CA-----G-----T-----A--		1905
F1.BR.93.93BR020_1	-----AGC-----T-----T-----C-G-----G-----G-----A-----C-----T-----C-----A--		1883
F1.FI.93.FIN9363	-----C-----C-----T-----T-----C-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----A--		1884
F1.FR.96.MP411	-----A-----AC-----T-----T-----C-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----A--		1757
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----AG-----C-----T-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----		1745
F2.CM.95.MP255	-----A-----C-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----C-----A--		1751
F2.CM.95.MP257	-----AG-----TC-----T-----A-----G-----G-----G-----A-----C-----A-A		1763
F2.CM.97.CM53657	-----C-----A-----C-----T-----C-----A-----G-----T-----A-----A-----A--		1745
G.BE.96.DRCBL	-----A-----T-----TA-----A-A-GG-----G-----T-----A-----T-----G-----A--		2519
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----A-----T-----TA-----A-A-G-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----A		1757
G.ES.99.X138	-----A-----TG-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----A		1996
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A-----T-----TA-----A-A-G-----G-----A-----A-----T-----G-----		1956
G.NG.92.92NG083	-----A-----T-----TG-----A-A-G-----G-----A-----T-----G-----A-----A		1924
G.SE.93.SE6165	A-----AG-----CT-----TA-----A-A-G-----G-----GA-----A-----G-----A-----		1952
H.BE.93.VI991	A-----G-AG-----GC-----T-----T-----A-A-G-----A-----G-----A-A-----A-----G-----C-----G-----A--		1944
H.BE.93.VI997	-----AG-----GC-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----A--		1879
H.CF.90.056	-----G-AG-----GC-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----A--		1902
J.SE.93.SE7887	-----A-CG-----G-----CG-----TGAG-----A-A-G-----G-----A-----G-----CA-----C-----T-----A--		1869
J.SE.94.SE7022	-----A-G-----G-----C-----TGAG-----A-A-G-----G-----A-----CA-----C-----T-----A--		1870
K.CD.97.EQTB11C	A-----AG-----TGT-----G-----T-----G-----A-----G-----G-----CA-----G-----T-----A--		1751
K.CM.96.MP535	A-----AG-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----C-----T-----A--		1751
01_AE.TH.00.OUR200I	A-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----C-----A--		1763
01_AE.TH.01.OUR414I	A-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----T-----C-----A--		1751
01_AE.TH.02.OUR769I	A-----G-----T-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----C-----A--		1754
01_AE.TH.90.CM240	A-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----C-----A--		2129

B. FR. 83. HXB2	AGCCCTATTGAGACTGTACCAGTAAAATTAAAGCCAGGAATGGATGGCCCAAAGTAAACAATGGCCATTGACAGAAGAAAAATAAAGCATTAGTAGAAATTTGTACAGAGATGGAAAAGGAAGGGA	2685
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE	--T-----A-C-G-----G-----GA-----AC-----T-----A-----	1875
02 AG. FR. 91. DJ264	--T-----A-C-G-----G-----AC-C-C-G-----G-A-----	2034
02 AG. NG. -. IBNG	--T-----A-G-----G-----AC-C-----A-----	2210
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	--T-----A-----GA-----G-----AC-C-----A-----	1872
03 AB. BY. 00. 98BY10443	--T-----A-----C-----G-----A-----G-----AC-C-----GG-----A-----	2688
03 AB. RU. 97. KAL153 2	--T-----A-----C-----G-----A-----G-----AC-C-----AG-----A-----	1911
03 AB. RU. 98. RU9800I	--T-----A-----C-----G-----A-----G-----A-----C-----AG-----A-----	2055
04 cpx. CY. 94. CY032	--T-----A-----G-----C-----AC-G-A-----C-----C-----	2051
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	--T-----A-----G-----T-----AC-----A-----A-----C-----A-----	2702
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	--T-----A-----G-----T-----G-----C-----AG-----A-----C-----A-----	2699
05 DF. BE. -. VI1310	--T-----A-----A-----AC-----T-----A-----C-----A-----	2067
05 DF. BE. 93. VI961	--T-----A-----A-----AC-----C-----G-----A-----	2040
05 DF. ES. 99. X492	--T-----A-----A-----A-----G-----A-----	2038
06 cpx. AU. 96. BFP90	--T-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----AC-----A-----A-----A-----A-----	2713
06 cpx. EE. -. EEO359	--T-----A-----GG-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----	2341
06 cpx. ML. 95. 95ML127	--T-----A-----G-----G-----AC-----A-----A-----A-----	2702
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	--T-----A-----G-----AC-----A-----A-----	2744
07 BC. CN. -. CNGL179	--T-C-----A-----G-----G-----AC-C-----GAT-A-----G-----A-----	1897
07 BC. CN. 97. 97CN001	--T-C-----A-----G-----G-----AC-C-----GAT-A-----G-A-----A-----	2017
07 BC. CN. 97. CN54	--T-C-----A-----G-----G-----AC-C-----GAT-A-----G-A-----A-----	2047
07 BC. CN. 98. 98CN009	--T-C-----A-----G-----G-----AC-C-----GAT-A-----G-A-----A-----	2017
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	--T-C-----A-----G-----G-----AC-C-----GAT-A-----G-----A-----	1865
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	--T-C-----A-----G-----G-----AC-C-----GAT-A-----G-----A-----	1871
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	--T-C-----A-----G-----G-----AC-C-----GAT-A-----G-----A-----	1865
08 BC. CN. 98. 98CN006	--T-C-----A-----G-----G-----AC-C-----GAT-A-----G-----A-----	2017
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	--T-----A-----A-----C-----AC-----G-----A-----	1887
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	--T-----A-----GA-----AA-----A-----	1887
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	--T-----A-----GA-----A-----AC-----G-----A-----	1875
09 cpx. US. 99. 99DE4057	--T-----A-----GA-----G-----AC-----C-----G-----A-----	1869
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	--T-----A-G-----G-----G-----G-----C-AC-----A-----A-----A-----	2064
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071	--T-----A-G-----G-----G-----C-GAC-----C-----A-----A-----	2062
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110	--T-----A-G-----G-----G-----C-AC-----C-----T-----A-----	2053
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA	--T-----A-----AC-----TG-----A-----A-----	1881
11 cpx. CM. 96. 4496	--T-----C-----AC-----C-----A-----C-----A-----	2045
11 cpx. FR. 99. MP1298	--T-----C-----G-----T-----G-----AA-----A-----A-----	2679
11 cpx. GR. -. GR17	--T-G-----C-A-G-----AC-----C-----A-----A-----	1987
12 BF. AR. 97. A32879	--T-----A-----AC-----A-----TT-----A-----A-----A-----	2249
12 BF. AR. 99. ARMA159	--T-----A-----AC-----A-----A-----A-----A-----	2690
12 BF. ES. 02. X1241	--T-----A-----AC-----A-----A-----A-----A-----	1936
12 BF. UY. 99. URTR23	--T-----A-----AC-----A-C-TG-----A-----A-----A-----	2711
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	--T-G-----A-----T-G-----AC-----C-----A-----A-----A-----	1911
13 cpx. CM. 96. 1849	--T-----A-----AC-----C-----A-----A-----A-----	2090
13 cpx. CM. 96. 4164	--T-----A-----A-C-----AC-----C-----A-----A-----G-----A-----	2087
14 BG. ES. 00. X605	--T-----A-----T-----G-----AC-----A-----A-----G-----A-----	2123
14 BG. ES. 00. X623	--T-----A-----T-----G-----AC-----C-----A-----G-----A-----	2125
14 BG. ES. 99. X397	--T-----A-----T-----G-----AC-----C-----A-----G-----A-----	2126
14 BG. ES. 99. X421	--T-----A-----T-----G-----AC-----C-----A-----G-----A-----	2123
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331	--T-----C-----G-----A-----G-----G-----AC-----A-----G-----A-----	1917
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332	--T-----C-----GC-----A-----G-----G-----AC-----A-----G-----A-----	1906
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	--T-----A-----A-----G-----G-----AC-----A-----G-----A-----	2084
15 01B. TH. 99. 99TH R2399	--T-----C-----C-----A-----G-----G-----AC-----A-----G-----A-----	2040
16 A2D. KR. 97. 97KR004	--T-----A-----C-----AC-----A-----A-----A-----G-----A-----	2048
18 cpx. CM. 97. CM53379	--T-----A-----A-----G-----AA-----A-----A-----A-----	1879
N. CM. -. YBF106	--T-----A-----A-----G-----GG-----A-----T-----C-----G-G-----AG-----A-----A-----A-----	2277
N. CM. 02. DJ00131	--T-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----C-----G-G-----AG-C-----G-----A-----C-----A-----	2191
N. CM. 95. YBF30	--T-----A-----A-----G-----G-----A-----T-----AC-----G-G-----AG-----A-----A-----A-----	2279
O. BE. 87. ANT70	---C-A-CCC-A-G-----C-----A-----A-----A-----CC-AT-TA-----G-----C-GAC-C-----A-----CAG-A-----C-A-----A-----	2740
O. CM. -. 96CMABB637	---C-A-CCC-A-----C-----A-----A-----T-----A-----G-----C-AT-TAG-----G-----C-AC-C-----A-----CAG-A-----C-A-----A-----	2169
O. CM. 91. MVP5180	-T-C-A-CCC-A-G-----GC-----A-----A-----A-----CC-AT-TAG-----G-----G-----C-ACT-C-----A-----CA-A-----C-A-----A-----	2715
O. SN. 99. SEMP1300	-T-C-A-CCC-A-----C-----A-----A-----A-----CC-AT-TA-----G-----G-----C-GAC-C-----A-----CAG-A-----C-A-----A-----	2739
CPZ. CD. -. ANT	--TAAAG-----A-A-G-C-T-----AGA-----A-----G-----A-----GC-CT-A-----G-----G-G-CC-AA-----GATA-T-A-----GCA-----AAT-----	2124
CPZ. GA. -. CPZGAB	--TT-A-----A-----C-----C-----G-----A-----T-----G-----A-----G-----C-AT-C-----T-----C-----AC-----CA-----A-----A-----	2746
CPZ. TZ. -. TAN1	---A-A-----GTA-----AA-----C-----AGA-----T-----G-----A-----G-----CC-CT-CA-G-----G-----TG-G-----AC-----A-----AGACAT-----A-----	2329
CPZ. US. 85. CPZUS	--T-----A-----A-----G-----A-----T-----G-----A-----G-----T-----G-----AC-----CCA-----A-----A-----A-----	2745
Pol p51 RT	S P I E T V P V K L K P G M D G P K V K Q W P L T E E K I K A L V E I C T E M E K E G	Pol

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	AAATTTCAA...TGGGCCTGAAAATCCATACAATACTCCAGTATTTGCCATAAAGAAAAAGACAGTACTAAATGGAGAAAATTAGTAGATTTTCAGAGA...TAAATAAGAGA...CTCAAGACTTCTGGGA	2815
A1.KE.94.Q23_17	-----T-----A-----A-----T-C-----G-----G-C-----A-----A-----A-----T-----	2273
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----TT-----T-C-----G-----G-----G-C-----A-----A-----G-----T-----	2292
A1.SE.94.SE7253	-----G-----T-----A-----T-----C-----G-----G-----G-C-----A-----A-----T-----	2019
A1.TZ.01.A173	-----A-----T-----C-----G-----G-----G-C-----A-----A-----T-----	2014
A1.UA.00.98UA0116	-----T-----G-----C-----G-----G-----G-C-----A-----A-----G-----T-----	2814
A1.UG.92.92UG037	G-----A-----T-----G-----C-----G-----G-----T-----G-C-----A-----A-----T-----	2182
A1.UG.98.98UG57136	-----T-----A-----T-----T-----C-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----T-----	2020
A2.CD.97.97CDKFE4	-----C-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----	1620
A2.CD.97.97CDKS10	-----C-----G-----T-----CGA-----C-----C-----C-----C-----C-----0	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-----G-----T-----CGA-----C-----C-----C-----C-----C-----2153	2153
A2.CY.94.94CY017_41	-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----T-----C-----2172	2172
A3.SN.01.DDI579	-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----2013	2013
A3.SN.01.DDJ369	-----T-----G-----C-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----2016	2016
A3.SN.96.DDJ360	-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----2013	2013
B.AR.00.ARMS008	-----G-----A-----C-----GK-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----T-----2020	2020
B.AU.96.MBCD36	-----G-----A-----C-----GK-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----T-----2170	2170
B.CO.01.PCM074	-----G-----C-----GK-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----T-----2032	2032
B.GA.88.OYI	-----G-----A-----C-----GK-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----T-----2358	2358
B.NL.00.671_00T36	-----M-----T-----A-----R-----C-----A-----A-----A-----T-----2380	2380
B.RU.-.04RUI29005	-----M-----T-----A-----R-----C-----A-----A-----A-----T-----2319	2319
B.TH.90.BK132	-----M-----T-----A-----R-----C-----A-----A-----A-----T-----2166	2166
B.US.90.WEAU160	-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----2814	2814
B.US.98.1058_11	-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----2005	2005
C.AR.01.ARG4006	-----A-----T-----T-----C-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----1999	1999
C.BR.-.04BR013	-----A-----T-----T-----C-----A-----A-----G-----GA-----AC-----GG-----G-----C-----A-----T-----T-----2279	2279
C.BR.92.BR025-d	-----A-----T-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2153	2153
C.BW.00.00BW07621	-----A-----G-----G-----T-----C-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----T-----T-----2168	2168
C.ET.86.ETH2220	-----A-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2207	2207
C.IN.95.95IN21068	-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2166	2166
C.IN.99.01IN565_10	-----A-----G-----T-----T-----A-----T-----A-----GG-----G-----G-----CG-----A-----T-----T-----2196	2196
C.KE.00.KER2010	-----GA-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----1996	1996
C.TZ.01.BD9_11	-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2023	2023
C.UY.01.TRA3011	-----A-----C-----T-----C-----A-----C-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----1987	1987
C.ZA.04.SK164B1	-----A-----C-----T-----C-----A-----C-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2226	2226
C.ZM.96.96ZM651	-----A-----C-----T-----C-----A-----C-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2144	2144
D.CD.83.ELI	-----G-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----T-----T-----2361	2361
D.CD.83.NDK	-----G-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----T-----T-----2350	2350
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----G-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2029	2029
D.KE.01.NKU3006	-----G-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2020	2020
D.TD.99.MN012	-----G-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2039	2039
D.TZ.01.A280	-----G-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2016	2016
D.UG.94.94UG114	-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2170	2170
D.UG.99.99UGD23550	-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2020	2020
D.UG.99.99UGK09958	-----G-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2014	2014
D.ZA.86.R482	-----G-----A-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----T-----T-----2079	2079
F1.BE.93.VI850	-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----2152	2152
F1.BR.89.BZ126	-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----2165	2165
F1.BR.93.93BR020_1	-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----2143	2143
F1.FI.93.FIN9363	-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----2144	2144
F1.FR.96.MP411	-G-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----2017	2017
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----A-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----T-----T-----2005	2005
F2.CM.95.MP255	-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----T-----2011	2011
F2.CM.95.MP257	-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----T-----2023	2023
F2.CM.97.CM53657	-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----T-----2005	2005
G.BE.96.DRCBL	-----G-----C-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----2779	2779
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----G-----C-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----2017	2017
G.ES.99.X138	-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----2256	2256
G.FI.93.HH8793_12_1	-----T-----C-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----2216	2216
G.IG.92.92NG083	-----T-----C-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----2184	2184
G.SE.93.SE6165	-----T-----C-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----2212	2212
H.BE.93.VI991	-----A-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----GA-----G-----G-----A-----2204	2204
H.BE.93.VI997	-----A-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----2139	2139
H.CF.90.056	-----C-----G-----A-----GC-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----C-----A-----2162	2162
J.SE.93.SE7887	-----G-----G-----T-----C-----C-----T-----C-----A-----A-----2129	2129
J.SE.94.SE7022	-----G-----T-----C-----C-----T-----C-----A-----A-----2130	2130
K.CD.97.EQTB11C	-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----2011	2011
K.CM.96.MP535	-----G-----T-----C-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----2011	2011
01_AE.TH.00.OUR200I	-----C-----A-----G-----T-----G-----T-----GA-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----T-----2023	2023
01_AE.TH.01.OUR4141I	-----C-----A-----G-----T-----G-----T-----GA-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----T-----2011	2011
01_AE.TH.02.OUR7691I	-----C-----A-----G-----T-----G-----T-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----T-----2014	2014
01_AE.TH.90.CM240	-----C-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----2389	2389

B.FR.83.HXB2	AAATTTCAAAAATTGGGCCTGAAAATCCATACAATACTCCAGTATTTGCCATAAAGAAAAAGACAGTACTAAATGGAGAAAATTAGTAGATTTTCAGAGAACTTAATAAGAGAACTCAAGACTTCTGGGA	2815
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	-----G--T-----G-----C-----	2005
02 AG.FR.91.DJ264	-----T-----C-----G-----	2164
02 AG.NG.--IBNG	-----A--G-----T-----C-----	2340
02 AG.UZ.02.02UZ693	-----A--G-----T-----C-----G-----	2002
03 AB.BY.00.98BY10443	-----	2818
03 AB.RU.97.KAL153_2	-----G-----	2041
03 AB.RU.98.RU9800I	-----T-----	2185
04 cpx.CY.94.CY032	-G-----A--T-----C-----C--A--G-----	2181
04 cpx.GR.91.97PVCH	-G-----T--A--T-----GA--C--G-----G--C--A--G-----	2832
04 cpx.GR.97.97PVMY	-G--C--GG-----A--T-----GA--C--A--G-----C--A--G-----	2829
05 DF.BE.--VI1310	---C---G---C---A---G---GG-----T--T---	2197
05 DF.BE.93.VI961	---G---A---GG-----A--G-----A--A---T--T---	2170
05 DF.ES.99.X492	---G---A---G-----G-----G-----A--A---T--T---	2168
06 cpx.AU.96.BFP90	-----T-----T-----A--G-----T---	2843
06 cpx.EE.--EE0359	-----A--T-----G--T-----A--G-----T---	2471
06 cpx.ML.95.95ML127	-----G-----A--T-----T-----A--A---T--T---	2832
06 cpx.SN.97.97SE1078	-----A--T-----T-----G-----A--A---T--T---	2874
07 BC.CN.--CNGL179	---A---A---T--C--A-----A--G--G-----G-----G--C--A---T--T---	2027
07 BC.CN.97.97CN001	---A---A---T--C--A-----A--G--G-----G-----G--C--A---T--T---	2147
07 BC.CN.97.CN54	---A---A---T--C--A-----A--G--G-----G-----G--C--A---T--T---	2177
07 BC.CN.98.98CN009	---A---A---T--C--A-----A--G--G-----G-----G--C--A---T--T---	2147
08 BC.CN.97.97CNGX_6F	---A---C---T--C--A-----GA--G--G-----G--G-----G--C--A---T--T---	1995
08 BC.CN.97.97CNGX_7F	---A---C---T--C--A-----GA--G--G-----G--G-----G--C--A---T--T---	2001
08 BC.CN.97.97CNGX_9F	---A---C---T--C--A-----GA--G--G-----G--G-----G--C--A---T--T---	1995
08 BC.CN.98.98CN006	---A---C---T--C--A-----A--G--G-----G-----G--C--A---T--T---	2147
09 cpx.GH.96.96GH2911	-----T-----G--C--G-----G--T---	2017
09 cpx.SN.95.95SN1795	-G--G--A--G--T-----T-----G--C--G-----G--A--A---G--T---	2017
09 cpx.SN.95.95SN7808	-----T-----G--C--G-----G-----G--C--A---G--T---	2005
09 cpx.US.99.99DE4057	-----A--C--T-----T-----G--C--G-----G--C--A---G--T---	1999
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	---G--G--T-----A-----G-----T---	2194
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	---G--G--GA-----G-----G-----GA---T---	2192
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	---G--G--A-----G-----G-----T---	2183
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----T--C--G-----C-----T--T-----C--A---	2011
11 cpx.CM.96.4496	-----T--C--G-----G-----G-----T-----C--A---	2175
11 cpx.FR.99.MP1298	-----G-----C-----G-----T-----T--G--C--A---	2809
11 cpx.GR.--GR17	-----T--C--G-----C-----T-----T--G--C--A---	2117
12 BF.AR.97.A32879	-----G-----A-----T--T---	2379
12 BF.AR.99.ARMA159	-----G-----A-----T--T---	2820
12 BF.ES.02.X1241	-----C--CA-----G-----A-----T--T---	2066
12 BF.UY.99.URTR23	-----A-----T--T---	2841
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	---A---T--C--G--T-----C--C-----T--T-----C--A---	2041
13 cpx.CM.96.1849	---A---T--C--G--T-----C-----C--T--T--G--C--A---	2220
13 cpx.CM.96.4164	---A---T--C--G--T-----C-----C--T--T--G--C--A---	2217
14 BG.ES.00.X605	---A---T--C--A-----G-----G-----G--C--A---	2253
14 BG.ES.00.X623	---A---C--A-----G-----G-----G--C--A---	2255
14 BG.ES.99.X397	---A---T--C--A-----G-----G-----G--C--A---	2256
14 BG.ES.99.X421	---A---C--A-----G-----G-----G--C--A---	2253
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----T-----G--C--C-----G--C--A---G---T---	2047
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	---C---G--T--C--C-----T-----G--C--A---G---T---	2036
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	---C---A-----T-----G--C--C-----G-----G--C--A---G---T---	2214
15 01B.TH.99.99TH_R2399	---C---T-----G--C--C-----G-----G--C--A---G---T---	2170
16 A2D.KR.97.97KR004	-G-----C--G--T-----C-----C-----C-----	2178
18 cpx.CM.97.CM53379	-----C--C--A-----C-----T---	2009
N.CM.--YBF106	---T--G--A-----T--C--A--T-----A--G--T--C-----G--T--A---A--G--C---A--T---	2407
N.CM.02.DJ00131	---T--G--A-----C--A--C--T-----A--G--T--C-----G--T--A---A--G--C---T--T---	2321
N.CM.95.YBF30	---T--G--A-----G-----T--C--A--T-----A--G--T--C-----G--T--A---A--G--C---T--T---	2409
O.BE.87.ANT70	-----G--A--A-----T--T--A--TA--C-----T-----A--G--TG-----G-----T--G--T--A---A---G---T---	2870
O.CM.--.96CMABB637	-----G--A--A-----T--T--Y--A--TA--C-----T-----A--G--T-----G-----G--C-----G--T--A---A---A---T---	2299
O.CM.91.MVP5180	---C---G--A--A-----T--T--A--TA--T-----T-----A--G--T--C-----G-----G--C-----T--A---A---A---T---	2845
O.SN.99.SEMP1300	---G---A--A-----T--T--A--TA--C-----T-----A--G--T--C-----G-----GC--G-----C--T--G--T--A--C---A---T---	2869
CPZ.CD.--ANT	-G---T--G--A-----A--T--C-----A--A--T-----A--A--G-----C--T--A-----GC---T-----T--A---A---A---T--T---	2254
CPZ.GA.--CPZGAB	---A--G---A--A-----TA--T-----A--C--A--G-----C-----C-----A-----A---A---T---	2876
CPZ.TZ.--TAN1	---TG--G---A--A-----C-----T--C--A--A--T-----T-----G--T--CCT-----G-----A---A---T--T---	2459
CPZ.US.85.CPZUS	-G---A--G--G--A-----A-----T-----A--A--T-----T--C--A--G-----T--C-----C--T-----T--A---A--G--A---T---	2875
Pol p51 RT	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 L N K R T Q D F W E	Pol

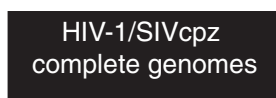
HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	AGTTCAATTAGGAATACCACATCCCGCAGGGTTAAAAAGAAAAAATCAGTAACAGTACTGGATGTGGGTGATGCATATTTTTCAGTTCCTTAGATGAAGACTTCAGGAAGTATACTGCATTACCATA	2945
A1.KE.94.Q23_17	-----G-----G-----A-G-TC-----A-----G-C-----T--C-----G-T-----A-----C-----	2403
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----C-----A-R-T-----A-Y-----G-----T--Y-AG-----A-----C-T-----	2422
A1.SE.94.SE7253	-----G-----A-----C-----G-A-----G-C-----AG--T-A-----C-----	2149
A1.TZ.01.A173	-----G-----G-----A-G-CC-----T-A-----G-C-----TC-----AG--T-----G-C-----	2144
A1.UA.00.98UA0116	-----C-----A-G-T-----A-----G-----T-----AG--G-A-----C-T-----	2944
A1.UG.92.92UG037	-----G-----A-G-C-----A-----G-C-----AG--T-A-----C-----	2312
A1.UG.98.98UG57136	-----G-----G-----T-----A-----A-C-----T-----GAG--T-A-----A-G-CC-----	2150
A2.CD.97.97CDKFE4	-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----A-----C-----	1750
A2.CD.97.97CDKS10	-----G-----C-A-G-A-----T-A-----G-C-----C-----C-----A-----C-----	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----C-A-G-A-----T-A-----G-C-----C-----C-----A-----C-----	2283
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----A-----A-----G-----T-----G-C-----C-----C-----A-A-----C-----	2302
A3.SN.01.DDI579	-----G-----A-G-T-G-----G-----C-----T-----AG--T-A-----C-----	2143
A3.SN.01.DDJ369	-----G-----G-A-G-T-G-C-----T-----G-----C-----T-----G-----G-----C-----	2146
A3.SN.96.DDJ360	-----G-----G-A-G-T-G-----A-----G-C-----T-----AT-A--T-A-----C-----	2143
B.AR.00.ARMS008	-----T-----T-----T-----A-----T-----	2150
B.AU.96.MBCD36	-----G-----T-----A-----C-----AG-----	2300
B.CO.01.PCM074	-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----	2162
B.GA.88.OYI	-----C-----A-----C-----C-----A-----A-----	2488
B.NL.00.671_00T36	-----C-----T-G-----C-----A-----A-----	2510
B.RU.-.04RUI29005	G-----R-Y-A-----C-----G-----G-----A-----	2449
B.TH.90.BK132	-----TT-----G-----G-----A-----A-----A-----	2296
B.US.90.WEAU160	-----TT-----A-----A-----C-----	2944
B.US.98.1058_11	-----C-----AG--A--A-----	2135
C.AR.01.ARG4006	---C-----G-----C-A-----G-----C-----G-----A-T-----T-----A-----C-----	2129
C.BR.-.04BR013	-----G-----C-A-----C-----G-----T-----G-----AG--T-----A-----C-----	2409
C.BR.92.BR025-d	-----G-----C-A-----G-----A-----T-----G-----G-----T-----A-----C-----	2283
C.BW.00.00BW07621	-----G-----C-A-----G-----A-----T-----TC-----A-T-----A-----C-----	2298
C.ET.86.ETH2220	-----G-----C-A-----G-----A-----C-----T-----GT-----A-----C-----	2337
C.IN.95.95IN21068	-----G-----C-A-----G-----G-----T-----T-----A-----A-----C-----	2296
C.IN.99.01IN565_10	---C-----C-A-----G-----G-----T-----T-----A-----A-----C-----	2326
C.KE.00.KER2010	G-----C-A-----G-----G-----T-----A-A-----A-----C-----	2126
C.TZ.01.BD9_11	-----C-A-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----AG-----A-----C-----	2153
C.UY.01.TRA3011	-----G-----C-A-----G-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----	2117
C.ZA.04.SK164B1	-----C-A-----A-----G-----A-----G-----TC-----G-----A-----C-----	2356
C.ZM.96.96ZM651	-----C-A-----A-----G-----G-----T-----AG-----A-----C-----	2274
D.CD.83.ELI	-----G-----T-----C-G-----T-----T-----A-----C-----C-----	2491
D.CD.83.NDK	G-----G-----T-----C-G-----C-----C-----T-----T-----A-----C-----C-----	2480
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----G-----T-C-C-G-----A-----A-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----A-----C-----	2159
D.KE.01.NKU3006	---C-----T-----C-----T-----A-----	2150
D.TD.99.MN012	-----C-----T-----C-G-----G-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----	2169
D.TZ.01.A280	---C-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----A-----T-----A-----C-----	2146
D.UG.94.94UG114	---C-----T-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----A-----C-----	2300
D.UG.99.99UGD23550	---C-----G-----A-----C-----G-----C-----T-----A-----A-----C-----	2150
D.UG.99.99UGK09958	---GC-----T-----C-----C-----G-----TG-----T-----A-----A-----C-----T-----	2144
D.ZA.86.R482	---A-----G-C-T-----C-G-----A-----G-----TG-----T-----A-----C-----	2209
F1.BE.93.VI850	G-----T-----G-----G-----A-----G-----A-G--T-----A-----C-----	2282
F1.BR.89.BZ126	G-----T-----G-----A-----G-----C-----A-G--T-----C-----	2295
F1.BR.93.93BR020_1	G-----G-A-----G-----G-----A-G--T-----C-----CC-----	2273
F1.FI.93.FIN9363	G-----T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----	2274
F1.FR.96.MP411	G-----T-----G-----A-G--G-----A-----G-----C-----C-----	2147
F2.CM.02.02CM_0016BBY	G---G---G---C-T---T---T---G---A-G--A-----C-----	2135
F2.CM.95.MP255	G-----C-T-----G-----G-----A-G--G-----A-----C-----G-----	2141
F2.CM.95.MP257	G-----C-T-----G-----G-----A-G--G-----C-----G-----	2153
F2.CM.97.CM53657	G-----C-T-----G-----A-----G-----A-G--G-----C-----G-----	2135
G.BE.96.DRCBL	G-C-C---T---GG---C---G---A---G---T---A---A---C---T---	2909
G.CM.01.01CM_4049HAN	G-C-C---T---G---G---G---G---C---A---C---A---C---G---T---	2147
G.ES.99.X138	G-C---T---T---G---G---G---G---A---G---C---G---AG--T---A---C---T---	2386
G.FI.93.HH8793_12_1	G-C---T---T---G---A---G---C---A---G---C---AGT--T---A---A---C---T---	2346
G.NG.92.92NG083	G-C---T---C---G---G---G---A---A---C---A---AGT--T---A---C---T---	2314
G.SE.93.SE6165	G-C---T---T---A---G---G---A---G---T---A---C---T---	2342
H.BE.93.VI991	---A-G---A---A---G---T---G---G---C---T---C---C---T---	2334
H.BE.93.VI997	---G---A---A---T---G---G---C---T---A---C---T---	2269
H.CF.90.056	---G---C---A---T---G---G---C---T---A---A---A---C---	2292
J.SE.93.SE7887	---G---A---C---G---C---T---T---T---A---C---T---	2259
J.SE.94.SE7022	---G---A---C---T---T---G---C---T---T---C---T---	2260
K.CD.97.EQTB11C	---G---A---A---G---A---G---C---T---A---T---C---T---	2141
K.CM.96.MP535	---G---A---A---G---G---C---T---A---C---T---	2141
01_AE.TH.00.OUR200I	---G---A---T---A---A---A---T---A---C---	2153
01_AE.TH.01.OUR4141I	G---A---T---A---G---T---AG--T---A---C---	2141
01_AE.TH.02.OUR7691I	---G---A---G---G---A---A---T---AG--T---A---C---	2144
01_AE.TH.90.CM240	---G---A---T---A---A---T---AG--T---A---C---	2519

B. FR. 83. HXB2
 02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE
 02 AG. FR. 91. DJ264
 02 AG. NG. - . IBNG
 02 AG. UZ. 02. 02UZ693
 03 AB. BY. 00. 98BY10443
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 03 AB. RU. 98. RU9800I
 04 cpx. CY. 94. CY032
 04 cpx. GR. 91. 97PVCH
 04 cpx. GR. 97. 97PVMY
 05 DF. BE. - . VI1310
 05 DF. BE. 93. VI961
 05 DF. ES. 99. X492
 06 cpx. AU. 96. BFP90
 06 cpx. EE. - . EEO359
 06 cpx. ML. 95. 95ML127
 06 cpx. SN. 97. 97SE1078
 07 BC. CN. - . CNGL179
 07 BC. CN. 97. 97CN001
 07 BC. CN. 97. CN54
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F
 08 BC. CN. 98. 98CN006
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 09 cpx. SN. 95. 95SN1795
 09 cpx. SN. 95. 95SN7808
 09 cpx. US. 99. 99DE4057
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110
 11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA
 11 cpx. CM. 96. 4496
 11 cpx. FR. 99. MP1298
 11 cpx. GR. - . GR17
 12 BF. AR. 97. A32879
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 12 BF. ES. 02. X1241
 12 BF. UY. 99. URTR23
 13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN
 13 cpx. CM. 96. 1849
 13 cpx. CM. 96. 4164
 14 BG. ES. 00. X605
 14 BG. ES. 00. X623
 14 BG. ES. 99. X397
 14 BG. ES. 99. X421
 15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331
 15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 15 01B. TH. 99. 99TH R2399
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 18 cpx. CM. 97. CM53379
 N. CM. - . YBF106
 N. CM. 02. DJ00131
 N. CM. 95. YBF30
 O. BE. 87. ANT70
 O. CM. - . 96CMABB637
 O. CM. 91. MVP5180
 O. SN. 99. SEMP1300
 CPZ. CD. - . ANT
 CPZ. GA. - . CPZGAB
 CPZ. TZ. - . TAN1
 CPZ. US. 85. CPZUS
 Pol p51 RT

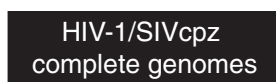
AGTTCAATTAGGAATACCACATCCCGCAGGGTTAAAAAGAAAAAATCAGTAACAGTACTGGATGTGGGTGATGCATATTTTTCAGTTCCTTAGATGAAGACTTCAGGAAGTATACTGCATTACCATA 2945
 G-C-----T-----G-A-----A-----G-----A-----T-A-A-----C-T--- 2135
 ---C-----C-----T-----G-A-----A-----C-----A-----T-A-----C-T--- 2294
 G-C-G-----T-----G-A-----G-----A-----A-----T-A-----T-A-----T--- 2470
 G-C-----T-----A-G-A-----A-----A-G-----A-----T-A-----T-A-----C-T--- 2132
 -----C-T-----T-----T-----C-----A----- 2948
 -----C-T-----T-----A----- 2171
 -----C-T-----C-----A----- 2315
 ---G---G---C-A-----G-----T-----G-----CC---G-----C-----C----- 2311
 04 cpx. GR. 91. 97PVCH G-A-----A-----T-----G-----CC---CG-----C-----C----- 2962
 04 cpx. GR. 97. 97PVMY G-A-----A-----T-----G-----CC---G-----C-----C----- 2959
 -----C-G-----G---A-----G-----A-G-A-----C-----C-----C----- 2327
 -----T-----G-----T-----A-----C---G-----C-----C----- 2300
 -----T-----G-----A-----A-----A-G-T-----C-----C----- 2298
 -----T-T---G-G-----T-----G-----A---C-----A-A-T-A-----C-T--- 2973
 -----T-T-A-G-G-----T-----G-----C---C---T---A-----T-A-----C-T--- 2601
 06 cpx. ML. 95. 95ML127 T-T---C-G-----T-----G-----G---A-----A-----T-----C-T--- 2962
 06 cpx. SN. 97. 97SE1078 T-T---G-----G-----T-----A-G-----A-----T-A-----C-T--- 3004
 -----C-A-----G-----G-----T-----T-----A-----C----- 2157
 -----C-A-----G-----A---T-----T-----C----- 2277
 -----C-A-----G-----G-----A---T-----T-----C----- 2307
 ---C-----C-A-----G-----G-----T-----T-----A-----C----- 2277
 -----C-A-----C-----C-----T-----A----- 2125
 -----C-A-----C-----G---T-----A----- 2131
 -----C-A-----C-----T-----A----- 2125
 -----C-A-----C-----C-----T-----A----- 2277
 ---G---A-G---TC-----T-----G-----C---T-----A-----C-T--- 2147
 09 cpx. SN. 95. 95SN1795 A-G---T-----T-----G-----C---T-----A-----C-T--- 2147
 09 cpx. SN. 95. 95SN7808 A---T-----A-----C---T-----A-----A-----C-T--- 2135
 09 cpx. US. 99. 99DE4057 A-G---T-----A---C---G-----C---T-----A-----A-----C-T--- 2129
 ---C---T-----T-----C-----T-----T-----A-----C----- 2324
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 ---G---G---C-A-----G-----G-----T-----G-----A-----C----- 2322
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110 ---G---G---A---T-----A-----A-----T-----T---T---A-A-----C----- 2313
 -----A-----A---G---C-----C---TC-----AG-----C---T---C 2141
 -----A-----A---G-----C---TC-----AG-----C---T---C 2305
 -----A-----C---G-----C---T---A---A-----C---T--- 2939
 -A-A-----A-----A-----A-----C-TTC-----AG---A-----C-T--- 2247
 G-----T-----G-----G-----C-----A-G---T-----C-----C----- 2509
 G-G-----G---T-----A-----G-----C-----C-----G-CT-----C-----C----- 2950
 G-----A-----A-----A-----C-----A---T-----C-----C----- 2196
 G-----T-----G-----C-----CA-G---G-----C-----C----- 2971
 -----C-A-----G-----C---TC---A-A-----C---T--- 2171
 13 cpx. CM. 96. 1849 -----G-----C---TC---A-----C---T--- 2350
 13 cpx. CM. 96. 4164 -----A-----G-----C---TC---T-----C---T--- 2347
 G-C-----T-----T-G-----G-----G-A-----G-----C-----G-----AG---T-A-----C----- 2383
 G-C-----T-----T-G-----G-----G-A-----G-----C-----G-----A---T-A-----C-T--- 2385
 G-C-----T-----T-G-----T---G-----G-A-----G-----C-----G-----AG---T-A-----C----- 2386
 14 BG. ES. 99. X421 G-C-----T-----T-G-----G-----G-A-----G-----C-----G-----AG---T-A-----C----- 2383
 -----A-----T-----W---G-----A-----T-----AG---T-A-----C----- 2177
 -----G---G---A-----G-----G-----CA---A---T-----T-----A---T-A-----C----- 2166
 ---G-----G---G---A---T-----A---T-----A-----T-----AGT---T-A-----C----- 2344
 -----A-----A-----A-----T-----A-----AG---T-A-----C----- 2300
 ---G-----A-----A-----T-----A-----A-G-----C-----A---A---C----- 2308
 18 cpx. CM. 97. CM53379 G-----G-----T---T---G-----GT-----A---G-----CC---T-----C-----C----- 2139
 ---G---C-----T-----A-----A---GC-----TM-A---A---A---T-----TG-----A---T---T-A-----A---T----- 2537
 ---A---G---T-----T-----A-----A---C---G-----T---A-----A---A---T-----TG-----T---A-----A---C---C----- 2451
 ---G---GC-----T-----A-----A---GC-----G-----TT-----A---A---T-----TG-----G---CA---T---T-A-----A---T----- 2539
 G-A---GC---T---C-----G-GG---T---G---GC-A---GC---T---T---CT-A---A---A---T---C---TG-----CCC---T---T-A---A-----T---C---T---T 3000
 G-A---C---T---C-----G-GR---C---GC-A-GGC---T---T---TT-A---A---A---T---C---TG---C---G---T---A---A-----T---C---T---T 2429
 G-G---T---T---C-----A-GG---T---GC-A-GGC---T---T---CT-A---A---A---T---C---TG---C---CC---T---A---A---C---C---T---T 2975
 G-A---G---T---C-----G-GG---T---GC-A-GC---T---T---C---A---A---A---T---C---TG---C---CC---T---A---A-----C---C---T---T 2999
 GA-A-----T---T---A---C---A---GC-A---G-----G-----T-----A-----A-----C---CA-A-----C---G-----T---A---A-----A---T---C---A---T 2384
 ---G---G---C---T---C---A-----G-----T---A-----A-----C---C---TTG---C---G---A-----T-----A-----A---T-----A---T 3006
 GT-A---GC---C---G-----G---A---G---TATG---G-----A---G---C---C---CA---C---G---CC-----A-----A---T-----A---T 2589
 ---G---C---C---A-----A---G-----G-----C---A-----A---G---C---TTG---AC---G---A---G---A---T---A---A---C---A-----C 3005

V Q L G I P H P A G L K K K K S V T V L D V G D A Y F S V P L D E D F R K Y T A F T I Pol



B.FR.83.HXB2	CCTAGTATAAACAAATGAGACACCAGGGATTAGATATCAGTACAATGTGCTTCCACAGGGATGAAAGGATCACCAGCAATATTCCAAAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCTTTTAGAAAAACAAAATC	3075
A1.KE.94.Q23_17	-----C-----C-----AG-C-G-----G-----G-----C-----TC-A-----	2533
A1.RU.03.03RU20_06_13	-A-----C-----C-----A-----A-C-----T-----G-----A-----TT-A-----	2552
A1.SE.94.SE7253	-----C-----AG-C-G-----G-----G-----C-----TT-A-G-----	2279
A1.TZ.01.A173	-----C-----AG-C-G-----T-----G-----C-----TC-A-----	2274
A1.UA.00.98UA0116	-A-----G-C-----A-----T-----G-----C-----TC-A-----	3074
A1.UG.92.92UG037	-----C-----A-C-G-----G-----GGCC-----C-----TC-A-----	2442
A1.UG.98.98UG57136	-----A-----A-C-G-----G-----G-----A-C-----GC-----	2280
A2.CD.97.97CDKFE4	-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----T-----C-----TC-A-T-----	1880
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----A-----G-----A-----G-----C-----T-C-----GGC-AG-----	2413
A2.CY.94.94CY017_41	-----CC-----AG-----G-----A-----G-----G-----C-----TC-A-G-----A	2432
A3.SN.01.DDI579	--C--C-----AG-C-G-----A-----GTA-----C-----TC-----	2273
A3.SN.01.DDJ369	-----C-----AG-C-----A-----GTA-----C-----TC-----	2276
A3.SN.96.DDJ360	-----C-----AG-C-G-----A-----GTA-----C-----TT-----	2273
B.AR.00.ARMS008	-A-----T-----	2280
B.AU.96.MBCD36	-C-T-----T-G-C-----G-----C-----C-----	2430
B.CO.01.PCM074	-G-T-----R-----G-----T-----T-----C-----C-----G-----	2292
B.GA.88.OYI	-----G-----G-----T-----T-----	2618
B.NL.00.671_00T36	-C-----T-----C-----	2640
B.RU.-.04RUI29005	-----A-----A-G-----C-----	2579
B.TH.90.BK132	-G-C-----T-----	2426
B.US.90.WEAU160	-----A-----A-----	3074
B.US.98.1058_11	-G-----C-----T-----	2265
C.AR.01.ARG4006	-----A-----A-T-----T-G-----G-----Y-----A-----A-C-----GGC-----	2259
C.BR.-.04BR013	-C--A-----A-----A-T-----G-----G-----A-----C-----GC-A-----	2539
C.BR.92.BR025-d	-----A-----A-T-----T-----G-----T-C-----C-----GGC-----	2413
C.BW.00.00BW07621	-----A-----G-----A-T-----T-----G-----G-----C-----G-C-----	2428
C.ET.86.ETH2220	-----C-----A-----A-T-----C-C-----C-----G-----C-CC-----C-----GGCC-CC--C-----	2467
C.IN.95.95IN21068	-----A-----G-----A-T-----A-----G-A-----G-----C-----GGC-----	2426
C.IN.99.01IN565_10	-----A-----A-T-----GGC-----C-----C-----GC-----	2456
C.KE.00.KER2010	-G--A-----A-T-----G-----T-----G-----C-----C-----GC-A-G-----	2256
C.TZ.01.BD9_11	-----C-----A-----G-----A-T-----G-----A-----T-----G-C-----C-----GGC-----	2283
C.UY.01.TRA3011	-----C-----A-----A-T-----G-----G-----T-----G-----C-----C-----GGC-----	2247
C.ZA.04.SK164B1	-----A-----A-T-----C-----G-----A-----G-----T-----C-----GGC-----	2486
C.ZM.96.96ZM651	-----C-----A-----A-T-----G-----G-----C-----C-----GGC-----	2404
D.CD.83.ELI	T-----G-----C-----	2621
D.CD.83.NDK	-----C-----G-----C-----	2610
D.CM.01.01CM_4412HAL	-C--T-----A-----A-----C-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----	2289
D.KE.01.NKU3006	-C--T-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----T-----C-----A-----	2280
D.TD.99.MN012	-C--C--T-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----C-----	2299
D.TZ.01.A280	-C--C-----A-----A-----T-----T-----C-----	2276
D.UG.94.94UG114	-----C-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----	2430
D.UG.99.99UGD23550	-----A--C-----A-----A-----G-----G-----A-----	2280
D.UG.99.99UGK09958	-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----	2274
D.ZA.86.R482	-----C-----T-----G-----TCA-----C-----CA-----	2339
F1.BE.93.VI850	-----G-C-----T--A-----G--C-----A-----T-----C-----TGA-----C-----	2412
F1.BR.89.BZ126	-----G-C-----A-----G--C-----A-----T-----T-----C-----C-A-----	2425
F1.BR.93.93BR020_1	-----CC-----AG--G--C-----A-----TA-----T-----C-----GC-A-----	2403
F1.FI.93.FIN9363	-----G-C-----A-----G--C-----A-----T-----T-----C-----C-AG-----	2404
F1.FR.96.MP411	-----C-C-----A--C-----C-----A-----G-----T-----T-----C-----GC-A-----	2277
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----T-----A-----G-----C-----GC-AG-----	2265
F2.CM.95.MP255	-----C-----A-----G-----T-----C-----GC-A-----	2271
F2.CM.95.MP257	-----C-----A-----G-----T-----C-----G-----	2283
F2.CM.97.CM53657	-----C-----G--A-----A-----G-----C-----GT-A-----	2265
G.BE.96.DRCBL	-----C--T-----A-----T-----G-----C-----C-----	3032
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----T-----A-----T-----G-----C-----GC-A-----	2277
G.ES.99.X138	-----C--T-----A-----T-----C-----C-----T-A-----	2516
G.FI.93.HH8793_12_1	-----C--T-----C-----C-----T-----G-----C-----T-A-----	2476
G.NG.92.92NG083	-----C--T-----A-----A-----T-----G-----T-----C-----C-A-----	2444
G.SE.93.SE6165	-----T-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----GC-A-T-----	2472
H.BE.93.VI991	-----C-----T-----C-----G-----G-----C-----	2464
H.BE.93.VI997	-----T-----T-----G-----T-----C-----	2399
H.CF.90.056	-----T-----T-----G-----C-----C-----G-----	2422
J.SE.93.SE7887	-----C-----C-----A-----C-----T--GT-----A-A-----G--AG--C-----	2389
J.SE.94.SE7022	-----C-----C-----A-----T--GT-----A-A-----G--AG--C-----	2390
K.CD.97.EQTB11C	-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----GGA-----	2271
K.CM.96.MP535	-----T-----A-----G-----A-----A-----CA-----C-----T-A-----	2271
01_AE.TH.00.OUR200I	-----A--C-----G-----G-----G-----G--C-----C-----T-A-----	2283
01_AE.TH.01.OUR414I	-C-----A--C-----G-----A-----G-----GCA-----G-----T-----C--C-----G-A-----	2271
01_AE.TH.02.OUR769I	-----A--C-----G-----G-----GT-----G-----G-----C-----T-A-----	2274
01_AE.TH.90.CM240	-----A--C-----G-----G-----G-----G-----C-----T-A-----	2649

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	CCTAGTATAAACAAATGAGACACCAGGGATTAGATATCAGTACAATGTGCTTCCACAGGGATGAAAGGATCACCAGCAATATTCCAAAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCTTTTAGAAAAACAAAAATC	3075
02_AG.CM.02.02CM.1669LE	-----G---T-----	2265
02_AG.FR.91.DJ264	-----G---T-----	2424
02_AG.NG.-.IBNG	-----G---T-----C-----G---G-----T---GGCA-----C-----C-AG-----	2600
02_AG.UZ.02.02UZ693	-----G---T-----A-----T---GGCA-----C---C---T-A-----	2262
03_AB.BY.00.98BY10443	-----T---T-----	3078
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----C-----	2301
03_AB.RU.98.RU9800I	-----C-----	2445
04_cpx.CY.94.CY032	-----CC-----A-----C-----T-----TTC-----C-----	2441
04_cpx.GR.91.97PVCH	-----CC-----AG-----G-----TA---T-----C-----CCAG-----C-----	3092
04_cpx.GR.97.97PVMY	-----C-----A-----G-----T-----C-----CCA-----C-----	3089
05_DF.BE.-.VI1310	-----C-----A---C---C---C---A-----T-----C-----	2457
05_DF.BE.93.VI961	-----C-----A-----AT---C---C---A-----T-----C-----	2430
05_DF.ES.99.X492	-----C-----G---A---C---C---A-----A-----G-----T-----C-----	2428
06_cpx.AU.96.BFP90	-----C---T---A-----A-----T---G-----T-----C-----T-A---C-----	3103
06_cpx.EE.-.EE0359	-----T-----C-----A-----T---G-----T-----C-----G-----	2731
06_cpx.ML.95.95ML127	-----C---T-----A-----A-----T---GT-----T---C-----T-A-----	3092
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----C---T-----A-----T---G-----T-----C-----C-A-G-----	3134
07_BC.CN.-.CNGL179	-----A-----G-----A-----	2287
07_BC.CN.97.97CN001	-----G---A-----G-----A-----	2407
07_BC.CN.97.CN54	-----G---A-----G-----A-----T-----C-----	2437
07_BC.CN.98.98CN009	-----C---A-----G-----A-----	2407
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----G-----T-----	2255
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	-----G-----T-----T-----	2261
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	-----G-----T-----	2255
08_BC.CN.98.98CN006	-----G-----T-----C-----	2407
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----G-T---T-----G---C-----A-----G-----C-----T-A-----	2277
09_cpx.SN.95.95SN1795	-----CT---T-----A-----A-----G-----C-----T-A-----	2277
09_cpx.SN.95.95SN7808	-----CT---T-----A-----A-----GT-----A---A-----T-A-----	2265
09_cpx.US.99.99DE4057	-----CT---T-----A-----A-----GT-----C---A-----A-G-----	2259
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A-----A-----G-----C-----	2454
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----A-----A-----A-----	2452
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----A---C-----A-----A-----	2443
11_cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----C-----A---G-----A-----G---G---T-----GT-----A---A-----C-A---C-----	2271
11_cpx.CM.96.4496	-----G-----G-----T---C---A-----G---C-----G---C-----A---A-----C-A---C-----	2435
11_cpx.FR.99.MP1298	-----C-----C-----C---G-----G---T-----GT-----A---A-----C---C-----	3069
11_cpx.GR.-.GR17	-----C-----C-----C---A-----G---T-----G-----A---A-----C---C-----	2377
12_BF.AR.97.A32879	-----T-----A---G---C-----C-----G-----	2639
12_BF.AR.99.ARMA159	-----T---G---C-----A---C---G---C-----C-----G---C-----	3080
12_BF.ES.02.X1241	-----CC-----A---G---C-----C-----G-----	2326
12_BF.UY.99.URTR23	-----G---C-----A---G---C-----C-----G-----	3101
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----G-----A---C---A---G-----G---C-----GT---T---G-----A---A-----T---C-----	2301
13_cpx.CM.96.1849	-----G-----A---C---G---A---C-----GT-----G-----A---A-----C---C-----	2480
13_cpx.CM.96.4164	-----G-----A---G-----G-----G-----T---A---A-----C---C-----	2477
14_BG.ES.00.X605	-----Y---T-----A-----T-----A---A-----C-A-----	2513
14_BG.ES.00.X623	-----C---T-----T-----C-----A---C-----T-A-----	2515
14_BG.ES.99.X397	-----C---T-----A-----T---GC-----A-----G-A-----	2516
14_BG.ES.99.X421	-----C---T-----A-----T-----G-A-----	2513
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----C---C-----A---C-----G---A-----G-----T-----C-----T-A-----	2307
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----A---C-----G-----G-----G---G---T-----GGC-----C-----T-A-----	2296
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----A---C-----G---A-----G-----GT-----C-----A-G-----	2474
15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----A---C-----G-----G-----G-----C-----T-A-----	2430
16_A2D.KR.97.97KR004	-----C-----AG---G-----C-----	2438
18_cpx.CM.97.CM53379	-----G---C-----A-----T---G-----C-----C-A-----	2269
N.CM.-.YBF106	-----T-----T---T-----C---T---T-A-----G-----T---T---TCA-----TC---A---A---G---GA---C-----	2667
N.CM.02.DJ00131	-----C---T-----T---T-----T---G-----G---G-----T---T---TCA-----TC---A---A---G---GA---C-----	2581
N.CM.95.YBF30	-----T---T-----C---T---G---A---C---G-----T---T---G---CA-----TC---A---A---C---G---GA---C-----	2669
O.BE.87.ANT70	-----G---G---T-----C---A---A---C---C---G---A-----T-----T-----TCA-----TC---T---A---C---G---G---C---C-----	3130
O.CM.-.96CMABB637	-----G---G---C---AG---G---C---C---A---G-----T-----T-----TCA-----TC---A---A---C---G---A---C-----	2559
O.CM.91.MVP5180	-----G---G---C---AG---A---C---C---G---A---G-----T-----C---T---G---TCA-----G---TC---T---A---AGC---C-----	3105
O.SN.99.SEMP1300	-----G---G---C---A---A---C---C---C---G---G-----G---G---T-----TCA-----T---T---A---G---A---C---C-----	3129
CPZ.CD.-.ANT	-----A---CG---G-----C---A---A---TGT---T---T---A---A---C-----T---T---T---GCA-----C---G---CA---A---GG---TA---GT-----	2514
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----C-----T-----C---AG-----A---T---TT---G---A-----G---T---T---T---C---T-----TC---A---C---G---A---G-----	3136
CPZ.TZ.-.TAN1	-----C---C---T---A---C---AA---T---T---C---T---A---T---A---T---G-----T---T---G---C---T-----C---T---C---G---C---C-----	2719
CPZ.US.85.CPZUS	-----G-----C---A---C---T---T---A---A-----G-----T---G---C---T-----TC---T-----C-----	3135
Pol p51 R	P S I N N E T P G I R Y Q Y N V L P Q G W K G S P A I F Q S S M T K I L E P F R K Q N	Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	CAGACATAGTTATCTATCAATACATGGATGATTTGTATGTAGGATCTGACTTAGAAAATAGGGCAGCATAGAACAAAAATAGAGGAGCTGAGACAACATCTGTTGAGGTGGGACTTACCACACCAGACAA	3205
A1.KE.94.Q23_17	---A---G---G---A---AT---A---GCT---A---C---TT---	2663
A1.RU.03.03RU20_06_13	---A---C---C---T---A---G---G---A---GCT---A---C---T---T---	2682
A1.SE.94.SE7253	---A---A---C---G---T---A---G---G---A---GCT---A---C---T---T---	2409
A1.TZ.01.A173	---A---A---C---T---T---A---T---A---AA---T---T---C---	2404
A1.UA.00.98UA0116	---A---C---C---T---G---T---A---GCT---A---C---T---T---	3204
A1.UG.92.92UG037	---C---T---A---AT---A---G---A---AA---T---T---	2572
A1.UG.98.98UG57136	---GAG---C---T---A---G---G---GCT---A---T---T---	2410
A2.CD.97.97CDKFE4	---G---G---A---C---G---T---G---T---G---AT---A---GGCT---T---A---A---A---T---T---	2010
A2.CD.97.97CDKS10	---G---G---C---C---C---T---AT---G---T---A---GGCT---T---A---A---A---T---T---	0
A2.CD.97.97CDKTB48	---G---G---C---C---C---T---AT---G---T---A---GGCT---T---A---A---A---T---T---	2543
A2.CY.94.94CY017_41	---AT---A---C---C---C---T---A---C---GT---AT---A---GGCT---CT---A---AA---T---TAT---	2562
A3.SN.01.DDI579	---A---A---C---A---T---A---A---GCT---A---AA---T---T---	2403
A3.SN.01.DDJ369	---A---A---C---G---T---A---A---GCT---A---AA---T---T---	2406
A3.SN.96.DDJ360	---A---A---C---T---A---A---GCT---A---AA---T---T---	2403
B.AR.00.ARMS008	---G---G---C---G---C---A---G---A---T---	2410
B.AU.96.MBCD36	C---T---A---A---T---	2560
B.CO.01.PCM074	---A---R---G---A---T---T---	2422
B.GA.88.OYI	A---T---T---	2748
B.NL.00.671_00T36	---A---A---G---A---A---T---A---A---T---GA---	2770
B.RU.-.04RU129005	---M---Y---R---G---G---A---A---A---T---A---T---	2709
B.TH.90.BK132	A---T---T---	2556
B.US.90.WEAU160	---A---T---T---	3204
B.US.98.1058_11	---A---G---A---T---	2395
C.AR.01.ARG4006	---A---T---A---G---A---A---T---	2389
C.BR.-.04BR013	---A---C---A---A---A---G---A---A---T---C---T---C---	2669
C.BR.92.BR025-d	---A---A---T---A---G---A---A---T---C---C---	2543
C.BW.00.00BW07621	---A---G---T---C---T---A---GT---T---A---AG---C---A---AA---T---	2558
C.ET.86.ETH2220	---A---T---C---A---G---CCC---A---T---A---G---A---A---T---	2597
C.IN.95.95IN21068	---A---C---T---A---C---A---G---A---T---A---A---T---	2556
C.IN.99.01IN565_10	---A---C---T---C---A---G---AT---A---GC---A---A---T---	2586
C.KE.00.KER2010	---A---C---A---T---C---A---G---T---A---G---A---A---T---	2386
C.TZ.01.BD9_11	---A---C---T---C---T---A---A---G---A---G---T---A---A---A---T---	2413
C.UY.01.TRA3011	---AG---T---C---A---A---G---G---T---A---G---A---C---	2377
C.ZA.04.SK164B1	---A---CC---A---T---C---A---G---A---AT---A---G---G---A---A---T---	2615
C.ZM.96.96ZM651	---A---C---A---T---CC---A---G---A---T---A---G---A---A---A---T---	2534
D.CD.83.ELI	---A---G---G---A---AT---A---G---A---A---T---G---T---	2751
D.CD.83.NDK	---A---AT---A---G---A---A---T---T---	2740
D.CM.01.01CM_4412HAL	---AC---A---TC---T---G---G---AA---AT---A---G---A---A---AA---C---G---T---	2419
D.KE.01.NKU3006	---AG---G---AT---A---GG---C---A---A---T---C---	2410
D.TD.99.MN012	---AC---T---A---G---T---A---GT---	2429
D.TZ.01.A280	---A---AT---A---GG---C---CT---A---A---T---	2406
D.UG.94.94UG114	---A---GA---T---AT---A---GGG---C---C---A---T---	2560
D.UG.99.99UGD23550	---A---A---A---T---G---A---AT---A---GGG---C---A---A---T---	2410
D.UG.99.99UGK09958	---A---A---G---GT---AT---A---GGG---C---C---A---T---	2404
D.ZA.86.R482	---T---A---A---C---T---C---AT---A---G---A---A---T---T---TC---	2469
F1.BE.93.VI850	---C---C---G---T---A---G---AC---A---T---T---	2542
F1.BR.89.BZ126	---T---C---G---G---T---A---G---AC---AA---T---T---	2555
F1.BR.93.93BR020_1	---C---C---G---A---T---A---G---AC---AA---T---A---T---	2533
F1.FI.93.FIN9363	---C---C---G---T---A---G---AC---AA---T---T---	2534
F1.FR.96.MP411	---C---C---G---G---TG---T---A---GG---AC---AA---CT---T---	2407
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---G---G---C---G---G---G---T---A---G---A---A---T---T---T---	2395
F2.CM.95.MP255	---A---C---C---G---G---T---A---G---A---AA---T---T---T---	2401
F2.CM.95.MP257	---A---C---C---T---C---G---G---T---A---GG---A---A---T---T---T---	2413
F2.CM.97.CM53657	---A---T---C---A---G---G---A---T---A---G---A---T---T---T---	2395
G.BE.96.DRCBL	---A---G---C---A---A---G---A---AC---A---T---T---	3162
G.CM.01.01CM_4049HAN	---A---G---C---A---A---G---T---A---A---AC---GAA---T---T---	2407
G.ES.99.X138	---A---G---C---T---A---G---T---A---A---A---C---GT---T---	2646
G.FI.93.HH8793_12_1	---A---G---G---C---T---A---G---A---AT---A---G---A---A---T---	2606
G.NG.92.92NG083	---A---G---G---C---A---G---T---A---G---AC---AA---T---G---T---	2574
G.SE.93.SE6165	---A---G---G---C---A---G---T---A---G---A---AA---GT---T---	2602
H.BE.93.VI991	---T---AG---GA---T---C---A---A---GA---A---T---A---GCT---T---T---C---C---	2594
H.BE.93.VI997	---T---A---A---T---C---T---A---G---G---T---A---GCT---T---T---	2529
H.CF.90.056	---T---A---G---T---C---A---G---T---A---GCT---T---AA---T---	2552
J.SE.93.SE7887	---A---C---G---C---G---G---AA---G---A---GG---A---A---T---T---	2519
J.SE.94.SE7022	---A---C---G---C---G---G---AA---G---A---GG---A---A---T---TA---T---	2520
K.CD.97.EQTB11C	---T---G---T---A---C---C---G---A---G---A---A---G---A---A---T---	2401
K.CM.96.MP535	---A---G---A---C---A---G---A---C---A---A---G---A---AA---T---	2401
01_AE.TH.00.OUR200I	---A---G---C---T---A---GCT---A---C---T---T---	2413
01_AE.TH.01.OUR4141I	---A---G---C---T---C---GCT---A---C---GT---T---	2401
01_AE.TH.02.OUR7691I	---A---G---T---T---C---C---A---A---GCT---A---C---GT---T---	2404
01_AE.TH.90.CM240	---A---G---T---C---A---GCT---A---C---T---T---	2779

B. FR. 83. HXB2 CAGACATAGTTATCTATCAATACATGGATGATTTGTATGTAGGATCTGACTTAGAAATAGGGCAGCATAGAACAAAAATAGAGGAGCTGAGACAACTCTGTTGAGGTGGGGACTTACCACACCAGACAA 3205

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE ---G---G---C---T---C---A---A---G---G---T---G---AC---T---T--- 2395

02 AG. FR. 91. DJ264 ---G---G---C---T---A---G---G---T---G---AC---AA---T---T--- 2554

02 AG. NG. -. IBNG ---G---G---C---A---A---T---T---G---G---AC---AA---T---T--- 2730

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 ---G---A---C---T---G---G---G---T---AC---A---AA---T---T--- 2392

03 AB. BY. 00. 98BY10443 ---G---G---G---G---G---A---G---C---C---T---C--- 3208

03 AB. RU. 97. KAL153 2 ---G---G---G---G---G---G---A---G---C---C---T---T--- 2431

03 AB. RU. 98. RU9800I ---G---G---G---G---G---T---A---G---C---C---T---T--- 2575

04 cpx. CY. 94. CY032 ---A---C---A---C---T---G---A---A---G---G---A---A---A---T---C--- 2571

04 cpx. GR. 91. 97PVCH ---A---C---A---C---G---A---A---A---G---T---A---CT---TA--- 3222

04 cpx. GR. 97. 97PVMY ---G---G---C---A---C---G---A---A---G---A---A---G---A---T---CTTT---C--- 3219

05 DF. BE. -. VI1310 ---AG---G---C---A---A---GG---A---T---A---G---AC---GCA---GT---T--- 2587

05 DF. BE. 93. VI961 ---A---G---T---G---T---A---GG---AC---AA---T---T--- 2560

05 DF. ES. 99. X492 ---A---T---G---TT---A---G---AC---A---GT---C---T--- 2558

06 cpx. AU. 96. BFP90 ---A---G---C---A---A---G---G---T---A---G---A---AA---T---T--- 3233

06 cpx. EE. -. EEO359 ---A---G---G---A---C---A---GT---T---A---G---T---A---T---C---T--- 2861

06 cpx. ML. 95. 95ML127 ---AC---G---G---C---A---G---G---T---A---G---A---AA---T---T--- 3222

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 ---A---A---C---A---A---GA---GG---T---A---GC---C---A---AA---GT---T--- 3264

07 BC. CN. -. CNGL179 ---G---G---A---T---T---T--- 2417

07 BC. CN. 97. 97CN001 ---G---G---A---T---T---T--- 2537

07 BC. CN. 97. CN54 ---G---G---A---T---T---T--- 2567

07 BC. CN. 98. 98CN009 ---G---G---A---T---T---T--- 2537

08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F ---C---A---A---G---A---A---T--- 2385

08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F ---C---A---G---A---A---T--- 2391

08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F ---C---A---G---A---A---T--- 2385

08 BC. CN. 98. 98CN006 ---G---C---A---A---G---A---A---T--- 2537

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 ---A---A---C---G---A---A---G---A---A---G---A---AA---T---T--- 2407

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 ---A---A---C---G---A---A---G---C---A---A---G---A---AA---T---T--- 2407

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 ---GA---A---C---G---G---A---G---A---G---A---AA---T---T--- 2395

09 cpx. US. 99. 99DE4057 ---A---A---G---C---A---A---G---A---A---G---T---A---AA---T---G--- 2389

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 ---C---A---G---T---C---C---C---T---A---A---GGG---C---A---A---T---G--- 2584

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071 ---A---G---G---A---G---G---CT---A---GGG---C---A---A---T--- 2582

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110 ---A---G---T---T---G---T---AT---A---GG---CT---A---A---T--- 2573

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA ---AC---C---G---A---A---GA---GG---A---AT---A---GA---G---A---AA---GT---C---C---T--- 2401

11 cpx. CM. 96. 4496 ---AT---G---G---A---A---GA---GG---A---AT---A---AG---A---T---T--- 2565

11 cpx. FR. 99. MP1298 ---A---C---G---A---A---GA---GG---A---AT---A---GA---G---A---A---T---C--- 3199

11 cpx. GR. -. GR17 ---AG---C---G---G---A---A---GA---GG---AT---GA---G---A---AA---T---C--- 2507

12 BF. AR. 97. A32879 ---T---AT---G---A---T---T--- 2769

12 BF. AR. 99. ARMA159 ---G---T---G---A---A---A---T---T--- 3210

12 BF. ES. 02. X1241 ---G---AA---GA---A---G---A---T---A---G--- 2456

12 BF. UY. 99. URTR23 ---AA---A---A---C--- 3231

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN ---A---G---T---C---G---G---GAG---GG---A---AT---A---G---A---T---A---T--- 2431

13 cpx. CM. 96. 1849 ---A---G---T---CC---G---GA---GG---AT---A---AG---T---T--- 2610

13 cpx. CM. 96. 4164 ---A---G---T---C---G---A---GA---GG---AT---AGT---A---T---T--- 2607

14 BG. ES. 00. X605 ---A---G---C---T---A---A---T---A---A---A---C---GT---T--- 2643

14 BG. ES. 00. X623 ---A---G---C---T---A---G---G---T---A---GG---A---C---GT---T--- 2645

14 BG. ES. 99. X397 ---A---G---C---TG---G---T---A---A---A---C---GT---T--- 2646

14 BG. ES. 99. X421 ---A---G---C---T---G---T---A---A---A---C---GT---T--- 2643

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 ---A---G---C---T---G---C---T---G---AT---A---GCT---A---C---T---T--- 2437

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 ---A---TA---A---C---T---T---CC---G---TAG---A---G---GGG---T---ACTA---T---G---T---A---ATC---T---C---T---C---T---T--- 2426

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 ---A---G---C---T---C---T---A---A---GCT---A---C---GT---T---G--- 2604

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 ---A---G---C---T---T---C---T---A---A---GCT---A---C---T---T--- 2560

16 A2D. KR. 97. 97KR004 ---A---T---G---T---AT---A---A---T---AC---AA---T---TA---T--- 2568

18 cpx. CM. 97. CM53379 ---G---A---C---A---G---A---A---T---G---A---A---T---G--- 2399

N. CM. -. YBF106 ---G---A---T---G---CC---C---G---CA---A---GAG---C---G---A---A---T---GGT---T---A---CT---G---C---T--- 2797

N. CM. 02. DJ00131 ---G---A---C---T---G---CC---C---G---C---C---CA---A---GAG---C---G---A---A---T---AGT---T---A---CT---G---C---T--- 2711

N. CM. 95. YBF30 ---G---A---C---T---C---G---CC---C---G---C---C---CA---A---GAGGC---G---A---C---T---G---T---T---A---CT---G---C---T--- 2799

O. BE. 87. ANT70 ---AT---AA---T---G---G---CC---A---A---T---CCCC---GACAG---A---A---GG---T---ATT---T---G---C---A---ATCA---T---C---T---C---T--- 3260

O. CM. -. 96CMABB637 ---A---AA---G---C---A---T---CCCT---G---TAG---A---G---A---GGG---T---ACTA---T---G---T---A---ATC---T---C---T---C---T---T--- 2689

O. CM. 91. MVP5180 ---AG---AA---T---G---A---C---A---A---T---CC---T---G---CAG---A---AG---GGG---C---ATT---T---GG---T---A---ATCA---T---T---C---T---T--- 3235

O. SN. 99. SEMP1300 ---AT---AA---T---G---A---T---CCCC---GACAG---A---A---GG---T---ATT---T---G---CT---A---ATCA---T---T---C---T---C---T---T--- 3259

CPZ. CD. -. ANT ---CAG---AA---T---C---C---TA---G---TACTGCA---GA---TG---AA---T---T---ACA---GTC---AGAG---T---T--- 2644

CPZ. GA. -. CPZGAB ---T---TAC---T---C---G---CC---A---G---G---TC---T---T---AT---A---A---GG---G---A---A---A---T---C---T---AA---GT---C---A---C--- 3266

CPZ. TZ. -. TAN1 ---TG---G---AC---T---C---T---C---T---CA---T---A---TC---TA---TGA---A---G---A---G---A---CTG---A---A---G---A---CA---T---AGAG---C---T--- 2849

CPZ. US. 85. CPZUS ---TG---TA---A---T---C---C---G---A---TC---A---CT---AAA---GGA---GG---ACT---C---T---T---C---T---CT---T---C---T---C---T---T--- 3265

Pol p51 RT P D I V I Y Q Y M D D L Y V G S D L E I G Q H R T K I E E L R Q H L L R W G L T T P D K Pol

B.FR.83.HXB2	AAAACATCAGAAAGAACCTCCATTCTTTGGATGGGTTATGAACTCCATCCTGATAAATGGACAGTACAGCCTATAGTGCTGCCAGAAAAAGACAGCTGGACTGTCAATGACATACAGAAGTTAGTGGGG	3335
A1.KE.94.Q23_17	--G-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----T-----A-----A-----	2793
A1.RU.03.03RU20_06_13	--R-----R-----T-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----	2812
A1.SE.94.SE7253	--G-----G-----T-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----	2539
A1.TZ.01.A173	--G-----A-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----	2534
A1.UA.00.98UA0116	--G-----G-----T-----AC-----G-----C-----C-----A-----T-----T-----A-----A-----	3334
A1.UG.92.92UG037	--G-----G-----T-----A-----G-----C-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----	2702
A1.UG.98.98UG57136	--G-----C-----T-----A-----C-----G-----T-----CA-----A-----C-----T-----T-----A-----A-----	2540
A2.CD.97.97CDKFE4	-----G-----C-----T-----A-----G-----T-----C-----C-----AA-----T-----A-----A-----	2140
A2.CD.97.97CDKS10	-----G-----G-----T-----A-----G-----T-----C-----G-----C-----AA-----T-----A-----A-----	2673
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----G-----T-----A-----G-----T-----C-----G-----C-----AA-----T-----A-----A-----	2673
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----G-----T-----A-----G-----T-----C-----C-----AA-----T-----A-----A-----	2692
A3.SN.01.DDI579	--G-----G-----T-----A-----C-----C-----CA-----T-----G-----T-----A-----A-----	2533
A3.SN.01.DDJ369	--G-----G-----T-----A-----C-----C-----CA-----T-----C-----T-----A-----A-----	2536
A3.SN.96.DDJ360	--G-----G-----T-----A-----C-----C-----CA-----T-----C-----T-----A-----A-----	2533
B.AR.00.ARMS008	-----A-----C-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----	2540
B.AU.96.MBCD36	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	2690
B.CO.01.PCM074	-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	2552
B.GA.88.OYI	-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	2878
B.NL.00.671_00T36	-----C-----CN-----N-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	2900
B.RU.-.04RUI29005	--R-----R-----A-----T-----R-----A-----A-----A-----A-----	2839
B.TH.90.BK132	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----	2686
B.US.90.WEAU160	-----A-----C-----AA-----A-----T-----A-----A-----A-----	3334
B.US.98.1058_11	-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----	2525
C.AR.01.ARG4006	G-----C-----T-----G-----G-----C-----C-----CA-----G-----T-----T-----A-----	2519
C.BR.-.04BR013	G-----C-----T-----G-----G-----G-----C-----C-----CA-----G-----T-----T-----A-----	2799
C.BR.92.BR025-d	G-----C-----T-----G-----G-----C-----C-----CA-----G-----T-----C-----T-----A-----	2673
C.BW.00.00BW07621	G-----C-----T-----G-----G-----G-----C-----C-----CA-----G-----AGA-----T-----A-----	2688
C.ET.86.ETH2220	G-----C-----T-----G-----T-----C-----C-----CA-----G-----T-----T-----A-----	2727
C.IN.95.95IN21068	G-----C-----T-----G-----G-----C-----C-----CA-----G-----T-----T-----A-----	2686
C.IN.99.01IN565_10	G-----C-----T-----G-----G-----C-----C-----CA-----G-----T-----T-----G-----A-----	2716
C.KE.00.KER2010	G-----G-----C-----T-----G-----G-----C-----C-----CA-----C-----G-----T-----T-----A-----	2516
C.TZ.01.BD9_11	G-----C-----T-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----	2543
C.UY.01.TRA3011	G-----C-----T-----G-----G-----C-----C-----CA-----G-----T-----T-----A-----	2507
C.ZA.04.SK164B1	G-----G-----C-----T-----G-----T-----C-----C-----CA-----G-----T-----T-----A-----	2745
C.ZM.96.96ZM651	G-----C-----T-----G-----G-----C-----C-----CA-----G-----T-----T-----A-----	2664
D.CD.83.ELI	-----C-----T-----T-----AAA-----G-----G-----T-----C-----A-----	2881
D.CD.83.NDK	-----T-----T-----AAC-----A-----A-----T-----C-----A-----	2870
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----T-----T-----ACA-----A-----A-----T-----C-----A-----	2549
D.KE.01.NKU3006	--G-----T-----AAA-----A-----A-----T-----C-----A-----	2540
D.TD.99.MN012	-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----CC-----G-----A-----T-----AC-----	2559
D.TZ.01.A280	-----T-----T-----AAA-----G-----G-----A-----A-----T-----A-----	2536
D.UG.94.94UG114	--GT-----C-----T-----G-----CAT-----G-----A-----T-----A-----	2690
D.UG.99.99UGD23550	--G-----G-----T-----G-----CAA-----G-----A-----T-----G-----A-----	2540
D.UG.99.99UGK09958	--G-----G-----T-----T-----AAA-----A-----A-----T-----A-----	2534
D.ZA.86.R482	-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----	2599
F1.BE.93.VI850	-----G-----GC-----G-----CAAT-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----	2672
F1.BR.89.BZ126	-----A-----C-----G-----G-----CAAT-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----	2685
F1.BR.93.93BR020_1	-----A-----C-----G-----G-----CAAT-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----	2663
F1.FI.93.FIN9363	-----A-----C-----G-----G-----CAAT-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----	2664
F1.FR.96.MP411	G-----C-----C-----G-----CAAT-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----	2537
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----G-----C-----T-----G-----C-----G-----CAAT-----A-----C-----GAG-----T-----A-----	2525
F2.CM.95.MP255	-----C-----T-----G-----C-----CAAT-----GAG-----T-----A-----A-----	2531
F2.CM.95.MP257	-----C-----T-----G-----G-----CAAT-----C-----GAG-----T-----A-----A-----	2543
F2.CM.97.CM53657	-----G-----C-----T-----G-----C-----G-----CAAT-----C-----GAG-----T-----A-----A-----	2525
G.BE.96.DRCBL	-----T-----A-----G-----C-----A-----CA-----A-----C-----G-----A-----A-----T-----A-----	3292
G.CM.01.01CM_4049HAN	G-----A-----G-----C-----G-----A-----CA-----C-----G-----A-----T-----A-----	2537
G.ES.99.X138	-----A-----G-----C-----C-----A-----CA-----C-----A-----C-----A-----T-----A-----	2776
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A-----G-----T-----C-----G-----A-----CA-----G-----A-----T-----A-----	2736
G.NG.92.92NG083	-----A-----G-----C-----G-----A-----CA-----G-----AGAT-----T-----A-----	2704
G.SE.93.SE6165	-----A-----G-----A-----G-----A-----CA-----C-----G-----A-----T-----A-----	2732
H.BE.93.VI991	-----C-----T-----A-----C-----G-----AAAT-----T-----A-----	2724
H.BE.93.VI997	--G-----C-----T-----A-----C-----G-----AAA-----T-----A-----	2659
H.CF.90.056	-----C-----T-----A-----C-----G-----AAA-----T-----A-----	2682
J.SE.93.SE7887	-----T-----A-----G-----T-----C-----C-----A-----CA-----AGA-----T-----A-----	2649
J.SE.94.SE7022	-----T-----A-----G-----T-----C-----C-----A-----CA-----AGAT-----T-----A-----	2650
K.CD.97.EQTB11C	--G-----C-----T-----G-----C-----G-----CAA-----C-----G-----T-----T-----A-----	2531
K.CM.96.MP535	--G-----C-----T-----A-----C-----C-----CAA-----C-----G-----T-----T-----A-----	2531
01_AE.TH.00.OUR200I	--G-----G-----A-----C-----G-----AA-----A-----T-----A-----	2543
01_AE.TH.01.OUR414I	--G-----G-----A-----C-----C-----AA-----A-----T-----A-----	2531
01_AE.TH.02.OUR769I	--G-----G-----T-----A-----C-----G-----C-----A-----AA-----T-----T-----	2534
01_AE.TH.90.CM240	--G-----G-----A-----C-----G-----C-----AA-----T-----A-----	2909

B. FR. 83. HXB2
 02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE
 02 AG. FR. 91. DJ264
 02 AG. NG. -. IBNG
 02 AG. UZ. 02. 02UZ693
 03 AB. BY. 00. 98BY10443
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 03 AB. RU. 98. RU98001
 04 cpx. CY. 94. CY032
 04 cpx. GR. 91. 97PVCH
 04 cpx. GR. 97. 97PVMY
 05 DF. BE. -. VI1310
 05 DF. BE. 93. VI961
 05 DF. ES. 99. X492
 06 cpx. AU. 96. BFP90
 06 cpx. EE. -. EEO359
 06 cpx. ML. 95. 95ML127
 06 cpx. SN. 97. 97SE1078
 07 BC. CN. -. CNGL179
 07 BC. CN. 97. 97CN001
 07 BC. CN. 97. CN54
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F
 08 BC. CN. 98. 98CN006
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 09 cpx. SN. 95. 95SN1795
 09 cpx. SN. 95. 95SN7808
 09 cpx. US. 99. 99DE4057
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110
 11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA
 11 cpx. CM. 96. 4496
 11 cpx. FR. 99. MP1298
 11 cpx. GR. -. GR17
 12 BF. AR. 97. A32879
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 12 BF. ES. 02. X1241
 12 BF. UY. 99. URTR23
 13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN
 13 cpx. CM. 96. 1849
 13 cpx. CM. 96. 4164
 14 BG. ES. 00. X605
 14 BG. ES. 00. X623
 14 BG. ES. 99. X397
 14 BG. ES. 99. X421
 15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331
 15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 15 01B. TH. 99. 99TH R2399
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 18 cpx. CM. 97. CM53379
 N. CM. -. YBF106
 N. CM. 02. DJ00131
 N. CM. 95. YBF30
 O. BE. 87. ANT70
 O. CM. -. 96CMABB637
 O. CM. 91. MVP5180
 O. SN. 99. SEMP1300
 CPZ. CD. -. ANT
 CPZ. GA. -. CPZGAB
 CPZ. TZ. -. TAN1
 CPZ. US. 85. CPZUS
 Pol p51 RT

AAAACATCAGAAAGAACCTCCATTCTTTGGATGGGTTATGAACTCCATCCTGATAAATGGACAGTACAGCCTATAGTGCTGCCAGAAAAAGACAGCTGGACTGTCAATGACATACAGAAGTTAGTGGGG
 -----T-----A-----C-----C-A-----CA-----A-C-----T-----A-----A-A 2525
 -----T-----A-----C-----C-----CA-----A-C-----T-----A-----A 2684
 ---G-----T-----C-----G---AA-A-----T-----A-----A 2860
 -----T-C-----A-----C-----C-----CA-----C-----T-----A-----A 2522
 -----G-----T-----T-----C-----A 3338
 -----T-----T-----C-----A 2561
 -----T-----T-----C-----A 2705
 -----C---T---G-----C---G---CAA-C-G---G-T---C---T---C-----A 2701
 -----C---T---G-----C---G---CAA-----G-T---T---C-----A 3352
 -----C---T---G-----C---G---CAA-GT---G-G---T---C-----A 3349
 -----G-----G-----CAAT---C-G---T-----A-A 2717
 ---G-----G-----CAAT---A-C-G---T-----A-A 2690
 ---G-----G-----CAAT---C-G---T-----A-A 2688
 -----C---T---G-----C---G---CAA-C---C-G-G---T-----A-G---A 3363
 -----C---T---G-----C---G---AA---C-G-A---T-----A-G-A-A 2991
 -----C---T---G-----C---G---CAA-A-C-G-G---G-A---T-----A-A 3352
 -----C---T---G-----C---G---CAA-----C-G-T---G-A---T-----A-G---A 3394
 G-----T-----G-----C-----CA-----A-T-----T-----A-----A 2547
 G-----T-----G-----C-----CA-----T-----T-----A-----A 2667
 G-----T-----G-----C-----C-A-----T-----T-----A-----A 2697
 G-----T-----G-----C-----CA-----T-----T-----A-----A 2667
 G-----T-----G-----C-----CA-----G-T-----T-----A-----A 2515
 G-----T-----G-----C-----CA-----G-T-----T-----A-----A 2521
 G-----T-----G-----C-----CA-----G-T-----T-----A-----A 2515
 G-----T-----G-----A-----C-----CA-----G-T-----T-----A-----A 2667
 ---G---C---T---G-----C---G---CAA---C-G-A---T-----A---A-A 2537
 ---G---C---T---G-----C---G---CAA---G-A---T-----A---A-C 2537
 ---G---C---T---G-----C---G---CAA---C-G-TA---T-----A---A-A 2525
 ---G---C---T---G-----C---G---AA---G-A---T-----A---A-A 2519
 ---G---G---T---G-----G-----T-----CA---A---GA-T-T-----T-----A-----A 2714
 ---G---A---T---G-----G-----C-----CA---G-A---T-----T-----A-----A 2712
 ---G---T---A---G-----C-----T---CA---G-T-----T-----A-----A 2703
 -----T-C---A---G-----C-----AG---CA---C-G-A---T-----A-----A 2531
 -----T-C---A---G-----C-----CA---C-G-A---Y---A-----A-----A 2695
 -----T-C---A---G-----C-----AA---CA---C-G-A---T-----A-----A 3329
 -----T-C---A---G-----C-----G---A---CA---C---G-----T-----A-----A 2637
 -----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A 2899
 -----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A 3340
 -----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A 2586
 -----G-----C-----C-----G-----C-----C-----G-----A 3361
 -----A---G---A---G-----C-----A---CA-T---C-G---T-----A-----A 2561
 G-----A---G---A---G-----C-----AG---CA-T---C-G---T-----A-----A 2740
 -----A---G---A---G-----C-----AG-G---CA-T---C-G---T-----A-----A 2737
 -----A---G---A---G-----C-----A---CA---C-A---A---C---T---A-----A 2773
 -----A---G---A---G-----C-----A---CA---A-C---A---A---C---T---A-----A 2775
 -----A---G---A---G-----C-----A---CA---C---A---C---A---G---A-----A 2776
 -----A---G---A---G-----C-----A---CA---C---A---A---C---T---A-----A 2773
 ---G---G---A---G-----A---G-----C-G---C---AA---CA---C---G---T-----A-----A 2567
 ---G---G---A---G-----A---G-----C---C---AA---CA---C---G---A-----A-----A 2556
 ---G---G---A---G-----A---G-----C-G---C---AA---CA---C---G---T-----A-----A 2734
 ---G---G---A---G-----A---G-----C-G---C---AA---CA---C---G---T-----A-----A 2690
 -----T---AA-----C-----C-----AA---G-----T-----A-----A 2698
 -----T---A-----C-----C---T---ACT---G-----T-----A-----A 2529
 -----A-G-G-A-G---C---A---G---A---G---C---A---AA-T-A---G-GGTA-----T---A---A---A 2927
 -----A-G-G-A-G---C---A---G---A---G---G---C---A---AA-T-A---C-G-TGTA-----T---A---A---A 2841
 -----A-G-G-A-G---C---A---G---A---C---A---AA-T-A---G-TGTA-----T---A---A---A 2929
 ---G---A-G---C---T---A---G---G---G---A---C---T---CCAAT---TA-C-G---TGTTG---A-A---T---A---AC---A-A---A 3390
 ---G---A-G---C---T---G---G---G---C---A---C---G---C---CCAAT---T---C---G---AGTA---A-A---T---C---A---A---A 2819
 ---G---A-G---C---TT-A---G---G---C---A---C---G---C---CCAAT---T---C---AGTG---A-A---T---A---A---A 3365
 ---G---A-G---C---TT-G---A---C---A---C---A---C---G---GAA---A-A---T---A---AC---A-A---A 3389
 ---G---A-G---A---T---AA---A---GT-A---A---C---T---AAA---AA---A---GCC---TGAT---A-T---C---AC---A-A---A 2774
 ---G---A-G---A---C---TT-A---A---G---C---A---C---T---CAAT---A---G---GTA---A---T---A---AC---GA---A 3396
 ---GT---G-A---A---G---C---G---A---AA---T---AAA---CACAT---A---CC---GCAG---A-G---C-T-C---G---A---C 2979
 G-G---G-G---A---T-A---C---A---G---G---C---CA-T-A---C---A-TT---A---T---A---A---A 3395

K H O K E P P F L W M G Y E L H P D K W T V Q P I V L P E K D S W T V N D I O K L V G Pol

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	AAATTGAATTGGGCAAGTCAGATTACCAGGATTAAGTAAGGCAATTATGTAACTCCTTAGAGGAACCAAAGCACTAACAGAAGTAATACCCTAACAGAAGAAGCAGAGCTAGACTGGCAGAAA	3465
A1.KE.94.Q23_17	---C-A-----TG---A-----A-----C-G---G-----T---G-A-T-G-T-G-----AT-----T-----G-	2923
A1.RU.03.03RU20_06_13	---C-A-----T-----G-----G-----C-G---G-----G---TA-G-GA---G-T-G-----AT-----T-----G-G-	2942
A1.SE.94.SE7253	---C-A-----A---TG---A-----A-----G-C-G---C-G---G-----TA-G-A---G-T-G-----AT-----T-----G-G-	2669
A1.TZ.01.A173	---C-A-----A---TG---A-----A-----G---G---C-G---G-----TA-G-A-A-G-T-G-----AT-----T-----G-	2664
A1.UA.00.98UA0116	---C-A-----T-----G-----G-----C-G---G-----G---TA-G-GA---G-T-G-----AT-----T-----G-	3464
A1.UG.92.92UG037	---C-A-----A---TG---A-----AA---G---C-G---G-----T---TA-G-A-T-G-T-G-----AT-----T-----G-	2832
A1.UG.98.98UG57136	---GC-A-----A---TG---A-----A---C-G---C---G---G-----TA-G-A-T-G---G---A---T-----G-	2670
A2.CD.97.97CDKFE4	---G-A-----TG-----A---C-G---G-----TG---A-----CA-G-A---G-TA-----AT-----T---A---G-	2270
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	---G-A-----TG-----C-G-----T-----CA-G---G-TAG-----AT-----T---A---G-	2803
A2.CY.94.94CY017_41	---A-----TG-----A---C-G-----G-----CA-G-A---G-TA-----T-----T-A-A---G-	2822
A3.SN.01.DDI579	---C-A-----A---TG-----C-G-----C-G---G-----CA-G-A-T-G-T-G-----AT-----T-----G-	2663
A3.SN.01.DDJ369	---C-A-----T-----A---C-G-----C-G---G-----T---GT-T-G-T-G-----AT-----T-----G-	2666
A3.SN.96.DDJ360	---C-A-----TG-----A---C-G---G---C-G---G-----CA-G-A-T-G-T-G-----AT-----T-----G-	2663
B.AR.00.ARMS008	-----A---T-----G---A---G---A-----G-----G---T-----T-----	2670
B.AU.96.MBCD36	---AT-----G---A---C-G---A-----G---G---G-----G-----	2820
B.CO.01.PCM074	---A-----A-----G---G---G-----A-----	2682
B.GA.88.OYI	---A-----TG-----A-A-C-----G---G-----	3008
B.NL.00.671_00T36	---N-----T-----A-G---T-----A-G-----C-----A-----	3030
B.RU.-.04RUI29005	---A-----T-----AA-----G---G-----A-----	2969
B.TH.90.BK132	-----A---G-----G-----G-----G-----A---A---G-----	2816
B.US.90.WEAU160	-----G-----A---C-----G---G-----A-----A-----G-----	3464
B.US.98.1058_11	-----TG-----A---C-----G-----G-----T-----AT-----T-----	2655
C.AR.01.ARG4006	---A-C-----AA---C-G-----G-----CA-G-----G-T-C-----AT-----T-----G-	2649
C.BR.-.04BR013	---A-C-----A---C-G-----G-----CA-G-----G-T-----AT-----T-----G-	2929
C.BR.92.BR025-d	---A-C-----A-----A---G-----G---G-----CA-G-G-----T-----AT-----T-----G-	2803
C.BW.00.00BW07621	---G-A-C-----C---A-----C-G---C-----G-----CA-G-G-----G-T-----AT-----T---T---G-	2818
C.ET.86.ETH2220	---A-C-----C-----C-G-----G---G-----CA-G-A-----T-----AT-----T-----G-	2857
C.IN.95.95IN21068	---A-C-----A-----C-T-----T---G---G-----CA-G-----T-----AT-----T-----G-	2816
C.IN.99.01IN5655_10	---A-C-----C-----T-----A---C-T---G-----G---G---G-----CA-G-----T-----AT-----T-----G-	2846
C.KE.00.KER2010	---A-C-----A---G-----CC-T-----G-----CA-G-----T-----AT-----T-----G-	2646
C.TZ.01.BD9_11	---C-----G---AA---C-T-----G---GG-----CA-G-----T-----AT-----T-----G-	2673
C.UY.01.TRA3011	---A-C-----A---C-G-----G---G-----CA-G-----G-T-----AT-----T-----G-	2637
C.ZA.04.SK164B1	---A-C-----T-----C---AA---C-T---G-----G---GG-----CA-G-----T-----AT-----T-----G-	2875
C.ZM.96.96ZM651	---A-C-----G-----C---T-----G---G-----CA-G-----T-----AT-----T-----G-	2794
D.CD.83.ELI	---G---A-C-----C-----T---A-----A-----G-----G-----G-----AT-----T-----	3011
D.CD.83.NDK	---A-C-----C-----TG---A-----A-----G-----G-----G-----AT-----T-----	3000
D.CM.01.01CM_4412HAL	---A-C-----C-----T---A-----G---G-T-----T---GA-----C---G---A---G-----AT-----T-----	2679
D.KE.01.NKU3006	---A-----C---A---T---A-----A-----C---TG---G---G---T---G-----G-----C---G---A---G-----AT-----T-----	2670
D.TD.99.MN012	---G-A-----C-----T---A-----A---C---G---G---G---T---T---G-----G-----A---G-----AT-----T-----	2689
D.TZ.01.A280	---A-----TT---A-----AA-----G---G---G---T---G-----G-----G---A---G-----AT-----T-----	2666
D.UG.94.94UG114	---A-----C-----T---A-----A---C---TG---G---G---T---G-----G-----G---C-----AT-----T-----	2820
D.UG.99.99UGD23550	---A-----C-----T---A-----A---C---TG---G---G---T---G-----G-----G---G-----AT-----G-----	2670
D.UG.99.99UGK09958	---A-----C-----T---A-----AA---C---TG---G---G---T---G-----G-----G-----AT-----G-----	2664
D.ZA.86.R482	---A-C-----C-----T---A-----A-----G-----G-----C-----AT-----T-----	2729
F1.BE.93.VI850	---C-A-----T-----C-----G---G---G-----CA-G-G-----G-T-C---G-----T---T---A---	2802
F1.BR.89.BZ126	---C-A-----T-----A-----R---G---Y---GA-----CA-G-G-----G-TAC-----T---T---G---	2815
F1.BR.93.93BR020_1	---C-A-----T-----AA-----G---G---G-----CA-G-G-----G-TAC-----T---T---G---	2793
F1.FI.93.FIN9363	---C-A-C-----N-----T-----G---G---G-----CA-GG-----G-T-C---A-TT---T-----	2794
F1.FR.96.MP411	---A-----G---T-----G---G---G-----CA-G-G-----G-T-----T---T---G---	2667
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---A-----T-----G---A---A---C-----G---G-----C---G-G-----G-T-C-----T-----G-	2655
F2.CM.95.MP255	---C-A-----T-----G---A---AA---C---G-----G---G---T---G---G---T---G---T---T-----G-	2661
F2.CM.95.MP257	---C-A-----T-----G---A---C-----G-----G---T---G---G---T---T---C-----T-----G-	2673
F2.CM.97.CM53657	---C-A-----T-----G---A---CC---C-----G---T---G-----C---G-G-----T-----AT---A-----G-	2655
G.BE.96.DRCBL	---C-A-----T---A-----A-----C-----A---G---GG-----T---CA-G-T---A-G---G---AA-G---GT-----G-	3422
G.CM.01.01CM_4049HAN	---C-A-----C-----T---A-----A---C---GG---T---G---GG-----CA-G---C---G---G---C---AA-G---T-----G-	2667
G.ES.99.X138	---C-A-----C-----T-----AA---C-----G---G-----CA-G-----T---C-----AT---G---T-----G-	2906
G.FI.93.HH8793_12_1	---C-A-----T-----A---C-----G---GG---T---CA-G-----G-T---CG-----AT---G---T-----G-	2866
G.NG.92.92NG083	---C-A-----T-----A---CC---G-----G---GG---T---CA-G---C---G---C---AA-G---G-----G-	2834
G.SE.93.SE6165	---C-A-----T-----C---C-----G---GG---T---CA-G---T---G---C---AA-G---GT-----G-	2862
H.BE.93.VI991	---C-A-----A---C-----W-----G---GG-----A---G-----G---TA---G---AT---G---T-----	2854
H.BE.93.VI997	---C-A-C-----T-----C-----G---GG-----C---G-----G---A---G---AT---G---T-----	2789
H.CF.90.056	---C-A-----T---AAT-----A---C-----G---GG---T---CA-G-----G---A---G---AT---G---T-----	2812
J.SE.93.SE7887	---C-A-----T---A-----A---C-----A---GG---T---CA-G-----T---G---TAG-----AT---G-----	2779
J.SE.94.SE7022	---C-A-----A---T---A-----A---A---G---C-----A---G---G---T---CA-G-----T---G---TAG-----AT---G-----	2780
K.CD.97.EQTB11C	---A-----A---A-T-----A-----AA-----G---GT-----T---CA-G-----T---C-----T---T---A---G-	2661
K.CM.96.MP535	---A-----A---A-T-----A-----AA-----G-----G---GT-----CA-G-----T---T---C-----T---T---A---G-	2661
01_AE.TH.00.OUR200I	---C-A-----A---TG---A---G---A---C---G---G---T---CA-G-----G---T---AT---T---G-----	2673
01_AE.TH.01.OUR4141	---C-A-----A---TG-----G---A---C---G---G---T---CA-G-----T-----AT---GT-----G-	2661
01_AE.TH.02.OUR769I	---C-A-----A---T---G---G---A---C---G---G---T---G---T---CA-G-----G---T-----AT---T-----	2664
01_AE.TH.90.CM240	---C-A-----A---TG-----G---A---C---G---G---T---CA-G-----G---T-----AT---GT-----G-	3039

B. FR. 83. HXB2 AAATTTGAATTGGGCAAGTCAGATTTACCCAGGGATTAAAGTAAGGCAATTATGTAAACTCCTTAGAGGAACCAAAGCACTAACAGAAGTAATACCCTAACAGAAGAAGCAGAGCTAGAAGCTGGCAGAAA 3465

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE ---C---A---TG---A---A---C---G---G---G---T---TA---G---A---G---TA---G---AT---T---A---G--- 2655

02 AG. FR. 91. DJ264 ---C---A---TTG---A---A---C---G---G---G---T---TA---G---G---T---AT---T---G--- 2814

02 AG. NG. -. IBNG ---C---A---TG---A---A---A---C---G---G---G---T---TA---G---G---G---T---G---AT---T---G--- 2990

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 ---C---A---TG---A---C---A---C---G---G---G---T---TA---G---A---G---T---G---AT---T---G--- 2652

03 AB. BY. 00. 98BY10443 ---TG---G---G---G---C--- 3468

03 AB. RU. 97. KAL153 2 ---TG---G---G---G---C--- 2691

03 AB. RU. 98. RU9800I ---TG---G---G---G---A---C--- 2835

04 cpx. CY. 94. CY032 ---C---A---T---A---T---G---G---T---C---CA---G---TAC---G---T---T---A---G--- 2831

04 cpx. GR. 91. 97PVCH ---GC---A---T---A---T---G---T---C---CA---G---TAC---G---T---A---G--- 3482

04 cpx. GR. 97. 97PVMY ---C---A---TG---A---A---T---G---G---T---C---CA---G---G---TAC---G---T---A---G--- 3479

05 DF. BE. -. VI1310 ---C---A---T---A---G---G---G---G---AT--- 2847

05 DF. BE. 93. VI961 ---GC---A---T---A---A---G---G---G---T---G---T---AT--- 2820

05 DF. ES. 99. X492 ---C---A---A---T---A---A---G---G---G---T---G---AT--- 2818

06 cpx. AU. 96. BFP90 ---C---A---T---C---G---G---A---CA---G---T---C---A---T---G--- 3493

06 cpx. EE. -. EE0359 ---C---A---T---A---C---G---G---A---G---CA---G---AG---T---C---AT---T---G--- 3121

06 cpx. ML. 95. 95ML127 ---C---A---TT---A---A---C---G---G---A---CA---G---T---C---AT---T---G--- 3482

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 ---C---A---T---A---G---C---G---G---A---CA---G---G---T---C---AT---T---G--- 3524

07 BC. CN. -. CNGL179 ---A---C---T---T---A---C---T---G---GG---CA---G---T---AT---T--- 2677

07 BC. CN. 97. 97CN001 ---A---C---C---T---A---G---GG---C---T---CA---G---T---AT---T--- 2797

07 BC. CN. 97. CN54 ---A---C---T---T---A---C---T---G---GG---CA---G---T---AT---T--- 2827

07 BC. CN. 98. 98CN009 ---A---C---T---T---A---C---T---G---GG---CA---G---T---AT---T--- 2797

08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F ---A---C---A---C---T---G---GG---CA---G---T---AT---T---A---G--- 2645

08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F ---A---C---A---A---C---T---G---GG---CA---G---T---AT---T---A---G--- 2651

08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F ---A---C---A---C---T---G---GG---CA---G---T---AT---T---A---G--- 2645

08 BC. CN. 98. 98CN006 ---A---C---A---C---T---G---GG---CA---G---T---AT---T---G--- 2797

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 ---A---C---TG---A---A---C---G---G---T---G---G---TA---G---A---G---T---G---G---AT---T---G--- 2667

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 ---C---A---TG---A---C---G---G---C---G---T---TA---G---G---T---G---G---AT---T---G--- 2667

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 ---C---A---TA---A---A---GC---C---G---T---TA---G---A---A---G---T---G---G---AT---T--- 2655

09 cpx. US. 99. 99DE4057 ---GC---A---T---A---A---C---G---C---G---G---TA---G---A---G---T---G---AT---T---G--- 2649

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 ---G---A---C---G---C---G---G---G---T---T---CA---G---G---T---G---AT---T--- 2844

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071 ---G---A---C---G---G---C---G---G---G---GT---CA---G---G---T---G---AT---T---G--- 2842

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110 ---GC---A---C---T---G---G---C---G---G---G---T---CA---G---G---T---G---AT---G---T---G--- 2833

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA ---C---A---T---G---A---A---C---G---G---T---G---CA---G---G---A---G---T---C---AT---G---GT---G--- 2661

11 cpx. CM. 96. 4496 ---A---T---G---A---A---T---TC---G---GG---CA---G---TAC---AT---G---GT---G--- 2825

11 cpx. FR. 99. MP1298 ---C---A---TT---A---AA---C---C---G---G---CA---G---G---T---C---AT---G---GT---G--- 3459

11 cpx. GR. -. GR17 ---C---TG---A---C---C---G---GG---CA---G---G---T---C---AT---G---GT---G--- 2767

12 BF. AR. 97. A32879 ---A---G---GG---G---C---G---T---T---A--- 3029

12 BF. AR. 99. ARMA159 ---A---G---A---G---G---G---G---G---A--- 3470

12 BF. ES. 02. X1241 ---G---A---G---G---G---G---A--- 2716

12 BF. UY. 99. URTR23 ---G---G---A---G---G---G---C---A--- 3491

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN ---C---A---T---A---G---A---A---CC---G---GG---CA---G---T---G---T---C---AT---T---G--- 2691

13 cpx. CM. 96. 1849 ---C---A---A---C---T---A---A---C---G---GG---CA---G---T---G---TAC---AT---T---G--- 2870

13 cpx. CM. 96. 4164 ---A---C---T---A---G---A---C---G---GG---CA---G---G---T---C---G---AT---T---G--- 2867

14 BG. ES. 00. X605 ---C---A---C---T---AA---C---G---G---T---CA---G---T---C---AT---G---T---G--- 2903

14 BG. ES. 00. X623 ---C---A---C---T---AA---C---A---G---G---CA---G---T---C---AT---G---T---G--- 2905

14 BG. ES. 99. X397 ---C---A---C---T---AA---C---G---G---T---CA---G---T---C---AT---G---T---G--- 2906

14 BG. ES. 99. X421 ---C---A---C---T---AA---C---G---G---T---CA---G---T---C---AT---G---T---G--- 2903

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 ---C---A---A---TG---G---A---C---G---G---C---G---G---T---CA---G---G---T---AT---G---T---G--- 2697

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 ---C---A---A---T---G---G---G---A---C---G---G---C---G---G---T---C---G---TAC---AT---T---G--- 2686

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 ---C---A---A---TG---G---G---A---C---G---G---C---G---G---T---G---CA---G---T---G---T---AT---T---G--- 2864

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 ---C---A---A---TG---G---G---A---C---G---G---C---G---G---T---G---C---G---GA---G---AT---GT---G--- 2820

16 A2D. KR. 97. 97KR004 ---G---A---TG---A---A---C---G---G---G---G---G---G---T---G---CA---G---G---TA---AT---T---A---A---G--- 2828

18 cpx. CM. 97. CM53379 ---C---A---T---A---A---A---C---T---G---GG---CA---G---G---T---AT---G---T---G--- 2659

N. CM. -. YBF106 ---G---A---C---T---A---C---AA---GC---T---T---AA---C---G---TT---G---G---CA---TT---T---C---AT---A--- 3057

N. CM. 02. DJ00131 ---G---A---C---T---A---C---AA---GC---T---G---T---AA---C---T---TT---G---G---CAACT---T---A---AT---T---A--- 2971

N. CM. 95. YBF30 ---G---A---T---AA---C---C---T---A---C---G---AA---GC---C---T---AA---C---TT---G---G---CAACT---T---A--- 3059

O. BE. 87. ANT70 ---GC---A---A---C---T---A---A---G---G---AG---G---GT---AA---C---GT---T---G---TT---GTAG---G---G---T---A---AG--- 3520

O. CM. -. 96CMABB637 ---G---A---A---T---AG---A---G---AAG---C---GT---AA---C---GT---T---G---TT---G---GTA---G---A---A--- 2949

O. CM. 91. MVP5180 ---A---A---C---T---A---A---G---AAG---G---C---GT---AA---C---T---T---G---G---TT---GTA---G---A---T---A---A--- 3495

O. SN. 99. SEMP1300 ---A---A---C---T---A---A---G---AAG---G---GT---AA---C---GT---T---G---G---TT---GTA---G---G---T---A---AG---G--- 3519

CPZ. CD. -. ANT ---A---A---C---ACT---A---G---G---G---A---C---GT---GAGT---TAG---G---A---A---G---TAGG---AT---T---A---A--- 2904

CPZ. GA. -. CPZGAB ---G---A---A---A---A---A---G---G---GA---A---A---GAA---G---T---G---T---C---CC---AT---T---A---A--- 3526

CPZ. TZ. -. TAN1 ---C---T---C---A---T---AT---A---A---ACT---AAG---C---C---T---GA---GTA---G---T---T---GCC---G---GA---A---G---CAGG---AT---G---GT---A---A--- 3109

CPZ. US. 85. CPZUS ---C---C---C---A---T---A---A---A---A---G---C---T---AA---A---A---G---T---T---T---TG---AATT---T---C---T---G---AA---G---GT---A---A--- 3525

Pol p51 RT

K L N W A S Q I Y P G I K V R Q L C K L L R G T K A L T E V I P L T E E A E L E L A E Pol

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	ACAGAGAGATTCTAAAAGAACCAGTACATGGAGTGTATTATGACCCATCAAAGACTTAATAGCAGAAATACAGAAGCAGGGGCAAGGCCAATGGACATATCAAATTTATCAAGACCCATTTAAAAATCT	3595
A1.KE.94.Q23_17	---G-----T-----G-A-----A-A-----A-----T-----	3053
A1.RU.03.03RU20_06_13	---G-----T-G-----A-----G-----T-----G-----A-A-A-----G-----	3072
A1.SE.94.SE7253	---G-A-----G-C-T-G-----G-A-----A-A-----T-A-----G-----G-----	2799
A1.TZ.01.A173	---G-A-----T-G-----C-----T-----T-----G-----A-A-----A-----C-----G-----	2794
A1.UA.00.98UA0116	---G-----T-G-----A-----T-----G-----G-----A-A-A-----A-----G-----G-----	3594
A1.UG.92.92UG037	---G-----T-----C-T-G-----CA-----G-----A-A-----A-----T-----A-----G-----	2962
A1.UG.98.98UG57136	---G-----C-T-G-----G-A-----T-----A-A-----A-----A-----A-----G-----	2800
A2.CD.97.97CDKFE4	---G-----A-C-T-----G-A-C-----A-A-----AT-----	2400
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	---G-----C-T-----G-A-----A-A-----T-----A-----	2933
A2.CY.94.94CY017_41	---G-A--T--ACC--T--G-A-C-----A-A-----A-----T-----G-A--C--G-----	2952
A3.SN.01.DDI579	---G-----C-T-G-----G-CA-----A-A-----AA-----C-----G-----	2793
A3.SN.01.DDJ369	---G-----C-T-G-----G-A-----G-----A-A-----A-----C-----G-----	2796
A3.SN.96.DDJ360	---G-----C-T-G-----G-CA-----A-A-----A-----C-----G--T-----	2793
B.AR.00.ARMS008	---G-A-----G-----G-----G-----ACA-T-----	2800
B.AU.96.MBCD36	---G-A-----G-A-----A-----T-----T-----G-----A-C-----G-----G-----	2950
B.CO.01.PCM074	---G-----T-----G-----A-----A-----G-----A-----	2812
B.GA.88.OYI	---G-----A-----G-----T-----A-----A-----	3138
B.NL.00.671_00T36	---G-A-----A-----A-----A-----	3160
B.RU.-.04RUI29005	---G-A-----K-----T-----R-----	3099
B.TH.90.BK132	---G-A-----A-----T-----	2946
B.US.90.WEAU160	---G-A-----G-----GC-----G-----	3594
B.US.98.1058_11	---G-----	2785
C.AR.01.ARG4006	---G-A-----A-----T-----G-----T-----A-----AA-G-----C-----	2779
C.BR.-.04BR013	---G-A-----A-----T-----T-----G-----A-A-----G-G-A-----A-----C-----	3059
C.BR.92.BR025-d	---G-A-----A-----T-----G-----T-----G-----A-A-----GAA-----C-C-----A-----C-----	2933
C.BW.00.00BW07621	---G-A-----A-----T-----T-----T-----C-----A-----A-----T-A-----C-----C-----A-----C-----	2948
C.ET.86.ETH2220	---G-A-----G-----A-T-----T-----C-----A-----A-----T-A-----T-----T-----C-----A-----C-----	2987
C.IN.95.95IN21068	---A-----G-----T-----T-----A-----G-----A-----G-----A-----C-----A-----C-----	2946
C.IN.99.01IN565_10	---A-----T-----T-----A-----A-----T-A-----G-----C-----A-----C-----G-----	2976
C.KE.00.KER2010	---G-CA-----A-----G-----T-----T-----A-----A-----T-A-----G-----C-----A-----C-----	2776
C.TZ.01.BD9_11	-T-G-A-----A-----G-----T-----A-----A-----T-A-----G-----C-----G-----C-----	2803
C.UY.01.TRA3011	---G-A-----T-----CA-----G-----T-----A-A-AC-G-----C-----A-----T-----C-----T-----	2767
C.ZA.04.SK164B1	---G-A-----G-----G-----T-----A-----A-----T-A-----C-----A-----C-----	3005
C.ZM.96.96ZM651	-AG-A-----T-----G-A-----G-----T-----A-----A-----T-A-----C-----G-----A-----C-----	2924
D.CD.83.ELI	---G-A-----T-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----	3141
D.CD.83.NDK	---G-A-----C-----A-A-----G-C-----C-----A-----	3130
D.CM.01.01CM_4412HAL	---AG-A-----C-----C-----G-----A-A-----G-T-----T-GG-----A-----	2809
D.KE.01.NKU3006	---G-A-----A-----A-----G-A-----T-T-GG-G-----A-----A-----	2800
D.TD.99.MN012	---G-----C-G-----G-----G-----A-----A-----A-----T-T-GG-G-----A-----	2819
D.TZ.01.A280	-T-G-----G-----A-----CA-----A-----A-----A-----A-----A-----	2796
D.UG.94.94UG114	---G-A-----A-----C-----A-----A-----AT-----A-----A-----A-----	2950
D.UG.99.99UGD23550	---G-A-----G-----T-----A-----A-----AT-----A-----A-----A-----	2800
D.UG.99.99UGK09958	---G-A-----C-----A-----A-----AT-----A-----A-----	2794
D.ZA.86.R482	---G-A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----	2859
F1.BE.93.VI850	-T-G-----G-----G-A-----A-----AG-C-G-----GA-C-----	2932
F1.BR.89.BZ126	-T-G-----G-----G-----G-----A-----A-----T-G-----	2945
F1.BR.93.93BR020_1	-T-G-----G-CA-----G-----A-----A-----G-----	2923
F1.FI.93.FIN9363	-T-G-----G-----G-A-----C-A-T-----A-----A-----A-----C-G-----	2924
F1.FR.96.MP411	---G-----G-----G-A-----C-G-----A-----A-----	2797
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---G-A-----G-A-----T-----A-----A-----T-AT-----A-----CA-G-----	2785
F2.CM.95.MP255	---G-----A-----G-A-----G-----T-----A-----A-----T-AT-----A-----A-----T-----	2791
F2.CM.95.MP257	---G-A-----G-A-----T-----A-----A-----A-----C-----CA-----	2803
F2.CM.97.CM53657	---G-A-----G-A-----TC-----G-----A-----A-----C-A-----CA-----	2785
G.BE.96.DRCBL	---G-----T-----C-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----	3552
G.CM.01.01CM_4049HAN	-AG-A-----T-----T-----C-----A-----A-----T-A-----AC-----	2797
G.ES.99.X138	---G-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----A-----T-A-----G-----C-----C-----AC-----	3036
G.FI.93.HH8793_12_1	---G-----T-----C-----G-----G-----A-----A-----AA-----A-----C-----AC-----	2995
G.NG.92.92NG083	---G-A-----T-----C-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----AC-----	2964
G.SE.93.SE6165	---G-A-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----A-----T-A-----AC-----	2992
H.BE.93.VI991	---G-----CA-----T-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----	2984
H.BE.93.VI997	---G-----G-----A-----A-----T-----A-----C-----A-----C-----	2919
H.CF.90.056	---G-----G-G-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----G-----	2942
J.SE.93.SE7887	---A-----G-A-----T-G-----A-----G-G-----A-A-----TG-A-----G-----C-----	2909
J.SE.94.SE7022	---AG-----G-A-----G-A-----G--G--A-----G-G-----A-A-----TG-A-----G-----C-----	2910
K.CD.97.EQTB11C	---A-----G-----G-A-C-----A-----C-----A-----A-----T-----	2791
K.CM.96.MP535	---G-----G-----G-A-----A-----A-----A-----T-A-----A-----CA-----	2791
01_AE.TH.00.OUR200I	---G-A-----ACC--T--G-----A-----G-----G-----A-A-----G-A-----C-----G-----	2803
01_AE.TH.01.OUR414I	---G-----ACC--T--G-----G-----G-----A-----A-----G-A-----A-----	2791
01_AE.TH.02.OUR769I	---G-----ACC--T--G-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----	2794
01_AE.TH.90.CM240	---G-----ACC--T--G-----A-----G-----G-----A-----A-----G-A-----	3169

B. FR. 83. HXB2 ACAGAGAGATTCTAAAAGAACCAGTACATGGAGTGTATTATGACCCATCAAAGACTTAATAGCAGAAATACAGAAGCAGGGGCAAGGCCAATGGACATATCAAATTTATCAAGACCATTTAAAAATCT 3595

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE ---G-A-----G-C-----A-C-----A-----G-----A-A-----A-----A----- 2785

02 AG. FR. 91. DJ264 ---G-A-----T-----A-----G-----C-----A-A-----A-----A----- 2944

02 AG. NG. -. IBNG ---G-A-----T-----G-A-----A-----G-----T-----A-A-----A-----T----- 3120

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 ---G-A-----T-----A-----A-----A-----T-----A-A-----A-----G----- 2782

03 AB. BY. 00. 98BY10443 ---G-----G-----A-----A-----G----- 3598

03 AB. RU. 97. KAL153 2 ---G-----G-----A-----A----- 2821

03 AB. RU. 98. RU9800I ---G-----T-----G-----G-----A----- 2965

04 cpx. CY. 94. CY032 ---G-----G-CA-----A-----T-----A-----CA----- 2961

04 cpx. GR. 91. 97PVCH ---G-----G-CA C-----A-----A-----A-----A-----A----- 3612

04 cpx. GR. 97. 97PVMY ---G-----G-CA-----A-----T-----R-----A-----A----- 3609

05 DF. BE. -. VI1310 ---G-A-----G-----G-----A-A-----T-G-----A-----A-----G----- 2977

05 DF. BE. 93. VI961 ---G-A-----G-A-----G-----A-A-----AG-----A-----A----- 2950

05 DF. ES. 99. X492 ---G-A-----G-A-----A-----G-----A-C-A-----A-----A----- 2948

06 cpx. AU. 96. BFP90 ---G-A--T-----G-A-----G-----G-----T-C-----C-----A-----G-----CA-----C-- 3623

06 cpx. EE. -. EEO359 ---G-A--T-----G-----G-A-C-----G-----A-----T-----A-----G-----CA-----C-- 3251

06 cpx. ML. 95. 95ML127 ---G-A-----G-CA-----G-----A-----A-----G-----A-----G-----CA-----C-- 3612

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 -T-G-A-----G-----G-----G-A-----A-----A-----A-----G-----TA-----CA-----C-- 3654

07 BC. CN. -. CNGL179 ---G-A-----A-C-----G-----T-----A-----G-A-----C-----A-----C----- 2807

07 BC. CN. 97. 97CN001 ---G-A-----GG-T-----A-----G-AA-----C-----A-----C----- 2927

07 BC. CN. 97. CN54 ---G-A-----A-C-----G-----T-----A-----G-AA-----C-----A-----C----- 2957

07 BC. CN. 98. 98CN009 ---G-A-----A-A-C-----G-----T-----A-----G-A-----C-----A-----C----- 2927

08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F ---G-A--T-----CA-----A-G-----T-----A-----G-A-----C-----A-----C----- 2775

08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F ---G-A--T-----CA-----A-----T-----A-----G-A-----C-----A-----C----- 2781

08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F ---G-A--T-----CA-----A-G-----T-----A-----G-A-----C-----A-----C----- 2775

08 BC. CN. 98. 98CN006 ---G-A--T-----CA-----A-G-----T-----GA-----G-A-----C-----A-----C----- 2927

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 ---G-----G-T-G-----G-A-----G-----A-A-----A-----A----- 2797

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 ---G-----G-T-G-----G-A-----G-G-----A-A-A-----A-----C-----A----- 2797

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 ---G-----G-T-G-----G-A-----G-----A-A-----A-----T----- 2785

09 cpx. US. 99. 99DE4057 ---G-A-----G-T-----G-A-----G-----A-A-----AT----- 2779

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 ---G-A-----A-----G-----T-----A-----G-A-----A-----CAC----- 2974

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071 ---G-A-----A-----G-----T-----TT-----T-A-----C-----A-----CAC----- 2972

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110 ---G-A-----G-----A-----G-G-----T-G-T-----A-----G-A-----A-----CAC----- 2963

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA ---G-A-----G-----T-C-----T-----A-A-----A-----A-----G-----C-----C----- 2791

11 cpx. CM. 96. 4496 ---G-A-----G-----G-A-----G-----A-----A-----T-A-G-----A-C-----C-----C----- 2955

11 cpx. FR. 99. MP1298 ---G-A-----G-----CA-----AA-----G-G-A-A-A-----TT-A-G-----A-----G-----C-----C----- 3589

11 cpx. GR. -. GR17 -T-G-A-----A-----G-----A-A-----TT-A-G-----A-----T-----C-----C----- 2897

12 BF. AR. 97. A32879 ---G-A-----C-----G-----G-----G----- 3159

12 BF. AR. 99. ARMA159 ---G-A-----G-----G-----G-----T-----C-T-----A----- 3600

12 BF. ES. 02. X1241 ---G-A-----G-----T-----A-----A-----A-----A----- 2846

12 BF. UY. 99. URTR23 ---G-A-----G-----A-----A-----A----- 3621

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN ---G-A--T-----T-----C-----GAG-----A-----A-A-A-----AA-----AC-----C----- 2821

13 cpx. CM. 96. 1849 ---G-A--T-----T-----C-----GAG-----A-----TG-----A-A-A-----AA-----AC-----C----- 3000

13 cpx. CM. 96. 4164 ---G-A--T-----T-----G-C-----GAG-----A-----A-A-AA-----A-----AC-----C----- 2997

14 BG. ES. 00. X605 ---G-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----A-A-----T-A-G-----C-----C-----AC----- 3033

14 BG. ES. 00. X623 ---G-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----A-A-----T-A-G-----C-----C-----AC----- 3035

14 BG. ES. 99. X397 ---G-----G-----T-----C-----A-----G-----G-----A-A-----T-A-G-----C-----C-----AC-----T----- 3036

14 BG. ES. 99. X421 ---G-----G-----T-----C-----A-----A-----G-----A-A-----T-A-G-----C-----C-----AC----- 3033

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 ---G-A-----G-ACC-T-G-----A-----G-----T-----G-----A-A-----A-----A-----T----- 2827

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 ---G-A-----ACC-T-G-----A-----G-----G-----A-A-----A-----A-----A-----T----- 2816

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 ---G-----CC-T-G-----CA-----G-----G-----A-A-----G-A-----A-----G----- 2994

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 ---G-----ACC-C-----A-----G-----G-----A-A-----G-A-----A-----G----- 2950

16 A2D. KR. 97. 97KR004 ---G-----C-T-----G-A-C-----G-----A-A-A-C-A-----A-----A-----C----- 2958

18 cpx. CM. 97. CM53379 ---G-A--G-----T-T-G-----A-----G-----A-A-----T-A-----G-----C----- 2789

N. CM. -. YBF106 ---G-----AT-----CC-----C-----GG-----A-----T-A-A-A-A-----T-G-----G-----A-----T----- 3187

N. CM. 02. DJ00131 ---G-----AT-----G-----CC-----C-C-----GG-----AC-----T-A-A-A-A-----AT-G-----G-----A-----T----- 3101

N. CM. 95. YBF30 ---G-----AT-----CC-G-----C-----GG-----A-----G-----T-A-----A-A-----T-G-----G-----G-----TT-CA-----T----- 3189

O. BE. 87. ANT70 ---G-A-GGT-----C-----G-----G-A-C-----C-A-TGAT-----G-----TC-----TGG-TTA-T-----A-AGGG-AG-----T-C-G-A-----G-AGA-CA-----G-C----- 3650

O. CM. -. 96CMABB637 ---G-A-GG-----T-----A-----C-A-TAAC-----TGG-TTA-T-----T-----T-AA-----G-----G-----G-----TGA-CA-----G-C----- 3079

O. CM. 91. MVP5180 ---G-A-G-----G-----A-----CC-G-TGAC-----GTGG-TTAGT-----T-----T-AG-----G-----T-C-GG-A-----G-TGA-CA-----G-C----- 3625

O. SN. 99. SEMP1300 -T-----A-AGT-----G-----T-A-C-----C-A-TGAC-----TGG-TTA-T-----T-----AA-----A-----G-----T-----G-A-----G-TGA-CA-----G-C----- 3649

CPZ. CD. -. ANT ---T-A-C-A-----C-GC-GAA-A-----G-G-----TAC-C-----C-G-TGGTCT-CCAC-----A-----ACC-----A-A-----TC-----A-----A-----TGA-GGA-----CTGT----- 3034

CPZ. GA. -. CPZGAB ---T-G-----AG-----GCAC-----G-A-C-----T-----GAC-----GC-----A-----CA-CT-----G-----T-----G-A-T-----G-A-----CA-----G-----T----- 3656

CPZ. TZ. -. TAN1 -T-AGC-----AAG-----T-A-----CA-C-----T-----TAA-TT-CCTC-GCA-----C-----A-----G-----A-----G-AGA-GGG-----T----- 3239

CPZ. US. 85. CPZUS ---G-----A-----G-----G-C-----GA-----A-----G-----G-----A-A-A-----AAGGA-T-----G-----C-----T-----A-GCCA-----G----- 3655

Pol p51 RT N R E I L K E P V H G V Y Y D P S K D L I A E I Q K Q G Q G Q W T Y Q I Y Q E P F K N L Pol

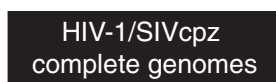
HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	GAAAAACAGGAAAATATGCAAGAATGAGGGGTGCCACACTAATGATGTAAAACAATTAACAGAGGCGAGTGCAAAAAATAACCACAGAAAGCATAGTAATATGGGGAAAG...ACTCCTAAATTTAAACTG	3722
A1.KE.94.Q23_17	A-----G-----AA---TC---T-----G-----G-----A-TG-----GG-GGT---TG-----G-----A	3180
A1.RU.03.03RU20_06_13	A-----A-----A-A-G---TC---T-----G-----G-----CA-TG-----G-GG-----Y---A-----G-----A	3199
A1.SE.94.SE7253	A-----G-----A---TC---T-----G-----G-----A-TG-----G-GGT---TG-----G-----A	2926
A1.TZ.01.A173	A-----G-----A---TC---T-----G-----G-----A-TG-----GG-GGT---TG-----G-----A	2921
A1.UA.00.98UA0116	A-----A-----A-A-G---TC---T-----G-----G-----CA-TG-----G-GG-----G---A-----G-----A	3721
A1.UG.92.92UG037	A-----G-----AA---TC---T-----GG---A-TG-----GG-GGT---TG-----G-----A	3089
A1.UG.98.98UG57136	-----G-----AA-A-TC---T-----G-----A-TG-----G-G---TG-----G-----A	2927
A2.CD.97.97CDKFE4	A-----G-----A---AATCCA-A-----A-----A-----G---T-----G---T-A	2527
A2.CD.97.97CDKS10	-----G-----A---G---A-TCCA-----C-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----A	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----A---G---TCCA-----A-----G-----A-----A-----TG-----G-----T-A	3060
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----A---G---TCCA-----A-----G-----A-----A-----TG-----G-----T-A	3079
A3.SN.01.DDI579	-----A---TC-T-T-----G-----GT---A-TG-----G-GGT-----G-----C-----G-----A	2920
A3.SN.01.DDJ369	-----AA---TC---T-T-----G-----GT---A-T-----G-----GT-----G-----C-----A	2923
A3.SN.96.DDJ360	A-----A---A-TC-T-T-----G-----G-----GT---A-TG-----G-GGT-----G-----C-----A	2920
B.AR.00.ARMS008	-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----GT-----T-A	2927
B.AU.96.MBCD36	A---G-----A---C-----CA-----A-----A-----G-----G-----AA-----G-----A	3077
B.CO.01.PCM074	A---G-----G-----CA-----A-----A-----G-----G-----T-----CA-----A	2939
B.GA.88.OYI	-----G-----A---G-----A-----A-----GG-----G-----G-----R-----TY-----T-A	3265
B.NL.00.671_00T36	-----G-----A---G-----A-----A-----GG-----G-----G-----R-----TY-----T-A	3287
B.RU.-.04RUI29005	-----R-----A-----A-----A-----GG-----G-----G-----R-----TY-----T-A	3226
B.TH.90.BK132	A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A	3073
B.US.90.WEAU160	A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A	3721
B.US.98.1058_11	A---G-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A	2912
C.AR.01.ARG4006	-----A---AC-----G-----G-----G-----CAG-----A-----C-----G-T-A	2906
C.BR.-.04BR013	-----A---AC-----C-G-----G-----G-----CAG-----A-----A-----G-----G-T-A	3186
C.BR.92.BR025-d	-----A---AC-----G-----G-----G-----CTG-----A-----C-----G-T-A	3060
C.BW.00.00BW07621	-----G-----A---AC-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----C-G-A	3075
C.ET.86.ETH2220	-----G-G-T---A---GAG-AC-----G-----G-----C---T-----G-----G-----CTG-----G-T-A	3114
C.IN.95.95IN21068	-----G-G---A---AC-----G-----G-----T-----G-----G-----CTG-----G-T-A	3073
C.IN.99.01IN5655_10	A-----G-G---A---AC-----G-----G-----G-----G-----G-----G-A-----G-T-A	3103
C.KE.00.KER2010	A-----G-G---A---AC-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-T-	2903
C.TZ.01.BD9_11	-----G-----A---TC-----G-----G-----G-----AGTG-----G-----G-----G-T-A	2930
C.UY.01.TRA3011	-----A---A---AC-----G-----G-----G-----CT---G-----A-----G-----G-T-A	2894
C.ZA.04.SK164B1	-----G-----G-----A---AC---A-----G-----G-----G-----CTG-----G-----G-----	3132
C.ZM.96.96ZM651	-----G-----G-----A---ACA-----G-----G-----G-----CTG-G-----G-----T-----G-A	3051
D.CD.83.ELI	-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----G-----G-----G-----G-A	3268
D.CD.83.NDK	A-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A	3257
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-A	2936
D.KE.01.NKU3006	-----G-----A-T-----A-----A-----G-----CA---T-T-----G-----A-----G-A	2927
D.TD.99.MN012	-----G-----A-----A-----A-----G-----CTG-----G-----G-----G-----G-A	2946
D.TZ.01.A280	-----G-----A---A---A-----G-----CT---G-T-----G-----T-----G-----	2923
D.UG.94.94UG114	-----G-----G-A---A---A-----G-----G-----G-----CA---T-T-----G-----G-A	3077
D.UG.99.99UGD23550	A-----G-----A---A---A-----G-----G-----G-----CA---T-T-----G-----A---C-----G-A	2927
D.UG.99.99UGK09958	-----G-----A-T-----A-----G-----G-----CA---T-T-----G-----G-----G-A	2921
D.ZA.86.R482	-----G-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2986
F1.BE.93.VI850	A-----G-----A-G---TCG-----A-----A-----G-----G-TTT-----G-----AGAT-----G-----A	3062
F1.BR.89.BZ126	A-----G-----A---TC-----A-----A-----G-----G-TCT-----G-----G-----A	3072
F1.BR.93.93BR020_1	A-----G-----A---TC-----G-----A-----A-----G-----T-TCT-----C-----G-----G-A	3050
F1.FI.93.FIN9363	A-----G-----A---TC-----A-----A-----G-----G-TCT-----G-----G-----A	3051
F1.FR.96.MP411	A-----G-----A---CA---TC-----A---G-----T-----GG-G-T-GG---T-----G-----G---GG-A	2924
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----G-----A---G---TC-----A-TG-A-----G-----G-----G-----GTC-----G-----A	2912
F2.CM.95.MP255	-----A---G---A-TC-----A-T---A-----G-----G-----G-----G-----G-----A	2918
F2.CM.95.MP257	-----G-----G---A-TC-----G-----A---T-----G-----G-----G-----A---GT-----G-A	2930
F2.CM.97.CM53657	-----G-----G---TC-----A-T-----G-----G-----G-----A---GT-----GG-A	2912
G.BE.96.DRCBL	-----A-GG-G---TC-----G-----A-T-----G-----GG---A-----T-----T-A	3679
G.CM.01.01CM_4049HAN	A-----A---A-G---TC-----G-----A-T-----G-----G-----G-----TC-----A	2924
G.ES.99.X138	-----A---G-G---TC-----A-T-----G-----G-----G-----A-----A-----A	3163
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A---G-G---AC-----A-T-----G-----G-----G-----A-----A-----A	3122
G.NG.92.92NG083	A-----A---G-G---TC-----A-T-----G-----G-----GG-----C-----T-----A	3091
G.SE.93.SE6165	-----G-----A---G-G---TC-----G-----A-T-----G-----G-----G-----C-----A	3119
H.BE.93.VI991	-----G-----A---TC-----G-----G-----A-T---A-----G-T-----A---T-----G-T-A	3111
H.BE.93.VI997	A-----A---AAA-----G-----A-----A-----G-T-----A---T-----T-A	3046
H.CF.90.056	-----G-----A---AAC-----A-----A-----G---T-T-----A---T-----G-A	3069
J.SE.93.SE7887	-----G-----A---G---A-----G-----G-----A-TG-----G---TTG---GC-----A-----G-A	3036
J.SE.94.SE7022	-----A---G---A-----G-----T---C-A-TG-----G---TTG---GC-----G-----A-----G-A	3037
K.CD.97.EQTB11C	-----G-G-----A---TC-----G-----G-----A-T-----G-G---TG-----A-----G-T-A	2918
K.CM.96.MP535	-----G-G-----A---ATC-----G-----G-----A-----G---TG-----G-----A-----G-A	2918
01_AE.TH.00.OUR200I	A-----C---AA---TC---T-----G-----GG---A-TG-----G-----T-----G-C-----A	2930
01_AE.TH.01.OUR4141	A-----C---AA---TC---T-----G-----A---TG-----G-----C-----G-----A	2918
01_AE.TH.02.OUR769I	A-G-----A---AA---TC---T-----G-----A---TG-----G-----C-----C-----G-A	2921
01_AE.TH.90.CM240	A-----C---GAG---TC---T-----G-----A---TG-----G-----G-----C-----G-A	3296

B. FR. 83. HXB2
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE
02 AG. FR. 91. DJ264
02 AG. NG. -. IBNG
02 AG. UZ. 02. 02UZ693
03 AB. BY. 00. 98BY10443
03 AB. RU. 97. KAL153 2
03 AB. RU. 98. RU9800I
04 cpx. CY. 94. CY032
04 cpx. GR. 91. 97PVCH
04 cpx. GR. 97. 97PVMY
05 DF. BE. -. VI1310
05 DF. BE. 93. VI961
05 DF. ES. 99. X492
06 cpx. AU. 96. BFP90
06 cpx. EE. -. EEO359
06 cpx. ML. 95. 95ML127
06 cpx. SN. 97. 97SE1078
07 BC. CN. -. CNGL179
07 BC. CN. 97. 97CN001
07 BC. CN. 97. CN54
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F
08 BC. CN. 98. 98CN006
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
09 cpx. SN. 95. 95SN1795
09 cpx. SN. 95. 95SN7808
09 cpx. US. 99. 99DE4057
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA
11 cpx. CM. 96. 4496
11 cpx. FR. 99. MP1298
11 cpx. GR. -. GR17
12 BF. AR. 97. A32879
12 BF. AR. 99. ARMA159
12 BF. ES. 02. X1241
12 BF. UY. 99. URTR23
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN
13 cpx. CM. 96. 1849
13 cpx. CM. 96. 4164
14 BG. ES. 00. X605
14 BG. ES. 00. X623
14 BG. ES. 99. X397
14 BG. ES. 99. X421
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
15 01B. TH. 99. 99TH R2399
16 A2D. KR. 97. 97KR004
18 cpx. CM. 97. CM53379
N. CM. -. YBF106
N. CM. 02. DJ00131
N. CM. 95. YBF30
O. BE. 87. ANT70
O. CM. -. 96CMABB637
O. CM. 91. MVP5180
O. SN. 99. SEMP1300
CPZ. CD. -. ANT
CPZ. GA. -. CPZGAB
CPZ. TZ. -. TAN1
CPZ. US. 85. CPZUS
Pol p51 RT

GAAAAACAGGAAAATATGCAAGAATGAGGGGTGCCACACTAATGATGTAAAACAATTAACAGAGGCGAGTGCAAAAAATAACCACAGAAAAGCATAGTAATATGGGGAAAAG . . . ACTCCTAAATTTAAACTG
A-----A-A---TC-----G-----T-----GC-G-T-----A...-C-----G---A 2912
A-----A-G---TC-----T-----G-GG-T-----C-----G---GC-A 3071
A-----A-A---TC-----G-----T-----G-G-T-TG-----C-----G---A 3247
-----G-----A-A---TC-A-----G-----T-----GG-GG-T-----T-----C-----G---A 2909
-----CA-----A-----C-----G-----T-----T-----A 3725
-----C-----G-----G-----T-----A 2948
-----C-----A-----C-----G-----T-----A 3092
-----G-G-----CC-ATC-----T-G-----A-----G-----G-TG-T-----G---G-T-A 3088
-----G-G-----A-CC-ATC-----G-----A-T-A-----G-----TG-T-----G---G-T-A 3739
-----G-G-----A-CC-TC-----G-----A-----A-----G-----TG-T-----G---G-T-A 3736
A-----G-----GGC-----T-----G-----G-----G-A-----G-----G---A 3104
-----G-----G-C---AA-----G-----G-----G-----G---A 3077
-----G-----G-C-----G-----A-----G-----G-----A-----G---A 3075
-----G-G-----A-A-TC-----A-----A-----G-CT-----T-----G---A 3750
-----G-G-----A-A-A-TC-----A-----A-----G-CAG-----G-----G---A 3378
-----G-G-----A-A-A-TC-A-T-----A-----G-----G-----G---A 3739
-----G-G-----CA-AATC-----GG-----A-----G-----G-CT-----G---A 3781
A-----G-G-----G-A-----AC-----T-----G-----G---TG-----G-T-A 2934
A-----G-G-----A-----AC-----T-----G-----G---TG-----A-----G-T-A 3054
A-----G-G-----A-----AC-----T-----G-----G---TG-----G-----G-T-A 3084
A-----G-G-----A-----AC-----T-----G-----G---TG-----A-----G-T-A 3054
-----G-G-----A-----AC-----G-----T-----G-----G---TG-----T-----G-T-A 2902
-----G-G-----A-----AC-----G-----T-----G-----G---TG-----T-----G-T-A 2908
-----G-G-----A-----AC-----G-----T-----G-----G---TG-----T-----G-T-A 2902
-----G-G-----A-----AC-----G-----T-----G-----G---TG-----T-----G-T-A 3054
-----A-----TC---T-----G-----G-----A-TG-----GG-G-----C-----T-A 2924
-----A-A-A-TC---T-----A-----G-----G-----A-TG-----G-T-----C-----G-T-A 2924
C-----G-----A-A-A-TC-A-T-----A-----GG-----A-TG-----GG-GG-----G-----T-A 2912
-----G-----A-A-A-TC---T-----A-----G-----G-----A-TG-----GG-G---TTG---T-----G-C-C-----T--- 2906
-----G-----A-G---AAC-----C-----C-----C-----G-CA---T-T---G-----G---A 3101
-----G-----A-G---AAC---T-----G-----G-----A-TG-----G-----G-T-A 3099
-----G-----A-----AAC-----T-----A-----G-CA---T---G-----G---A 3090
-----A-G---AC-----GG-G-----A-T-ACA-----TG-----A-----A---T---G---C-G---A 2918
-----G-----A-G---AC-----GG-----A-TG---A---AC---T-TGTG-----A---T---G---G---A 3082
-----G-----G-G---A-G---AC-----GG-----G---AAT---A-----G---TTG---A-----G---A 3716
-----G-----A-G---AC-----C-----C-G-----G-G---A-TG---A-----G---TTG---G-----A---T---G---G-T-A 3024
-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G---G--- 3286
-----A-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G---A 3727
-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G---G-T-A 2973
-----A-----T-----T-----G-----G---A 3748
-----AG-G-G-TC-A-----A-----G---C-----A-T-----GG-GG-----G-----G---C 2948
-----A-G-G-TC-----A-----A-----C-----A-T-----GG-GG-----C-----T-----CT-----C 3127
-----A-G-G-TC-T-----A-----C-----A-----A-----GG-G-----G-----T-----T-----C 3124
-----A-G-G-TC-----A-T-----G-----G-----A-----A-----T-----G---A 3160
-----A-G-G-TC-----A-----A-----CCT-----G-----G-----A-----A-----A 3162
-----A-G-G-TC-----A-T-----A-----G-----G-----A-----A-----A 3163
-----A-G-G-TC-----A-T-----G-----G-----A-----A-----A-----A 3160
A-----AA---TC---T-----G-----G-----A-TG-----G-----G-----TC-----G--- 2954
A-G-----AA---TC---T-----G-----G-----A-TG-----G-----A---TC-----G---A 2943
-----C-----AA---TC---T-----G-----G-----A-TG-----G-----C-----G---A 3121
A-----C-----AA---TC---T-----G-----G-----A-TG-----G-----C-----G---A 3077
A-----G-----A-G---TCCA-----A-----A-----TCCA---GT---TG-----A---T-----G-T-A 3085
A-G-----G-----A-GA-A-TC---T-----GT---A-TG-----G-GG-----G-----TC-----G-T-A 2916
A-----G-----A-Y---ATC---T---T-----A-----G-G---G-T-CA-TG---A-----GG-GG-A-----T-----T-----G---T-A 3314
A-----G-----A-G---ATC---T-----A-----G---GTT---A-TG---A-----G-G-A-----G-T-----T-----G---T-A 3228
A-----G-----A-----ATC---T-----A-----G---GTT---A-TG---AAGG---G-GG-A-----T-----T-----G-T-A 3316
C-----G-----A-T---GCAA-A---CCT-----A-----A-----G-----G---A-T-A-C-G---GG-GT-TCA---TCT---A-T-C-----A...TTG-----G--- 3777
C-----G-----T---GCAA-A---CCT-----A-----GA-----G---C-G---A-T-C-G---G-G-TCA---TCT---T-C-----A...TTG-----G--- 3206
T-----G-----T---GCAA-A---CCT-----A-----A-----G-----GG---A-T---C-G---GG-GT-TCA---GCT---T-----G-A...TTA-----C-GG--- 3752
C-----G-----A-T-AGCAA-A---CCT-T-----A-----A-----G-----G---A-T-C-C-G---GG-GT-TCA---GCT---A-T-C-----A...TTG-----G--- 3776
A---G-----T---GCCT-CA---AA-T-----G---T-GG-----G-T-GA-T-----GGATT-----T-----T---C-----G---GTA---A-----C---T-A 3161
---G-----G-----C---CAA---TCA---A-----CA-C-GG-----C-GG-G-A-----A-----TG-T---T-----A---A-----GGT-A 3783
A-----G-----A-TCACCA---A-----C-----GA---G-----GACTGA-A-G-----GG---AT---G-----A---T---T---TT---GTG-----TT-T-A 3366
A-G-----C---CAA---ATCA---A---T-----A-C-G---GC---GTT---A-TG-----G-T---T---G-----T---C---T-----GTA---A-----T--- 3782

K T G K Y A R M R G A H T N D V K Q L T E A V Q K I T T E S I V I W G K . T P K F K L Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	CCCATACAAAAGGAAACATGGGAAACATGGTGGACAGAGTATTGGCAAGCCACCTGGATTCTCTGAGTGGGAGTTTGTTAATACCCCTCCCTTAGTGAAATATGGTACCAGTTAGAGAAGAACCATAG	3852
A1.KE.94.Q23_17	-----A-----C-----TG-C-----G-T-----T--A--A--C-----TC--A--G-----A-----C-----	3310
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----G-----TG--C-----G-T-----A-----C-----TC--A--C-----G-----C-----	3329
A1.SE.94.SE7253	-----A-----TG-C-----G-T-----A--A--C-----TC--A-----C-----C-----	3056
A1.TZ.01.A173	-----TG-C-----G-T-----C--A--A--C-----TC--A-----C-----C-----A	3051
A1.UA.00.98UA0116	-----A-----G-----TG--C-----G-T-----A-----A--C-----TC--A--C-----C-G-----C-----	3851
A1.UG.92.92UG037	-----A-----TG-C-----G-T-----A-----A-----C-----TC--A-----C-----C-----	3219
A1.UG.98.98UG57136	-----G-A-T-----G-----TG-C-----G-T-T--C--A-----C--C-----TC--A--G-----A-----C-----	3057
A2.CD.97.97CDKFE4	-----A-----G-----G-----G-T-----C-----C-----TC--A--C-----A-----A-C-----C-----	2657
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	-----A-----G-----G--GG--G-T-----C-----C-----TC--A--C-----A-C-----	3190
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----G-G--GG--G-T-----C-----C-----TC--A--C-G-----A-----	3209
A3.SN.01.DDI579	-----A-----TG-----G-T--AT--C--A-----C-----TC--A-----G--C-----A	3050
A3.SN.01.DDJ369	-----A-----C-----G-----G-T--T--A-----C-----TC--A-----G--C-----	3053
A3.SN.96.DDJ360	-----A-----C-----TG-----G-T--T--A-----C-----TC--A-----A-G--C-----	3050
B.AR.00.ARMS008	-----G--G-----G-----TG-----A--A-----C-----C-----	3057
B.AU.96.MBCD36	-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----	3207
B.CO.01.PCM074	-----A-----T-----A--C--A-----C-----A-----A-----	3068
B.GA.88.OYI	-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----	3395
B.NL.00.671_00T36	-----A-----G-----C-----C-----A-----A--G-----	3417
B.RU.-.04RUI29005	-----A-----A-----C-----C-----R-----R--M-----	3356
B.TH.90.BK132	-----A-----C-----C-----A-----G-----	3203
B.US.90.WEAU160	-----A-----C-----C-----T-----	3851
B.US.98.1058_11	-----T-----T-----A--C-----	3042
C.AR.01.ARG4006	---C-G-A-----GT-----C-----C--A-G-----C-G-----A	3036
C.BR.-.04BR013	---C-G-A-----G-----A-----C-----A-G-----C-G-A-----C	3316
C.BR.92.BR025-d	---C-G-A-----G-----C-----G--A-----T-----C--A-----C-G-----C	3190
C.BW.00.00BW07621	---C--A-----G-----C-----T-----C-----C--A-----C-G-A-----C--T-G-	3205
C.ET.86.ETH2220	---C-G-A-----G-----C-----A-----C--A-----C--A-----C-----	3244
C.IN.95.95IN21068	---C--A-----G-----C-----A-----A-----A-----G--A--G-----	3203
C.IN.99.01IN565_10	---C--A-----C-----C-----A-----C--A-----C-G-----	3233
C.KE.00.KER2010	---A-C--A-----G-----C-----C-----A--C-----C-G-----T-----	3033
C.TZ.01.BD9_11	---C--A-----C-----C-----A-----C-----C-G-----A	3060
C.UY.01.TRA3011	---C-G-A-----G-----C-----T-----C--A-----C-----	3024
C.ZA.04.SK164B1	---C--A-----G-----C-----C-----A-----T-----C-----	3262
C.ZM.96.96ZM651	---C--A-----C-----C-----T-----A-----C-G-----	3181
D.CD.83.ELI	-----G-----T-----A--C-----T--A-----G-----G-----A	3398
D.CD.83.NDK	-----T-----A--C-----T--A-----G-----A-----A	3387
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----CG--TG-----G--T-----C-----T--A-----T-----A--G-----A	3066
D.KE.01.NKU3006	-----A-----CG--TG-----C--G--T-----C-----T--C--G-----A--G-----A	3057
D.TD.99.MN012	-----G-----TG-----T-----C-----T--A-----T-----A--G-----A	3076
D.TZ.01.A280	-----G-----T-----C-----T--T-----T-----A--G-----A	3053
D.UG.94.94UG114	-----G-----A--C--C-----T--T-----T-----G-----	3207
D.UG.99.99UGD23550	-----G-----G-----T--T-----T-----G-----T	3057
D.UG.99.99UGK09958	-----A-C--G-----G-----T--T-----T-----C-----G-----	3051
D.ZA.86.R482	-----T-----A-----A--C-----C-----A-----A-----GG-----	3116
F1.BE.93.VI850	-----TG--A--G-----T-----T-----A-----C-----C--TC-----C-----A-C--G-----	3192
F1.BR.89.BZ126	-----T--A--G-----C-----A-----C-----C--TC-----A--C-----T--C-----A-C--G-----	3202
F1.BR.93.93BR020_1	-----TT--A--G-----T-----C-----C-----C--TC-----A--C-----T-----A--C--G-----	3180
F1.FI.93.FIN9363	-----T--T--A--G-----T-----C-----C-----C--TC-----A--C-----T--A-----A--C--G-----	3181
F1.FR.96.MP411	-----G-----T-----T-----A-----C-----C-----C--TC-----A--C-----T-----A--C--G-----CA	3054
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----A-----A-----C-----C-----TC--A-----A-----A--C--G-----A	3042
F2.CM.95.MP255	-----T-----G-----A-----C-----TC--A-----A-----A--C-----	3048
F2.CM.95.MP257	-----T-----G-----T-----A-----C-----TC--A-----A-----A--C-----T--A	3060
F2.CM.97.CM53657	-----A-----G-----T-----A-----C-----TC--A-----T--A-----A--C--G-----T	3042
G.BE.96.DRCBL	---T--A--A-----GTG-----G--T-----C-----C-----T--C-----T-----A--C-----C	3809
G.CM.01.01CM_4049HAN	---T--G--A-----GT-----G-----G-----C-----C-----TC--A-----G-----T-----A--C-----C	3054
G.ES.99.X138	---T--G--A-----GT-----A-----G-----C-----A-----C-----TC--A-----T-----G-----A--C-----	3293
G.FI.93.HH8793_12_1	---T--G--A-----GT-----A-----G-----T-----C-----C-----TC--A-----G-----T-----G-----A--C-----C	3252
G.NG.92.92NG083	---T--G--A-----GT-----C-----G--G-----C-----C-----TC--A-----C-----T--A-----A--C-----C	3221
G.SE.93.SE6165	---T--G--A-----T-----C-----G-----C-----C-----TC--A-----G-----T-----G-----A--C-----C	3249
H.BE.93.VI991	---T--A-----G-----C-----A-----C-----ATC-----T-----C-----G-----	3241
H.BE.93.VI997	---T--A-----G-----C-----A-----A-----A-----C-----ATC-----A-----T-----AGC-----G-----	3176
H.CF.90.056	---T--A-----G--C-----C-----A-----A-----A-----C-----ATC-----A-----T-----A--C-----G-----	3199
J.SE.93.SE7887	-----GA-----G-----C--C--G-----C-----C--TC--A--G-----A-----A--G-----A	3166
J.SE.94.SE7022	-----G-----G-----G-----C-----C-----C--TC--A-----A-----A--G-----A	3167
K.CD.97.EQTB11C	-----A-----GG-----A-----G-----C--A-----C-----C-----A--C-----A--C-----	3048
K.CM.96.MP535	-----A-----G-----A-----C--A-----C-----C-----T-----C-----A--C-----A--C-----	3048
01_AE.TH.00.OUR200I	-----GA-----G-----G-----G--T-----A-----A-----TC--A-----A-----A--C-----	3060
01_AE.TH.01.OUR414I	-----GA-----G-----TG-----T-----A-----A-----TC--A-----C-----A-----A--C-----	3048
01_AE.TH.02.OUR769I	-----A-----TG--A-----G--T-----A-----A-----TC--A-----A-----A--C-----	3051
01_AE.TH.90.CM240	-----GA-----TG-----G--T-----A-----A-----TC--A-----A-----A--C-----	3426

B.FR.83.HXB2	CCCATACAAAAGGAAACATGGGAAACATGGTGGACAGAGTATTGGCAAGCCACCTGGATTCTCGAGTGGGAGTTTGTTAATACCCCTCCCTTAGTGAATATATGGTACCAGTTAGAGAAAGAACCCATAG	3852
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	-----GA-----G-----TG-----T-----A-----C-----TC-----A-----C-----	3042
02 AG.FR.91.DJ264	-----GA-----G-----TG-----G-----T-----C-----TC-----A-----A-----C-----	3201
02 AG.NG.-.IBNG	-----GA--G-----TG-----G--T-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----	3377
02 AG.UZ.02.02UZ693	-----GA-----CG-----G-----G--T-----A-----A-----C-----C-----A-----C-----	3039
03 AB.BY.00.98BY10443	-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----TC-----A-----A-----C-----	3855
03 AB.RU.97.KAL153_2	-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----TC-----A-----A-----C-----	3078
03 AB.RU.98.RU9800I	-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----A-----TC-----A-----A-----C-----	3222
04 cpx.CY.94.CY032	-----C-----A-----G-----A-----G-----C-----A-----A-----TC-----A-----A-----C-----	3218
04 cpx.GR.91.97PVCH	-----C--T-----A-----G-----C-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----ACC--C-----	3869
04 cpx.GR.97.97PVMY	-----C-----TG--A-----G-----C-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----	3866
05 DF.BE.-.VI1310	-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----	3234
05 DF.BE.93.VI961	-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A--G-----A-----	3207
05 DF.ES.99.X492	-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A--G-----T-----	3205
06 cpx.AU.96.BFP90	-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----A--C-----G-----	3880
06 cpx.EE.-.EE0359	-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----C-----C-----A--C-----G-----	3508
06 cpx.ML.95.95ML127	-----A-----C-----A-----C-----A-----C-----C-----A--C-----G-----	3869
06 cpx.SN.97.97SE1078	-----T--A--G-----G-----A-----C-----A-----A-----C-----A--C-----G-----A-----	3911
07 BC.CN.-.CNGL179	-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----C--G--A-----T-----	3064
07 BC.CN.97.97CN001	-----C-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----C--G--A-----T-----	3184
07 BC.CN.97.CN54	-----C-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----C--G--A-----T-----	3214
07 BC.CN.98.98CN009	-----C-----A-----G--T-----C-----C-----A-----A-----C-----C--G--A-----T-----	3184
08 BC.CN.97.97CNGX_6F	-----A--C-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----AC--G-----T-----	3032
08 BC.CN.97.97CNGX_7F	-----A--C-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----AC--G-----T-----	3038
08 BC.CN.97.97CNGX_9F	-----A--C-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----AC--G-----T-----	3032
08 BC.CN.98.98CN006	-----A--C-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----AC--G-----T-----	3184
09 cpx.GH.96.96GH2911	-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----A-----	3054
09 cpx.SN.95.95SN1795	-----G-----T-----T--GT-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----A-----	3054
09 cpx.SN.95.95SN7808	-----A-----GT-----G-----G--T-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----C-----A-----	3042
09 cpx.US.99.99DE4057	-----A-----G--G--A-----G--T-----A-----A-----C-----TC-----A-----A-----T--T--A-----	3036
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----T-----G--C-----T-----A-----C-----A-----G-----C--G-----	3231
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----C--G--A-----C-----C-----C-----A--G-----C-----A-----G-----G-----	3229
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----T-----C-----C-----A--G-----C-----A-----G-----C--G-----	3220
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----G-----G-----A-----G-----C-----A-----C-----C--TC-----A-----A--G--G-----A-----	3048
11 cpx.CM.96.4496	-----G-----G-----Y-----T-----C-----C-----TC-----A-----A--G--G--Y--A-----	3212
11 cpx.FR.99.MP1298	-----C-----G-----A-----A-----C-----A--C--TC-----A-----A--G--G-----A-----	3846
11 cpx.GR.-.GR17	-----G-----C-----A-----A-----C-----C-----TC-----A-----A--G--G-----A-----	3154
12 BF.AR.97.A32879	-----A--G-----C-----G-----A-----A-----C-----TC-----A--C-----T-----A--C-----G-----	3416
12 BF.AR.99.ARMA159	-----T--A--G-----T-----A-----A-----C-----C--TC-----A--C-----T-----A--C-----G-----	3857
12 BF.ES.02.X1241	-----T--A--G-----C-----T--A-----G--T-----C-----TC-----A--C-----T-----A--C-----G-----	3103
12 BF.UY.99.URTR23	-----T--A--G-----C-----G--T-----A-----C-----TC-----A--C-----T-----A--C-----G-----	3878
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----G--A-----CGT-----AC-----G-----T-----A-----C-----C--TC-----A--C-----T--G-----A--C-----C-----	3078
13 cpx.CM.96.1849	-----G--A-----GT-----C-----G-----T-----A-----C-----TC-----A--C--G-----T--G-----A--C-----C-----	3257
13 cpx.CM.96.4164	-----G--A-----A-----G-----A-----A-----C-----TC-----A--C--G-----T--G-----A--C-----C-----	3254
14 BG.ES.00.X605	-----G--A-----GT-----A-----C-----A-----C-----TC-----A-----T--GAC-----A--C-----	3290
14 BG.ES.00.X623	-----T--G--A-----GT-----A-----G-----T-----A-----C-----TC-----A-----T--G-----A--C-----	3292
14 BG.ES.99.X397	-----T--G--A-----GT-----A-----C-----A-----C-----TC-----A-----T--GAC-----A--C-----	3293
14 BG.ES.99.X421	-----T--G--A-----GT-----A-----C-----A-----C-----TC-----A-----T--GAC-----A--C-----	3290
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----A-----TG-----G--T-----A-----C-----TC-----A-----A-----A-----C-----	3084
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----G-----G-----G--T-----A-----C-----TC--G--A-----A-----A-----C-----CA-----	3073
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	-----A-----TG-----G--T-----A-----A-----A-----A-----TC-----A-----A-----C-----	3251
15 01B.TH.99.99TH_R2399	-----G-----TG-----G--T-----A-----A-----A-----A-----TC-----A-----A-----C-----	3207
16 A2D.KR.97.97KR004	-----A-----G-----G--T-----C-----C-----TC-----A--GC-----T-----A--C-----G-----A-----	3215
18 cpx.CM.97.CM53379	-----G-----T-----T-----A--C-----A-----T-----A--C-----G--T--T-----	3046
N.CM.-.YBF106	-----AG-----GTG-----G-----T--C-----A--T-----A--C--C--C--T-----C--T--A-----T-----A--C--G--A--TA-----	3444
N.CM.02.DJ00131	-----AG-----GTG-----GG-----T--CA-----A-----A--C--C--C--T-----C--T--A-----T-----A--C--G--A--CA-----	3358
N.CM.95.YBF30	-----AG-----GTG-----GG-----C--TC-----A--T-----A-----A--C--C--T-----C--T--A-----T-----A--C--G--A--CA-----	3446
O.BE.87.ANT70	-----AG--CACT--GA-----T-----G--G--C-----A--A-----A-----C--GC--A--C--A--GA--C-----AG--C-----A--GT-----T--TA-----	3907
O.CM.-.96CMABB637	-----AG--CACT--GA-----T-----G--G--C-----A--A-----A-----C--GC--G--C--A--A--C-----AGT-----G-----T--T-----	3336
O.CM.91.MVP5180	-----AG--TACT--GA-----T-----T-----G--A-----G-----A-----A-----C--GC--A--C--A--GA--C-----A--C-----T--T-----	3882
O.SN.99.SEMP1300	-----A--CACT--GA-----T-----G--C-----A--A-----A-----C--GC--AG--C--A--GA--C-----A--GT-----T--TA-----	3906
CPZ.CD.-.ANT	-----ACT--G-----T-----TG--C-----T-----C-----G-----A--A-----A-----A--C--A--A--T--G--C--C-----TA--TC--TT--GC-----C--T--TC-----	3291
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----AG-----G--A-----GT-----G-----G-----A--C-----G--A-----C-----A-----A-----A-----C-----A-----AGT-----G-----T--T-----	3913
CPZ.TZ.-.TAN1	-----TG--TCC--A--G-----AGCCAG-----T--T--C-----TT-----G--A-----A-----A-----C-----A--AC--A--C--GGC-----A--TC--GTT--CT--C-----CC-----	3496
CPZ.US.85.CPZUS	-----TAG--G--G-----GTC-----T-----A-----G-----A-----T-----A-----C-----C--C--A--C--T-----TA--TC--GTT--C-----GG-----	3912
Pol p51 RT	P I Q K E T W E T W W T E Y W O A T W I P E W E F V N T P P L V K L W Y Q L E K E P I	Pol

(RT is heterodimer of p51 and p66)
p51 end p66 RT continue \ Pcl p15 RNase H start
TAGGAGCAGAAACCTTCTATGTAGATGGGGCAGCTAACAGGGAGACTAAATTAGGAAAAGCAGGATATGTTACTAATAGAGGAAGACAAAAAGTTGTACCCTTAAGTACACAACAAATCAGAAGACTGA

B.FR.83.HXB2	C-----G-T-----T-----A-----GC-----G-AG-----G-A-TT-----G-----A-----	3982
A1.KE.94.Q23_17	-----G-T-----R-----A-----GA-----G-----G-C-R-----G-----TC-T-----G-----A-R-----	3440
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----G-T-----C-T-----A-----GC-----G-----C-G-C-----G-----TT-T-----G-----A-----	3459
A1.SE.94.SE7253	-----G-T-----C-T-----G-----GC-----G-----C-G-----G-----TT-----G-----A-----	3186
A1.TZ.01.A173	-----G-T-----C-T-----G-----GC-----G-----C-G-----G-----TT-----G-----A-----	3181
A1.UA.00.98UA0116	-----G-T-----C-----GAC-----G-----G-C-----G-----TC-T-----G-----A-----	3981
A1.UG.92.92UG037	C-----G-T-----C-T-----A-----GC-----G-----C-G-C-----G-----TT-----G-----A-----	3349
A1.UG.98.98UG57136	A-----T-G-T-----T-----A-----GC-----G-----C-G-C-----G-----TT-T-----G-----A-----	3187
A2.CD.97.97CDKFE4	C-----T-----T-----T-A-----C-----G-----G-----C-G-C-----A-----T-----G-G-A-----A-----	2787
A2.CD.97.97CDKS10	-----T-----T-----TA-----T-----T-----C-----G-C-----A-----T-----G-G-G-----A-----	99
A2.CD.97.97CDKTB48	C-----T-----T-----T-A-----C-----G-----G-----C-G-----A-----C-T-G-A-G-----A-----	3320
A2.CY.94.94CY017_41	C-----T-----T-----T-A-----C-----G-----G-----C-G-C-----A-----T-----G-G-G-----A-----	3339
A3.SN.01.DDI579	-----G-T-----T-----T-----GC-----G-----G-----C-G-C-----G-----TT-T-TG-----G-----A-----	3180
A3.SN.01.DDJ369	-----G-T-----A-----T-----T-----GC-----G-----G-----C-G-C-----G-----TT-T-----G-----A-----	3183
A3.SN.96.DDJ360	-----G-T-----T-----T-----GC-----G-----G-----A-----G-C-----G-----TT-T-----G-----A-----	3180
B.AR.00.ARMS008	-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----G-----G-C-----G-----A-----C-T-G-AG-----A-----	3187
B.AU.96.MBCD36	-----T-T-----A-----T-----T-----G-AA-----C-----A-----CT-----A-----	3337
B.CO.01.PCM074	-----A-----T-----T-----T-----A-----G-----G-C-----G-----T-----A-----T-----	3198
B.GA.88.OYI	-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----G-C-----G-----T-----A-----T-----	3525
B.NL.00.671_00T36	-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----G-C-----G-----A-----C-----A-----AG-----	3547
B.RU.-.04RU129005	C-----T-----T-----Y-----C-----C-----C-----C-----A-----T-----A-----T-----	3486
B.TH.90.BK132	-----T-----T-----G-----Y-----C-----C-----C-----C-----T-----T-----A-----	3333
B.US.90.WEAU160	-----T-----T-----A-----T-----T-----C-----C-----G-----T-----T-----	3981
B.US.98.1058_11	-----C-----C-----C-----C-----CG-C-----G-----T-----G-----	3172
C.AR.01.ARG4006	C-----T-----A-----T-----A-----A-G-G-----G-----G-C-----G-----G-----A-----TG-T-----	3166
C.BR.-.04BR013	C-----G-----T-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----A-----TT-T-----A-----	3446
C.BR.92.BR025-d	C-----T-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----TT-TA-----A-----	3320
C.BW.00.00BW07621	-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----GG-----CA-T-----A-----	3335
C.ET.86.ETH2220	C-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----TT-T-----A-----	3374
C.IN.95.95IN21068	C-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----GA-T-----A-----C-----	3333
C.IN.99.01IN565_10	-----T-----T-----A-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----TT-T-----G-----	3363
C.KE.00.KER2010	C-----T-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----TT-TA-----G-----A-----	3163
C.TZ.01.BD9_11	-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----A-T-----T-----A-----	3190
C.UY.01.TRA3011	C-----T-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----TT-T-----A-----	3154
C.ZA.04.SK164B1	C-A-----T-----T-----A-----T-----A-----AA-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----	3392
C.ZM.96.96ZM651	-----T-----T-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----A-----T-----T-----A-----	3311
D.CD.83.ELI	-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----TT-G-----G-----	3528
D.CD.83.NDK	-----T-----T-----T-----A-----C-----T-----A-----G-----G-----C-----TT-C-----G-----	3517
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----T-----T-----T-----A-----C-----G-----C-----AG-----G-----T-----GT-T-----A-----T-----T-----	3196
D.KE.01.NKU3006	-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----TA-----T-----	3187
D.TD.99.MN012	-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----C-----GT-T-----C-----	3206
D.TZ.01.A280	-----T-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----T-----T-----	3183
D.UG.94.94UG114	-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----G-----T-----T-----	3337
D.UG.99.99UGD23550	-G-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----TA-----	3187
D.UG.99.99UGK09958	-----T-----T-----GT-----T-----A-----G-----G-----GG-C-----A-----G-----T-----T-----	3181
D.ZA.86.R482	-----T-----T-----T-----CA-----A-----C-----G-----C-----CA-----T-----C-----TT-----C-----C	3246
F1.BE.93.VI850	C-----C-----T-----T-----A-----C-----AA-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----G-----	3322
F1.BR.89.BZ126	C-----T-----T-----T-----A-----C-----AA-----G-----C-----A-----GAC-----T-----C-----G-----C-----G-----	3332
F1.BR.93.93BR020_1	-----T-----T-----T-----A-----C-----AA-----G-----C-----CG-----T-----G-----T-----G-----	3310
F1.FI.93.FIN9363	C-----A-----G-----T-----T-----A-----C-----AA-----G-----G-----T-----G-----C-----G-----G-----	3311
F1.FR.96.MP411	-----T-----T-----T-----T-----A-----C-----AA-----G-----C-----G-----C-----T-----A-----C-----G-----	3184
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----T-----T-----GT-----A-----A-----G-----G-----C-----G-----T-----G-----	3172
F2.CM.95.MP255	C-----T-----T-----T-----A-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----	3178
F2.CM.95.MP257	-----T-----T-----T-----T-----A-----C-----C-----G-----C-----G-----T-----G-----	3190
F2.CM.97.CM53657	-----T-----T-----T-----T-----A-----C-----A-----G-----C-----C-----G-----	3172
G.BE.96.DRCBL	C-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----TTA-----A-----T-----C-----A-----G-----	3939
G.CM.01.01CM_4049HAN	C-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----TG-----A-----C-----A-----G-----	3184
G.ES.99.X138	C-----T-----AT-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----A-----AG-----	3423
G.FI.93.HH8793_12_1	C-----T-----AT-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----A-----	3382
G.NG.92.92NG083	C-----T-----A-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----A-----G-----	3351
G.SE.93.SE6165	C-----T-----A-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----AG-----A-----A-----T-----A-----C-----A-----G-----	3379
H.BE.93.VI991	A-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----A-----TT-----G-----A-----A-----	3371
H.BE.93.VI997	C-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----TG-----A-----A-----T-----	3306
H.CF.90.056	C-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----G-----C-----G-----AG-----T-----G-----A-----T-----	3329
J.SE.93.SE7887	-G-----T-----T-----T-----AC-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----T-----	3296
J.SE.94.SE7022	-G-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----G-----AA-T-----	3297
K.CD.97.EQTB11C	-----T-----T-----C-----T-----A-----CAG-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----AA-----A-----A-----	3178
K.CM.96.MP535	-----G-----T-----C-----C-----T-----A-----AAG-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----AG-----	3178
01_AE.TH.00.OUR200I	-----G-----G-----T-----GT-----A-----GC-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----TT-----T-----G-----A-----	3190
01_AE.TH.01.OUR414I	-----G-----T-----GT-----A-----GC-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----TT-----T-----G-----A-----	3178
01_AE.TH.02.OUR769I	-----G-----T-----C-----GT-----GC-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----A-----TT-----T-----G-----A-----	3181
01_AE.TH.90.CM240	-----G-----T-----GT-----A-----GC-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----TT-----T-----G-----A-----	3556

(RT is heterodimer of p51 and p66)
 p51 end p66 RT continue \ Pol p15 RNase H start

B.FR.83.HXB2 TAGGAGCAGAAACCTTCTATGTAGATGGGCGAGCTAACAGGGAGACTAAATTAGGAAAAGCAGGATATGTTACTAATAGAGGAAGACAAAAAGTTGTACCCTAAGTACACAAACAAATCAGAAGACTGA 3982

02 AG.CM.02.02CM.1669LE -----T-----T-----G-----G-----C-----G-C-A-----G-A-TT-----G-----A-G----- 3172

02 AG.FR.91.DJ264 -----T-----T-A-----GC-----G-G-----C-----G-C-----G-----TT-----G-----A----- 3331

02 AG.NG.-.IBNG -----T-----A-----T-A-----GA-----C-----G-C-----G-----TT-----G-----A----- 3507

02 AG.UZ.02.02UZ693 -----T-----T-A-----AG-----G-----A-C-----G-C-----G-----TT-----G-----A----- 3169

03 AB.BY.00.98BY10443 -----T-----A-----T-----C-----G-----G-----G-----T-----T-----G-----A----- 3985

03 AB.RU.97.KAL153 2 -----C-----A-----T-----C-----G-----G-----G-----T-----T-----G-----A----- 3208

03 AB.RU.98.RU98001 -----C-----T-----A-G-----T-----C-----G-----G-----G-----T-----T-----G-----A----- 3352

04 cpx.CY.94.CY032 C-----T-----T-----T-A-A-A-CAG-----G-----C-----T-----T-----A----- 3348

04 cpx.GR.91.97PVCH C-----T-----GT-A-A-A-GGCGG-----T-----G-----G-----T-----T-----A-----C-----G----- 3999

04 cpx.GR.97.97PVMY C-----T-----GT-A-A-A-CCAG-----T-----G-----G-----A-----C-----A-----G----- 3996

05 DF.BE.-.VI1310 -----T-----T-----T-A-----A-----G-----A-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----AG----- 3364

05 DF.BE.93.VI961 -G-----T-----T-----T-A-----G-----C-A-----G-----C-----T-----G-----C----- 3337

05 DF.ES.99.X492 -----T-----T-----T-A-A-----G-----G-----C-----T-----G-----G----- 3335

06 cpx.AU.96.BFP90 -----T-----G-----T-----T-A-A-GCA-----T-----G-----G-----G-----T-----A-----G----- 4010

06 cpx.EE.-.EEO359 -----A-----G-----T-----T-A-----AAG-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----A-----A----- 3638

06 cpx.ML.95.95ML127 -----T-----T-----T-----T-A-A-AAG-----T-----G-----G-----G-----T-----G-----A-----G----- 3999

06 cpx.SN.97.97SE1078 -----T-----T-----T-----T-A-A-A-----G-----G-----G-----T-----A-----A----- 4041

07 BC.CN.-.CNG1179 -----T-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----A-A-----A-----TT-T-----A----- 3194

07 BC.CN.97.97CN001 -----T-----T-----G-----T-----A-A-----G-----G-----G-----C-----GA-G-----A-----TT-T-----A----- 3314

07 BC.CN.97.CN54 -----T-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----GA-G-----A-----TT-T-----A----- 3344

07 BC.CN.98.98CN009 -----T-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----GA-G-----A-----TT-T-----A----- 3314

08 BC.CN.97.97CNGX 6F C-----T-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----GA-G-----A-----TT-----A----- 3162

08 BC.CN.97.97CNGX 7F C-----T-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----GA-G-----A-----TT-----A----- 3168

08 BC.CN.97.97CNGX 9F C-----T-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----GA-G-----A-----TT-----A----- 3162

08 BC.CN.98.98CN006 C-----T-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----GA-G-----A-----TT-----A----- 3314

09 cpx.GH.96.96GH2911 -----G-----T-----T-----T-----GC-----G-----G-----G-----A-----CC-----GA-----AT-----A-----C-----A----- 3184

09 cpx.SN.95.95SN1795 -----G-----T-----G-----T-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----AT-----A-----C-----A----- 3184

09 cpx.SN.95.95SN7808 C-----G-----T-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----AT-----A-----C-----A-----A----- 3172

09 cpx.US.99.99DE4057 -----T-----T-----T-----T-----GC-----G-----T-----A-----C-----G-----G-----AT-----G-----C-----A----- 3166

10 CD.TZ.96.96TZ_BF061 -----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----T-----TA-----T----- 3361

10 CD.TZ.96.96TZ_BF071 -----T-----T-----T-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----CA-----T-----TA-----T----- 3359

10 CD.TZ.96.96TZ_BF110 C-----T-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----T-----A----- 3350

11 cpx.CM.02.02CM.2190SA -----G-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----T-----A-----T-----A----- 3178

11 cpx.CM.96.4496 -----T-----T-----T-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----A----- 3342

11 cpx.FR.99.MP1298 -----G-----T-----G-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----G-----A-----T-----A-----A----- 3976

11 cpx.GR.-.GR17 -----G-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----GA-----T-----C-----T-----A----- 3284

12 BF.AR.97.A32879 A-----T-----T-----T-----A-----C-----AA-----G-----G-----C-----C-----C-----TT-----G-----C----- 3546

12 BF.AR.99.ARMA159 C-A-----T-----T-----T-----AA-----C-----AA-----G-----G-----C-----C-----T-----T-----A-----C-----G----- 3987

12 BF.ES.02.X1241 C-A-----T-----T-----T-----A-----C-----GC-----G-----G-----C-----G-----TT-----A-----C-----G----- 3233

12 BF.UY.99.URTR23 C-----T-----T-----T-----A-----C-----A-----G-----G-----C-----C-----C-----TC-----G-----C-----AG----- 4008

13 cpx.CM.02.02CM.3226MN -----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----C-----A-----A----- 3208

13 cpx.CM.96.1849 -----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----C-----A----- 3387

13 cpx.CM.96.4164 C-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----C-----A----- 3384

14 BG.ES.00.X605 C-----A-----AT-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----G----- 3420

14 BG.ES.00.X623 C-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----G----- 3422

14 BG.ES.99.X397 C-----A-----AT-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----G----- 3423

14 BG.ES.99.X421 C-----A-----AT-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----G----- 3420

15 01B.TH.02.02TH_OUR1331 -----T-----T-----T-----T-----GT-----GC-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----A-----TT-----G----- 3214

15 01B.TH.02.02TH_OUR1332 -----G-----T-----T-----T-----T-----GC-----G-----G-----C-----G-----G-----G-----A-----TT-----G----- 3203

15 01B.TH.99.99TH_MU2079 -----G-----T-----GT-----GC-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----G-----A-----TT-----G-----A----- 3381

15 01B.TH.99.99TH_R2399 -----G-----T-----GT-----GC-----G-----G-----C-----G-----C-----G-----GA-----A-----T-----A-----G-----A----- 3337

16 A2D.KR.97.97KR004 C-----T-----T-----C-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----T-----T----- 3345

18 cpx.CM.97.CM53379 -----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----G-----C-----T-----T-----A----- 3176

N.CM.-.YBF106 GT-G-----A-----A-----A-----T-----AA-----A-----A-----T-----T-----G-----AG-----G-----G-----T-----TA-----TGAGA-----C-----C-----A-----G----- 3574

N.CM.02.DJ00131 CT-G-----A-----A-----A-----T-----AA-----A-----A-----G-----T-----T-----G-----AG-----A-----G-----G-----T-----TA-----TGAA-----C-----C-----A-----G----- 3488

N.CM.95.YBF30 GT-G-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----AG-----G-----G-----G-----T-----TA-----TG-A-----C-----C-----A-----G----- 3576

O.BE.87.ANT70 -G-----G-----AT-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----AG-----ACA-----G-----A-----G-----GA-----AA-----A-----AAT-----GA-----G-----C-----C-----A-----AG----- 4037

O.CM.-.96CMABB637 -----AT-----G-----A-----T-----A-----CG-----G-----G-----AG-----ACA-----A-----G-----A-----AA-----A-----ATT-----GAG-----G-----C-----C-----A-----G----- 3466

O.CM.91.MVP5180 -----G-----T-----T-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----AG-----ACA-----A-----G-----CA-----AA-----A-----AGT-----GAA-----G-----C-----C-----A-----G----- 4012

O.SN.99.SEMP1300 -----G-----T-----AT-----A-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----AG-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----AAT-----GAG-----G-----C-----C-----A-----G----- 4036

CPZ.CD.-.ANT C-----AG-----T-----T-----T-----T-----T-----AA-----CT-----C-----G-----G-----G-----C-----G-----AG-----C-----AGT-----GG-----AAA-----CAAA-----G-----C-----C-----AC-----AG-----A----- 3421

CPZ.GA.-.CPZGAB C-ACCA-----T-----T-----AT-----A-----A-----T-----A-----A-----ACT-----G-----G-----A-----AG-----C-----A-----G-----A-----CA-----T-----G-----T-----GAAA-----T-----C-----T-----C-----AG-----A----- 4043

CPZ.TZ.-.TAN1 C-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----C-----GGT-----CAA-----GGA-----T-----GAGA-----G-----C-----T-----AC-----AG-----A----- 3626

CPZ.US.85.CPZUS AG-G-----A-----T-----G-----A-----CC-----AC-----A-----A-----C-----GAA-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----TT-----GAAA-----T-----T-----T-----A-----G-----A----- 4042

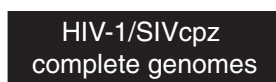
Pol p51/p66 RT V G A E T F Y V D G A A N R E T K L G K A G Y V T N R R G R Q K V V T L T D T T N Q K T E Pol

p66 RT continue \ Pol p15 RNase H start
 (RT is heterodimer of p51 and p66)

B.FR.83.HXB2	GTTACAAGCAATTTATCTAGCTTTGCGAGGATTGCGGATTAGAAGTAAACATAGTAAACAGACTCACAATATGCATTAGGAATCATTCAAGCACAACCAGATCAAAGTGAATCAGAGTTAGTCAATCAAATA	4112
A1.KE.94.Q23_17	AC---T-----CC--T---C-----A---C-----G-----G-----CA-G-----A-----	3570
A1.RU.03.03RU20_06_13	A---T-----CC-----A---C-----T---G-----CAGG-----A-----A-----	3589
A1.SE.94.SE7253	AC---T-----CC-----C-----A---G-C-----CAGT-----A---T-----	3316
A1.TZ.01.A173	AC---T-----CC-G---C-----A---CC-----G-----CAG-----C---A-----	3311
A1.UA.00.98UA0116	A---T-----CC-----A---G-C-----T---G-----G---G-----CAGG-----A-----A-----	4111
A1.UG.92.92UG037	A---T-----CC-----C-----A---C-----G-----G---C---G-----CAGG-----	3479
A1.UG.98.98UG57136	AC---T-----CC-----C-----A---C---G---T---T---C---G-----G---C---AA-----T---	3317
A2.CD.97.97CDKFE4	A---T-----C---T---G---A-----A-----G-----G---T---G-----G-----AGG-----	2917
A2.CD.97.97CDKS10	A---T-----C---T---A-----A---A-----T---G-----G-----AGG-----	229
A2.CD.97.97CDKTB48	A---T-----C---T---G---A-----A---G-C-----T---G-----G-----AGC-----	3450
A2.CY.94.94CY017_41	A---T-----C---T---G---A-----A---G-----G-----G---T---G-----AAAG-----A-----	3469
A3.SN.01.DDI579	A---T-----C-----C-----A---C-----G-----G---C---G---C---A-----A-----G---	3310
A3.SN.01.DDJ369	A---T-----C---C-----C-----A---C-----T---CAGG-----G-----G-----	3313
A3.SN.96.DDJ360	A---T-----C-----C-----A---C---A-----G-----G---CA-G-----A-----G---	3310
B.AR.00.ARMS008	-----C-----A---C-----T-----A-G-----A-----	3317
B.AU.96.MBCD36	---G-----C-----A---A-----AA-----	3467
B.CO.01.PCM074	-----C-----A-----A-----AC-----G-----	3328
B.GA.88.OYI	A-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----	3655
B.NL.00.671_00T36	-----C-----A-----A-----C-----A-G-----G-----	3677
B.RU.-.04RUI29005	A-----C-----A-----G-C---R-----G-----K-----A-----	3616
B.TH.90.BK132	-----C-C-----T-----T-----A-----A-----G-----	3463
B.US.90.WEAU160	-----T---C-----G-----C-----G-----A-----G-----	4111
B.US.98.1058_11	-----C-----AC-----A-----A-----A-----G-----	3302
C.AR.01.ARG4006	-----C-G-----A---A---A-----G-----T-----A-G-----	3296
C.BR.-.04BR013	A---G-----A-----A---C-C-----G-----G---T-----A-----	3576
C.BR.92.BR025-d	-----C-G-----A-----A---C-----G-----T-----A-----	3450
C.BW.00.00BW07621	A---C---C-G-----A---CC-----A-G---T---G---C-----A-G-----	3465
C.ET.86.ETH2220	A---G---CC-G---G---A---A---C-----G-----G---C-TG-----A-G-----A-----	3504
C.IN.95.95IN21068	---G-----G-----A---A---C-----T---G-----G-----A-A-G-----T---C-----	3463
C.IN.99.01IN565_10	A---G-----C-----C-----A---A---C-----G-----A-G-----A-----T---C-----	3493
C.KE.00.KER2010	A---G-----C-G-----A---A---C-----G-----A-G-----A-----A-----C-----	3293
C.TZ.01.BD9_11	A-----C-G-----A---C---A---C-----T-----G-----A-G-----C-----	3320
C.UY.01.TRA3011	-----C-G-----A---C---A---G-----G-----T-----A-----	3284
C.ZA.04.SK164B1	A---G---C-G---G---A---A---A---CT---C-----C-----G-----A-----C-----	3522
C.ZM.96.96ZM651	A-----C-----A---A---C-----T---G---G-----T-----A-G-----C-----	3441
D.CD.83.ELI	-----A---C-----T-----T-----A-G-----	3658
D.CD.83.NDK	-----A-----A-----T-----C-----A-G-----G-----	3647
D.CM.01.01CM_4412HAL	A---A---A-----GC-A---G-----T-----A-G-----AA-----	3326
D.KE.01.NKU3006	A---C---A-----C-----A-G---T-----G---T-----A-G-----G---C	3317
D.TD.99.MN012	-----A-----CC---G-----T-----C-----A-G-----AG-----G-----	3336
D.TZ.01.A280	-----C-AA-C-----C-----A-----G-----A-----G-----	3313
D.UG.94.94UG114	A---C---A-----A-----T-----A-G-----G-----	3467
D.UG.99.99UGD23550	A---C---A-----T-----A-G-----	3317
D.UG.99.99UGK09958	A---G---C---A-----T-----G-----C---A-----C---G-----	3311
D.ZA.86.R482	A-----G---AT-----A-----G---T-----T-----GA-G---C-----G-----	3376
F1.BE.93.VI850	-----T-----A---C---G-----G---G-----A-G-----AA-----	3452
F1.BR.89.BZ126	-----C-GT---A---A---C---G-----G-----A-G-----	3462
F1.BR.93.93BR020_1	-----C-GT---A---A---C-----A-G-----	3440
F1.FI.93.FIN9363	-----C---T-----A---A---C---G-----T-----A-G-----	3441
F1.FR.96.MP411	-----C---T-----A---A---C---G---T-----A-G---T-----G---T-----A-----A-----	3314
F2.CM.02.02CM_0016BBY	A---C---T-----C---A---C-----G-----C---T---A-G-----C-----	3302
F2.CM.95.MP255	A---C---CT-----C---A---C-----G---T---A-----G-----C-----	3308
F2.CM.95.MP257	A---C---GT---C-----A---C-----G-----A-G-----A-----C-----	3320
F2.CM.97.CM53657	A---C---T-----C---A---C-----C-----A-G-----C-----	3302
G.BE.96.DRCBL	A---T-----C-G---C-----C---ACA---C---G-----G---AGG-----AA-----	4069
G.CM.01.01CM_4049HAN	A---T-----C-----C---AA---CC-----G-----AGG-----A---T---G-----	3314
G.ES.99.X138	A---C---AA---A---A---C---A---C-----G-----T-----AGG-----A-----	3553
G.FI.93.HH8793_12_1	A---C---G---G---C---A---C-----G-----AGG-----AC-----	3512
G.NG.92.92NG083	A---T-----C---A---C---AA---CC-----G-----AGG---G---A-----	3481
G.SE.93.SE6165	A---G---C---G---A---C---AA---C-----G-----AGG---G---A-----	3509
H.BE.93.VI991	A-----A---G---A---GCC-----G-----T---A-G-----AC---T-----	3501
H.BE.93.VI997	A-----A---A---G-----G---T---G-----T---A-G---G---T-----	3436
H.CF.90.056	A-----A---A---G-----G-----G---T---G---C-----C---A-G-----T-----	3459
J.SE.93.SE7887	AC---C---C---T-----A-G-----A---GC-----T-----G---G---T---A-----A-G-----A-----	3426
J.SE.94.SE7022	AC-----C-----T-----A---GA-----T-----G---G---T-----A-G-----A-----	3427
K.CD.97.EQTB11C	A-----CC---T-----A-----A---C-----G-----A-----A-----A---T-----	3308
K.CM.96.MP535	A-----C-G-T-----A-----A---C-----G-----A-----T-----T-----	3308
01_AE.TH.00.OUR200I	A---T---CC---T---C-----C---A---C-----T-----G-----CAGG-----AG-----C-----	3320
01_AE.TH.01.OUR414I	A---T---C---T---C-----A---C-----T-----G-----CAGG-----AG-----C-----	3308
01_AE.TH.02.OUR769I	A---T---G---CC---T---C-----A---C-----T-----T-----G-----CAGG-----AG-----C-----	3311
01_AE.TH.90.CM240	A---T---G---CC---T---C-----A---C-----T-----G-----CAGG-----AG-----C-----	3686

B. FR. 83. HXB2
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE
02 AG. FR. 91. DJ264
02 AG. NG. -. IBNG
02 AG. UZ. 02. 02UZ693
03 AB. BY. 00. 98BY10443
03 AB. RU. 97. KAL153 2
03 AB. RU. 98. RU9800I
04 cpx. CY. 94. CY032
04 cpx. GR. 91. 97PVCH
04 cpx. GR. 97. 97PVMY
05 DF. BE. -. VI1310
05 DF. BE. 93. VI961
05 DF. ES. 99. X492
06 cpx. AU. 96. BFP90
06 cpx. EE. -. EE0359
06 cpx. ML. 95. 95ML127
06 cpx. SN. 97. 97SE1078
07 BC. CN. -. CNGL179
07 BC. CN. 97. 97CN001
07 BC. CN. 97. CN54
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F
08 BC. CN. 98. 98CN006
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
09 cpx. SN. 95. 95SN1795
09 cpx. SN. 95. 95SN7808
09 cpx. US. 99. 99DE4057
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA
11 cpx. CM. 96. 4496
11 cpx. FR. 99. MP1298
11 cpx. GR. -. GR17
12 BF. AR. 97. A32879
12 BF. AR. 99. ARMA159
12 BF. ES. 02. X1241
12 BF. UY. 99. URTR23
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN
13 cpx. CM. 96. 1849
13 cpx. CM. 96. 4164
14 BG. ES. 00. X605
14 BG. ES. 00. X623
14 BG. ES. 99. X397
14 BG. ES. 99. X421
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
15 01B. TH. 99. 99TH R2399
16 A2D. KR. 97. 97KR004
18 cpx. CM. 97. CM53379
N. CM. -. YBF106
N. CM. 02. DJ00131
N. CM. 95. YBF30
O. BE. 87. ANT70
O. CM. -. 96CMABB637
O. CM. 91. MVP5180
O. SN. 99. SEMP1300
CPZ. CD. -. ANT
CPZ. GA. -. CPZGAB
CPZ. TZ. -. TAN1
CPZ. US. 85. CPZUS
Pol p66 RT

GTTCACAAGCAATTTATCTAGCTTTTCAGGATTTCGGGATTAGAAGTAAACATAGTAAACAGACTCACAATATGCATTAGGAATCATTCAAGCACAACCAGATCAAAGTGAATCAGAGTTAGTCAATCAAATA
A----T-----C-----A---C-----T-----G-----G-----CAGG-----G-----
A---T-----C-----A---C-----T-----G-----G-----CAGG-----G-----
A---T-----C---T---C---A---A---C---T-----G-----G-----CAGG-----G-----
-C---T-----C-----C-----A---CC-----T-----G-----C---G-----CAGG-----C-----
-----C-----G-----A---G-----G-----A---G-----G-----
-----C-----C-----A---G-----G-----A---G-----G-----
-----C-----C-----A---G-----G-----A---G-----G-----
A-----CT-----A---C-----G---A---A-----T---T-----
A-----CT-----A---A---C-----G---A-----A-----T---T-----
A-----CT-----A---A---C-----G---A---G-----A-----T---T-----
-----C---C-----A---A-----G---T-----G---C-----A---G-----A---G-----
-----T-----T-----A---A---C---G---G-----G-----A---G-----A-----
-----T-----C---CT-----A---CC-----G-----G-----A---G-----A-----
A-----A-----A---A-----A---CC-----G-----A-----A-----AC-----C-----
A-----A-----A---A-----A---C-----G-----G-----A-----A-----
A-----A-----C---A---A---C-----G-----A-----A-----A-----
-----A-----A-----A---C-----T-----AG-----A-----
A---G-----G---A-----A---A---C-----T---G-----G-----A---G-----A-----
A---G-----G---A-----A---A---C-----T---G-----G-----A---G-----A-----
A---G-----G---A-----A---A---C-----T---G-----G-----A---G-----A-----
A---G---C-----G---A-----A---A---C-----T---G-----G-----A---G-----A-----
A---G-----A-----A---A---C-----T---G-----G-----A---G-----A-----T---C-----
A---G-----C---A-----A---A---C-----T---G-----G-----A---G-----A-----T---C-----
A---G-----A-----A---A---C-----T---G-----G-----A---G-----A-----T---C-----
A---G-----A-----A---A---C-----T---G-----G-----A---G-----A-----T---C-----
-----T---C---AC-----C---A---A---C-----T-----G-----CAGG-----G-----
-----T---AC-----A---C-----T-----G-----CAGG-----C-----A-----C-----
-----T---A-----C-----A---CC-----T-----G-----CAGG-----G-----AA-----
A-----C---A-----A---C-----T-----G-----C---T-----C---A---G-----A---G-----
-----C---A-----A---C-----T-----G-----G-----C---T-----A---G-----A---G-----
A---GT-----A-----A---G---C-----T-----G-----C---T-----A---G-----A---G-----
AC---GC-----C-----C-----A-----T-----T-----G---T---T-----G-----A---G-----A-----GC-----
AC---G-----C-----A---C---A---C-----T-----T-----TGTC---G---G---T-----A-----G-----
AC---G-----C-----C---A---A-----T-----T-----C---G---G---T-----A-----G-----
AC---G-----C---T-----A-----A-----T-----T-----G-----A---G-----A---G-----GC-----
-----C-----C---GT-----A-----A---C---G-----G-----A---G-----A---G-----
-----T-----CT-----A-----A---C-----G-----G-----A---G-----G-----
-----T-----C---GT-----A---C---A---C---G-----G-----A---G-----A---G-----
-----T-----C---GT-----A---C---A---C---G-----G-----A---G-----A---G-----T-----
A-----C---C---GT-----C-----A---C-----G-----CAGG-----A-----T-----
A---G-----C---G-----G-----A---C-----AGG-----A-----
A-----C---G-----A---CC-----G-----CAGG-----A-----
A-----C---GA-----C---A---C-----G-----AGG-----AG-----
A---G-----C---AA-----C---A---C-----G-----AGG-----A-----
A-----C---GA-----C---A---C-----T-----AGG-----AG-----
A-----C---GA-----C---A---C-----G-----AGG-----AG-----
A-----G---G---C---T-----C-----A---C-----T-----G-----CARG-----AG-----C-----
A-----G---C---T-----C-----A---C-----T-----G-----CAG-----AA-----C-----
A-----CC---GT-----C---G-----A---C-----T-----G-----CAGG-----AG-----C-----
A-----T---G---C---T-----C-----A---C-----T-----G-----CAGG-----C---AG-----C-----
A-----T-----C---T---G-----A-----A-----T-----G-----AGG-----A-----T-----
A-----CC---CT-----A-----A---A---C-----G-----T-----G-----T-----A-----AA-----C-----
-----T---CCT---T---G---C---A---A---G---A---CAG-----C-----C---T-----T---G-----TA---G---A---CT-----A-----C---G---GGC-----
-----T---CCT---G---C---A---A---A---A---CAG-----C-----C---T---T---G-----TC---G---A---CT---C-----A---G---GC-----
-----T---CCT---A---G---C---A---A---G---A---CGG---T-----C---T-----T---G-----TA---G---A---TT---G-----A---G---G---GC-----
A---ATG---G---A---TA-----C---A-----CAA---GA---AC-----T-----T-----G---CG-----CTCCT---C-----TACA---G-----CCCTA---TC---G-----
A---ATG---G---A---TAA-----A---A-----CAAGGA---ACG-----T---C-----T---G---C-----CTCCT---C-----TACA-----C---CCCTA---TC---G---G-----
A---ATG---TG---A---TAA-----C-----CAAGGAGC-----T-----G---C-----ATCCT---C-----ACA---G-----C---CCCTA---TC---G---G-----
A---ATG---G---A---TAT-----C---A-----CAAGGA---AC-----T---G---C-----CTCCT---G---TACA---G-----G---CCCTC---TC---G---G-----
A-----G---G---CT---A---G---C---AG-----AAC---GGCCC---C---T-----C-----T-----G---G---T---G-----GTACC-----CCCC---GG---AG-----
A---A---G---TT---GCT---G---C-----A---ATCA---C---G---T-----G---T-----TG-----G---T---GT---G-----C-----A-----G-----
A---TGG---G---AG-----C---AA---A---C---A---GC---C---G-----T-----C-----T---C-----TTA---G---TT---A---G---G---TT-----C---CCCCA---AG---G-----T
-C---CAC---GG---A---CT-----A---AA---A-----A---AGAATAC---T---TG-----C---T---G---C-----TC-----C---CT---T---G-----C-----A---G-----G-----
L Q A I Y L A L Q D S G L E V N I V T D S Q Y A L G I I Q A Q P D Q S E S E L V N Q I



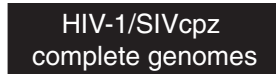
HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Pol p66 RT and p15 RNase H \ / Pol p31 Integrase

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	ATAGAGCAGTTAATAAAAAAGGAAAAGGTCTATCTGGCATGGGTACCAGCACACAAAGGAATTGGAGGAAATGAACAAGTAGATAAATTAGTCAGTCTGGAATCAGGAAAGTACTATTTTGTAGATGGAA	4242
A1.KE.94.Q23_17	-----A-C-----G-----C-A-T-C--T-----T-C-----A-G-G-G-----G-	3700
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----A-AC-----G--A--GA-----C--T-----G--G-G-----GA-----C--G-----A-G-	3719
A1.SE.94.SE7253	-----A-C-----GG-----C-A-----C--T-----G--G-----CT-----G-GT-----G-	3446
A1.TZ.01.A173	-----A-C-----G--A-C-A-A-C--T-----G-----G-----T-----G-G-----G-	3441
A1.UA.00.98UA0116	-----A-AC-----G--A--GA-----C--T-----G--G-----TA-----GG-GT-----A-G-	4241
A1.UG.92.92UG037	-----A-C-----G-----C-A-----C--T-----G-----G-----T-----G-----G-	3609
A1.UG.98.98UG57136	-----A-C-----G--A--T--A-----C-AT-----T-G-G-----CT-----GA-----G-	3447
A2.CD.97.97CDKFE4	-----AA-----G-----G-----C-----G-----G-----T-----G-----G-	3047
A2.CD.97.97CDKS10	-----AA-----G--A--G-G-----C--T-----G--G-----G-----C-----T-----GT-----G-	359
A2.CD.97.97CDKTB48	-----AA-----G-----G-----C--T-----G-----G-----TG-----A--GT-----G-	3580
A2.CY.94.94CY017_41	-----AA-A-----G-----G-----C-AT-----G-----C-----T-----G-----G-	3599
A3.SN.01.DDI579	-----AA-C-----G-----A-A-----T-----G-----T-----T-----G-----G-	3440
A3.SN.01.DDJ369	-----AA-C-----G-G-----A-A-C--T-----G--G-----T-AA-----G-G-G-----G-	3443
A3.SN.96.DDJ360	-----AA-C-----G-G-----A-A-C--T-----G-----G-----T-T-----T-G-G-----G-	3440
B.AR.00.ARMS008	-----A-----C-----G-----G-----C-----G-----	3447
B.AU.96.MBCD36	-----A-----A-----C-----C-----	3597
B.CO.01.PCM074	-----A-----C-----C-----G-----	3458
B.GA.88.OYI	-----C-----C-----C-----G-----	3785
B.NL.00.671_00T36	-----C-----G-----C-----T-A-----	3807
B.RU.-.04RUI29005	-----C-----A-C-----C-----R-C-----T-A-----T-G-G-----	3746
B.TH.90.BK132	-----C-----C-----G-----G-----C-----C-----	3593
B.US.90.WEAU160	-----A-----C-----C-A-----C-----T-A-----G-----	4241
B.US.98.1058_11	-----G-----C-----A-----G-----A-----G-----	3432
C.AR.01.ARG4006	-----A-A-----C-----C--T-----T-----G-----A--AG-----G--GT-G--C-----	3426
C.BR.-.04BR013	-----A-----G-----G-----C--T-----T-----G-----A-----A--AG-----G-G-C-----	3706
C.BR.92.BR025-d	-----A-----G-----G-----C--T-----T-----G-----A-----A--AG-----G-G-C-----	3580
C.BW.00.00BW07621	-----A-AC-----C-----C--T-----T-----A-----A--AG-----G-G-C-----	3595
C.ET.86.ETH2220	-----A-----GC-----G-----C--T-----T-----A-----A--AG-----G-G-C-----	3634
C.IN.95.95IN21068	-----A-A-----G-----C-----T-----T-----A-----A--AG-----G-G-C-----	3593
C.IN.99.01IN565_10	-----A-A-----G-----G-----C--T-----T-----A-----A--AG-----G-G-C-----	3623
C.KE.00.KER2010	-----A-A-----G-----C-----T-----T-----A-----A--AG-----G-G-C-----	3423
C.TZ.01.BD9_11	-----A-A-----C-----A-----C--T-----T-----A-----A--AG-----G-G-C-----	3450
C.UY.01.TRA3011	-----A-----G-----G-----C--T-----T-----G-----A-AA-----A-G-G-C-----	3414
C.ZA.04.SK164B1	-----A-A-----G-----T-G-----C--T-----T-----A-----A--AG-----G-G-C-----	3652
C.ZM.96.96ZM651	-----A-A-----G-----G-----C--T-----T-----A-----CAAG-----G-G-C-----	3571
D.CD.83.ELI	-----T-C-----CAG-----G-----	3788
D.CD.83.NDK	-----C-----T-C-----CAG-----G-----	3777
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----A-----C-----C-----C-----T-AG-----A-----G-----	3456
D.KE.01.NKU3006	-----C-----A-----C-AT-----C-----G-G-----AA-----A-----C-G-----	3447
D.TD.99.MN012	-----A-T-----C-----C-----AT-----C-----G-G-----AG-----T-----C-G-G-----	3466
D.TZ.01.A280	-----A-----G-----T-C-A-----G-----G-G-----AG-----A-----T-C-G-----	3443
D.UG.94.94UG114	-----D-----C-----T-----G-----G-----AA-----A-A-----G-----	3597
D.UG.99.99UGD23550	-----G-A-----T-C-AT-----A-----G-----T-AA-----A-A-----C-G-----	3447
D.UG.99.99UGK09958	-----G-A-----C-AT-----G-----A-----AA-----A-A-C-----C-G-----	3441
D.ZA.86.R482	-----C-----T-C-----T-----T-----CAG-----G-----	3506
F1.BE.93.VI850	-----A-----C-----G-----C--T-----G-----G-----G-----A-----G-----G-	3582
F1.BR.89.BZ126	-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----G-----G-----	3592
F1.BR.93.93BR020_1	-----A-----C-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----G-	3570
F1.FI.93.FIN9363	-----A-----C-----A-----C--T-----G-----G-----A-----A-----G-----G-	3571
F1.FR.96.MP411	-----A-A-----C-----G-----C--T-----G-----G-----A-----A-----G-----G-	3444
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----A-----C-----C-----T-----T-----G-----A-A-----G-----G-----	3432
F2.CM.95.MP255	-----A-----C-----C-----T-----T-----G-----AG-----G-----G-----	3438
F2.CM.95.MP257	-----A-----C-----G-----C--T-----T-----G-----A-----G-----G-----	3450
F2.CM.97.CM53657	-----A-----C--A--G-----C--T-----T-----T-----C-----G-----G-----	3432
G.BE.96.DRCBL	-----A-C-----C-----T-----G-----G-----AG-----C-----	4199
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----A-C-----C-----T-----G-----A-----G-----AG-----A-----C-----	3444
G.ES.99.X138	-----A-C-----C-----T-----G-----G-----AG-----G-----T-----T-----	3683
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A-C-----C-----T-----G-----CAG-----C-----C-----	3642
G.NG.92.92NG083	-----A-C-----C-----T-----G-----GC-----AG-----T-----G-----C-----	3611
G.SE.93.SE6165	-----A-C-----C-----T-----G-----C-----C-----AG-----C-----C-----	3639
H.BE.93.VI991	-----G-A-----T-----CT--T-----G-----T-----T-----T-A-----C-----G-	3631
H.BE.93.VI997	-----AG-A-----G-----C-----T-----G-----T-----T-----A-----C-----G-	3566
H.CF.90.056	-----G-A-----G-----C-----T-----T-----T-----T-----G-----A-----G-----G-	3589
J.SE.93.SE7887	-----G-----G-----C-----T-G-----G-----T-----T-----G-G-C-----G-	3556
J.SE.94.SE7022	-----G-----G-----C-----T-G-----T-----T-----G-----G-----C-----G-	3557
K.CD.97.EQTB11C	-----A-----C-G-----C-AT-----C-----T-----G-----C-----	3438
K.CM.96.MP535	-----A-----G-A-----C-AT-----C-----T-----G-----C-----	3438
01_AE.TH.00.OUR200I	-----G-C-----A-----C--T-----G-----T-A-----G-----G-----	3450
01_AE.TH.01.OUR414I	-----AG-----AA-----C--T-----G-----G-----T-A-----G-----G-----	3438
01_AE.TH.02.OUR769I	-----G-C-----C-----T-----G-----G-----T-A-----G-----G-----	3441
01_AE.TH.90.CM240	-----G-C-----G-A-----C--T-----G-----T-A-----G-----G-----	3816

B. FR. 83. HXB2	ATAGAGCAGTTAATAAAAAAGGAAAAGGTCTATCTGGCATGGGTACCAGCACACAAAGGAATTGGAGGAAATGAACAAGTAGATAAAATAGTCTAGTCTGGAATCAGGAAAGTACTATTTTTAGATGGAA	4242
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE	-----A-C-----G-----C-A-----C--T-----G-----C-----AA-----G-----G-----C-----	3432
02 AG. FR. 91. DJ264	-----A-C-----G-----C-A-----C--T-----G-----C-----AA-----G-----G-----C-----	3591
02 AG. NG. -. IBNG	-----A-C-----G-----C-A-----C--T-----G-----C-----AA-----G-----G-----C-----	3767
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	-----A-AC-----GG-----C-GA-----C--T-----G-----C-----AG-----G-----C-----	3429
03 AB. BY. 00. 98BY10443	-----G-----C-----C-----CT-----G-----	4245
03 AB. RU. 97. KAL153 2	-----G-----C-----C-----T-----G-----	3468
03 AB. RU. 98. RU9800I	-----G-----T-----CT-----T-----G-----	3612
04 cpx. CY. 94. CY032	-----CGG-----C-----C--T-----G-----CAA-----A-G-G-----	3608
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	-----T-----C-G-----C-----C--T-----G-----CAA-----A-G-G-----G-----	4259
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	-----A-----C-G-----C-----C--T-----G-----CAA-----A-G-G-----	4256
05 DF. BE. -. VI1310	-----A-----G-----A-----T-----G-----T-A-----G-----	3624
05 DF. BE. 93. VI961	-----A-G-C-----G-----C-----T-----G-----AA-----A-A-----G-----G-----	3597
05 DF. ES. 99. X492	-----A-A-----C-----G-----T-----G-----AA-----A-A-----G-----G-----	3595
06 cpx. AU. 96. BFP90	-----A--C-----AA-----C--T-----G-----AA-----G-----C-----C-----	4270
06 cpx. EE. -. EE0359	-----C-----G-----T-----G-----AG-----G-----C-----C-----	3898
06 cpx. ML. 95. 95ML127	-----A-AC-----C-----T-----G-----AA-----G-----C-----C-----	4259
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	-----A--C-----C-----AT-----G-----AG-----G-----C-----C-----	4301
07 BC. CN. -. CNGL179	-----A-A-----A-----C-----T-----T-----A--AG-----G-----C-----	3454
07 BC. CN. 97. 97CN001	-----A-A-----GA-----C--T-----T-----A--AG-----G-----C-----	3574
07 BC. CN. 97. CN54	-----A-A-----G-----C-----T-----T-----A--AG-----G-----C-----	3604
07 BC. CN. 98. 98CN009	-----A-A-----GA-----C--T-----T-----A--AG-----G-----C-----	3574
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	-----A-A-----G-----C--T-----T-----A--AA--C-----G-----C-----	3422
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	-----A-A-----G-----C--T-----T-----A--AA-----G-----C-----	3428
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	-----A-A-----G-----C--T-----T-----A--AA-----G-----C-----	3422
08 BC. CN. 98. 98CN006	-----A-A-----A--G-A-----C--T-----A--AG-----G-----C-----	3574
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-----A-C-----G--A-----C--T-----T-----AG-----A-----C-----	3444
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	-----A-C-----G--A-----C--T-----G-----AG-----T-----	3444
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	-----G-C-----GG--A-----C--T-----AG-----C-----	3432
09 cpx. US. 99. 99DE4057	-----AA-C-----G--A-----C--T-----AG-----T-A-----C-----	3426
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-----C-----A-----C-AC-----G-----A--AGG-----A-----G--C-----	3621
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071	-----C-----C-----AT-----G-----C-----A--AG--G-----G--C-----	3619
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110	-----A-----C-A-----G-----C--T-----T-----A--AA-----G--C-----	3610
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA	-----C-G-----C-----C-----CAA-----A--G-----C-----G-----	3438
11 cpx. CM. 96. 4496	-----A-----C-----K-----C-----T-----T-----G-----G-----	3602
11 cpx. FR. 99. MP1298	-----G-----C-----T-----G-----CAA-----G--G--C-----G-----	4236
11 cpx. GR. -. GR17	-----A-----C-----T-----T-----T-----G-----C-----	3544
12 BF. AR. 97. A32879	-----CA-----A-----C--T-----G-----G-----A--A--G-----G-----	3806
12 BF. AR. 99. ARMA159	-----A-----G-----C--T-----G-----GG--A--A--G-----G-----	4247
12 BF. ES. 02. X1241	-----A-----C-----A-----C--T-----T-----T-----A--A--G-----G-----	3493
12 BF. UY. 99. URTR23	-----A-----G-----C--T-----G-----A--A--G-----G-----	4268
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	-----A-C-----G-----T--T-----G-----T--CAA-----G-----C-----	3468
13 cpx. CM. 96. 1849	-----A-C-----G-----C--T--T-----G-----T--AA-----G-----G-----	3647
13 cpx. CM. 96. 4164	-----A-C-----G-----C--T-----G-----T--AA-----G-----G-----	3644
14 BG. ES. 00. X605	-----A-C-----C--T-----G-----AG-----G--T-----T-----	3680
14 BG. ES. 00. X623	-----A-C-----C--T-----G-----AG-----G--T-----T-----	3682
14 BG. ES. 99. X397	-----A-C-----C--T-----G-----AG-----G--T-----T-----	3683
14 BG. ES. 99. X421	-----A-C-----C--T-----G-----AA-----G--T-----T-----	3680
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331	-----G-C-----A-----C--T-----G-----T-A-----G--G-----G-----	3474
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332	G-----G--C-----T--AA-----C--T-----T--G--G-----T-A-----G--G-----G-----	3463
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-----G-C-----C-----T-----T-----T-----A-----G--G-----G-----	3641
15 01B. TH. 99. 99TH R2399	-----G-C-----GA-----C--T-----G-----G--G-----T-A-----G--G-----G-----	3597
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-----AA-----G--A--GA-----AT-----G-----A-----G--C-----T--C-----GT-----G-----	3605
18 cpx. CM. 97. CM53379	-----G-----G-----C-----G--C--T-----G-----AAG-----GG--G-----	3436
N. CM. -. YBF106	-----AG-AC-C-----GA-----CT-T-----T-----T-----G--G-----W-----T--CT-A-----T-A-R-----T--CC-----T-----	3834
N. CM. 02. DJO0131	-----AG-C-C-----GA--T-----CT-T-----T-----T-----G--G-----C-----T--CT-A-----T-A-----T--CC-----T-----	3748
N. CM. 95. YBF30	-----AG-C-C-----GA--T-----CT-T-----T-----T-----G--G-----C-----T--CT-A-----T-A-----A--T--CC-----T-----	3836
O. BE. 87. ANT70	-----G-AC--C-----C-----G--TA-----T--T--C--T-----C-A-----A--A-----A--CAAG-AT--T--A-G--C--G--CC--A-----	4297
O. CM. -. 96CMAB637	-----AG-AC-G-C-----GCG-ACG--A--TA-----T--T--T-----G--C--A--GR-----A--A-----A--CAAA-AC--T--A-GG--C--CC--A-----	3726
O. CM. 91. MVP5180	-----G-AC--C-----CGA--G-----TA-----T--T--T-----C-A-----A--A-----A--CAAA-AC--T--A-G--C--G--CC--G--A-----	4272
O. SN. 99. SEMP1300	-----G-AC--C-C-----C-----G--T--TA-----T--T--C--T-----C-A-----A--A-----A--CAAG-AT--T--A-G--C--CC--A-----	4296
CPZ. CD. -. ANT	-----CC--A-A-----GA--C--A--T--C--CT-C-----T-----C-A-----G-----C-----CAA--G-----AC--C--C--G--A--C-----	3681
CPZ. GA. -. CPZGAB	-----AG-----T-----A-----AA-----C--CT-C-----T-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----CC-----	4303
CPZ. TZ. -. TAN1	-----TC-AA-----C-C-----AC-GCAA--T-----A-----C-----T-----T--A--G--T-----G-----C-----G--T-----AAAAAT--T--A--A--T--CC--G-----	3886
CPZ. US. 85. CPZUS	-----AG-A-----G--A-----AAGT-----A-CT-----T-----T-----A-----G-----A-----C-----T--A--G-----A-----T--T--CC-----C-----	4302

Pol p66 RT I E Q L I K K E K V Y L A W V P A H K G I G G N E Q V D K L V S A G I R K V L F L D G Pol p66 RT end \ / Pol p31 Integrase



B. FR. 83. HXB2	TAGATAAGGCCCAAGAT . GAACATGAGAAATATCACAGTAATTGGAGAGCAATGGCTAGTGATTTTAACTGCCACCTGTA . GTAGCAAAAGAAATAGTAGCCAGCTGTGATAAA . . TGTCAGCTAAAAG	4368
A1. KE. 94. Q23_17	---C--A--T---A-----A-G-----T-C-----A-----T-----A-----	3826
A1. RU. 03. 03RU20_06_13	---T---A---A-----A-----T---A---A-----G-----AT-----	3845
A1. SE. 94. SE7253	---A--T---A--G--A-G-----C-C-----A-----G-----C-----	3572
A1. TZ. 01. A173	---A--T---A--C-----C-----A-----A-----A-----	3567
A1. UA. 00. 98UA0116	---T---A---A-----A-----C-----A-----T-----A-----G-----	4367
A1. UG. 92. 92UG037	---A--T---A---A-G-----C-----A-----T-----A-----G-----	3735
A1. UG. 98. 98UG57136	---T---A---A---A-G-----C-----T-----A-----G-----	3573
A2. CD. 97. 97CDKFE4	---T---A---A---A-G-----C-----CAG-C-T-----A-----T-----G-----	3173
A2. CD. 97. 97CDKS10	---A--T---A---A---G-----C-----C-----C-----T-----A-----T-----C-----	485
A2. CD. 97. 97CDKT48	---T---A---A---A-----C-----CA-C-T-----A-----C-----T-----T-----C-----	3708
A2. CY. 94. 94CY017_41	---T---G-----A---G-----C-----CA-C-T-----A-----T-----T-----T-----	3725
A3. SN. 01. DDI579	---T---A---A---A-G-----C-C-----A-----T-----A-----G-----	3566
A3. SN. 01. DDJ369	---T---A---A---A-G-----C-C-----A-T-----C-TT-----A-----G-----	3569
A3. SN. 96. DDJ360	---T---A---A---A-G-----C-C-----A-----T-----C-----T-----A-----G-----	3566
B. AR. 00. ARMS008	---C-----A-----A-----G-----G-----	3573
B. AU. 96. MBCD36	---A---A-----A-----T-----A-----A-----	3723
B. CO. 01. PCMO74	---A---A-A-T-----C-----A-----A-----	3584
B. GA. 88. OYI	---G-----C-----	3911
B. NL. 00. 671_00T36	---A-----T-----A-----	3933
B. RU. - . 04RU129005	---R--A-----R--Y--Y-----G-----M-----	3872
B. TH. 90. BK132	---A---G-----A-----	3719
B. US. 90. WEAU160	---A-----	4367
B. US. 98. 1058_11	---G-A-----A-----A-----A-----	3558
C. AR. 01. ARG4006	---A--T---A--T---A---C---C-----A--G--C--T---CA-----T-----	3552
C. BR. - . 04BR013	---T---A---G---A---C---C-----G---TT---CA-----T-----	3832
C. BR. 92. BR025-d	---A---T---A---G---A---C---C-----G---T---CA-----T-----	3706
C. BW. 00. 00BW07621	---T---C---G---A---C---G---T---CA---G---T---CA-----G-----	3721
C. ET. 86. ETH2220	---T---A---G---A---C---C-----A---A---TA-C---C---C-C-----TT-----	3760
C. IN. 95. 95IN21068	---A--T---A--G---A--GG---C---G-----C---T---C---C-----T-----C-----T-----	3719
C. IN. 99. 01IN565_10	---T---A---A---T---GG---T---C-----C---T---CA-----T-----C-G-----	3749
C. KE. 00. KER2010	---A--T---A--G---G---C---C-----G---T---CA-----T-----	3549
C. TZ. 01. BD9_11	---T---A---G---A---G---C---C-----G---CA-----G-----T-----	3576
C. UY. 01. TRA3011	---G--T---A--C---A---G---C---C-----G---T---C---A-----T-----	3540
C. ZA. 04. SK164B1	---C---T---A---G---A---G---AC-----A---T---CA-----T-----C-----	3778
C. ZM. 96. 96ZM651	---C---T---A---G---A---AC-----A---T---A---A-----T---T-----A-----	3697
D. CD. 83. ELI	---T---A-----AC-----A---C---G-----T-----	3914
D. CD. 83. NDK	---T--G--A-----AC-----A---G---G-----T-----	3903
D. CM. 01. 01CM_4412HAL	---AG-G---T---T---C-----A---A---A-----T-----	3582
D. KE. 01. NKU3006	---T--G--A-----G---T-AC---C-----C---G-----T-----	3573
D. TD. 99. MN012	---AG-C---T---G---C-----A---G-----T-----A-----	3592
D. TZ. 01. A280	---A--G--A---T---A--G---C---C-----T---G-----T-----	3569
D. UG. 94. 94UG114	---T---A---C---AC---G-----G-----G-----G-G-----	3723
D. UG. 99. 99UGD23550	---T---A---A---C---C---C-----C---A---G-----A---T-----	3573
D. UG. 99. 99UGK09958	---A---C---AC-----G-----G-----A---T-----	3567
D. ZA. 86. R482	---T---T---A-A-----T---C---C---A---G---A-----A---C---T-----	3632
F1. BE. 93. VI850	---A---A---A---A---AC-----G-----T-----A-----T-----G-----	3708
F1. BR. 89. BZ126	---A--A--G--G-----A---AC-----T---A---G-----T-----G-----	3718
F1. BR. 93. 93BR020_1	---A---G---A---AC-----TA-A-G-----T-----	3696
F1. FI. 93. FIN9363	---A---G---A---AC-----T---A---G-----T-----G-----	3697
F1. FR. 96. MP411	---A---A---A---AC---C-----T---A---A-----T-----	3570
F2. CM. 02. 02CM_0016BBY	---T---A---A---A---AC-----T---A---A-----T-----	3558
F2. CM. 95. MP255	---T---A---A---AC-----T---A---G-----A-----	3564
F2. CM. 95. MP257	---A--T---A--G-----C-----	3576
F2. CM. 97. CM53657	---T---A---A---TT-----C-----	3558
G. BE. 96. DRCBL	---A-----A---G---A-G---C-----A---A---T---A---G-----C---T-----	4325
G. CM. 01. 01CM_4049HAN	---A---A---C---A-G---T---C-----A---A---T---A---G-----	3570
G. ES. 99. X138	---A---A---C---C---A-G-----A---A---A-----G-----A-----	3809
G. FI. 93. HH8793_12_1	---A---A---T---A---C-----T---A---A---A-----G-----C-----	3768
G. NG. 92. 92NG083	---A---A---A---G---C-----C-----T---A---G-----G-----A-----	3737
G. SE. 93. SE6165	---A---A---G---G---AC---C-----C-----TT-----A---G-----	3765
H. BE. 93. VI991	---A--T---TA-C-G---A---C-----C-----T---A---A-----T-----T-----	3757
H. BE. 93. VI997	---C--A--T---A--C---A--GG---AC-----G-----T---A---G-----T-----	3692
H. CF. 90. 056	---A--T---A---A--GG---T--AC-----G-----T---A---A-----T-----	3715
J. SE. 93. SE7887	---A--T---A---T---A---T---C-----T---C-----G-----T-----G-----	3682
J. SE. 94. SE7022	---A--T---A---A---T---C-----T---A-----T-----T-----G-----	3683
K. CD. 97. EQTB11C	---T---AA---A---AC-----T---A-----T-----T-----	3565
K. CM. 96. MP535	---T---A---A---T-AC---C-----T---A---A-----C-----C-----	3564
01_AE.TH.00.OUR2001	---A---G---A-G---C-----A---TT---A---G---T---A---A-----A-----	3576
01_AE.TH.01.OUR4141	---T---A---A-G---C-----A---TT---A---A---G---A---A---G-----	3564
01_AE.TH.02.OUR7691	---T---A---A-G---C-----A---TT---A---A---G---A-----A-----	3567
01_AE.TH.90.CM240	---T---A---A-G---C-----A---TT---A---A---G---A---A-----A-----	3942

B. FR. 83. HXB2 TAGATAAGGCCCAAGAT . GAACATGAGAAATATCACAGTAATTGGAGAGCAATGGCTAGTGTATTTAACTGCCACCTGTA . GTAGCAAAAAGAAATAGTAGCCAGCTGTGATAAA . . TGTCAGCTAAAAAG 4368

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE -----A-----A-----A-G-----C-----T-----A-----G-----G-----T----- 3558

02 AG. FR. 91. DJ264 -----A-T-----A-----G-----A-G-----C-----T-----A-----G-----T-----C----- 3717

02 AG. NG. -. IBNG -----A-----A-----G-----A-G-----C-----AG-----G-----A-----G-----G-----A-----G----- 3893

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 -----A-----A-----C-----A-G-----C-----T-----A-----G-----G-----G----- 3555

03 AB. BY. 00. 98BY10443 -----A-----A-----C-----G-----AT----- 4371

03 AB. RU. 97. KAL153 2 -----A-----A-----G-----G-----AT----- 3594

03 AB. RU. 98. RU9800I -----A-----A-----C-----G-----AT----- 3738

04 cpx. CY. 94. CY032 -----T-----A-----A-----C-----T-----T-----A-----G-----G-----T-----A----- 3734

04 cpx. GR. 91. 97PVCH -----T-----A-----C-----A-----C-----T-----A-----G-----G-----T-----A----- 4385

04 cpx. GR. 97. 97PVMY -----T-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----T-----A-----G----- 4382

05 DF. BE. -. VI1310 -----A-----T-----G-----T-----C-----T-----T-----G-----T-----G-----T----- 3750

05 DF. BE. 93. VI961 -----A-----A-----A-----C-----AC-----T-----GTC-----T-----G----- 3724

05 DF. ES. 99. X492 -----A-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----C----- 3721

06 cpx. AU. 96. BFP90 -----A-----G-----A-----T-----A-----G-----C-----C-----A-----T-----A-----G-----C----- 4396

06 cpx. EE. -. EEO359 -----A-----A-----G-----A-----G-----AC-----C-----A-----T-----A-----G-----G-----C----- 4024

06 cpx. ML. 95. 95ML127 -----A-----A-----A-----T-----A-----G-----C-----C-----A-----T-----A-----G-----G-----C----- 4385

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 -----A-----A-----A-----A-----G-----C-----C-----A-----T-----A-----G-----G-----C----- 4427

07 BC. CN. -. CNGL179 -----A-----T-----A-----G-----A-----GG-----C-----C-----T-----CA-----G-----T-----C----- 3580

07 BC. CN. 97. 97CN001 -----A-----T-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----CA-----G-----T-----C----- 3700

07 BC. CN. 97. CN54 -----A-----T-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----CA-----G-----T-----C----- 3730

07 BC. CN. 98. 98CN009 -----A-----T-----A-----G-----A-----GG-----C-----C-----T-----CA-----G-----T-----C----- 3700

08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F -----A-----T-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----CA-----T-----C----- 3548

08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F -----A-----T-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----CA-----T-----C----- 3554

08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F -----A-----T-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----CA-----T-----C----- 3548

08 BC. CN. 98. 98CN006 -----A-----T-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----CA-----T-----C----- 3700

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 -----A-----T-----A-----A-----G-----T-----C-----T-----A-----G-----G----- 3570

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 -----A-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----G----- 3570

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 -----A-----A-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----A-----G----- 3558

09 cpx. US. 99. 99DE4057 -----A-----A-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----G----- 3552

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 -----A-----T-----A-----G-----C-----AC-----G-----T-----G----- 3747

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071 -----A-----T-----A-----G-----C-----C-----G-----G-----T-----G----- 3745

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110 -----T-----A-----G-----A-----AC-----G-----G-----T----- 3736

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA -----T-----A-----T-----A-----G-----CC-----C-----T-----G-----T-----A-----G----- 3564

11 cpx. CM. 96. 4496 -----T-----A-----A-----C-----T-----A-----G-----C-----GG-----G-----T-----A-----G----- 3728

11 cpx. FR. 99. MP1298 -----T-----A-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----C-----T-----A-----G-----C-----AT----- 4362

11 cpx. GR. -. GR17 -----A-----T-----C-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----C-----T-----A-----G-----G-----A-----C-----A----- 3670

12 BF. AR. 97. A32879 -----A-----G-----G-----C-----A-----AC-----T-----A-----T-----G----- 3932

12 BF. AR. 99. ARMA159 -----A-----G-----G-----A-----AC-----T-----T-----T-----G----- 4373

12 BF. ES. 02. X1241 -----A-----G-----A-----A-----AC-----T-----T-----T-----G----- 3619

12 BF. UY. 99. URTR23 -----A-----G-----G-----A-----AC-----T-----T-----T-----G----- 4394

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN -----A-----A-----A-----G-----A-----AC-----T-----A-----T-----G-----T-----C----- 3594

13 cpx. CM. 96. 1849 -----C-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----C-----A-----T-----A-----G-----T-----C----- 3773

13 cpx. CM. 96. 4164 -----A-----A-----G-----A-----A-----C-----A-----T-----A-----G-----T-----C----- 3770

14 BG. ES. 00. X605 -----A-----A-----A-----G-----A-----T-----T-----G----- 3806

14 BG. ES. 00. X623 -----A-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----C-----A----- 3808

14 BG. ES. 99. X397 -----A-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----G----- 3809

14 BG. ES. 99. X421 -----A-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----G----- 3806

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 -----T-----A-----A-----G-----A-----TT-----A-----G-----A----- 3600

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 -----G-----T-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----TT-----A-----G-----A----- 3589

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 -----T-----A-----A-----G-----C-----A-----TT-----A-----G-----G-----A----- 3767

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 -----T-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----A-----G-----G-----A-----C-----A-----G----- 3723

16 A2D. KR. 97. 97KR004 -----T-----A-----A-----C-----G-----CA-----C-----T-----A-----G-----TT-----G----- 3731

18 cpx. CM. 97. CM53379 -----T-----A-----A-----AC-----T-----A-----A-----T-----A----- 3562

N. CM. -. YBF106 -----A-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----T-----A-----C-----CA-----C-----C----- 3960

N. CM. 02. DJ00131 -----A-----A-----A-----T-----R-----G-----C-----C-----T-----A-----CT-----G-----C-----C----- 3874

N. CM. 95. YBF30 -----A-----A-----A-----T-----C-----G-----C-----A-----C-----T-----A-----C-----CA-----G-----C-----C----- 3962

O. BE. 87. ANT70 -----CC-----A-----A-----T-----A-----T-----T-----A-----C-----A-----G-----G-----C-----G-----CA-----T-----T-----CC-----TA----- 4423

O. CM. -. 96CMABB637 -----C-----R-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----C-----GG-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----TA-----T-----T-----CC-----TA-----T----- 3852

O. CM. 91. MVP5180 -----C-----A-----A-----T-----A-----T-----T-----A-----C-----GG-----A-----AA-----C-----C-----G-----CA-----T-----T-----T-----CC-----C-----TA----- 4398

O. SN. 99. SEMP1300 -----CC-----A-----A-----T-----A-----G-----T-----C-----T-----A-----GG-----AT-----A-----G-----G-----C-----CA-----T-----T-----AT-----CC-----TA----- 4422

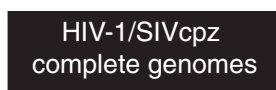
CPZ. CD. -. ANT -----A-----T-----G-----C-----T-----T-----C-----T-----T-----A-----AGA-----A-----AC-----T-----T-----C-----A-----T-----G-----T-----TA-----AC-----AG-----CG-----G----- 3807

CPZ. GA. -. CPZGAB -----C-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----CA-----G-----G-----CAT-----G-----C-----G----- 4429

CPZ. TZ. -. TAN1 -----TA-----G-----A-----A-----G-----A-----C-----T-----T-----A-----GA-----A-----A-----T-----C-----A-----T-----G-----T-----TA-----T-----TC-----AG-----CCA-----C-----TA----- 4012

CPZ. US. 85. CPZUS -----A-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----C-----T-----C-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----G-----G-----C-----TA----- 4428

Pol p31 Integrase I D K A Q D E H E K Y H S N W R A M A S D F N L P P V V A K E I V A S C D K C Q L K Pol



B.FR.83.HXB2	GAGAAGCCATGCATGGACAAGTAGACTGTAGTCCAGGAATATGGCAACTAGATTGTACACATTTAGAAGGAAAAGTTATCTCGGTAGCAGTTTCATGTAGCCAGTGGATATATAGAAGCAGAAGTTATTCC	4498
A1.KE.94.Q23_17	-G-----T-----G-----C-----G-----T-----C-----C-----G-----A-TG-----C-----C-----C-----C-----	3956
A1.RU.03.03RU20_06_13	-G-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----A-A-A-----C-----C-----C-----C-----C-----	3975
A1.SE.94.SE7253	-G-----C-----G-----C-----C-----C-----A-T-----C-----G-----C-----C-----C-----	3702
A1.TZ.01.A173	-G-----AG-----T-----G-G-----T-----C-----C-----A-T-----C-----C-----C-----C-----	3697
A1.UA.00.98UA0116	-G-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----A-A-A-----C-----C-----C-----C-----	4497
A1.UG.92.92UG037	-G-----C-----G-----T-----C-----C-----A-T-----C-----G-T-----C-CG-----C-----	3865
A1.UG.98.98UG57136	-G-----G-----G-G-----T-----C-----G-----A-T-----C-----C-----C-----C-----	3703
A2.CD.97.97CDKFE4	-G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3303
A2.CD.97.97CDKS10	-G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	615
A2.CD.97.97CDKTB48	-G-----C-----C-----A-G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3838
A2.CY.94.94CY017_41	-G-----C-T-----G-----C-----G-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----	3855
A3.SN.01.DDI579	-G-----T-----C-----C-----C-----C-----TA-A-----C-----C-----C-----C-----	3696
A3.SN.01.DDJ369	-G-----A-----C-----C-----C-----C-----TA-A-----C-----C-----C-----C-----	3699
A3.SN.96.DDJ360	-G-----T-----C-----C-----C-----C-----TA-A-----C-----C-----C-----C-----	3696
B.AR.00.ARMS008	-G-----C-----G-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	3703
B.AU.96.MBCD36	-G-----C-----A-----AG-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----C-----	3853
B.CO.01.PCM074	-G-----AG-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	3714
B.GA.88.OYI	-G-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	4041
B.NL.00.671_00T36	-G-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	4063
B.RU.-.04RUI29005	-G-----R-----A-----A-----K-----C-----C-----C-----C-----C-----	4002
B.TH.90.BK132	-G-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3849
B.US.90.WEAU160	-G-----G-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	4497
B.US.98.1058_11	-G-----G-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3688
C.AR.01.ARG4006	-G-----T-CA-----T-----T-----A-C-----C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3682
C.BR.-.04BR013	-G-----C-----C-----C-----G-A-C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3962
C.BR.92.BR025-d	-G-----CA-----T-----T-----A-C-----C-----C-----C-----G-----C-----	3836
C.BW.00.00BW07621	-G-----A-----G-----G-----T-----GACC-----C-----C-----G-----G-----C-----	3851
C.ET.86.ETH2220	-G-----A-----A-T-----G-----T-----C-----G-A-C-----C-----C-----G-----G-----	3890
C.IN.95.95IN21068	-G-----C-----G-----T-----C-----C-----G-A-C-----C-----C-----G-----G-----	3849
C.IN.99.01IN565_10	-G-----C-----T-----T-----G-----G-----A-C-----C-----C-----C-----G-----	3879
C.KE.00.KER2010	-G-----CA-----G-G-----T-G-----C-----A-C-----C-----C-----C-----G-----	3679
C.TZ.01.BD9_11	-G-----CA-----T-----G-----T-----C-----C-----A-A-----C-----C-----C-----G-----	3706
C.UY.01.TRA3011	-G-----CA-----G-----GT-----C-----G-A-C-----A-----C-----C-----G-----	3670
C.ZA.04.SK164B1	-G-----G-----G-----T-----C-----A-C-----C-----C-----C-----G-----	3908
C.ZM.96.96ZM651	-G-----CA-----G-----T-----C-----A-C-----C-----C-----C-----G-----	3827
D.CD.83.ELI	-G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	4044
D.CD.83.NDK	-G-----T-----C-G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	4033
D.CM.01.01CM_4412HAL	-G-----T-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3712
D.KE.01.NKU3006	-G-----T-----C-----C-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	3703
D.TD.99.MN012	-G-----T-----C-----C-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	3722
D.TZ.01.A280	-G-----T-G-----C-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	3699
D.UG.94.94UG114	-G-----T-----T-----G-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----	3853
D.UG.99.99UGD23550	-G-----T-----T-----C-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----	3703
D.UG.99.99UGK09958	-G-----T-----T-----C-----C-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----	3697
D.ZA.86.R482	-G-----T-----T-----C-----A-A-----C-----T-C-----C-----T-----	3762
F1.BE.93.VI850	-G-----C-----G-----T-----C-----C-G-----C-----C-----T-AG-----C-----	3838
F1.BR.89.BZ126	-G-----T-----G-----T-----T-----T-A-----C-----T-----G-CC-----K-----C-----	3848
F1.BR.93.93BR020_1	-G-----T-----C-----G-----T-----C-----A-----C-----T-----G-CC-----C-----	3826
F1.FI.93.FIN9363	-G-----G-----G-----T-----T-----A-----C-----T-----G-CC-----C-----	3827
F1.FR.96.MP411	-G-----G-----A-----A-----C-----T-----C-----C-----C-----C-----	3700
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-G-----A-----C-----G-----T-----A-----C-----C-----T-----C-----C-----	3688
F2.CM.95.MP255	-G-----T-----C-----G-----T-----A-----C-----C-----T-----C-----C-----	3694
F2.CM.95.MP257	-G-----C-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----C-----	3706
F2.CM.97.CM53657	-G-----C-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----G-T-----T-----C-----	3688
G.BE.96.DRCBL	-G-----T-G-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	4455
G.CM.01.01CM_4049HAN	-G-----T-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	3700
G.ES.99.X138	-G-----C-----GT-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----C-----	3939
G.FI.93.HH8793_12_1	-G-----T-----T-----A-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----	3898
G.NG.92.92NG083	-G-----T-----T-----A-----A-A-----C-----C-----C-----C-----	3867
G.SE.93.SE6165	-G-----T-----T-----A-----A-A-----C-----C-----C-----C-----	3895
H.BE.93.VI991	-G-----C-----C-----T-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----C-----	3887
H.BE.93.VI997	-G-----G-----C-----T-----C-----T-----C-----C-----C-----S-C-----C-----	3822
H.CF.90.056	-G-----C-----C-----T-----C-----G-----C-----T-----C-----C-----C-----C-----	3845
J.SE.93.SE7887	-G-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3812
J.SE.94.SE7022	-G-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3813
K.CD.97.EQTB11C	-G-----A-----G-----GT-----A-----A-----C-----T-----C-----C-----	3695
K.CM.96.MP535	-G-----A-----G-----T-----T-----A-----C-----C-----T-C-----C-----	3694
01_AE.TH.00.OUR200I	-G-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----C-C-G-----C-----	3706
01_AE.TH.01.OUR414I	-G-----T-----G-----T-----C-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----	3694
01_AE.TH.02.OUR769I	-G-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	3697
01_AE.TH.90.CM240	-G-----T-----G-----T-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	4072

B. FR. 83. HXB2 GAGAAGCCATGCATGGACAAGTAGACTGTAGTCCAGGAATATGGCAACTAGATTGTACACATTTAGAAGGAAAAGTTATCCTGGTAGCAGTTTCATGTAGCCAGTGGATATATAGAAGCAGAAGTTATTCC 4498

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE -G-----C-----G-----T-----T-----A-----C-----C-----C----- 3688

02 AG. FR. 91. DJ264 -G-----G-----T-----T-----A-----C-----C-----C----- 3847

02 AG. NG. -. IBNG -G-----G-----T-----G-----A-----T-A-----C-----C----- 4023

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 -----C-----T-----G-----A-----A-----C-----C-----C----- 3685

03 AB. BY. 00. 98BY10443 -----C-----A-----A----- 4501

03 AB. RU. 97. KAL153 2 -----C-----A-----A----- 3724

03 AB. RU. 98. RU9800I -----C-----A-----A----- 3868

04 cpx. CY. 94. CY032 -G-----G-----G-----GT-----T-----A-----G-T-----C----- 3864

04 cpx. GR. 91. 97PVCH -G-----WG-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----T-----C----- 4515

04 cpx. GR. 97. 97PVMY -G-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----T-----C----- 4512

05 DF. BE. -. VI1310 -----T-----G-----A-----C-----C-----C----- 3880

05 DF. BE. 93. VI961 -G-----G-----C-----T-----C-----C-----C----- 3854

05 DF. ES. 99. X492 -G-----G-----T-----C-----C-----T-----C-----C----- 3851

06 cpx. AU. 96. BFP90 -G-----A-----T-----G-----T-----C-----CC-----A-A-----C-----C----- 4526

06 cpx. EE. -. EEO359 -G-----G-----A-----C-----CC-----G-----A-A-----A-A-----C-----T-----C----- 4154

06 cpx. ML. 95. 95ML127 -G-----G-----T-----C-----CC-----G-----A-A-----C-----C-----A-C----- 4515

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 -G--C-----C-----G-----T-----C-----CC-----G-----A-A-----C-----C----- 4557

07 BC. CN. -. CNGL179 -----G-----T-----A-C-----C-----C-----C-C-G-----G-----C----- 3710

07 BC. CN. 97. 97CN001 -----G-----T-----A-C-----C-----C-----C-C-G-----G-----C----- 3830

07 BC. CN. 97. CN54 -----G-----T-----A-C-----C-----C-----C-C-G-----G-----C----- 3860

07 BC. CN. 98. 98CN009 -----G-----T-----A-C-----C-----C-----C-C-G-----G-----C----- 3830

08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F -----G-----T-----A-C-T-----C-----C-----C-----G-----C----- 3678

08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F -----G-----T-----A-C-T-----C-----C-----C-----G-----C----- 3684

08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F -----G-----T-----A-C-T-----C-----C-----C-----G-----C----- 3678

08 BC. CN. 98. 98CN006 -G-----G-----T-----A-C-T-----C-----C-----C-----G-----C----- 3830

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 -G-----T-----A-----T-----C-----T-----C-----C----- 3700

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 -G-----G-----T-----A-----T-----C-----C-----C----- 3700

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 -G-----T-----G-----A-----C-----C-----C-----C----- 3688

09 cpx. US. 99. 99DE4057 -----G-----T-----A-----C-----C-----C-----C----- 3682

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 -----T-----C-----T-----G-----C-----C-----C----- 3877

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071 -----T-----T-----T-----C-----C-----C-----A----- 3875

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110 -----AT-----T-----T-----G-----C-----C-----C----- 3866

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA -G-----A-----C-----T-----C-----A-A-----G-----C-----C-----G-----C----- 3694

11 cpx. CM. 96. 4496 -----C-----T-----C-----A-A-----C-----C-----C-----G-----C----- 3858

11 cpx. FR. 99. MP1298 -G-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----G-----C----- 4492

11 cpx. GR. -. GR17 -----A-----T-----C-----A-A-----C-----C-----C----- 3800

12 BF. AR. 97. A32879 -G-----T-----G-----T-----T-----C-----T-----G-----CC-G-----C----- 4062

12 BF. AR. 99. ARMA159 -G-----T-----G-----T-----C-----AC-----C-----G-----CC-----C----- 4503

12 BF. ES. 02. X1241 -G-----T-----G-----T-----C-----T-----G-----CC-G-----C----- 3749

12 BF. UY. 99. URTR23 -G-----T-----G-----T-----A-----C-----T-----G-----CC-----C----- 4524

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN -G-----A-----T-----C-----A-----C-----C-----C-----C----- 3724

13 cpx. CM. 96. 1849 -G-----C-----T-----A-----C-----C-----C-----C----- 3903

13 cpx. CM. 96. 4164 -G-----A-----T-----A-----C-----C-----C-----C----- 3900

14 BG. ES. 00. X605 -G-----C-----GT-----A-----C-----G-----C-----C----- 3936

14 BG. ES. 00. X623 -G-----C-----GT-----C-----A-----C-----G-----C-----C----- 3938

14 BG. ES. 99. X397 -G-----C-----GT-----A-----C-----G-----C-----C----- 3939

14 BG. ES. 99. X421 -G-----C-----GT-----A-----C-----G-----C-----C----- 3936

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 -G-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C----- 3730

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 -G---T-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----C----- 3719

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 -G-G-T-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----G----- 3897

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 -G---T-----G-----G-----T-----C-----C-----C-----C-----C-----G----- 3853

16 A2D. KR. 97. 97KR004 -G-----T-----C-----C-----A-----A-----C-----C-----C-----C----- 3861

18 cpx. CM. 97. CM53379 -G-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----T-----C-----C----- 3692

N. CM. -. YBF106 -G-----G-----GA-CA-T-----G-G-----GT-----C-----A-C-----T-----T-----C-----G-----C-----CT----- 4090

N. CM. 02. DJ00131 -G-----A-----G-----CA-T-----G-G-----G-----A-C-----T-----T-----G-----C-----G-----C-----CT----- 4004

N. CM. 95. YBF30 -G-----G-----G-----CA-T-----G-G-----T-----C-----G-----A-C-----T-----G-----G-----C-----G-----C-----CT----- 4092

O. BE. 87. ANT70 -G-----A-----T-----T-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----C-----AA-A-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----TC-----G-----A----- 4553

O. CM. -. 96CMABB637 -G-----A-----T-----T-----G-----T-----AC-----A-----A-----G-----C-----C-----AA-A-----T-----T-----C-----G-----A-----TC-----G-----A----- 3982

O. CM. 91. MVP5180 -G-----A-----C-----T-----T-----AC-----C-----AG-----A-----G-----C-----A-----C-----AA-A-----T-----T-----C-----G-----A-----AC-T-----G-----G-----A----- 4528

O. SN. 99. SEMP1300 -G-----A-----T-----T-----G-----AC-----A-----G-----A-----C-----C-----AA-A-----T-----T-----C-----G-----A-----TC-----G-----A----- 4552

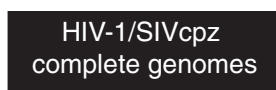
CPZ. CD. -. ANT -----G-----C-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----TC-----T-----A-----GG----- 3937

CPZ. GA. -. CPZGAB -----G-----G-----C-----G-----T-----G-----C-----CC-----C-----G-----A-----G-----C-----C-----TC-----C----- 4559

CPZ. TZ. -. TAN1 ---G-T-A-----G-----G-----AC-----A-----C-----A-----C-----C-----CC-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----TC-----C-----A----- 4142

CPZ. US. 85. CPZUS ---G-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----C-----G-----A-----C-----TA-A-----G-----A-----G-----CC-----G-----C----- 4558

Pol p31 Integrase G E A M H G Q V D C S P G I W Q L D C T H L E G K V I L V A V H V A S G Y I E A E V I P Pol



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	AGCAGAAACAGGGCAGGAAACAGCATATTTTCTTTTAAATAGCAGGAAGATGGCCAGTAAAAACAATACATACTGACAATGGCAGCAATTCACCGGTGCTACGGTTAGGGCCGCTGTGGTGGGGC	4628
A1.KE.94.Q23_17	-----A-A-G-----C-----AC-----T-G-----C-A-----A-C---G-A---AA-A-----A	4086
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----A-G-----C-----GC-----GT-G-----C-A-T-----CC-----A-CAG-G-A-----A-T-----A	4105
A1.SE.94.SE7253	-----A-G-----C-----AC-----T-G-----C-A-T-----CC-----A-C---G-AT---AA-A-----A	3832
A1.TZ.01.A173	-----A-C-G-----C-----GC-----GT-G-----C-A-----A-C---G-AT---AA-A-----A	3827
A1.UA.00.98UA0116	-----A-G-----C-----GC-----GT-G-----C-A-T-----CC-----A-CAGCG-A-----A-T-----A	4627
A1.UG.92.92UG037	-----A-G-----C-----AC---GC-----GT-G-----C-A-----A-C---G-----AA-A-----A	3995
A1.UG.98.98UG57136	-----G-----GG-----C-T-GC-----G-----GT-G-----C-A-----T---A-C---G-AT---AA-A-----A	3833
A2.CD.97.97CDKFE4	-----G-----A-----C-A-A-----GTG-----A-----GCC-----TA---A-A---C-A-----A	3433
A2.CD.97.97CDKS10	-----A-----C-A-A-----C-----GT-----A-----GTC-----A---A-A---A-A-----A	745
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----A-G-----C-A-----GT-----A-----GCC-----A---AG-A---A-A-----A	3968
A2.CY.94.94CY017_41	-A-----A-----T-----C-A-A-----C-----GT-----A-----GCC-----T-A---A-A---A-A-----A	3985
A3.SN.01.DDI579	-----A-----GG-----C-C-GC-----GT-----C-A-----C-----A---G-AA-G-AA---A-----A	3826
A3.SN.01.DDJ369	-----A-----C-C-GC-----GT-----C-A-----C-----A---G-A---G-AA---A-----A	3829
A3.SN.96.DDJ360	-----A-----C-C-GC-----GT-----C-A-----C-----A---G-AA-G-AA---A-----A	3826
B.AR.00.ARMS008	-----G-----A-----C-CA-C-----G-----G-----A-----TCC-----A-A---T---A-----A	3833
B.AU.96.MBCD36	-C---CA---T-----C-C-C---G-----G-----A-----A-----T-A-----A-----A	3983
B.CO.01.PCM074	-----C-C-C-----C-G-----A-----A-----A-A---A---AA-T-----A	3844
B.GA.88.OYI	-----G-----C-A-C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A	4171
B.NL.00.671_00T36	-----A-----C-A-C-----C-----A-----CC-----T-A-A-G-A-----A-----A	4193
B.RU.-.04RUI29005	-----G-----C-A-C-----A-----T-----A-AA-GY-----A-----A-----A	4132
B.TH.90.BK132	-----G-----C-C-----A-----A-----A-A-----A-T-----A-----A	3979
B.US.90.WEAU160	-----G-----A-----C-A-C-----C-----A-----A-----A-A-----A-----A	4627
B.US.98.1058_11	-----G-----C-C-----G-----A-----C-----A-AG-G---C-A-----A-----A	3818
C.AR.01.ARG4006	-----G-----A-A---T-----C-A-AC-G-----C-GGT-----A-----T-----A-AA-G-A---AA-A-----A	3812
C.BR.-.04BR013	-----A-A-----C-A-AC-----C-GT-----A-AC-----T-----A-AA---A---AA-A-----A	4092
C.BR.92.BR025-d	-----A-----C-A-AC-----C-GT-----A-----T-----T-A-AA---A---AA-A-----A	3966
C.BW.00.00BW07621	-----A-A-----ACA-AC-----C-T-----A-----T-----T-----A-G-A---A-A-----A	3981
C.ET.86.ETH2220	-----A-A-----C-AC-----G-----C-GGT-----A-T-----T-C-----A-AA-G-A---AA-A-----A	4020
C.IN.95.95IN21068	-----A-A-----C-A-AC-----C-GT-----A-----T-----T-----AA---G-A---A-A-----A	3979
C.IN.99.01IN565_10	-----A-A-----C-A-AC-----C-GT-----A-----T-----T-----A-G-A---A-A-----A	4009
C.KE.00.KER2010	-----A-A-----C-ACA-AC-----T-GT-----A-----T-----A---G-A---A-A-----A	3809
C.TZ.01.BD9_11	-----A-----C-ACA-AC-----G-----C-GT-----A-----T-----T-----A-G-A---C-A---A-----A	3836
C.UY.01.TRA3011	-----G-A-----A-AC-----G-----CC-GT-----A---C---CCT-----TA-AA---A-A---A-----A	3800
C.ZA.04.SK164B1	-----A-----C-ACA-AC-----C-GT-----A-----T-----TA---G-A---A-A-----A	4038
C.ZM.96.96ZM651	-----A-A-----C-A-A-A-----C-GT-----A-----T-----T-----A-G-A---A-A-----A	3957
D.CD.83.ELI	-----G-----A-----C-C-----GT-G-----A-----A-----A-G-A---A-----A	4174
D.CD.83.NDK	-----G-----A-----C-C-----GT-G-----A-T-----A-----A---A-A-----A	4163
D.CM.01.01CM_4412HAL	-T-----G-----G-----C-C-C---G-----G-----G-----GT-G-G-----A-----T-----A---G-C---A-----A	3842
D.KE.01.NKU3006	-----G-----C-C-C---G-----G-----G-----GT-G-G-----A-----C-----C---G-A---A-----A	3833
D.TD.99.MN012	-----G-----C-C-A-C-----GT-G-G-----A-----T-----TA---G-C---A-----A	3852
D.TZ.01.A280	-----C-C-A-C-----GT-----A-----TC-----A-----T---AA-T-----A	3829
D.UG.94.94UG114	-----C-C-C---G-----GT-G-----A-T-----A-C---G-A---A-A-----A	3983
D.UG.99.99UGD23550	-----C-C-C---G-----GT-G-----A-----C-----A-C---G-A---A-----A	3833
D.UG.99.99UGK09958	-----C-C-C---G-----GT-G-----A-----T-----A-C---G-A---A-----A	3827
D.ZA.86.R482	-----C-C-----GT-G-----A-----C-----A---G-A---C-A-----C-----A	3892
F1.BE.93.VI850	-----A-----C-C-CA-A---G-----T-----A-----A-----A-CG---A---AT-----A	3968
F1.BR.89.BZ126	-A-----A-----C-C-CA-AC---G-----A-----A-----CT-----A-CG---A---A-----A	3978
F1.BR.93.93BR020_1	-----A-A-G-----C-C-AC---G-----A-----A-----C-----A---C---A---A-T-----A	3956
F1.FI.93.FIN9363	-----A-----C-----C-CA-AC---G-----TG-----A-----A-----A-CG---A---A-----A	3957
F1.FR.96.MP411	-----A-----C-C-CA-AC---G-----T-----A-----A-----A-AG-G-A---A-A-----A	3830
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----G-A-----C-----CA-A---G-----T-----A-----A-----A-A-GT---A---A-----A	3818
F2.CM.95.MP255	-----A-----G-----C-C-CA-CC---G-----G-----T-----A-----A-----A-A-GT---A---A-----A	3824
F2.CM.95.MP257	-----A-----G-----C-C-CA-AC---G-----T-----A-----A-----T-----A-GT---A---A-----A	3836
F2.CM.97.CM53657	-----G-A-----C-C-C-AC---G-----T-----A-----A-----A-A-GT---A---A-----A	3818
G.BE.96.DRCBL	-----A-A-----C-A-A-----G-----G-----T-----T-----A---G-A---A-A---A-----A	4585
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----A-----G-----C-A-A-----G-----GGT-----C-A-----T-----TA---G-A---A-A---A-----A	3830
G.ES.99.X138	-----A-----C-A-AC-----G-----G-----G-----T-----A-----T-----TA---A-G-A---A-A---A-----A	4069
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A-----C-CA-AC-----G-----G-----G-----GT-----A-----A-----A-G---C-----A	4028
G.NG.92.92NG083	-----A-----C-A-A-----G-----GTG-----A-----TCC-----T-A---G-A---A-A---A-----A	3997
G.SE.93.SE6165	-----A-----C-A-A-----G-----G-----C-GT-----A-----T-----A---G-A---A-A---A-----A	4025
H.BE.93.VI991	-----A-----C-A-A---G---C---C-----TG-----A-----C-----AA---G---A---A-----A	4017
H.BE.93.VI997	-----A-----A-A---G---C---C-----TG-----A-----C-----AA-A-G---A---A-----A	3952
H.CF.90.056	-----AA-----C-C-G-G---C---A---C-----GT-----A-----A-----GA---G---A---A-----A	3975
J.SE.93.SE7887	-----A-----G-----T---A---A-----C-----GT-----A-----C-----A---G-G-T---G-A---A-----A	3942
J.SE.94.SE7022	-----A-----G-----T---A---A-----CG-----A-----G-G-T---G-A---A-----A	3943
K.CD.97.EQTB11C	-----G-A-----C-C-CA-AC-----G-GT-----A-----C-----A-----GTA---A---A-----A	3825
K.CM.96.MP535	-----G-A-----C-C-A-AC-----GT-----A-----C-----C-----A-CA-GT---A---A-----A	3824
01_AE.TH.00.OUR200I	-----ATC---G-----C-C-GC---C-----GT-----C-A---C---T-----A-C---G-A---AA-A-----C	3836
01_AE.TH.01.OUR414I	-----A-G-----C-GC-----GT-----C-A-----T-----C-----A-C---G-AA-G-AA---A-----C	3824
01_AE.TH.02.OUR769I	-----A-G-----C-GC-----GT-----C-A-----T-----C-----A-C---G-A---AA-A-----C	3827
01_AE.TH.90.CM240	-----A-G-----C-GC---C-----GT-----C-A---C---T-----A-C---G-A---AA-A-----C	4202

B.FR.83.HXB2	AGCAGAAACAGGGCAGGAAACAGCATATTTTCTTTTAAATAGCAGGAAGATGGCCAGTAAAAACAATACATACTGACAATGGCAGCAATTCACCGGTGCTACGGTTAGGGCCCGCTGTTGGTGGGGC	4628
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	-----A---G-----C---A-A-----G---GGT-----C---A-----A---G-A--A-A--A---A-----A	3818
02 AG.FR.91.DJ264	-----A---G-----C---A-AC-----G---GT-----C---A-----A---G-A--A-A--A---A-----A	3977
02 AG.NG.-.IBNG	-----A---G-----C---A-A-----G---GT-----C---A-----A---G-A--A-A--G---A-----A	4153
02 AG.UZ.02.02UZ693	-----G-----C---A-A-----G---GT-----C---A-----A---A-G-A--A-A--A---A-----A	3815
03 AB.BY.00.98BY10443	-----A-----T---C---G-C---C-----T-----A-----T---A---A-G-----A---T-----A	4631
03 AB.RU.97.KAL153 2	-----A-----C---G-C-----T-----A-----A---A-G-----A---T-----A	3854
03 AB.RU.98.RU9800I	-----A-----C---G-C-----GT-----A-----T---A---A-G-----A---T-----A	3998
04 cpx.CY.94.CY032	-----A-----C---C---CA-AC-----G---TG-----G---A---C---CC-----A---G---A---A---A-----A	3994
04 cpx.GR.91.97PVCH	-----A-----C---C---CA-AC-----T-----A-----C---C-----A---G---A---A---A-----A	4645
04 cpx.GR.97.97PVMY	-----A-----T---C---CA-AC-----T-----A-----T---C-----A---G---A---A---A-----A	4642
05 DF.BE.-.VI1310	-----G---A-----C---C---CA-AC---GC-G-----TG-----A---T-----C---C-----A---G---A---A---A-----A	4010
05 DF.BE.93.VI961	-----G---A-----C---C---CA-AC---G-----TGG-----A---T-----A---G---A---A---T-----A	3984
05 DF.ES.99.X492	-----G---A-----C---C---CA-AC---G-----GGG-----A---T---CC-----A---A-G-A---A---T-----A	3981
06 cpx.AU.96.BFP90	-----A---G-----C---A-A-----GTG-----C---A-----T-----A---G-A---AA-A---A-----A	4656
06 cpx.EE.-.EEO359	-----A---G-----C---A-AC-----GTGG-----C---A-----T-----A---G-A---AA-A---A-----A	4284
06 cpx.ML.95.95ML127	-----A---G-----C---A-AC-----GTG-----C---A-----T-----A---G-A---AA-A---A-----A	4645
06 cpx.SN.97.97SE1078	-----A---G-----C---A-A-----GTG---C---C---A-----T-----A---G-A---G-AA---A---A-----A	4687
07 BC.CN.-.CNGL179	-----A---A---G-----C---A-AC-----C---GT-----A-----T---T-----A---A-G-A---A---A-----A	3840
07 BC.CN.97.97CN001	-----A---A---G-----C---A-AC-----T-----C---GT-----A---T---T-----A---A-G-A---A---A-----A	3960
07 BC.CN.97.CN54	-----A---A---G-----C---A-AC-----C---GT-----A---T---T---T-----A---A-G-A---A---A-----A	3990
07 BC.CN.98.98CN009	-----A---A---G-----C---A-AC-----C---GT-----A---T---T---T-----A---A-G-A---A---A-----A	3960
08 BC.CN.97.97CNGX_6F	-----A---A-----C---A-AC-----C---GT-----A-----T---T-----A---G-A---A---A-----A	3808
08 BC.CN.97.97CNGX_7F	-----A---A-----C---A-AC-----C---GT-----A-----T---T-----A---G-A---A---A-----A	3814
08 BC.CN.97.97CNGX_9F	-----A---A-----C---A-AC-----C---GT-----A-----T---T-----A---G-A---A---A-----A	3808
08 BC.CN.98.98CN006	-----G---A---A-----C---A-AC-----C---GT-----A-----T---T-----A---A-G-A---A---A-----A	3960
09 cpx.GH.96.96GH2911	-----A---A-----C---A-A-----GTG-----C---G-----T-----A---G-A---A---A---A-----A	3830
09 cpx.SN.95.95SN1795	-----A---A-----C---A-A-----GT-----C---A-----T-----A---G-A---A-AA---A---A-----A	3830
09 cpx.SN.95.95SN7808	-----A---A-----C---G-----GT-----C---A-----TA-----A---G-A---A---A---A-----A	3818
09 cpx.US.99.99DE4057	-----A---A-----C---A-A-----GT-----C---A-----A---A---G-A---CA---A---A---A-----A	3812
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A---C---C---C---G-----GT-G-----A-----A---C---G-A---A---A-----A	4007
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----A---C---C---C---G-----GT-G-----A-----T-----A---C---CG-A---A---A-----A	4005
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----A---C---C---G---C-----GT-G-----A-----A---C---G-A---A---T-----A	3996
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----A---A-----C---A-A-----GT-----A-----A---C---G-A---A-AA---A---A-----A	3824
11 cpx.CM.96.4496	-----A---A-----C---M-A-----GT-----A---T---C-----A---C---G-A---AA---A---A-----A	3988
11 cpx.FR.99.MP1298	-----A---A-----A---A---GG-----TG-----A-----A---C---G-A---AA---A---A-----A	4622
11 cpx.GR.-.GR17	-----A---A-----C---A-A-----GT-----A---T-----A---CAA-G-A---AA---A---A-----A	3930
12 BF.AR.97.A32879	-----A---A-----C---C---CA-AC---G-----G-----A-----A---CC-----T-AA-A-CG-----A---A-----A	4192
12 BF.AR.99.ARMA159	-----A---A-----C---C---CA-AC---G-----A-----A---CC-----T-A---C-T-----A---A-----A	4633
12 BF.ES.02.X1241	-----A---A-----C---C---CA-AC---G-----A-----A---C-----G-A---G---A---A---A-----A	3879
12 BF.UY.99.URTR23	-----A---A-----C---C---C---AC---G-----A---T-----C-----G-A---CG-----A---A-----A	4654
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----A---A-----C---A-A-----G---GT-----C---A-----T---AA-----G-A---A-AA---A---A-----A	3854
13 cpx.CM.96.1849	-----A---A-----C---A-A-----GT-----C---A-----T---A-----G-A---A-AA---A---A-----A	4033
13 cpx.CM.96.4164	-----G---A-----C---A-A-----GT-----C---A-----G-----T-T-A-----G-A---A-AA---A---A-----A	4030
14 BG.ES.00.X605	-----A---A-----C---A-AC---G-----G-----G-----G---T-----A---G-A---A-A---A---A-----A	4066
14 BG.ES.00.X623	-----A---A-----C---A-AC---G-----G-----G-----G---T-----A---AG-G-A---A---A---A-----A	4068
14 BG.ES.99.X397	-----A---A-----C---CA-AC---G-----G-----G-----G---T-----A---G-A---A---A---A-----A	4069
14 BG.ES.99.X421	-----A---A-----C---A-AC---G-----G-----G-----G---T-----A---G-A---A---A---A-----A	4066
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----A---G-----C---GC-----G---GT-----C---A---C---T-----A---C---G-A---AA---A---C-----C	3860
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----A---G-----C---GC-----G---GT-----C---A---C---A-----A---C---G-A---AA---A---C-----C	3849
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	-----A---A-----C---GC-----GT-----C---A---C---T-----A---C---G-AA-G-AA---A---C-----C	4027
15 01B.TH.99.99TH_R2399	-----A---G-----C---GC-----GT-----C---A---C---T-----A---C---G-A---AA---A---C-----C	3983
16 A2D.KR.97.97KR004	-----A---G-----T---C---A-A---C-----GT-----A-----AC-A---A---A-----A	3991
18 cpx.CM.97.CM53379	-----A---A-----C---C---CA-A-----T-----C---A-----A---G-A---A-A---A---A-----A	3822
N.CM.-.YBF106	T-----A-----A-----G---T-----GTT-----C---T---ACC-----T-TTA-----C---T---A-AA---A-----A	4220
N.CM.02.DJ00131	T-----A-----A-----G---T-----GTT-----C---T---ACC-----TA-----C---T---A-AA---A-----A	4134
N.CM.95.YBF30	T-----G---A-----A-----G---T-----GTT-----C---T---ATC-----TA-----C---T---A-AA---A-----A	4222
O.BE.87.ANT70	-----A---A-----T---C---C---C---G---C-G---T-C-----T---T---GT-----A---C---GCCT-----T-AA---A-A---TA-G-A---T---A-----C	4683
O.CM.-.96CMABB637	-----A---A-----T---C---C---C---G---C-----TA-T-G-GT-C-----A---GCCT-----T-AA---A---CA-G-A---T---A-----C	4112
O.CM.91.MVP5180	-----A---A-----T---C---C---C---G---C-----T---C---GT-----A---ACCT-----T-AA---AG-CA-G-AA---T---A-----A-A	4658
O.SN.99.SEMP1300	-----A---A-----T---C---C---C---G---C-----T---C-----T---T---T-----A---GCCT-----AA---A---CA-G-A---T---A-----A-A	4682
CPZ.CD.-.ANT	--AT-G-----A-AAGT-----C---C---G-----CA-C-----C-----AGCT-----AA---AG-A---A-AA---G---A-----T	4067
CPZ.GA.-.CPZGAB	--T-G-----A---A-----T---C---C---G-----T-----T-----T---T---C---A---T-----GCCA-----T-AA---G-A---C-A---T-----A	4689
CPZ.TZ.-.TAN1	--A-----AAGA-----C---T---C---CA---G-----G-----T-----G---A-----A---T-----ACCA-----T-TA---A-AG-A---G-A---C-----A	4272
CPZ.US.85.CPZUS	T-----A---A---G-----C-----A-C-----T-----GTG---T-----T-----ATCT---C---T---AA---AG---A-----A---A---T---C-----A	4688
Pol p31 Integrase	A E T G Q E T A Y F L L K L A G R W P V K T I H T D N G S N F T G A T V R A A C W W A	Pol

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	GGAAATCAAGCAGGAATTTGGAATTCCTACAATCCCCAAAGTCAAGGAGTAGTAGAATCTATGAATAAAGAATTAAGAAAATTATAGGACAGGTAAGAGATCAGGCTGAACATCTTAAGACAGCAGTAC	4758
A1.KE.94.Q23_17	AAT--C-A-----G-----G-----G-----C-----G-A-----G-A-----C-----A-----	4216
A1.RU.03.03RU20_06_13	AAT--C-A-----G-----G-----G-----C-----G-A-----G-A-----C-----A-----	4235
A1.SE.94.SE7253	A-T--C-A-----G-----G-----G-----C-----G-A-----G-A-----C-----A-----	3962
A1.TZ.01.A173	A-TG-C-A-----A--G--A-----G-----G-----C-----A-----G-A-----C-----A-----	3957
A1.UA.00.98UA0116	AAT--C-A-----G-----G-----G-----C-----G-A-----G-A-----C-----A-----	4757
A1.UG.92.92UG037	AATG-T-A-----T-----G-----C-----G-----G-A-----C-----A-----	4125
A1.UG.98.98UG57136	AAC--C-A-----G-----G-----G-----C-----G-A-----G-A-----C-----A-----	3963
A2.CD.97.97CDKFE4	--TG--C-A-A-----G-----G-----G-----G-----G-A-----A-----C-----A-----	3563
A2.CD.97.97CDKS10	--G--C-A-----G-----C-----C-----C-----G-A-----C-A-----C-----A-----	875
A2.CD.97.97CDKTB48	-ATG--A-----G-----G-----C-----G-----G-A-----A-----C-----G-----	4098
A2.CY.94.94CY017_41	--T--C-A-A-----G-----G-----C-----G-----A-----C-----C-----A-----	4115
A3.SN.01.DDI579	AAT-----A-----G-----G-----C-----G-----G-A-----C-----A-----	3956
A3.SN.01.DDJ369	AAT--C-A-----G-----G-----C-----G-----G-A-----C-----A-----	3959
A3.SN.96.DDJ360	-AT-----A-----G-----G-----C-----G-----G-A-----C-----A-----	3956
B.AR.00.ARMS008	--G-----C-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----	3963
B.AU.96.MBCD36	-G-----A-----C-A-----C-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----	4113
B.CO.01.PCM074	-G-T-----A-----T-----T-----R-----A-----T-----A-----G-----C-----	3974
B.GA.88.OYI	-G-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----G-----	4301
B.NL.00.671_00T36	-G-----C-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----C-----	4323
B.RU.-.04RUI29005	-G-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----K-----A-----	4262
B.TH.90.BK132	-G-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----	4109
B.US.90.WEAU160	-G-----C-----GA-----C-----A-----C-----A-----	4757
B.US.98.1058_11	--GG-----C-----C-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----	3948
C.AR.01.ARG4006	--T--C-----C-----C-----G-----C-----C-----C-----G-----A-----G-----C-----	3942
C.BR.-.04BR013	-C--C-A-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----	4222
C.BR.92.BR025-d	-T--C-A-----G-----G-----A-----C-----C-----A-----G-----C-----	4096
C.BW.00.00BW07621	-T--C-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----C-----G-----	4111
C.ET.86.ETH2220	-T--TC-A-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----	4150
C.IN.95.95IN21068	-T--C-A-----G-----G-----C-----G-----G-A-----A-----G-----C-----	4109
C.IN.99.01IN565_10	-T--C-A-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----G-----C-----	4139
C.KE.00.KER2010	-T--C-A-----G-----G-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----	3939
C.TZ.01.BD9_11	-T--C-A-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----G-----C-----	3966
C.UY.01.TRA3011	-T--C-A-----G-----G-----A-----C-----C-----A-----G-----C-----	3930
C.ZA.04.SK164B1	-C--C-A-----G--C-----A-----G-----C-----C-----A-----G-----C-----	4168
C.ZM.96.96ZM651	-T-----A-----A-----A-----G-----C-----C-----G-----G-----A-----	4087
D.CD.83.ELI	-T--A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	4304
D.CD.83.NDK	-G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	4293
D.CM.01.01CM_4412HAL	-T-----C-----G-----G-----TC-----G-----A-----A-----	3972
D.KE.01.NKU3006	-C--T-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----	3963
D.TD.99.MN012	-T--T-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----	3982
D.TZ.01.A280	-C-----C-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----	3959
D.UG.94.94UG114	-T-----C-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----	4113
D.UG.99.99UGD233550	-C-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----	3963
D.UG.99.99UGK09958	-C-----TC-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----	3957
D.ZA.86.R482	-T-----A-----A-----C-A-----C-A-----C-----A-----	4022
F1.BE.93.VI850	--T--C-A-----G-----C-----A-----G-----A-----G-----C-----A-----	4098
F1.BR.89.BZ126	-T--C-----G-----C-----GC-----G-----C-----A-----A-----A-----	4108
F1.BR.93.93BR020_1	-T--C-----T-----C-----GC-----C-----G-----A-----A-----C-----	4086
F1.FI.93.FIN9363	-T--C-----A-----A-----GC-----G-----C-----A-----A-----A-----	4087
F1.FR.96.MP411	-T--AC-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----	3960
F2.CM.02.02CM_0016BBY	--T--C-A-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----	3948
F2.CM.95.MP255	-T--C-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----	3954
F2.CM.95.MP257	-T--C-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----	3966
F2.CM.97.CM53657	-T--C-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----	3948
G.BE.96.DRCBL	A-C--G-----G-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----	4715
G.CM.01.01CM_4049HAN	AAT--CA-----C-----G-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----G-----C-----	3960
G.ES.99.X138	AAT--CA-----Y-----G-----G-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----	4199
G.FI.93.HH8793_12_1	-AT--T-CA-----A-----C-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----C-----	4158
G.NG.92.92NG083	AAT--CA-----C-----G-----G-----C-----C-----TG-----A-----C-----	4127
G.SE.93.SE6165	AAT--CA-----C-----C-----G-----G-----C-----C-----G-----A-----	4155
H.BE.93.VI991	-AT--C-C-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----G-----C-----A-----C-----G-----	4147
H.BE.93.VI997	-AT--C-A-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----C-----G-----	4082
H.CF.90.056	-AT--C-A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----C-----	4105
J.SE.93.SE7887	-AT-----A-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----C-----	4072
J.SE.94.SE7022	-AT-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----C-----	4073
K.CD.97.EQTB11C	-AT-----C-----C-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----	3955
K.CM.96.MP535	--TG-----G-----G-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----	3954
01_AE.TH.00.OUR200I	AATG--CGA-----C-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----C-----	3966
01_AE.TH.01.OUR414I	-ATG--C-C-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----C-----	3954
01_AE.TH.02.OUR769I	AATG--A-----G--C-----T-----C-----G-----G-----A-----C-----	3957
01_AE.TH.90.CM240	AATG--C-A-----G--C-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----C-----A-----	4332

B. FR. 83. HXB2	GGAAATCAAGCAGGAATTTGGAATTCCTACAATCCCCAAAGTCAAGGAGTAGTAGAATCTATGAATAAAGAATTAAAGAAAATTATAGGACAGGTAAGAGATCAGGCTGAACATCTTAAGACAGCAGTAC	4758
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE	AATG---CA--A-----C-----G-----G-----C---G---C---A-----	3948
02 AG. FR. 91. DJ264	AATG---CA-----C-----G-----C---G---C---A-----C-----	4107
02 AG. NG. -. IBNG	AATG---CA--A-----C-----G-----C---G---C---A-----C-----	4283
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	AATG---CA--A-----G-----G-----C---G---A---G---C-----	3945
03 AB. BY. 00. 98BY10443	--G-----C-----C-----C-----A-----	4761
03 AB. RU. 97. KAL153 2	--G-----C-----C---C-----A-----	3984
03 AB. RU. 98. RU9800I	--G-----C-----C-----C-----A-----	4128
04 cpx. CY. 94. CY032	-AT-----C-----C-----C---G---C---G---A-----C-----	4124
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	-ATG---C-A-----C-----G-----C---AAG---C---G---A-----C-----	4775
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	AAT---C-A-----G-----C-----G-----C---G---C---A-----C-----	4772
05 DF. BE. -. VI1310	--T---C---A-----G-----G-----C-----A-----	4140
05 DF. BE. 93. VI961	--T---A-----G---G-----G-----A-----	4114
05 DF. ES. 99. X492	--T---A-----G---A-----T---G-----A-----G-----	4111
06 cpx. AU. 96. BFP90	AAT---CA--A-----T-----G-----C---G---A---A---C-----	4786
06 cpx. EE. -. EE0359	AAT---T-CA--A-----G-----G-----A-----C-----	4414
06 cpx. ML. 95. 95ML127	AAT---CA--A-----G-----G-----C---G---A---G---C-----	4775
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	AATG---CA--A-----GA-----G---G-----C---G---AA---C---A---C-----	4817
07 BC. CN. -. CNGL179	--T---C-A-----G-----C-----A-----G---C-----	3970
07 BC. CN. 97. 97CN001	--T---C-A-----G-----G---C-----G---C-----	4090
07 BC. CN. 97. CN54	--T---C-A-----G-----G---C-----G---C-----	4120
07 BC. CN. 98. 98CN009	--T---C-A-----G-----C-----G---C-----	4090
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	--T---C-A-----C-----G-----C-----G---C-----	3938
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	--T---C-A-----C-----G-----C-----G---C-----	3944
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	--T---C-A-----C-----G-----C-----G---C-----	3938
08 BC. CN. 98. 98CN006	--T---C-A-----C-----C-----C---G---A---C-----	4090
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	AATG---G--A-----C-----C---G---C---G---A---C-----	3960
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	--T---CA--A-----G---C-----G-----C---G---C---G---A---C-----G-----	3960
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	AAT---CC--A-----G-----C---G---C---G---A---C-----	3948
09 cpx. US. 99. 99DE4057	AAT---CA--A-----C-----G---C---G---C---G---A---C-----	3942
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	--C-----G-----C-----C-----C---A---G-----	4137
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071	--C-----G-----C-----C-----C---A---A-----	4135
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110	--C-----G-----C-----G-----C---G---A-----	4126
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA	AAT---C-A-----G---C-----G---G-----G---C---G---G---A-----	3954
11 cpx. CM. 96. 4496	AAT---A-----G---G-----G---G-----G---G---G---A-----C---G-----	4118
11 cpx. FR. 99. MP1298	AAT---C-A-----G---G---C-----G---G---C---G---G---A---G---C-----	4752
11 cpx. GR. -. GR17	--T---C-A-----G---G-----G---G---G---G---A---A-----	4060
12 BF. AR. 97. A32879	--T---C-----C-----GC---G---C---G---A---A-----	4322
12 BF. AR. 99. ARMA159	--T---C-A-----C-----G-----GC---A---G---C---A---C---A---G-----	4763
12 BF. ES. 02. X1241	--T---C-----C---C---AA---A---G---A---A-----	4009
12 BF. UY. 99. URTR23	--T---C-----G-----C-----GC---C---AA---G---A---A-----	4784
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	AAT---CA--A-----T-----C---G---C---G---A---C-----	3984
13 cpx. CM. 96. 1849	AAT---CA--A-----T-----C---G---C---G---G---A---C-----	4163
13 cpx. CM. 96. 4164	AAC---CA--A-----T-----G-----C---G---C---G---A---C-----	4160
14 BG. ES. 00. X605	AAT---CA--A-----C---T-----C---G---G---C---G---A---C-----	4196
14 BG. ES. 00. X623	AAT---CA--A-----C-----C---G---G---A---C---CACG---C---G---A---C-----	4198
14 BG. ES. 99. X397	AAT---CA--A-----C-----C---G---G---C---G---A---C-----	4199
14 BG. ES. 99. X421	AAT---CA--A-----C-----C---G---G---C---G---A---C-----	4196
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331	AATG---C-A-----G---C-----G-----C---G---A---G---A---C-----	3990
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332	AATG---CGA-----G---C-----G-----C---G---G---A---G---A---C-----	3979
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	AATG---CGA-----T---GGA-----T---G-----C---G---AA---G---A---C-----	4157
15 01B. TH. 99. 99TH R2399	AATG---C-A-----G---C---T-----C---G---G---G---A---C-----	4113
16 A2D. KR. 97. 97KR004	--TG---C-A-----G-----G---C---G---A---A---C-----	4121
18 cpx. CM. 97. CM53379	AATG-T-CA--A-----C-----G---G---C-----G---C---A---A-----	3952
N. CM. -. YBF106	--T---A-----C---G---A-----T-----G---C---G---C---AA---C---G---A---A---A---A---G-----	4350
N. CM. 02. DJ00131	AAT---CA-----C---G---A-----T-----G---C---C---AA---C---A---A---A---A---A---G-----	4264
N. CM. 95. YBF30	AAT---A-----G---A-----T-----G---C---G---C---AA---C---A---A---A---A---G-----	4352
O. BE. 87. ANT70	AAC---AC--A---T---G-----A---A---T---A-----G---C---G---ATC---CAG---G---G---C---A---A---CT---A---GA-----	4813
O. CM. -. 96CMABB637	AAC---A---GA---T---G-----A---A---T---C---A-----G---C---CAG---G---G---C---A---A---G---T---A---A-----	4242
O. CM. 91. MVP5180	--C---AC--A---T---G-----G---A---A---T---A-----G---C---ATCT---CAG---G---G---C---A---A---G---T---A---A-----	4788
O. SN. 99. SEMP1300	--C---A---A---T---G-----A---A---T---A-----GG---C---C---G---ATC---CAG---G---G---C---A---A---CT---A---A-----	4812
CPZ. CD. -. ANT	AAT---C-A-----A---A-----A-----G---C---C---G---C---AA---T---C---A---A---AT---A-----G-----	4197
CPZ. GA. -. CPZGAB	-AC-----A-----T---A---G-----G-----CT---A-----GC---A-----T---G---A---A---T---A---A-----	4819
CPZ. TZ. -. TAN1	CA---TC---A---T-----G---A---T-----T-----C-----AG---A---C---G---C---A---A---G---A---G---G-----A-----	4402
CPZ. US. 85. CPZUS	--C---AC--A---A---G-----A-----A-----G-----C-----AA---C---G---A---A---G---T---A---A-----T-----	4818
Pol p31 Integrase	_G_I_K_Q_E_F_G_I_P_Y_N_P_Q_S_O_G_V_V_E_S_M_N_K_E_L_K_K_I_I_G_Q_V_R_D_Q_A_E_H_L_K_T_A_V_	Pol

B.FR.83.HXB2	AAATGGCAGTATTTCATCCACAATTTTAAAGAAAAGGGGGGATTTGGGGGGTACAGTGCAGGGGAAAGAATAGTAGACATAATAGCAACAGACATACAAACTAAAGAATTACAAAAACAATTACAAAA.A	4887
A1.KE.94.Q23_17	-----T-----	4345
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----T-----C-----GAT...A-----T-----	4361
A1.SE.94.SE7253	-----T-----	4091
A1.TZ.01.A173	-----T-----	4086
A1.UA.00.98UA0116	-----T-----	4886
A1.UG.92.92UG037	-----G-----T-----	4254
A1.UG.98.98UG57136	-----T-----	4092
A2.CD.97.97CDKFE4	-----T-----A-----	3692
A2.CD.97.97CDKS10	-----T-----	1004
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----T-----	4227
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----T-----	4244
A3.SN.01.DDI579	-----T-----	4085
A3.SN.01.DDJ369	-----T-----	4088
A3.SN.96.DDJ360	-----T-----	4085
B.AR.00.ARMS008	-----T-----	4092
B.AU.96.MBCD36	-----A-----	4242
B.CO.01.PCM074	-----T-----	4103
B.GA.88.OYI	-----T-----	4430
B.NL.00.671_00T36	-----T-----	4452
B.RU.-.04RUI29005	-----T-----	4391
B.TH.90.BK132	-----T-----	4238
B.US.90.WEAU160	-----T-----	4886
B.US.98.1058_11	-----G-----AC--T-----G-----A-----	4077
C.AR.01.ARG4006	-----T-----	4071
C.BR.-.04BR013	-----G-----T-----	4351
C.BR.92.BR025-d	-----T-----	4224
C.BW.00.00BW07621	-----T-----G-----	4240
C.ET.86.ETH2220	-----T-----G-----	4279
C.IN.95.95IN21068	-----T-----	4238
C.IN.99.01IN565_10	-----T-----	4268
C.KE.00.KER2010	-----T-----	4068
C.TZ.01.BD9_11	-----T-----T-----	4095
C.UY.01.TRA3011	-----T-----	4058
C.ZA.04.SK164B1	-----T-----	4297
C.ZM.96.96ZM651	-----T-----A-----	4216
D.CD.83.ELI	-----T-----G-A-----	4433
D.CD.83.NDK	-----T-----	4422
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----T-----	4101
D.KE.01.NKU3006	-----T-----	4092
D.TD.99.MN012	-----T-----	4111
D.TZ.01.A280	-----T-----	4088
D.UG.94.94UG114	-----T-----	4242
D.UG.99.99UGD23550	-----T-----A-----	4092
D.UG.99.99UGK09958	-----T-----	4086
D.ZA.86.R482	-----T-----	4151
F1.BE.93.VI850	-----T-----	4227
F1.BR.89.BZ126	-----T-----	4237
F1.BR.93.93BR020_1	-----T-----	4215
F1.FI.93.FIN9363	-----T-----	4216
F1.FR.96.MP411	-----G-----T-----	4089
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----T-----	4077
F2.CM.95.MP255	-----T-----	4083
F2.CM.95.MP257	-----T-----	4095
F2.CM.97.CM53657	-----T-----	4077
G.BE.96.DRCBL	-----G-----T-----	4844
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----G-----T-----	4089
G.ES.99.X138	-----G-----T-----	4328
G.FI.93.HH8793_12_1	-----G-----T-----	4287
G.NG.92.92NG083	-----G-----T-----	4256
G.SE.93.SE6165	-----G-----A-----	4284
H.BE.93.VI991	-----T-----C-----	4276
H.BE.93.VI997	-----T-----	4211
H.CF.90.056	-----T-----	4234
J.SE.93.SE7887	-----A-----	4201
J.SE.94.SE7022	-----G-----A-----	4202
K.CD.97.EQTB11C	-----T-----	4084
K.CM.96.MP535	-----T-----	4083
01_AE.TH.00.OUR200I	-----T-----	4095
01_AE.TH.01.OUR414I	-----T-----	4083
01_AE.TH.02.OUR769I	-----T-----	4086
01_AE.TH.90.CM240	-----T-----	4461

B. FR. 83. HXB2 AAATGGCAGTATTTCATCCACAATTTTAAAGAAAAGGGGGGATTGGGGGGTACAGTGCAGGGAAAGAATAGTAGACATAATAGCAACAGACATACAACTAAAGAATTACAAAAACAAATTACAAAA. A 4887

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE -T-----T-----A-----A-----T-----T-----C-----T----- 4077

02 AG. FR. 91. DJ264 -G-----T-----A-----T-----T-----G-----G-----T----- 4236

02 AG. NG. -. IBNG -G-----T-----A-----T-----T-----T-----C-----G-----T----- 4412

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 -G-----T-----G-----A-----T-----T-----T-----G----- 4074

03 AB. BY. 00. 98BY10443 -----A-----T----- 4890

03 AB. RU. 97. KAL153 2 -----A-----T----- 4113

03 AB. RU. 98. RU9800I -----A-----T----- 4257

04 cpx. CY. 94. CY032 -G-----T-----A-----T-----T-----C----- 4253

04 cpx. GR. 91. 97PVCH -G-----T-----A-----T-----T-----C----- 4904

04 cpx. GR. 97. 97PVMY -----T-----A-----T-----T-----C-----G-----T----- 4901

05 DF. BE. -. VI1310 -----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T----- 4269

05 DF. BE. 93. VI961 -----G-----A-----T-----A----- 4244

05 DF. ES. 99. X492 -----G-----T-----A----- 4240

06 cpx. AU. 96. BFP90 -----T-----A-----T-----T-----C-----T----- 4915

06 cpx. EE. -. EE0359 -----T-----A-----T-----T-----C-----T----- 4543

06 cpx. ML. 95. 95ML127 -----T-----A-----T-----T-----C----- 4904

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 -----A-----T-----A-----T-----T-----C-----C----- 4946

07 BC. CN. -. CNGL179 -----T-----A-----T-----G----- 4099

07 BC. CN. 97. 97CN001 -----T-----A-----T-----G----- 4219

07 BC. CN. 97. CN54 T-----T-----A-----T-----G----- 4249

07 BC. CN. 98. 98CN009 -----T-----A-----T-----G----- 4219

08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F -----T-----G-----T----- 4067

08 BC. CN. 97. 97CNGX_7F -----T-----G-----T----- 4073

08 BC. CN. 97. 97CNGX_9F -----T-----G-----T----- 4067

08 BC. CN. 98. 98CN006 -----T-----G-----T----- 4219

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 -G-----T-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----C----- 4089

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 -G-----T-----A-----A-----A-----T-----T-----C----- 4089

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 -G-----T-----A-----A-----T-----T-----C-----C----- 4077

09 cpx. US. 99. 99DE4057 -G-----T-----A-----G-----A-----C-----G-----C-----C----- 4071

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061 -----T-----A-----C-----T----- 4266

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071 -----T-----A-----G-----C-----T----- 4264

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110 -----T-----A-----T-----C-----T----- 4255

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA -----T-----A-----T-----C-----C-----T----- 4083

11 cpx. CM. 96. 4496 -----T-----A-----T-----Y-----C----- 4247

11 cpx. FR. 99. MP1298 -----T-----A-----T-----C-----T----- 4881

11 cpx. GR. -. GR17 -----T-----G-----G-----A-----C-----C----- 4189

12 BF. AR. 97. A32879 -----A-----A-----T-----G-----T----- 4451

12 BF. AR. 99. ARMA159 -----A-----A-----T-----G-----T----- 4892

12 BF. ES. 02. X1241 -----T-----A-----A-----T----- 4138

12 BF. UY. 99. URTR23 -----A-----A-----T-----T----- 4913

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN -----T-----A-----C-----T----- 4113

13 cpx. CM. 96. 1849 -----T-----A-----T-----T-----A-----C-----T----- 4292

13 cpx. CM. 96. 4164 -----T-----A-----T-----A-----C-----T----- 4289

14 BG. ES. 00. X605 -G-----T-----A-----T-----T-----G-----C----- 4325

14 BG. ES. 00. X623 -G-----T-----A-----T-----T-----G-----C----- 4327

14 BG. ES. 99. X397 -----T-----A-----T-----T-----A-----C-----T----- 4328

14 BG. ES. 99. X421 -G-----T-----A-----T-----T-----G-----C----- 4325

15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1331 -----T-----A-----C-----T----- 4119

15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1332 -----T-----G-----A-----T----- 4108

15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079 C-----T-----A-----T-----T-----C-----C-----C-----T-----C----- 4283

15 01B. TH. 99. 99TH_R2399 -----T-----G-----T-----C----- 4242

16 A2D. KR. 97. 97KR004 -----C-----G-----A-----A-----T-----C-----G----- 4250

18 cpx. CM. 97. CM53379 -----T-----C-----T-----G-----TT----- 4081

N. CM. -. YBF106 -----G-----T-----T-----M-CG-----A-----A-C-A-----C-----TT-----G 4479

N. CM. 02. DJ00131 -----G-----T-----T-----A-----C-----A-----C-----C-----TT-----G. 4393

N. CM. 95. YBF30 -----G-----T-----T-----C-----A-----A-----G-----A-C-A-T-----C-----TT-----G 4481

O. BE. 87. ANT70 -----TG-T-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----C-A-----A-C-----TT-----N 4942

O. CM. -. 96CMABB637 -----G-----TG-T-----G-----C-----A-----G-----T-----GC-----T-----C-A-----A-C-----C-----C-----TT----- 4371

O. CM. 91. MVP5180 -----C-----TG-T-----C-----G-----C-----A-----C-----T-----C-A-----A-C-----C-----TT----- 4917

O. SN. 99. SEMP1300 -----TG-T-----A-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----C-A-----A-C-----TTT----- 4941

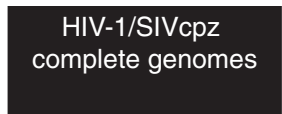
CPZ. CD. -. ANT T-----GCA-----T-----CAC-T-----AC-G-----T-----C-----G-----A-CTC-----T-----TT----- 4326

CPZ. GA. -. CPZGAB -----G-----T-----C-----A-----T-----A-----GC-----TT-----G 4948

CPZ. TZ. -. TAN1 TC-----G-AT-----A-----C-----C-----A-----T-----A-----T-----G-----A-----C-----TT-----G 4531

CPZ. US. 85. CPZUS -G-----T-----T-----C-----A-----CA-----C-----T-----AC-----AG-CTT-----TT-----G 4947

Pol p31 Integrase Q M A V F I H N F K R K G G I G G Y S A G E R I V D I I A T D I Q T K E L Q K Q I T K . Pol



B.FR.83.HXB2	TTCAAATTTTCGGGTTTATTACAGGGACAGCAGAAATCCACTTTGGAAGGACCAGCAAAGCTCCTCTGGAAGGTGAAGGGCAGTAGTAATACAAGATAATAGTGACATAAAAAGTAGTGCCAAGAAG	5017
A1.KE.94.Q23_17	-----G-----A-AT-----G-C-----G-----A-----	4475
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----A-----G-----G-----G-C-AC-T-----A-----	4491
A1.SE.94.SE7253	-A-----A-CA-----G-----G-C-C-A-T-----G-----A-----	4221
A1.TZ.01.A173	-----G-----A-A-----T-----G-----A-----	4216
A1.UA.00.98UA0116	-G-----A-A-----G-----G-C-AC-T-----A-----	5016
A1.UG.92.92UG037	-----A-----G-----G-----G-----G-C-----T-----A-----	4384
A1.UG.98.98UG57136	-----G-----G-----A-A-----A-----G-C-----T-----G-----C-----	4222
A2.CD.97.97CDKFE4	-----GG-----A-----A-----C-C-----T-C-G-----A-----	3822
A2.CD.97.97CDKS10	-T-----A-----T-G-CA-----A-----C-----G-----G-----A-----	1134
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----A-----T-----G-----C-G-----T-----A-----	4357
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----A-----T-----C-----G-----A-----	4374
A3.SN.01.DDI579	-----G-C-A-----A-A-----G-C-----T-----G-A-A-----	4215
A3.SN.01.DDJ369	-----G-C-A-----A-A-----G-C-----T-----G-A-A-----	4218
A3.SN.96.DDJ360	-----G-C-A-----A-A-----G-C-----T-----G-A-A-----	4215
B.AR.00.ARMS008	-----G-----T-----G-----A-----	4222
B.AU.96.MBCD36	-----G-C-----T-----C-----	4372
B.CO.01.PCM074	-----G-G-----A-T-----C-----R-A-----	4233
B.GA.88.OYI	-----G-A-----T-T-----A-----	4560
B.NL.00.671_00T36	-----G-----T-----A-----	4582
B.RU.-.04RUI29005	-----G-G-----T-----A-----	4521
B.TH.90.BK132	-----G-----T-G-----A-----	4368
B.US.90.WEAU160	-----C-----G-----T-----A-----	5016
B.US.98.1058_11	-----C-----G-----G-----A-----	4207
C.AR.01.ARG4006	-----A-----G-TA-----C-A-A-----C-----C-T-----G-A-----G--	4201
C.BR.-.04BR013	-----A-----G-TA-----C-A-A-----C-----C-----G-----A-----G--	4481
C.BR.92.BR025-d	-----A-----G-TA-----C-A-A-----C-----C-----G-----A-----G--	4354
C.BW.00.00BW07621	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----G-A-A-----G--	4370
C.ET.86.ETH2220	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----G-----A-----G--	4409
C.IN.95.95IN21068	-----A-----G-C-CA-----C-A-A-----G-G-A-G-G--	4368
C.IN.99.01IN565_10	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----A-A-----G-----A-----	4398
C.KE.00.KER2010	-----A-----G-C-TA-----C-----A-----C-----G-----A-----G--	4198
C.TZ.01.BD9_11	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----G-----A-----G--	4225
C.UY.01.TRA3011	-----A-----G-TA-----C-A-A-----G-C-----C-----G-----A-----G--	4188
C.ZA.04.SK164B1	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----G-----C-----G-----A-----G--	4427
C.ZM.96.96ZM651	-A-----A-----G-C-CA-----C-A-A-----C-----G-----A-----G--	4346
D.CD.83.ELI	-----A-----G-----A-----C-G-----G-----A-----	4563
D.CD.83.NDK	-----G-----A-----T-----C-----G-----A-----	4552
D.CM.01.01CM_4412HAL	-C-----G-----A-----A-T-G-----C-----G-----A-----	4231
D.KE.01.NKU3006	-----G-----A-----T-----A-----G-----A-----	4222
D.TD.99.MN012	-----G-----A-----T-----A-----G-----A-----	4241
D.TZ.01.A280	-----C-----G-C-A-----T-----CC-----G-----A-----	4218
D.UG.94.94UG114	-----G-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----	4372
D.UG.99.99UGD23550	-----G-----T-----T-----C-----A-----G-----A-----	4222
D.UG.99.99UGK09958	-----G-----A-----T-----G-----C-----A-----G-----A-----	4216
D.ZA.86.R482	-----G-----A-----A-T-----G-----T-C-----C-C-A-----G-----A-----	4281
F1.BE.93.VI850	-----C-----C-----G-----A-----C-----C-----A-----GA-----A-----G--	4357
F1.BR.89.BZ126	-G-----C-----G-C-G-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----	4367
F1.BR.93.93BR020_1	-----C-----C-----G-C-G-----A-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----	4345
F1.FI.93.FIN9363	-----C-----C-----G-C-G-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----	4346
F1.FR.96.MP411	-----C-----C-----G-C-G-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----	4219
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-C-----T-----A-----G-C-A-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----	4207
F2.CM.95.MP255	-----T-----G-C-G-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----	4213
F2.CM.95.MP257	-----T-----G-C-G-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----	4225
F2.CM.97.CM53657	-----C-----T-----G-C-A-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----	4207
G.BE.96.DRCBL	-----G-----A-----A-A-----C-----AC-A-----A-----	4974
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----G-----A-C-----G-----C-----AC-A-----G-----A-----	4219
G.ES.99.X138	-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----AC-A-----G-----A-----G--	4458
G.FI.93.HH8793_12_1	-----G-----T-----G-C-G-----A-G-----C-----C-----AC-A-----G-----A-----G--	4417
G.NG.92.92NG083	-----G-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----AC-A-----G-----A-----	4386
G.SE.93.SE6165	-----G-----C-----G-----C-A-A-----G-----C-----C-----AC-A-----G-----A-----	4414
H.BE.93.VI991	-----A-----G-----C-----A-----A-T-----C-----A-----A-----	4406
H.BE.93.VI997	-----A-----G-----C-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----	4341
H.CF.90.056	-----A-----G-----C-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----	4364
J.SE.93.SE7887	-----G-----C-----A-----A-A-C-----G-----C-----A-----G-----A-----	4331
J.SE.94.SE7022	-----G-----C-----A-----A-G-----C-----C-----A-----G-----A-----	4332
K.CD.97.EQTB11C	-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----	4209
K.CM.96.MP535	-A-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----	4213
01_AE.TH.00.OUR200I	-----G-----C-----A-----A-A-----C-----T-----A-----	4225
01_AE.TH.01.OUR414I	-----G-----C-----A-----A-----C-----T-----A-----	4213
01_AE.TH.02.OUR769I	-----G-----C-----A-----A-----C-----T-C-----A-----	4216
01_AE.TH.90.CM240	-----G-----C-----A-----A-----C-----T-----A-----	4591

B.FR.83.HXB2	TTCAAATTTTCGGGTTTATTACAGGGACAGCAGAAATCCACTTTGGAAAGGACCAGCAAAGCTCCTCTGGAAGGTGAAGGGCAGTAGTAATACAAGATAATAGTGACATAAAAGTAGTGCCAAGAAG	5017
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	-----C-----G-C-CA-----A-A-T-----G-C-----T-----G-----A-----	4207
02 AG.FR.91.DJ264	-----C-----G-C-CA-----A-A-----G-C-G-----T-----G-----A-----	4366
02 AG.NG.-.IBNG	-----G-C-CA-----A-A-----G-C-----T-----G-----A-----	4542
02 AG.UZ.02.02UZ693	-----G-C-CA-----A-A-T-----G-C-----T-----A-----	4204
03 AB.BY.00.98BY10443	-----G-----A-----A-A-----G-----G-C-----AC-T-----A-----	5020
03 AB.RU.97.KAL153.2	-----A-----G-----A-----A-----G-----G-C-----AC-T-----A-----	4243
03 AB.RU.98.RU9800I	-----A-----G-----A-----A-----G-G-----G-C-----AC-T-----A-----	4387
04 cpx.CY.94.CY032	-----G-A-A-----G-----A-A-----G-C-C-----T-C-----A-----	4383
04 cpx.GR.91.97PVCH	-----G-C-A-----G-----A-A-----G-C-C-----T-----G-----A-----	5034
04 cpx.GR.97.97PVMY	-----A-G-C-A-----G-----A-A-----G-C-C-----T-----G-----A-----A	5031
05 DF.BE.-.VI1310	-----G-C-G-----A-----G-A-----C-----A-----G-----A-----	4399
05 DF.BE.93.VI961	-----C-----G-C-G-----A-A-----C-----C-----A-----G-----A-----	4374
05 DF.ES.99.X492	-----C-----G-C-G-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----	4370
06 cpx.AU.96.BFP90	-----G-C-A-----A-A-----C-----A-----G-----A-----	5045
06 cpx.EE.-.EEO359	-----G-C-A-----T-A-T-T-----C-----A-----G-----A-----	4673
06 cpx.ML.95.95ML127	-----G-----A-A-T-----C-----A-----G-----A-----	5034
06 cpx.SN.97.97SE1078	-----G-----G-C-A-----A-A-----C-----A-----A-----	5076
07 BC.CN.-.CNGL179	-----A-----G-C-CAG-----C-A-A-----G-----A-----G-----	4229
07 BC.CN.97.97CN001	-----A-----G-C-CAG-----C-A-A-----G-----A-----G-----	4349
07 BC.CN.97.CN54	-----A-----G-C-CAG-----C-A-A-----A-----G-----A-----G-----	4379
07 BC.CN.98.98CN009	-----A-----G-C-CAGC-----C-A-A-----G-----A-----G-----	4349
08 BC.CN.97.97CNGX_6F	-----A-----G-C-CA-----C-A-A-----G-----A-----G-----	4197
08 BC.CN.97.97CNGX_7F	-----A-----G-C-CA-----C-A-A-----G-----A-----G-----	4203
08 BC.CN.97.97CNGX_9F	-----A-----G-C-CA-----C-A-A-----G-----A-----G-----	4197
08 BC.CN.98.98CN006	-----A-----G-C-CA-----C-A-A-----G-----A-----G-----	4349
09 cpx.GH.96.96GH2911	-----G-C-A-----A-A-----G-C-----A-T-----G-----A-----	4219
09 cpx.SN.95.95SN1795	-----G-C-A-----A-A-----G-C-A-----T-----G-----A-----	4219
09 cpx.SN.95.95SN7808	-----T-----G-C-A-----A-A-A-----G-C-A-----A-----G-----A-----	4207
09 cpx.US.99.99DE4057	-----G-C-A-----A-A-----G-C-----A-----G-----A-----	4201
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A-----GGC-TA-----C-A-A-----A-C-----G-----A-----G-----	4396
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----A-----G-C-GA-----T-----C-----C-----A-----G-----A-----G-----	4394
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----A-----G-C-TA-----C-A-A-----C-----A-----G-----A-----G-----	4385
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----C-----G-C-A-----A-A-----G-C-----T-----G-----A-----	4213
11 cpx.CM.96.4496	-----G-C-A-----A-A-----G-C-G-----T-----G-----A-----	4377
11 cpx.FR.99.MP1298	-----G-C-A-----A-A-----G-C-----T-----A-----	5011
11 cpx.GR.-.GR17	-----A-----G-C-A-C-----A-A-----A-----G-C-----T-----A-----	4319
12 BF.AR.97.A32879	-----C-----G-C-G-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----	4581
12 BF.AR.99.ARMA159	-----C-----G-C-G-----A-----C-----CG-----A-----G-----A-----C-----	5022
12 BF.ES.02.X1241	-----C-----G-C-G-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----	4268
12 BF.UY.99.URTR23	-----C-----G-C-G-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----	5043
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----G-C-A-----A-G-----C-----A-----A-----	4243
13 cpx.CM.96.1849	-----G-C-A-----A-G-----C-----A-----A-----	4422
13 cpx.CM.96.4164	-----G-C-A-----A-G-----C-----A-----A-----	4419
14 BG.ES.00.X605	-----T-----G-C-A-----A-A-----C-----AC-A-----G-----A-----G-----	4455
14 BG.ES.00.X623	-----T-----G-C-A-----A-A-----C-----AC-A-----G-----A-----	4457
14 BG.ES.99.X397	-----T-----G-C-A-----A-A-----C-----AC-A-----G-----A-----G-----	4458
14 BG.ES.99.X421	-----T-----G-C-A-----A-A-----C-----AC-A-----G-----A-----G-----	4455
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----G-C-A-----A-A-----C-----T-----A-----	4249
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----G-C-A-----A-G-----C-----T-----A-----	4238
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	-----G-C-A-----A-A-----C-----T-----A-----	4413
15 01B.TH.99.99TH_R2399	-----G-C-A-----A-A-----C-----T-----G-----A-----	4372
16 A2D.KR.97.97KR004	-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----	4380
18 cpx.CM.97.CM53379	-----A-----G-C-A-----A-A-----G-C-----A-----G-----A-----	4211
N.CM.-.YBF106	-----R-----A-----G-----TA-----C-A-T-G-----A-----G-----C-----CG-G-T-----G-----C-----C-T-----	4609
N.CM.02.DJ00131	-----A-----G-----CA-----C-A-T-G-----A-----G-----C-----CG-A-T-----C-----C-T-----	4523
N.CM.95.YBF30	-----A-----G-----CA-----C-A-T-G-----A-----G-----T-----CG-G-T-----C-----C-T-----	4611
O.BE.87.ANT70	-----C-A-----C-----A-----G-C-TA-C-----G-----C-----G-----A-----C-----GG-A-----T-----G-----A-----	5072
O.CM.-.96CMABB637	-----A-----A-----C-----G-----G-C-TA-----G-----C-A-----G-----A-----C-----AG-A-----T-----C-----G-----A-----	4501
O.CM.91.MVP5180	-----CA-C-----C-----A-----T-----G-C-TA-----G-----C-A-----G-----A-----C-----AG-A-----T-----G-----A-----	5047
O.SN.99.SEMP1300	-----A-----A-----C-----A-----G-----TA-----G-----C-----G-----A-----C-----AG-A-----T-----G-----A-----	5071
CPZ.CD.-.ANT	-----C-A-----C-----T-----G-C-TG-G-----C-A-T-G-----C-----CA-----CC-AGAG-A-----T-----G-----C-----TC-----	4456
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----A-----A-----G-----G-C-A-----G-----G-----CCT-A-----G-----G-----C-----G-----C-----AG-G-----AC-----G-----A-----	5078
CPZ.TZ.-.TAN1	-----T-----GC-----G-----A-----G-----GCGA-----A-----G-----A-----AGGAGAA-----T-----A-----C-----G-----	4661
CPZ.US.85.CPZUS	-----C-----G-----A-----C-----A-----T-----G-----CA-G-----A-----CGAG-----GG-----T-----A-----C-----	5077
Pol p31 Integrase	I Q N F R V Y Y R D S R N P L W K G P A K L L W K G E G A V V I Q D N S D I K V V P R R	Pol

	/ Vif start	Pol Integrase end \	
B.FR.83.HXB2	AAAAGCAAAGATCATTAGGGATTATGGAAAACAGATGGCAGGTGATGATTGTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGATTAGAACATGGAAAAGTTTAGTA...	AAACACCATATGTATGTTTCAGGGAAAGC	5144
A1.KE.94.Q23_17	-----C-----G-----C-----T-----C---C---CAA-----		4602
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----C-----G-----C-----T-----C---AA-----		4618
A1.SE.94.SE7253	-----C-----G-----C-----T-----C---A-----		4348
A1.TZ.01.A173	-----G-----C-----C-----T-----C---A-----		4343
A1.UA.00.98UA0116	-----C-----T-----C-----T-----C---AA-----		5143
A1.UG.92.92UG037	---T---A---G---C---C---T---A---C---C---G---		4511
A1.UG.98.98UG57136	-----G-----C---G-----T-----C---AA-----		4349
A2.CD.97.97CDKFE4	-----C-----T-----C-----T---A---A---A-----		3949
A2.CD.97.97CDKS10	-----G-----C-----T-----T---A---A---AA-----		1261
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----C---C-----T-----G---AA-----		4484
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----C-----T---T---A---A---A-----		4501
A3.SN.01.DDI579	-----G-----C---C-----T-----A---C---AA-----		4342
A3.SN.01.DDJ369	-----C-----G-----A---C---G-----C---A-----		4345
A3.SN.96.DDJ360	-----G-----C-----C---G-----T-----A---C---AA-----		4342
B.AR.00.ARMS008	-----AC-----T-----C---G---AA-----		4349
B.AU.96.MBCD36	---T---C---A---A---A---A-----		4499
B.CO.01.PCM074	-----G---A-----A-----		4360
B.GA.88.OYI	G-----A-----A-----AA-----		4687
B.NL.00.671_00T36	-----A-----T---C---AGG-----		4709
B.RU.-.04RUI29005	---T---A-----C---A---C---AA-----		4648
B.TH.90.BK132	-----A-----C---A---AA-----		4495
B.US.90.WEAU160	-----A-----A---AA-----		5143
B.US.98.1058_11	---T---A-----G---A---A---A-----		4334
C.AR.01.ARG4006	---T---A---A---C-----C-----A---A---C---G---T-----G---C---A---AA-----		4328
C.BR.-.04BR013	G---T---A---A---C-----C-----A---A---C---T---G-----G---C---A---AA---G-----		4608
C.BR.92.BR025-d	G---T---A---A---C-----C---A---A---A---C---T---G-----G---C---A---A---G-----		4481
C.BW.00.00BW07621	G---T---A---A---C-----C-----G---A---A---C---T-----T---C---A---AA---G-----		4497
C.ET.86.ETH2220	G---T---A---A---C-----C-----G---A---A---T---C-----G---C---A---A---G-----		4536
C.IN.95.95IN21068	G---T---A---A---C-----C-----G---A---A---T---C-----G---C---A---A---G-----		4495
C.IN.99.01IN565_10	G---T---A---A---C-----C-----G---A---A---T---C-----G---C---A---A---G-----		4525
C.KE.00.KER2010	G---G---A---A---C-----C-----G---A---A---T---C-----G---C---A---A---G-----		4325
C.TZ.01.BD9_11	G---T---A---A---C-----C-----AA---C---T---G-----G---C---A---A---A-----		4352
C.UY.01.TRA3011	G---T---A---A---C-----C---A---A---A---T---G-----G---C---A---AA---G-----		4315
C.ZA.04.SK164B1	G---T---A---A---C-----C-----AA---T---G-----T---A---AA---G-----		4554
C.ZM.96.96ZM651	G---T---A---A---C-----C---C---A---G-----T---G-----G---C---A---C-----		4473
D.CD.83.ELI	---T---T-----A-----AA-----		4690
D.CD.83.NDK	---T-----AC-----T-----AA-----		4679
D.CM.01.01CM_4412HAL	---A-----AC-----G---T---A---AA-----		4358
D.KE.01.NKU3006	---C-----T-----T---AA-----		4349
D.TD.99.MN012	---G---T---A---A---G-----G---AC-----G---C-----A---AA---G-----		4368
D.TZ.01.A280	-----A-----A-----A-----		4345
D.UG.94.94UG114	-----T-----T-----A---AA-----		4499
D.UG.99.99UGD23550	-----T-----C---T-----T---AA-----		4349
D.UG.99.99UGK09958	---T---A---A---A---G-----T---G-----T---A---AA---G-----		4343
D.ZA.86.R482	C---TG---A---C---T---T---T---G---AC---CC---T---AAA---T---C---AA-----		4411
F1.BE.93.VI850	G-----T-----G---AC-----T---T---AA-----		4484
F1.BR.89.BZ126	-----G---AC-----T---AA-----		4494
F1.BR.93.93BR020_1	-----G---AC-----T---C---A---AA-----		4472
F1.FI.93.FIN9363	-----C---G---AC-----T---C---AA-----		4473
F1.FR.96.MP411	-----A---G---C-----T---C---AA-----		4346
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---T---A-----G---C-----A---G-----		4334
F2.CM.95.MP255	-----G---C---C---G-----A---G-----		4340
F2.CM.95.MP257	-----G---A---C---C-----A---AA---G-----		4352
F2.CM.97.CM53657	-----A---C-----T---A---G-----		4334
G.BE.96.DRCBL	-----G---C---C---G---T---A---A---AA-----		5101
G.CM.01.01CM_4049HAN	G-----A---G---G---C-----T---A---C---A---C---AA---A-----		4346
G.ES.99.X138	-----G---A---C-----T---AA-----		4585
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A---T-----G---C---AA-----		4544
G.NG.92.92NG083	-----C---A---G-----G---C---T---C---AA-----		4513
G.SE.93.SE6165	-----C---A---G---C---G---T---C---AA-----		4541
H.BE.93.VI991	---G---A---G---A---C---C---G---T---AA-----		4533
H.BE.93.VI997	---G---A---AC---A---C---GT---A---AA-----		4468
H.CF.90.056	---G---G---A---AC---C---GT---C---A---A-----		4491
J.SE.93.SE7887	-----A---G---AC-----GT---A---AA-----		4458
J.SE.94.SE7022	-----A---G---AC-----GT---A---AA-----		4459
K.CD.97.EQTB11C	-----T---G---AT---T---T---AA---G-----		4336
K.CM.96.MP535	-----T---G---AT---T---T---C---A---AA-----		4340
01_AE.TH.00.OUR200I	-----G---A---C---G---T---C---AA-----		4352
01_AE.TH.01.OUR414I	-----G---A---C---G---T---A---C---AA-----		4340
01_AE.TH.02.OUR769I	-----C---G---G---T---A---C---AA-----		4343
01_AE.TH.90.CM240	-----G---C-----T---A---C---AA-----		4718

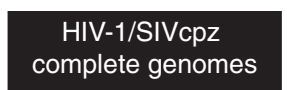
/ Vif start Pol Integrase end \

```

B.FR.83.HXB2   AAAAGCAAAGATCATTAGGGATTATGGAAAACAGATGCGAGTGATGATTGTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGATTAGAACATGGAAAAGTTTAGTA...AAACACCATATGTATGTTTCAGGGAAAGC 5144
02_AG_CM.02.02CM_1669LE  -----A---C-A-----G-----A-----C-C-----T-T-C----AGA--TA----- 4334
02_AG_FR.91.DJ264       -----A---AA-----G-----AA-----C-----T-----A-C--TA----- 4493
02_AG_NG.--IBNG         -----A-----G-----T-----T-----C---AA----- 4669
02_AG_UZ.02.02UZ693     -----A---A-----G-----A-----A-----T-----A-C--TAA--G-T- 4331
03_AB_BY.00.98BY10443   -----G-----C-----G-----A---A---CA----- 5147
03_AB_RU.97.KAL153_2    -----C-----C-----A---A---AA----- 4370
03_AB_RU.98.RU9800I     -----C-----A---CA---AA----- 4514
04_cpx_CY.94.CY032      -----T---C---C-----A-----G-----A-----C-C--G...-T-----AA----- 4510
04_cpx_GR.91.97PVCH     -----T---C---C-----G-----A-----C-C-----T-----A---AA----- 5161
04_cpx_GR.97.97PVMY     -----A---T---C-----C-----G-----A-----C-C-----T-----C---A---AA----- 5158
05_DF_BE.--VI1310      -----G-----AC-----T-----C-----AA----- 4526
05_DF_BE.93.VI961      -----A-----G-----AC-----C-----T-----C-----AA---A----- 4501
05_DF_ES.99.X492        -----T---A-----G-----AC-----T-----C-----AA----- 4497
06_cpx_AU.96.BFP90     -----A-----G-----AT-----T-----C---A---AA----- 5172
06_cpx_EE.--EE0359      -----A-----G-----AT-----T-----C---A---AA----- 4800
06_cpx_ML.95.95ML127    -----G-----AA-----G-----AT-----T---C---C---A---AA----- 5161
06_cpx_SN.97.97SE1078   -----A-----A-----G-----A-----AT-----T---C---A---AA----- 5203
07_BC_CN.--CNGL179     G-----A---A---C-----C-----G-----A-----A-----T-----A---G----- 4356
07_BC_CN.97.97CN001    G-----A---A---C-----C-----G-----A-----A-----T-----A---G----- 4476
07_BC_CN.97.CN54       G-----A---A---C-----C-----G-----A-----A-----T-----A---G----- 4506
07_BC_CN.98.98CN009    G-----A---A---C-----C-----G-----A-----A-----T-----A---G----- 4476
08_BC_CN.97.97CNGX_6F  G-----A---A---C-----C-----G-----A-----A-----T-----C---A---G----- 4324
08_BC_CN.97.97CNGX_7F  G-----A---A---C-----C-----G-----A-----A-----T-----C---A---G----- 4330
08_BC_CN.97.97CNGX_9F  G-----A---A---C-----C-----G-----A-----A-----T-----C---A---G----- 4324
08_BC_CN.98.98CN006    G-----A---A---C-----C-----G-----A-----A-----T-----C---A---G----- 4476
09_cpx_GH.96.96GH2911  -----C-----G-----AT-----T-----C---AC---AA----- 4346
09_cpx_SN.95.95SN1795  -----A---A---C-----G-----AT-----T-----C---A---AA----- 4346
09_cpx_SN.95.95SN7808  -----A-----C-----G-----AT-----T-----C---AC---AA----- 4334
09_cpx_US.99.99DE4057  -----C-----TG-----G-----AT-----G...T-----C---AAA---AA---G-A- 4528
10_CD_TZ.96.96TZ_BF061 G---T--A---A---C-----C-----C-----T-----T-----G---A---A--- 4323
10_CD_TZ.96.96TZ_BF071 G---T--A---A---C-----C-----C-----T-----T-----G---C---A---A---G- 4521
10_CD_TZ.96.96TZ_BF110 G---T--A---A---C-----C-----C-----T-----T-----G---C---G---A--- 4512
11_cpx_CM.02.02CM_2190SA -----G-----C---T-----T-----C---C---AA----- 4340
11_cpx_CM.96.4496      -----G-----T-----T-----C---AA----- 4504
11_cpx_FR.99.MP1298    -----A-----G-----C-----C---T-----T-----A---C---AA----- 5138
11_cpx_GR.--GR17       -----G---C-----T-----T-----C---AA----- 4446
12_BF_AR.97.A32879     -----G-----AC-----GT-----C---AA----- 4708
12_BF_AR.99.ARMA159    -----G-----AC-----GT-----C---A---AA----- 5149
12_BF_ES.02.X1241     -----A---T-----AC-----G-----GT-----A---AA----- 4395
12_BF_UY.99.URTR23    -----G-----AT-----GT-----C---A---AA----- 5170
13_cpx_CM.02.02CM_3226MM -----C-----G-----AT-----T-----A---C---AA----- 4370
13_cpx_CM.96.1849      -----A-----G-----AT-----T-----C---AA----- 4549
13_cpx_CM.96.4164     -----A-----G-----A-----AT-A-----T-----C---AA---G--- 4546
14_BG_ES.00.X605      -----G-----C-----T-----A---C---AA----- 4582
14_BG_ES.00.X623      -----C-----G-----C-----T-----R---C---TAA----- 4584
14_BG_ES.99.X397      -----G-----C-----T-----A---C---AA----- 4585
14_BG_ES.99.X421      -----G-----C-----T-----A---C---AA----- 4582
15_01B_TH.02.02TH_OUR1331 -----C-----G-----C-----T-----A---C---AA----- 4376
15_01B_TH.02.02TH_OUR1332 -----C-----G-----C---C-----T---A---A---C---AA----- 4365
15_01B_TH.99.99TH_MU2079 G-----G-----C---C-----T-----C---AA----- 4540
15_01B_TH.99.99TH_R2399 -----C-----G-----C---C-----T-----C---AA----- 4499
16_A2D_KR.97.97KR004  -----G-----G-----T-----G---T-----A---AA----- 4507
18_cpx_CM.97.CM53379   -----T-----G-----A---G-----T-----C---AA----- 4338
N_CM.--YBF106         G-----A---A---A-----G-----G-----R---AA-C-G---T-C-----G---AAA-G- 4736
N_CM.02.DJ00131      G-----A---A-----G-----G-----CG---A-C-AG---C-T-C-----G-T-----G---A-A-G- 4650
N_CM.95.YBF30        G-----A---A-----G-----G-----AA-C-G-A---T-C-----T-----G---AAA-G- 4738
O_BE.87.ANT70        G-G---A---A---C---A---G---AC---A---A---G---ACA-AAG-G-A-G-G---C-CC---G...-T---A---CAGG-TA-A-GA- 5199
O_CM.--96CMABB637    -----A---AC-C---A-----C---A---A-----G---ACA-RAG-G-A-G---T-CC-G-R...-T---A---CARG-CAAA-G- 4628
O_CM.91.MVP5180      --G---A---A---C---A---AC---A---A---A---ACA-AAG-G-A-G---C-CC-G-G...-T---AA-CA-G-TAA-G- 5174
O_SN.99.SEMP1300     --G---A---A---C---AC---AC---A---A---G---ACA-AG-G-A-G---C-CC-G-G...-T---AA-CAGG-----GA- 5198
CPZ_CD.--ANT         G-----T---A---A---G---A---A---A---A---AGA---GA-T-----G---A---AT-TC---TCC---G...-C---A-GG-AGA-TAAAGT-CT 4583
CPZ_GA.--CPZGAB      G-----A-----A-----AG-T-----T-----T-----T-----T---T---T---AGG---AAA-G- 5205
CPZ_TZ.--TAN1        -----A---A---AA---G-----CA-G-G---A---ATGA---A---AC-----C---CC---T...-T---C-T-ACAA-CAAATGCTG 4788
CPZ_US.85.CPZUS      -----A---T---A---AA---C-----C---A---A---AG---AGG-T-----T---C-G...-T---T---C---AGA---AA----- 5204

Pol p31 Integrase      K A K I I R D Y G K Q M A G D D C V A S R Q D E D * Pol
Vif                    M E N R W Q V M I V W Q V D R M R I R T W K S L V . K H H M Y V S G K A Vif
                \ Vif start Pol Integrase end /

```



B.FR.83.HXB2	TAGGGGATGGTTTTATAGACATCACTATGAAAGCCCTCATCCAAGAATAAGTTTCTAGAGTACACATCCCACCTAGGGGATGCTAGATTG . . .GTAATAACAACATATTGGGGTCTGCATACAGGA	5265
A1.KE.94.Q23_17	A-AAA-G-----AGG-----A-G-----C-A-----G-G-G-----	4723
A1.RU.03.03RU20_06_13	--A-AG-----AGA-----G-----GC-A-----G-A-----G-----	4739
A1.SE.94.SE7253	--AA-AT-----C-----AGGA-----C-----G-G-----A-----G-----	4469
A1.TZ.01.A173	--AA-AT-----AGA-----A-G-----A-----GG-CG-----G-----	4464
A1.UA.00.98UA0116	--A-G-----AGG-----A-G-----GC-A-----G-A-----C-----	5264
A1.UG.92.92UG037	--AA-T-----AGG-----A-G-C-----A-----A-A-----G-G-----G-----	4632
A1.UG.98.98UG57136	--AA-AG---CC-----T-----ATGA-----G-G-----A-----A-----C-A-----A-----G-----T-----	4470
A2.CD.97.97CDKFE4	--AA-AT---CC-----AGA-----A-G-----G-----G-----A-----G-G-----AC-----	4070
A2.CD.97.97CDKS10	---AAAAG---C-----TAGA---G---G-----GT-----G---C---A---A---G---G---CC-----	1382
A2.CD.97.97CDKTB48	--A-AG---C-----AGA-----G-----G---AA-----G-----A---A---G---G---CC-----	4605
A2.CY.94.94CY017_41	--AA-T---G-C---A-----AGAA-----G-----G-----A---A---A---G---G---C-T-----	4622
A3.SN.01.DDI579	--A-AT-----CT-AGG-----GC-----TG-A-----G-G-----C-----CC-----	4463
A3.SN.01.DDJ369	---AAAAG---G---A-----AGG-----A-G-----T-T-----G-----G-----C-----CC-----	4466
A3.SN.96.DDJ360	---AAAAT-----AGG-----G-----T-----A-----G-----G-----C-----CC-----	4463
B.AR.00.ARMS008	---A---C-----T-----A-A-----A-A-A-----A-----T-----AA-----	4470
B.AU.96.MBCD36	-A---A---A-----A-----A-A-----A-----A-----A-----A-----	4620
B.CO.01.PCM074	---AA---G---A-----A-A-C-----A-A-R-----R-G-----A-----	4481
B.GA.88.OYI	-A-----A-----CC-----G-----	4808
B.NL.00.671_00T36	---AAAA-----TA-----G-----G-----A-----A-----	4830
B.RU.-.04RU129005	-A---G---A-----C---AY---C-----G-----C-----R-R-Y-----T---T-----	4769
B.TH.90.BK132	-A-----G-----C---AT-----T-----A-----G---C-----AG-----	4616
B.US.90.WEAU160	-A---C-----C---A-----A-G-A-----A-----A-G-A-----A-----	5264
B.US.98.1058_11	--A-AC-----C-----A-----A-----A-----GA-----G-----	4455
C.AR.01.ARG4006	--A-----A-----T-----AGA-----A-G-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----	4449
C.BR.-.04BR013	---AA---A-----T-----AGA-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----T-R-A-----G-----	4729
C.BR.92.BR025-d	-T-----A-----T-----AGA-----A-----T-----T-----G-----A-----T-----T-----A-----	4602
C.BW.00.00BW07621	A-AT-----C-----T-----AGA-----A-T-----T-----T-----A-----A-----T-----	4618
C.ET.86.ETH2220	--AT-----G-----T-----C---AGA-----AGG-----T-----G-----A-----A-----T-----A-----	4657
C.IN.95.95IN21068	--AT-----C-----T-----AGA-----A-G-----T-----A-----G-----GT-----A-----	4616
C.IN.99.01IN565_10	--A-----C-G-----T-----C---TGG-----A-G-----T-----A-----A-----GT-----A-----	4646
C.KE.00.KER2010	--T-G-----C---T-----T-----AGA-----A-G-----A-----T-----G-----A-----T-----A-----	4446
C.TZ.01.BD9_11	-A-----C-----T-T-----T---AGAA-----A-G-G-----G-----G-----A-----A-----	4473
C.UY.01.TRA3011	-T-----A-----T-----AGA-----A-----C-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----T-----A-----	4436
C.ZA.04.SK164B1	--TA-----G-C-C-----T-----TAGAA-----A-----T-----G-----A-----A-----T-----	4675
C.ZM.96.96ZM651	--AT-----G-C-C-----T-----AGA-----GG-----T-----A-----T-----A-----A-----T-----A-----	4594
D.CD.83.ELI	--ACA-----C---C---A-----A-----A-----C-----A-----	4811
D.CD.83.NDK	--ACA-----C---AC---A-----A-----A-----C-----G-----	4800
D.CM.01.01CM_4412HAL	CCAA-----T-----T---A---C---A-----T-----C-----G-----	4479
D.KE.01.NKU3006	-TAT-----G-----T-----T---AA---C---A-----A-----A-----C-----G---A-----	4470
D.TD.99.MN012	---AA-A---C-----T-----C---A-----A-----G---T-----T-----A-----C-----G-----A-----	4489
D.TZ.01.A280	GCAA-----G-----C---A---C---A-----T-----A-----C-----GG-----	4466
D.UG.94.94UG114	---AA-----G-----CT---AA---A-----T-----A-----A-----GC-----G---A-----	4620
D.UG.99.99UGD23550	-CAA-----G-----TT-T---A---C---A-----T-----T-----A-----C-----G---A-----A-----	4470
D.UG.99.99UGK09958	-CA-A-----G---C---CT---GA---A-----A-----A-----C-----G---G-----A-----	4464
D.ZA.86.R482	--ATC-----G---A---C---C---C---A-----G---T-----A-----A-----C-----G---A-----	4532
F1.BE.93.VI850	C-AA-----C-----T-C---AGG-----G-----A-----A-T---A---A-----G-----CC-----	4605
F1.BR.89.BZ126	C-AAA-----C-----T-----AGGA-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----C---G-----	4615
F1.BR.93.93BR020_1	C-AA-----T-----AGG-----A-----A-----ACA---GA---A-----C---G---T-C-----	4593
F1.FI.93.FIN9363	C-AAA-----T-----AGA-----A-----C-----A-----A---GA---A-----G---A-----	4594
F1.FR.96.MP411	C-AAAAT-----T-T-C---AGG-----A-----T-----AA-----A-----A-----G-----	4467
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-CAA-----AGG-----G-----T-----A-----AAT---T---A---A-----GT---C-----A-----	4458
F2.CM.95.MP255	---AA-----AGG-----A-G-----T-----A-----GAT---T---A---A-----T---C-----A-----	4464
F2.CM.95.MP257	-GCA-----AGG-----G-----T-----A-----GAA---T---A---A-----C---T---C-----A-----	4476
F2.CM.97.CM53657	---AA-----AGG-----G---C-----AA-----GAT---T---A---A-----GT---GC-----A-----	4458
G.BE.96.DRCBL	--AA-C-----T---AGG---C---A---G-----A-----A-----A---C---A-----G---G-----	5222
G.CM.01.01CM_4049HAN	-ACAT-----AGG-----A-----A-----TGC---A---A---G---G-----	4467
G.ES.99.X138	---AA-C---C-----T-----AGG-----A-G-----T-----A-----C---C---A-----G---G-----	4706
G.FI.93.HH8793_12_1	-A-C-----T-----AGG-----A-G-----A-----A-----A---C---A-----G---GC-----A-----	4665
G.NG.92.92NG083	---AA-C-----AGG-----G-----A---A-----C---C---A-----G---G-----G-----	4634
G.SE.93.SE6165	-A-C-----C-----C---AGG-----G-----A-----AGG---C---A-----G---G-----G-----	4662
H.BE.93.VI991	---AAAA---G-----T-----TA---A---C---AG-C-----G-----G---A-----C-----C-----	4654
H.BE.93.VI997	-ACA-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----G---A-----T-----C-----	4589
H.CF.90.056	-A-----T-T-----A-----G-----T-----A-----A-----G---A-----C---C---C-----A-----	4612
J.SE.93.SE7887	---AAA---C-G---G-----C---AA---A-----A-----G---T---A-----G-----	4579
J.SE.94.SE7022	-ACA-----C-G-----T-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----	4580
K.CD.97.EQTB11C	-ACA-----CG-----C---AA---A-----A-----AGA---A---A-----GG-----	4457
K.CM.96.MP535	-ACC-----A-----AGG-----A-----AGAG---A-----G-----T-----	4461
01_AE.TH.00.OUR200I	---AAAAG-----T-----AG-----AGG-----T-----A-----A-----G-----G---C-----G-----	4473
01_AE.TH.01.OUR414I	---AAAAG-----T-----AG-----AGG---C-----T-----A-----A-----G---A-----G-----	4461
01_AE.TH.02.OUR769I	---AAAAG---C-----T-----AG-----A-G-----A-----A-----G---A-----G-----	4464
01_AE.TH.90.CM240	---AAAAG-----T-----AG-----AGG---C-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----	4839

B. FR. 83. HXB2 TAGGGGATGGTTTTATAGACATCACTATGAAAGCCCTCATCCAAGAATAAGTTTCTAGAGTACACATCCCACCTAGGG. . . .GATGCTAGATTG. . .GTAATAACAACATATTGGGGTCTGCATACAGGA 5265

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE --A--AT-----C-----T-----TAAA-----A-G-----T-----A...A-G--GG----- 4455

02 AG. FR. 91. DJ264 --A-AAT-----T--G--TAGG-----A-G-----T-----A...A-G--G-----C-----G----- 4614

02 AG. NG. -. IBNG --A--T-----T-----TAGG-----A-G--T-----T-----G--A...G--G----- 4790

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 -----T--G-----T-----TAGG--C--A-G--C-----T-----A...G--G-----A--A--A--A-- 4452

03 AB. BY. 00. 98BY10443 -----G-----A-----TAGGA-----G-----T-----A-----A----- 5268

03 AB. RU. 97. KAL153 2 -----G-----A-----AGGA-----T-----A-----A----- 4491

03 AB. RU. 98. RU9800I -----G-----A-----AGGA-----T-----A-----A-----G----- 4635

04 cpx. CY. 94. CY032 --AA-----A--C-----TAGG--C--A-G-----T-----G-----A...G--A-----GC---G 4631

04 cpx. GR. 91. 97PVCH --AA-----CC-----TAGG--C--G-----A-----C-----A...G-----G-----AC--- 5282

04 cpx. GR. 97. 97PVMY --AA-----G--C--A-----TAGAA--C--GC-----T-----G--A--A...G--G-----C-----GC--- 5279

05 DF. BE. -. VI1310 --ACA-----T-----TAGAA-----A-----C--A-C-----A-----A----- 4647

05 DF. BE. 93. VI961 C-AA-C-----TAGG-----T-----AA-----A--A--A-----T----- 4622

05 DF. ES. 99. X492 C-AA-----TAGG-----T-----AA-----A--A--A-----T----- 4618

06 cpx. AU. 96. BFP90 --AAA-----AA-----C--AA-----A-----A--T-----A...AG--GA--A...AA----- 5293

06 cpx. EE. -. EE0359 --AAAAT-----C--AC-----A-----A...AG--GA--A...AA----- 4921

06 cpx. ML. 95. 95ML127 --AAA-----AC-----C--TAA-----A-G-----A...TG--GA--A...AA----- 5282

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 --AAA-----GC-----G-----C--A-----A-----A...A-A--GA--A...G-----AA----- 5324

07 BC. CN. -. CNGL179 --AT-----C-----T--C--AGA-----A-G-----T-----A...G--A--A...A-----GT---A 4477

07 BC. CN. 97. 97CN001 --AT-----C-----T--C--AGA-----A-G-----T-----A...A-G--A--A...A-----GT---A 4597

07 BC. CN. 97. CN54 --AT-----C-----T--C--AGA-----A-G-----T-----A...A-G--A--A...A-----GT---G 4627

07 BC. CN. 98. 98CN009 --AT-----C-----T--C--AGA-----A-G-----T-----A...G--A--A...A-----GT---A 4597

08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F --AT-----C-----T--C--AGA-----A-G-----T-----A...G-----A...A-----GT---A 4445

08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F --AT-----C-----T--C--AGA-----A-G-----T-----A...G-----A...A-----GT---A 4451

08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F --AT-----C-----T--C--AGA-----A-G-----T-----A...G-----A...A-----GT---A 4445

08 BC. CN. 98. 98CN006 --A-----C-----T--C--AGA-----A-G-----T-----A...G-----A...A-----GT---A 4597

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 --AAA-----T-----T--AA-----A--C-----G-----A...C--GA--A...G--G-----G--- 4467

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 A-A-AA-----C--AA-----A-----C-----T-----T-----A...GA--A...G--G-----G 4467

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 --AAA-----T-----C--AA-----A-G-----C-----G-----A...C--GA--A...G--G-----G 4455

09 cpx. US. 99. 99DE4057 --AAA-----C--AA-----A-----C-----G-----AA...GAG--C--GA--A...G--G-----G--- 4452

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 --AT-----C-----T-----AGA-----A-----A-----A...A--TC...A--A-----C----- 4644

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071 --A-----G-----T-----AGA-----A-----C-----T-----A...A--G--A-----C----- 4642

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110 --A-----A-----T-----AGA-----AG-----G-----G-----A...A--C-----G--A-----CC--- 4633

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA --AAA-G--A-G-----G--AGG-----G--C-----G-----AGC--A...G--G----- 4461

11 cpx. CM. 96. 4496 --AC--G--GG-----G--TAGG-----G--C-----GG-----A--A--A...G--G----- 4625

11 cpx. FR. 99. MP1298 --AAA-G-----G-----G--AGG-----A-----C-----A-----A...AGA--A...G----- 5259

11 cpx. GR. -. GR17 --AA--G-----G--C--G-----G--AGG-----G--C-----A-----G--A--TG--A...G--G----- 4567

12 BF. AR. 97. A32879 C-AAA-----C-----T-----AGGA-----G-----A...CA--A--A--AATA-----C-----G----- 4832

12 BF. AR. 99. ARMA159 C-AAA-----T-----AGG-----G-----A...A--A--GA--A...C-----G-----GC--- 5270

12 BF. ES. 02. X1241 C-AAAA-----T-----A-AGGA-----G--C-----A...GAA--A--A--A...C-----G----- 4519

12 BF. UY. 99. URTR23 C-AA-----G-----T-----TAGG-----G-----CA...C--A--A...C-----G----- 5291

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN --G-AA-----C--AA-----A-----G-----A--A...G-----G----- 4491

13 cpx. CM. 96. 1849 --G-AA-----C--AA-----A-----G-----A--A...G-----G----- 4670

13 cpx. CM. 96. 4164 --A-----C--AAG-----T-----A-----A...G-----G-----C----- 4667

14 BG. ES. 00. X605 --A--C--A--A-----T-----GGG-----A-G-----T-----A...A-C-A...GG--G----- 4703

14 BG. ES. 00. X623 --AAC--C-----C-----AGGA-----A-G-----T-----A...C--C-A...G--G----- 4705

14 BG. ES. 99. X397 --A--C--A-----T-----GGG-----A-G-----T-----A...A-C-A...GG--G----- 4706

14 BG. ES. 99. X421 --A--C--A-----T-----GGG-----A-G-----T-----A...A-C-A...GG--G----- 4703

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 --GAAA-G-----G--C-----T-----AG-----A-G-----AA...G--A--A...C-----G-----A 4497

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 --GAAA-G-----G--C-----T-----AG-----A-G-----AA...G--A--A...C-----G-----A 4486

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 --AAAAG-----T-----AG-----AGG--C--C-----T-----AA...G-----A...A-----G----- 4661

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 --AAA-G-----T-----AG-----G--A-G-----T-----A...G-----A...A-----G-----C-----G----- 4620

16 A2D. KR. 97. 97KR004 --AA-AT--GC-----ATAA-----G-----G-----G-----GG--A-A-A...A-G--A-----CC--- 4628

18 cpx. CM. 97. CM53379 --GCA--T-----TAGG-----A-G--C-----G-----G-----G--A--A...G--G----- 4459

N. CM. -. YBF106 A-AA--G-----A-----T-----CAAAG-----AG--C-----R--T-----G-----T...CMG--A-R--A...G--GTC--T-----A--AACA----- 4857

N. CM. 02. DJ00131 AGAA--G-----A-----T-----CAAAG-----A-----A-----T-----G-----T...CTG--A-G--A...G-----C--T-----A--AACA----- 4771

N. CM. 95. YBF30 A-AA-----A-----T-----CA--A--C-----A-----G-----T-----G-----T...C-G--A--A...G--C--GTC--T-----G--AACA----- 4859

O. BE. 87. ANT70 CGA-AAC-----GG--C-----T-----TC-AGAA-----G--T-----AGT--T-T-T--G-----TG--CCATG--A...G-----C-----AT--ATGC---G 5320

O. CM. -. 96CMABB637 CCA-AA-----A-----T-----C-AGAA-----C--C-----GT--T-T-T--G-----T...ACA--ATA--A...GG--G--T-----AT--AATGC---G 4749

O. CM. 91. MVP5180 CGC-AAC-----CG-----G-----T-----TC-AGAA-----A-G--C-----G--CG--GT-T-T--G-----CA...A--GATA--A...GG--C--C-----AT--AATGC---G 5295

O. SN. 99. SEMP1300 C--A-AC-----A--C-----C--T-T-----TCTAAAA-----G--C--C-----GT--T-T--G-----G--G--C--C-----AT--ATGC---G 5319

CPZ. CD. -. ANT --AACCC--AAG-----T-----ATGA--C--AG--A-G-AGA-----T--A-----CCAACATTG--AAA-A-----G--G--GTG--TC-----AT--A--ATGT--- 4710

CPZ. GA. -. CPZGAB A--A--T-----C-----T-----TCA-----A-----A--G--TGC--T--A-----A--TT--CA--A...GATT--T--A--A...A--G--G--C-----CCT--AAGCC--- 5329

CPZ. TZ. -. TAN1 --AA-AT--AAG-----T-----CTGA-ACA-----A--G--GCAGGG--A-----A--T--ACA...GAAAGAT--A--A...G--TTT--CAT-----AGCCTGT--- 4912

CPZ. US. 85. CPZUS --AA-----C--C--G-----T-----G--A--A--C-----G--A-----T-----TA--AT...A--A--A--A--A...G--T--T--G-----GT--A--A----- 5325

Vif R G W F Y R H H Y E S P H P R I S S E V H I P L G . . D A R L . V I T T Y W G L H T G Vif

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	GAAAGAGACTGGCATTGGGGTCAGGGAGTCTCCATAGAA...TGGAGGAAAAAGATATAGCACACAAGTAGACCCCTGAACCTAGCAGACCACTAATTCATCTGTATTACTTTGACTGTTTTTCAGACT	5392
A1.KE.94.Q23_17	---A---C---T---G---...---CT---A---A---ACT---C---G---...A---C---T---...A	4850
A1.RU.03.03RU20_06_13	---A---C---T---G---...---AC-GG-A-G---A---A---C---G---G---...T---...A	4866
A1.SE.94.SE7253	---A---A---T---G---...---CT---GA---A---T---C---G---...A---C---T---...A	4596
A1.TZ.01.A173	---A---T---C---T---G---...---CT---A---GA---T---C---G---...C---...A	4591
A1.UA.00.98UA0116	---A---C---C---T---G---...---AC-GG-A-G-G---A---A---C---G---G---...T---...A	5391
A1.UG.92.92UG037	---A---C---T---G---...---CT---A---A---A---C---G---...C---T---A---...A	4759
A1.UG.98.98UG57136	---A---T---A---T---G---...---CT---A---A---A---T---T---G---...C---T---A---A---...A	4597
A2.CD.97.97CDKFE4	---CA-C---C---G---T---G---...---C-G-A-G---T---A---T---G---...T-T---C---...T---...A	4197
A2.CD.97.97CDKS10	---G-A---A---A---T---G---...---C-G---G---T---A---T---G---...T---C---...T---...A	1509
A2.CD.97.97CDKTB48	---A---C---T---G---...---C-GGA-G-C-T---A---T---G---...T---C---...T---...A	4732
A2.CY.94.94CY017_41	---A---C---T---G---...---C---C-G---CAT---A---T---G---...T---C---...T---...A	4749
A3.SN.01.DDI579	---CA---A---T---G---...---AC-G-A---A---T---C---...AC---T---...A	4590
A3.SN.01.DDJ369	---C---A---T---G---...---AC-G-A---A---T---C---...C---T---A---...A	4593
A3.SN.96.DDJ360	---CA---A---T---G---...---AC-G-A---A---T---C---...AC---T---A---...A	4590
B.AR.00.ARMS008	---T---A---...---C-G---A---C---...G---T---T---...A	4597
B.AU.96.MBCD36	---G-GG-C---A---G---C---CA-CT---A-G---C---T---...A	4747
B.CO.01.PCM074	---A---C---C---T---...---G---G---C---...G---CA-CT---A-G---C---T---...AA	4608
B.GA.88.OYI	---A---C---C---T---...---G---G---C---...G---C---ACA---T---T---...A	4935
B.NL.00.671_00T36	---T---...---G---G---C---...G---C---G---T---T---...A	4957
B.RU.-.04RUI29005	---T---...---G---G---C---...G---C---G---T---T---...A	4896
B.TH.90.BK132	---A---A---...---GGA---A---A-GC---...T---...A	4743
B.US.90.WEAU160	---C---A---...---C---C-T---T---...G---...A	5391
B.US.98.1058_11	---A---...---C---...C---...A	4582
C.AR.01.ARG4006	---T---T---...---ACTG-RA-A---...GC-G---A-C---T---T---...A	4576
C.BR.-.04BR013	---A-T---T-G---G---...---ACTG-GA---C-T---G---C-G---ACAC---T---T---...G	4856
C.BR.92.BR025-d	---T---T---G---G---...---ACTG-GA---G---G---GC-G---A-C---T---T---...G	4729
C.BW.00.00BW07621	---T---T---...---AATTG-GA---C---GC-G---G---G---A-C---T---T---...G	4745
C.ET.86.ETH2220	---T---T---...---ATTG-GA-C-A---GC-G---C---A-C---T---T---...G-A	4784
C.IN.95.95IN21068	---T---T---T---...---ATTG-GA-A-T---A-GC-G---A-C---T---T---...G	4743
C.IN.99.01IN565_10	---G-T---T---A---...---ATTG-GA-C-T---A-GCT-G---G---A-C---T---T---...G	4773
C.KE.00.KER2010	---T---T---T---...---AATTG-A-G-A---A---GC-G---A-C---T---T---...G	4573
C.TZ.01.BD9_11	---G-C---T---C---...---ACTG-GA-A-C---GCA-G---G---A-C---T---T---...G-A	4600
C.UY.01.TRA3011	---A---A---T---T---G---...---C-ACTG-GA---A---GC-G---A-C---T---T---...G	4563
C.ZA.04.SK164B1	---G-T---A---T---...---ATTG-GA---A---GC-G---G---A-C---T---T---...G	4802
C.ZM.96.96ZM651	---T---T---...---ATTG-GA---A---GC-G---G---A-C---T---T---...G	4721
D.CD.83.ELI	---A---C---...---G---A---GC-G---A-C---T---T---...A	4938
D.CD.83.NDK	---A---A---C---...---G---A---GC-G---A-C---T---T---...G-A	4927
D.CM.01.01CM_4412HAL	---A---C---G---...---A---G---A---GT-G---A---T---T---...A	4606
D.KE.01.NKU3006	---A---C---...---G---A---GC-G---A-A---T---T---...G-A	4597
D.TD.99.MN012	---T---C---...---A---G---C---A---GC-G---AC---T---T---...G	4616
D.TZ.01.A280	---A---C---...---A---G---A---G---G---A---T---T---...A	4593
D.UG.94.94UG114	---A---C---A---...---A---GG---A---A---GC-G---A-A---C-T---T---...G-A	4747
D.UG.99.99UGD23550	---A---C---A---...---G---A---T---A---GC-G---A-A---T---T---C---...G	4597
D.UG.99.99UGK09958	---A---C---A---...---G---A---T---A---GC-G---A-A---T---T---...G-A	4591
D.ZA.86.R482	---AG-A-C---CCC---G---C---A-G-G---A-G-G---A-A---T---T---...A	4662
F1.BE.93.VI850	---A---C---...---C-GGG-AG---G---A---GC-G-G---G-C---A-A---T---T---...A	4732
F1.BR.89.BZ126	---T---C---M---...---C-GGG-G---A---A---GC-G---G-C---A-A---T---T---...G-A	4742
F1.BR.93.93BR020_1	---A---C---...---C-GGG-G---A---A---GC-G---G-C---A-A---T---T---...A	4720
F1.FI.93.FIN9363	---T---C---A---...---C-GGG-G---G---A---GC-G---G-C---A-A---T---T---...A	4721
F1.FR.96.MP411	---T---C---...---C-GGGAC-G---G---A---T---C-G---G-C---A-A---T---T---...C	4594
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---A---T---T---...---C-G-A-G---G---T---GCT-G---AAA---T---T---...A	4585
F2.CM.95.MP255	---T---T---...---C-G-A-G---G---CT-G---CG---T---T---...A	4591
F2.CM.95.MP257	---A---G---G---...---AC-G-A-G---G---GCT-G---C---T---T---...A	4603
F2.CM.97.CM53657	---T---T---...---C-G-A-G---G---GCT-G---T---T---...A	4585
G.BE.96.DRCBL	---C-A---A---C---G---T---G---...---C-GGA---T---T---C---C---T---A-T---...A	5349
G.CM.01.01CM_4049HAN	---AG---C---T---T---...---C-G-GA---C-T---A---T---C---T---G---...A	4594
G.ES.99.X138	---A---T---T---G---...---C-G-GA---A---T---C---C---C---T---...A	4833
G.FI.93.HH8793_12_1	---A---T---A---T---G---...---C-G-GA---A---T---C---C---T---...A	4792
G.NG.92.92NG083	---A---A---C---T---G---T---...---C-G-A---T---A---A-CAC---T---G---...A	4761
G.SE.93.SE6165	---A---A---T---G---G---...---C-G-GA---A---G---C---C---T---T---...A	4789
H.BE.93.VI991	---A---C---...---AC-GG-A-G---A---C---G---T---T---C---T---...A	4781
H.BE.93.VI997	---A---A---C---...---C-G-A-G---G---GCT-G---ACCC---T---T---...A	4716
H.CF.90.056	---A---A---C---...---ACTG-A-G---G---G---GCT-G---A-C---T---T---...A	4739
J.SE.93.SE7887	---T---C---...---C-G-GA-G-C-A---GC-G---A---G---T---...A	4706
J.SE.94.SE7022	---T---C---...---CGG-A-G-C-A---GC-G---A-C---T---...A	4707
K.CD.97.EQTB11C	---G-A---C---...---CT---AG-C-A---T---GC-G---A-A---T---T---...A	4584
K.CM.96.MP535	---G---A---C---...---CTG-A-G-C-A---A---C---A---T---T---...A	4588
01_AE.TH.00.OUR200I	---AG---A---T---...---C-G-GAG---A---T---C---G---G---AC-C-T---...A	4600
01_AE.TH.01.OUR414I	---AG---A---T---G---...---C-G-GA-A---A---T---C---G---AC-A-T---...A	4588
01_AE.TH.02.OUR769I	---CAG---C---T---...---C-G-GA-AC---A---T---C---G---A-AC-A-T---...A	4591
01_AE.TH.90.CM240	---AG---C---T---...---C-G-GA-A---A---T---C---G---A-G---AC-A-T---G---...A	4966

B. FR. 83. HXB2
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE
02 AG. FR. 91. DJ264
02 AG. NG. - . IBNG
02 AG. UZ. 02. 02UZ693
03 AB. BY. 00. 98BY10443
03 AB. RU. 97. KAL153 2
03 AB. RU. 98. RU98001
04 cpx. CY. 94. CY032
04 cpx. GR. 91. 97PVCH
04 cpx. GR. 97. 97PVMY
05 DF. BE. - . VI1310
05 DF. BE. 93. VI961
05 DF. ES. 99. X492
06 cpx. AU. 96. BFP90
06 cpx. EE. - . EEO359
06 cpx. ML. 95. 95ML127
06 cpx. SN. 97. 97SE1078
07 BC. CN. - . CNGL179
07 BC. CN. 97. 97CN001
07 BC. CN. 97. CN54
07 BC. CN. 98. 98CN009
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F
08 BC. CN. 98. 98CN006
09 cpx. GH. 96. 96GH2911
09 cpx. SN. 95. 95SN1795
09 cpx. SN. 95. 95SN7808
09 cpx. US. 99. 99DE4057
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA
11 cpx. CM. 96. 4496
11 cpx. FR. 99. MP1298
11 cpx. GR. - . GR17
12 BF. AR. 97. A32879
12 BF. AR. 99. ARMA159
12 BF. ES. 02. X1241
12 BF. UY. 99. URTR23
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN
13 cpx. CM. 96. 1849
13 cpx. CM. 96. 4164
14 BG. ES. 00. X605
14 BG. ES. 00. X623
14 BG. ES. 99. X397
14 BG. ES. 99. X421
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
15 01B. TH. 99. 99TH R2399
16 A2D. KR. 97. 97KR004
18 cpx. CM. 97. CM53379
N. CM. - . YBF106
N. CM. 02. DJ00131
N. CM. 95. YBF30
O. BE. 87. ANT70
O. CM. - . 96CMABB637
O. CM. 91. MVP5180
O. SN. 99. SEMP1300
CPZ. CD. - . ANT
CPZ. GA. - . CPZGAB
CPZ. TZ. - . TAN1
CPZ. US. 85. CPZUS
Vif

GAAAGAGACTGGCATTGGGGTCAGGGAGTCTCCATAGAA... TGGAGGAAAAAGATATAGCACACAAGTAGACCCCTGAACCTAGCAGACCACTAATTCATCTGTATTACTTTGACTGTTTTTCAGACT
-----T-G-----A-C-G-A-----T-----C-----CA--C-----T-----A-----4582
-----T-C-----T-G-----A-C-G-GA-A-----C-----A-----G-----CT--C-----T-----A-----4741
-----C-----C-----T-G-----A-C-G-A-----A-----CT-----G-----C-----T-----A-T-----4917
-----G-----C-----T-G-----A-C-G-A-G-----A-----T-----C-----G-----C-----C-----T-----AA-----4579
-----C-----C-----G-A-----G-G-----A-C-----A-C-----T-----T-----A-----45395
-----C-----C-----A-----G-----A-C-----A-C-----T-----T-----A-----4618
-----C-----C-----A-----G-----T-----A-C-----A-C-----T-----T-----4762
-----CA-----C-----T-----CTC-GA-----G-T-----C-G-----A-C-----T-----A-----4758
-----A-----C-----T-----G-----CT-GA-----T-----C-G-----T-----A-C-----T-----A-----5409
A--AG-----T-G-----R-----CT-GA-C-----T-A-C-G-----G-C-----T-----A-----5406
-----G-----G-----G-----AGC-G-----G-----G-----T-----T-----A-----4774
-----G-----A-----C-A-----GG-----A-----GC-G-----A-----T-----T-----A-----4749
-----A-----C-----GG-A-----GC-G-----A-C-----T-----T-----A-----4745
-----A-A-----C-----TTG-GA-----A-----AGTA-G-----A-AC-----T-----A-----5420
-----A-----C-----TTG-A-----AA-C-A-----AGT-G-----A-C-----T-----A-----5048
-----A-A-----C-----ATTG-GA-----A-----GT-G-----A-C-----T-----G-----5409
-----A-A-----C-----TTG-A-----A-----AGT-G-----A-C-----T-----A-----5451
-----T-----T-----ATTG-GA-----C-----A-A-----GC-G-----G-----T-----T-----G-----4604
-----T-----C-----ATTG-GA-----C-----A-A-----GC-G-----G-----T-----T-----G-----4724
-----TC-----T-----ATTG-GA-----C-----A-A-----GC-G-----G-----T-----T-----G-----4754
-----T-----C-----ATTG-GA-----C-----A-A-----GC-G-----G-----T-----T-----G-----4724
-----T-----T-----ATTG-GA-C-----A-----A-A-----GC-G-----G-----A-----T-----T-----G-----4572
-----T-----T-----ATTG-GA-C-----A-----A-A-----GC-G-----G-----A-----T-----T-----G-----4578
-----T-----A-----ATTG-GA-C-----A-----A-A-----GC-G-----G-----A-----T-----T-----G-----4572
-----G-----T-----ATTG-GA-C-----AT-----A-A-----GC-G-----G-----A-----T-----T-----G-----4724
-----A-A-----G-----CTG-A-G-C-G-----CAGC-G-----A-AC-----T-----A-----4594
-----A-----G-----CTG-A-AG-C-A-----C-C-G-----A-A-----T-----A-----A-----4594
-----C-A-----G-----CTG-A-G-C-A-----C-GC-----A-AC-----T-----A-----4582
-----A-----A-----G-----ACTG-A-G-C-A-----A-----C-C-G-G-----A-AC-----T-----A-----4579
-----A-----T-----G-----ACTG-A-----T-----A-----GC-G-----A-C-----T-----G-----A-----4771
-----A-----A-----T-----ACTG-GA-----T-----GC-G-----A-C-----T-----T-----G-----4769
-----A-A-----T-----C-----ACTG-GA-----T-----GC-G-----T-----A-C-----T-----G-----A-----4760
-----A-----A-----G-----CTGG-A-G-C-A-----G-----GG-G-----G-----A-C-----C-T-----A-----4588
-----G-----G-----CTG-A-G-C-T-----GC-G-----A-C-Y-T-----T-----G-----AA-----4752
-----T-----G-----CTG-A-G-C-A-----GC-G-----A-C-----T-----A-----5386
-----A-----G-----CGG-A-G-C-A-----G-----G-----A-C-C-----T-----G-----A-----4694
-----T-----CC-----C-GGG-----G-----A-----GC-G-----G-C-----A-A-----T-----T-----A-----4959
-----T-----C-----C-GGG-----G-----A-----GC-G-----G-G-C-----A-A-----T-----T-----A-----5397
-----T-----C-----A-----C-GGG-AG-----G-----A-----GC-G-----G-G-C-----A-A-----T-----T-----A-----4646
-----T-----CC-A-----A-----C-GGG-----G-----A-----GC-G-----G-C-----A-A-----T-----T-----A-----5418
-----A-A-----G-----T-----TTG-A-----C-A-----G-----GC-G-----A-C-----T-----A-----4618
-----A-A-----A-G-----T-----CTG-A-----C-A-----GC-G-----AC-C-----T-----A-----4797
-----C-A-----G-----T-----ACTG-A-----C-A-----GC-G-----AC-C-----T-----A-----4794
-----A-----T-----T-----C-G-GA-----T-----A-----T-----CT-----C-C-T-----A-----4830
-----A-----T-----C-----T-----TAC-G-GA-C-----A-----T-----C-----Y-----C-C-T-----A-----4832
-----A-----T-----T-----C-G-GA-----T-----A-----T-----CT-----C-C-T-----A-----4833
-----A-----T-----T-----C-G-GA-----T-----A-----T-----CT-----C-C-T-----A-----4830
-----AG-----C-----T-----C-GGGA-AC-----A-----T-----C-----G-----AC-A-T-----A-----4624
-----AG-----C-A-----T-----C-G-GA-C-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----AC-A-T-----T-----4613
-----AG-----T-----T-----C-G-GAG-----A-----T-----G-----G-----AC-A-T-----A-----4788
-----AG-----A-----T-----C-G-GA-AT-----A-----T-----C-----G-----G-----AC-A-T-----A-----4747
-----A-----C-----G-----C-GG-A-----C-T-----A-----T-----T-----G-G-----T-----C-----T-----4755
-----A-----T-----G-----CT-----A-G-C-A-----C-----G-----A-C-----T-----A-----4586
-----CAGCCT-----C-A-A-TR-----A-----AC-GGA-A-----C-AG-----T-----T-----A-G-----A-G-----A-----TGT-----T-----A-T-----A-----CT-----4984
-----GTCT-----C-A-A-T-----A-----AACT-GGA-A-----C-AG-----T-----T-----A-G-----A-G-----A-----T-----T-----A-T-----A-----C-----4898
-----CAGTCT-----C-A-A-T-----A-----ACT-GA-A-----C-AG-----T-----T-----A-G-----A-G-----A-----TC-----T-----T-----A-----C-----4986
-----TGAA-----A-----T-----TAGT-----C-TT-T-----AG-----AA-----GA-T-----AC-----AGGA-G-----A-----C-----T-----AC-----A-----CA-----5447
-----TGAA-----A-----T-----AG-----CAAT-T-----A-A-----T-----GA-T-----AC-----TAG-A-----A-----C-----T-----CAC-----A-----GG-----4876
-----GGAA-----C-----A-----T-----TAGT-----CAAT-C-----GAG-----AA-----GA-T-----T-----AC-----AGGA-G-----A-----C-----T-----CACA-----A-----A-----5422
-----TGAA-----A-----T-----TAG-----C-----T-C-G-AG-----CA-----GA-T-----AC-----AG-A-G-A-----ACA-----T-----C-----A-----G-----5446
-----C-CCCA-----C-A-A-T-----T-----GAG-----ATGTGGA-AG-----T-----A-----AC-----T-----T-----A-G-A-----C-AA-----T-----CCC-----TC-----4837
-----G-C-----A-----C-----T-----TC-----CT-GGATCT-----GT-----G-----G-----T-----CTTCAC-----TAG-T-G-C-----CTCTC-A-----T-----T-----C-----G-----AA-----5456
-----CCA-----C-A-----T-----CA-AGGAT-----AC-----GGA-A-----C-----T-----A-----AC-----T-G-----CACTAGG-----T-----AC-----G-T-CAG-----5039
-----CA-----C-----A-----G-----T-----A-----A-----AC-----GGA-CT-----C-AG-----A-----T-----GA-G-----A-G-----CACTAGG-----T-----T-----A-----C-----5452

E R D W H L G O G V S I E . W R K K R Y S T Q V D P E L A D O L I H L Y Y F D C F S D Vif

B.FR.83.HXB2	CTGCTATAAGAAAGGCCCTTATTAGGACACATAGTTAGCCCTAGGTGTGAATATCAAGCAGGACATAAC...AAGGTAGGATCTCTACAATACTTGGCACTAGCAGCATTAAATACACCAAAA.....	5511
A1.KE.94.Q23_17	---C---G-A--A-G-----AG-----T---AA-----T-A---GAA-----G-----	4969
A1.RU.03.03RU20_06_13	---C---G-A--A-G-----AG-----T---AA-----T-A---GAA-----G-----T---C-----	4985
A1.SE.94.SE7253	---C---G-A--A-G-----G-----TT-----CA-----T-A---GAA-----G-----C-----	4715
A1.TZ.01.A173	---C---G-A--A-G-----AG-----A-----C-----T-A---GAA-----G-----C-----	4710
A1.UA.00.98UA0116	---C---G-A--A-G-----G-----AG-----T---A---C-----C-----G-----C-----	5510
A1.UG.92.92UG037	---C---G-A--A-G-----G-----AG-----T---A---C-----C-----T-----T-A---AA-----G-----TC-----	4878
A1.UG.98.98UG57136	---C---G-A--A-G-----AG-----G-----G-----T-----T-A---GAA-----G-----C-----	4716
A2.CD.97.97CDKFE4	---C---G-A--A-G-----G-A-----T-----G-----G-----G-----T-GAA-----G-G-T---C-----	4316
A2.CD.97.97CDKS10	---C---G-A--A-G-----G-A-----T-----C-----G-----G-----T-----T-GAA-----G-GTC---C-----	1628
A2.CD.97.97CDKTB48	---C---G-GA--A-G-----G-A-----G-----A-----G-----G-----T-----T-GAG-----G-G-TT---C-----	4851
A2.CY.94.94CY017_41	---C---G-A--A-A-----G-A-----T-----G-----G-----T-----T-GAA-----G-G-G-TT---C-----	4868
A3.SN.01.DDI579	---C---G-GA--A-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----T-----GAG-----G-G-T---C-----	4709
A3.SN.01.DDJ369	---C---G-A-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----GAA-----G-----G-----	4712
A3.SN.96.DDJ360	---C---G-A-----A-----A-----A-----C-A-----T-----T-----T-----GAG-----G-----G-----	4709
B.AR.00.ARMS008	---C---T---C-T--A-----T-----TA-----A-----T-----G-----T-----A-----	4716
B.AU.96.MBCD36	---C---G---C-TA--A-----T-G-----T-----G-----G-----C-----G-----	4866
B.CO.01.PCM074	---C---G-----T-----G-----A-----C-----C-----G-----G-----C-----T-----	4727
B.GA.88.OYI	---C---T---A-C---A-T-----T-----C-----G-----G-----A-----	5054
B.NL.00.671_00T36	---C---T---A-----GTT-----G-----G-----T-----G-----	5076
B.RU.-.04RU129005	---C---T---A-G-----T-G-----T-----T-----G-----C-----G-----R-----G-----	5015
B.TH.90.BK132	---C---T---A-----T-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----	4862
B.US.90.WEAU160	---C---T---A-----TT-----TT-----G-----T-----T-----T-----A-----G-----	5510
B.US.98.1058_11	---C---T---C-G-----T-G-A-----A-A-----T-----G-----A-----A-----	4701
C.AR.01.ARG4006	---C---G-A--C-----T-G-----T-----T-----C-----GA-----GT---A-----	4695
C.BR.-.04BR013	---C---G-A--C-----T-G-----T-----C-C-----C-----GA-----G---A-----	4975
C.BR.92.BR025-d	---C---G-A--A-----T-G-----T-----C-----C-----C-----GA-----G---A-----	4848
C.BW.00.00BW07621	---C---A-----AG-----TT-----C-----T-----GA-----G---A-----	4864
C.ET.86.ETH2220	---C---G-A--A-----T-T-G-----C-----T-----GA-----G---AG-----	4903
C.IN.95.95IN21068	---C---A--A-----TT-----C-----C-----GA-----C-G---A-----	4862
C.IN.99.01IN565_10	---C---A--A-----TT-----C-----G-----GA-----C-G---A-----	4892
C.KE.00.KER2010	---C---A--A-----TT-----C-----C-----GA-----G---A-----C-----	4692
C.TZ.01.BD9_11	---C---G-A--A-----T-----TTT-----C-C-----T-----T-----GA-----GG---A-----	4719
C.UY.01.TRA3011	---C---GG-A--A-----T-G-----T-----C-----G-----T-----C-----GA-C---GG-----	4682
C.ZA.04.SK164B1	---C---A--A-----AG-----T-----T-----T-----GA-----T-G---AG-----	4921
C.ZM.96.96ZM651	---C---A--A-----TT-----C-----G-----GA-----G---A-----	4840
D.CD.83.ELI	---C---A--A-----G-T-----T-----G-----C-----G-T-----A-----G-----	5057
D.CD.83.NDK	---C---A--A-----T-----T-----T-----G-----CT-----G-T-----G-----	5046
D.CM.01.01CM_4412HAL	---C---A--A-----T-G-----T-----C-----CT-G-G-T-----TA-----G-G-----	4725
D.KE.01.NKU3006	---C---A--C-----T-G-----T-----A-T-----CT-----G-T-----A-----A-----	4716
D.TD.99.MN012	---C---G-A--AA-----T-----G-----T-----T-----CT-----G-T-----A-----G-G---G-----	4735
D.TZ.01.A280	---C---G-A--AA-----T-----G-----T-----T-----T-----G-T-----AT-----A-----	4712
D.UG.94.94UG114	---C---A--A-----AG-----TAT-----A-T-----T-----A-----A-----G-----GG-----	4866
D.UG.99.99UGD23550	---C---A--A-----TT-----CA-T-----T-----T-----A-T-----G-----	4716
D.UG.99.99UGK09958	---C---A--A-----CT-----A-----A-T-----T-----T-----A-----AG-----	4710
D.ZA.86.R482	---C---A--A-----T-----A-----C-----CT-----G-T-----A-----G-----	4781
F1.BE.93.VI850	---C---G-A--A-----T-G-A-----A-C-----T-----C-----T-----A-----G-T---G-G-----	4851
F1.BR.89.BZ126	---C---G-A--A-----T-A-----A-C-----T-----T-----AY-----G-T---G-----	4861
F1.BR.93.93BR020_1	---C---G-A--A-----T-A-A-----A-C-----A-----A-----G-T---G-----	4839
F1.FI.93.FIN9363	---C---G-A--A-----T-G-A-----C-----C-----T-----A-----G-T---G-----	4840
F1.FR.96.MP411	---C---G-A--A-C-----T-G-A-----A-C-----T-----A-----G-T---G-----	4713
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---C---G-A--A-----T-G-----T-----A-C-----C-----T-----A-----C-G---C---G-----	4704
F2.CM.95.MP255	---C---G-T--A-----T-G-----T-----A-T-----C-----C-----T-----T-GA-----C-----	4710
F2.CM.95.MP257	---C---G-A--A-----G-G-----T-----A-T-----C-----C-----T-----A-----T-----	4722
F2.CM.97.CM53657	---C---G-A--A-----G-G-----T-----A-C-----C-----C-----T-----A-----C---G-----	4704
G.BE.96.DRCBL	---C---G-A--A-----A-C-----G-----T-----C-----G-----T-----T-AA--T---G-GG---C-----	5468
G.CM.01.01CM_4049HAN	---C---G-A--A-----G-G-----T-----T-----C-----C-----T-----A-----T-GAA-----G-C---C-----	4713
G.ES.99.X138	---A---G-----AA-----AGA-----T-----CT-----T-----AA-----C-----	4952
G.FI.93.HH8793_12_1	---C---G-T--A-----AGA-----A-----T-----T-----GAA-----G-----C-----	4911
G.NG.92.92NG083	---C---A--A-----G-G-----C-C-----T-----TC-----TCGAA-----G-----C-----	4880
G.SE.93.SE6165	---C---G-A--A-----A-----T-----C-----T-----T-GAA--T---G---T-----	4908
H.BE.93.VI991	---C---G-A--TA-----T-G-----T-C-TT-----C-----GA-----T-----T-----GA-----T-----	4900
H.BE.93.VI997	---C---GGGA--A-----GAG-----T-----C-----C-----G-T-----GA-----G-TG-----	4835
H.CF.90.056	---C---G-A--A-----GTG-----A-----A-C-----C-----A-----A-----T-----A-----G-GG-----	4858
J.SE.93.SE7887	---C---G-----A-----A-----C-C-----TC-----A-----G-----	4825
J.SE.94.SE7022	---C---G-----A-----A-----C-C-----TC-----T-A-----A-----	4826
K.CD.97.EQTB11C	---AG---G-----A-----T-G-----T-----G-----C-----C-----CT---G-T---T---A-----G-T-----	4703
K.CM.96.MP535	---AG---G-----A-----T-G-----T-----G-----C-----CT---T---CA-----G-G-T---G-----	4707
01_AE.TH.00.OUR200I	---C---G-CA--A-----AG-----AAG-----C---CTT-----T-----GAA-----G-C---C-----	4719
01_AE.TH.01.OUR4141	---C---G-A--A-----AG-----A-A-----C---C-T-----C-----T-----T-GAA-----C-----	4707
01_AE.TH.02.OUR7691	---C---G-GT--A-----AG-----AAG-----C-C-T-----C-----T-----GAA-----G-C---C-----	4710
01_AE.TH.90.CM240	---C---G-A--A-----AG-----A-G-----C-T-----C-----T-----GAA-----C-----	5085

B. FR. 83. HXB2 CTGCTATAAGAAAGGCCCTTATTAGGACACATAGTTAGCCCTAGGTGTGAATATCAAGCAGGACATAAC... AAGGTAGGATCTCTACAATACTTGGCACTAGCAGCATTAAATACACCAAAA... 5511

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE ---C---G--A--A---AG---A---T... G-G---T---GAA---G--T---C... 4701

02 AG. FR. 91. DJ264 ---C---G--A--A-C---AG---T... C---A---T---T-AA---G---GT... 4860

02 AG. NG. - . IBNG ---C---A--A--A---G-A---A---T... G---T---GAAT--T--G-G---C... 5036

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 ---C---G--A--A---G-A---C---T... A---T---T-GAA---G-C---C... 4698

03 AB. BY. 00. 98BY10443 ---T---A---T---T---G---T---G---G---T---G---G... 5514

03 AB. RU. 97. KAL153 ---T---A---T---G---T---G---G---T---G---G... 4737

03 AB. RU. 98. RU9800I ---T---A---T---G---T---G---G---T---G---G... 4881

04 cpx. CY. 94. CY032 ---C---G--A--A---T-G---T---T... CT---C---T-C---T-C... 4877

04 cpx. GR. 91. 97PVCH ---C---C-A--A---T-T-G---T---T... G---T---TC-A---T-C... 5528

04 cpx. GR. 97. 97PVMY ---C---G--A--A---G---T---T... CC---T---TC-A---T-C... 5525

05 DF. BE. - . VI1310 ---C---T--A--A---GT---T---G-T---CT---G-T---A... 4893

05 DF. BE. 93. VI961 ---C---A--A---T-T-G---T---G---CT---G-T---GA---C... 4868

05 DF. ES. 99. X492 ---C---A--A--A---T-T-G---T---T---CT---G-T---A---C... 4864

06 cpx. AU. 96. BFP90 ---C---G--A--A---T-G---T---T---T---G---TC---A---T---A---G... 5539

06 cpx. EE. - . EE0359 ---C---G--A--A---T---T---G---C---C---G---TC---AA---C---A---G... 5167

06 cpx. ML. 95. 95ML127 ---C---G--A--A---CA---T---T---TC---A---C---A---G... 5528

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 ---C---GG-A--A---T---C-T-G---G---C---T---TC---AA---C---G---A-A---G... 5570

07 BC. CN. - . CNGL179 ---G--A--A---TT---C---AAAT---GA---G---A... 4726

07 BC. CN. 97. 97CN001 ---G--A--A---TAAT---C---GA---G---A... 4846

07 BC. CN. 97. CN54 ---A---G--A--A---TT---C---TAAT---GA---G---A... 4876

07 BC. CN. 98. 98CN009 ---G--A--A---TT---C---TAAT---GA---G---A... 4846

08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F ---C---G--A--A---G---TT---C---TAAT---GA---C-G---A... 4694

08 BC. CN. 97. 97CNGX_7F ---C---G--A--A---G---TT---C---TAAT---GA---C---A... 4700

08 BC. CN. 97. 97CNGX_9F ---C---G--A--A---G---TT---C---TAAT---GA---C-G---A... 4694

08 BC. CN. 98. 98CN006 ---C---G--A--A---G---TT---C---T---A---GA---C-G---A... 4843

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 ---C---G--A--A--A---G-T-G---T... T---TC---A---AC---G... 4713

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 ---C---G--A--A---T-G---CCT... T---TC---A---A---G... 4713

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 ---C---G--A--A---T-G---T---G---TC---G---A---AC... 4701

09 cpx. US. 99. 99DE4057 ---C---G--A--A---T-G---T... T---TC---A---AG... 4698

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061 ---G--A--A---AG---CT---A-T---A... C---T---T---A-T... 4890

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071 ---C---A--A---G---CT---A-T-T---C---T---A-T... 4888

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110 ---G--A--A--G---CT---A-T---C---T---A-T... 4879

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA ---C---GG-A--A---T-G---T---T---T---GAA---G---C... 4707

11 cpx. CM. 96. 4496 ---C---G--A--A---T-G---T---T---T---GAA---G---CC... 4871

11 cpx. FR. 99. MP1298 ---C-C-G-CA--A---T-T-G---T---C---T---GAA---G-G---C... 5505

11 cpx. GR. - . GR17 ---C---G--A--A---T-G---T---C---T---T---T-GAA---G---C... 4813

12 BF. AR. 97. A32879 ---C---C-A--A---T-T-A-A---A-C-C---A---G-T---G... 5078

12 BF. AR. 99. ARMA159 ---C---A--A---T-A-A---A-C---T---A---T---G-T---G... 5516

12 BF. ES. 02. X1241 ---C---A--A---T-G-A---A-C---T---A---T---G-T---G... 4765

12 BF. UY. 99. URTR23 ---C---G--T--A---T-A-A---A-T---T---A---T---G... 5537

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN ---C---G--A--A---T-T-G---A---TCT... TC---A---C---G---AT... 4737

13 cpx. CM. 96. 1849 ---C---G--A--A---T-G---C---T---TC---T---A---CAC... 4916

13 cpx. CM. 96. 4164 ---C---G--T--A---T-G---C-TAAT---G---TC---A---AC... 4916

14 BG. ES. 00. X605 ---A---G---A---G-A---A---CT... T---T---GAA---G---C... 4949

14 BG. ES. 00. X623 ---A---G---A--R---GGA---G---M---T---GAA---G---C... 4951

14 BG. ES. 99. X397 ---A---G---A---G-AT---T---CT... T---GAA---G---C... 4952

14 BG. ES. 99. X421 ---A---G---A---A---T---T---GAA---G---C... 4949

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 ---C---G-GA--A---AG---A-G---C-T---C---T---GAA---C... 4743

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 ---C---G--A--A---AG---ATG---C-T---C-T---GAG---C... 4732

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 ---C---G-GA--A---AG---ATA---T---T---C-T---GAA---C---C... 4907

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 G---C---G-GA--A---AG---AAG---C-T---C---T---GAA---C... 4866

16 A2D. KR. 97. 97KR004 ---C---G---A---A---A---A---T-G---T-GAA---G-GGTGA---C... 4874

18 cpx. CM. 97. CM53379 ---C---G--A--A---T-G---T---T... T---T---TC-A---A---C-AC... 4705

N. CM. - . YBF106 ---C---GC-A--GG-C---GAGACC---GTTA---M---CG---G-C-M... C---CA---TC-A--M-A---C-RGG-GGG-GT---G... 5103

N. CM. 02. DJ00131 ---C---GC-A--GG-C---GAGACC---ATT---CG---G-C-T... C---CA-T-G--C-TC-A---CA---C-GGG-GGG-GT---G... 5017

N. CM. 95. YBF30 ---C---GC-A--GG-C---GAGACC---ATTA---C---G---G-C-A... C---CA-C---TC-A---A---C-GGG-GGG-G... 5105

O. BE. 87. ANT70 ---A--AG-C--G--A--A-CC---G-G---ACTGA-C-A---C-CTA---GT... GA-A---CTGC-A--T---AG---G-G---A-G---G... 5566

O. CM. - . 96CMABB637 ---A-A-C--G-GA--A-TC---G-G-G---GCTGA-C---C-CT---GAG-A-G---CT-C-A--T---AG---G-GG---A-GAC... 4995

O. CM. 91. MWP5180 ---A-A-C--G---A-TC---G-G-G---GCTGA-C-A---C-TG---GT... GA-A---T---A-CT-GAA---G-G-A-GT... 5541

O. SN. 99. SEMP1300 ---A-A-C--G-G--A--A-C---G-G-G---ACTGA-C---CTCT---GT... GA-A-G---CTAC-A-T---AG---TGG---G-A-GA... 5565

CPZ. CD. - . ANT AA--AG-C---C-A-AA-CC---G-A-G-A-ATTGA-ATAC--CC-C-CA-GAAG---GT... C---GA-A-G-G-G-T-A---TT-TTGTAAGA-CC---GA-TTC-G-GGATACCC... 4964

CPZ. GA. - . CPZGAB ---C-C---GA--TA---G-GC-T---AGCG---C-T---CA--A---C-GG... C---CT---G-T---C---AA---T---GAG-G... 5575

CPZ. TZ. - . TAN1 GA--AG-TC-GC-A--AA---G-A-G-A-ATTGA-ATTC--CC-C-T---T---C-GA... C---GA---G---T---A-TT-CAG-AAGG---G-TGAGACC---GATAAACA... 5166

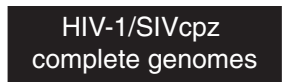
CPZ. US. 85. CPZUS ---C-C---A-TG-T---GAGACC---A-TT--C-AA---C-CTA---G-C-T... C---T-G---T---TT-AAG--C---G-GG--AG-GC... 5571

Vif S A I R K A L L G H I V S P R C E Y Q A G H N . K V G S L Q Y L A L A L I T P K Vif

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	/ Vpr start	Vif end \	
B.FR.83.HXB2AAGATAAAGCCACCTTTGCCTAGTGTACGAACTGACAGAGGATAGATGGAACAGCCCAAGGACCAAGGGCCACAGAGGGACCCACACAATGAATGGACACTAGAGCTTTTAGAGGAGC		5634
A1.KE.94.Q23_17-C-----G--T-T-A-----A-----G-----T-----A-----TGT-----G-----T--T-		5092
A1.RU.03.03RU20_06_13-G-GA--G-----G-----A-----G-----G-----A-----TGT--A-G-----A--TA		5108
A1.SE.94.SE7253-G--C-----G-----T-AG-----G-----G-----T-----TGT--T-G-----A--T-		4838
A1.TZ.01.A173-G--T-AG-----G-----T-----G-----C-----T-----TGT--A-G-----A--		4833
A1.UA.00.98UA0116-G-GA--G-----G-----A-----G-----G-----A-----TGT--A-G-----A--T-		5633
A1.UG.92.92UG037-G--G-----A-----T-AG-----G-----G-----A-----TGT--T-G-----A--T-		5001
A1.UG.98.98UG57136-G--G-----G-----T-AG-----C-----G-----C-----A-----T-----T-----A-G-----A--		4839
A2.CD.97.97CDKFE4-G-GC-----G-----A-----A-----T-AGT-----G-----G-----T-----GTGT--A-G-----A--		4439
A2.CD.97.97CDKS10-GC--G-----C-----G-----T-AGT-----G-----G-----C-----GTG--A-A-----		1751
A2.CD.97.97CDKTB48-G--C-----G-----T-AGT-----G-----G-----C-----GTGT--A-G-----		4974
A2.CY.94.94CY017_41-G--C-----G-----T-AGT-----T-----T-----TGT--A-G-----		4991
A3.SN.01.DDI579-C--G-----C-G-----T-A-----G-----G-----T-----TGT--A-G-----A--		4832
A3.SN.01.DDJ369-G--C-----G-----A-----T-A-----G-----G-----T-----G-----TGT--A-G-----T-		4835
A3.SN.96.DDJ360-C-G-----C-G-----T-AG-----T-----G-----G-----T-----TGT--A-G-----AA		4832
B.AR.00.ARMS008-A-----C-AA-----G-----G-----T-----G-----A--		4839
B.AU.96.MBCD36C-----A-----A-----T-----G-----		4989
B.CO.01.PCM074-C-----G--A-----G--G-----A-----GT-----T-----		4850
B.GA.88.OYI-A-----A-----T-----T-----		5177
B.NL.00.671_00T36-G-----G-----A-----A-----C-----C-----A--		5199
B.RU.-.04RU129005-G--C-----A-----CA-----A-----T-----G-----A--		5138
B.TH.90.BK132-G-----G-----A-----T-----		4985
B.US.90.WEAU160-A-----A-----T-----T-----A--		5633
B.US.98.1058_11-G--G-----G-----G-----C-----T-----C-----T-----A--		4824
C.AR.01.ARG4006-G-----C-----G-----T-AGT--A-----G--A--G-----A--T-T-----A--C-----A--		4818
C.BR.-.04BR013-G-----C-----A-----GT-AGT-----G--A--G-----T-----A-----A--A--		5098
C.BR.92.BR025-d-C-----C-----A-----T-AGT-----G--A--G-----A--T-----A-----A--		4971
C.BW.00.00BW07621-G-----C-----G-----T-AGT-----G--G-----A--T-----CC-----A--		4987
C.ET.86.ETH2220-GC-----C-----GT--T-AGT--A-----A-----G-----A--T-----G-----		5026
C.IN.95.95IN21068-C-----A-----A-----T-AGT--A-----T-----T-----G--G--A-----A--T-T-----C-----G--T-----C-----		4985
C.IN.99.01IN565_10-C-----A-----G-----T-AGT--A-----G-----G-----T-----C-----		5015
C.KE.00.KER2010-C-----C-----CA-----T-AGT-----C-----G-----G-----A--T-----A--C-----A--		4815
C.TZ.01.BD9_11-G-----C-----G-----GT-AGT-----C-----G--A--G-----A--T-----G-----AA--C-----A--		4842
C.UY.01.TRA3011-A-----C-----A-----T-AGT-----G-----G--A--G-----A--T-----A-----		4805
C.ZA.04.SK164B1-G--G-----CC-----GA-----T-AGT-----C-----C-----T--G--A--G-----A--T-----G--T-----A-----A--		5044
C.ZM.96.96ZM651-G-----G-----C-----T-AGT-----TT-----G-----G-----A--T--G--G-----A--C-----A--		4963
D.CD.83.ELIC-----G--G--A-----A-----C-----G-----T-----G--T-----		5180
D.CD.83.NDKG--G--A-----A-----G-----G-----T-----G-----T-----		5169
D.CM.01.01CM_4412HAL-G--A--A-----G-----GT--A-----A-----TC-----T-----G-----T-----		4848
D.KE.01.NKU3006-G--A-----A-----G--G--A-----A--C-----G-----T--G--C-----T-----		4839
D.TD.99.MN012-G--A-----A-----A--G--A-----A--C-----G--C-----T-----G--T-----A-----		4858
D.TZ.01.A280-A-----G--A-----A-----G-----CT-----T-----		4835
D.UG.94.94UG114-A-----C-----GG--G-----A--C-----G-----T-----T-----		4989
D.UG.99.99UGD23550-C-----A-----G-----G-----A--C-----G-----T-----T-----A-----		4839
D.UG.99.99UGK09958-C-----A-----C-----A--G-----A-----G-----A-----T-----G-----T-----A-----A-----		4833
D.ZA.86.R482-G--C-----A-----A-----G--G--A-----A--C-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----G--A-----		4904
F1.BE.93.VI850-C-----GC-----CCA-----AGT-----C-----G-----G-----G-----T-----G-----AA-----		4974
F1.BR.89.BZ126-C-----G-----C--A-----AGT--A--C-----G-----G-----A-----A-----T-----		4984
F1.BR.93.93BR020_1-C-----G-----CCA-----AGT--A--C-----G-----G-----A-----T-----T-----		4962
F1.FI.93.FIN9363-GC-----G-----C--A-----AGT--A--C-----G-----T-----G-----T-----A-----		4963
F1.FR.96.MP411-C-----G-----C--A-----AGT--A-----G-----G-----T-----T-----		4836
F2.CM.02.02CM_0016BBY-G-----G-----C--A-----AGT-----A-----C-----T-----		4827
F2.CM.95.MP255-C-----G-----AGT-----C-----T-----		4833
F2.CM.95.MP257-G-----A-----C--G-----AGT-----C-----G-----T-----C-----		4845
F2.CM.97.CM53657-G-----G-----G-----C--G-----AGT-----C-----G-----T-----		4827
G.BE.96.DRCBL-G--G--G-----G-----T--A-----G-----G-----A--A--C-----G--T-----A--G-----A--		5591
G.CM.01.01CM_4049HAN-G--A--G-----GT--T--A-----T-----G-----G-----A--A--CT-----T-----G-----A--		4836
G.ES.99.X138-GC-----G-----A-----A-----G-----G-----A--A--CT-----G--T-----A--G-----A--		5075
G.FI.93.HH8793_12_1-C--G-----G-----T--A-----A-----T-----G-----G-----A--A--CT-----G--T-----A--G-----A--G--		5034
G.NG.92.92NG083-G--A--G-----A-----GG--T--AG--A-----G--A-----A--A--CT-----T-----A--G-----A--		5003
G.SE.93.SE6165-G--GT--G-----C-----G--T--AG--A-----G-----G-----A--A--CT-----G--T-----A--G-----A--		5031
H.BE.93.VI991-G--C-----GA-----AGT-----G-----G-----A-----A-----G-----A--		5023
H.BE.93.VI997-C-----AA--G--AGT-----G-----G-----A-----A-----		4958
H.CF.90.056-GA--G--AGT-----G-----G-----A-----A-----		4981
J.SE.93.SE7887-G--G-----CA-----AGT-----C-----A-----A-----T--C-----G-----		4948
J.SE.94.SE7022-G--G-----CA-----AGT-----G--A-----A-----A-----T--C-----G-----		4949
K.CD.97.EQTB11C-C--A-----GG-----CCA-----AGT--A-----G-----G-----T-----G-----A-----A-----		4826
K.CM.96.MP535-G--CC-----G-----A-----AGT-----G-----A-----A-----T-----A-----A--G-----		4830
01_AE.TH.00.OUR200I-G--G-----C-----A-----T--A-----A-----T--G-----G-----A--TA--C-----T-----A--G-----A--C-----		4842
01_AE.TH.01.OUR414I-G--C--G-----C-----A-----T--A-----A-----T--G-----A--A--CT-----T-----A--G-----		4830
01_AE.TH.02.OUR769I-G--G-----C-----A-----T--A-----A-----T--G-----A--A--CT-----C-----T-----A--G-----		4833
01_AE.TH.90.CM240-G--G-----C-----A-----T--A-----A-----G-----A--A--CT-----T-----A--G-----		5202

	/ Vpr start	Vif end \	
B. FR. 83. HXB2AAGATAAAGCCACCTTTGCCTAGTGTACGAAACTGACAGAGGATAGATGGAACAGCCCAAGGCCACAGAGGGAGCCACACAATGAATGGACACTAGAGCTTTTAGAGGAGC		5634
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE-C-----C-A--GT-AG--A-C-----G--T-----G-----GTC-----A-G--A--		4824
02 AG. FR. 91. DJ264-C-----A--GT-AG--A-C-----G-----G-----GTT-----G--A-A--A--		4983
02 AG. NG. -. IBNG-C-----G--GT-AG--A-C-----AG-----G-----GTC-----A-G--A--		5159
02 AG. UZ. 02. 02UZ693-G--AG-G--G-----A--G--AG--A-C-----G-----GTT-----G--A-G--A--		4821
03 AB. BY. 00. 98BY10443-G-----A-----T-----G-----A-----		5637
03 AB. RU. 97. KAL153 2-G-----A-----T-----G-----		4860
03 AB. RU. 98. RU9800I-G-----A-----T-----G-----		5004
04 cpx. CY. 94. CY032-C-----A--AGTG-----G--G--A--A--A--T-----G-----		5000
04 cpx. GR. 91. 97PVCH-C-----G--C-----A--AGT-----G--G--A--A--A--T-----G-----		5651
04 cpx. GR. 97. 97PVMY-C-----C-----A--T-AGT--A-----T-----G-----A--T-----ACA--G-----		5648
05 DF. BE. -. VI1310-C-----C-----G--G--A--A--C-----G-----A--T-----T-----		5016
05 DF. BE. 93. VI961-C-----G--G--A--A--C-----G-----T-----T-----GT-T-----C-----		4991
05 DF. ES. 99. X492-A-----C-----C-G--GT-A--A-----G-----A--T-----T-----C-----		4987
06 cpx. AU. 96. BFP90-G--A-----CAA--G--AGT-----G-----A--T-----A--G-----		5662
06 cpx. EE. -. EEO359-G-----C-----CAA--AGT-----G-----A--T-----A--G-----		5290
06 cpx. ML. 95. 95MLL127-G-----CAA--T-AGT-----G--A--A--T-----T--A--C--G--A-----		5651
06 cpx. SN. 97. 97SE1078-G--G-----CAA--AGT-----A--A--A--T--G-----A--G-----		5693
07 BC. CN. -. CNGL179-C-----A--AA--T-AGT-----T-----T--G--G--A-----C-----		4849
07 BC. CN. 97. 97CN001-C-----A-C-A--T-AGT-----T-----G--T--G--G--A-----C-----		4969
07 BC. CN. 97. CN54-C-----A-C-A--T-AGT-----T-----G--T--G--G--A-----C-----		4999
07 BC. CN. 98. 98CN009-C-----A--A--T-AGT-----T-----T--G--G--A--T-----C-----		4969
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F-G-----C-----A--A--T-AGT-----C-----T--G--G--A-----C--A-----		4817
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F-G-----C-----A--A--T-AGT-----C-----T--G--G--A-----C--A-----		4823
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F-G-----C-----A--A--T-AGT-----C-----T--G--G--A--T-----C--A-----		4817
08 BC. CN. 98. 98CN006-G-----C-----A--A--T-AGT-----C-----T--G--G--A--T-----G-----C--A-----		4966
09 cpx. GH. 96. 96GH2911-A-C-----A--AGT-----G--G--A--A--A-----G-----		4836
09 cpx. SN. 95. 95SN1795-C-----A--AGT-----G--G--G--A--A--A-----A--G--A-----		4836
09 cpx. SN. 95. 95SN7808-C-----AA--AGT-----G-----A--A--A-----C--G-----		4824
09 cpx. US. 99. 99DE4057-G-GC-----A--AGT-----G--G--A--A--A-----A--G-----		4821
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061-C--A-----G--G--A--A-----G-----G-----T-----T-----C-----		5013
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071-C-GA-----G--G--A--A--C-----G-----G-----T-----G--T-----C-----		5011
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110-C--A-----C-----G--G--A--A--C-----G-----A-----T-----G--T-----C-----		5002
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA-G-CC-GA-----G--T-A--A-----G-----G-----T--G--G--TGT--A--G--A-----		4830
11 cpx. CM. 96. 4496-G-CC-G-----G--T-AG-----G-----G-----GT--A--G--A-----		4994
11 cpx. FR. 99. MP1298-G-C-----G--T-AG-----G-----A--T--C-----TGT--A--G--A-----		5628
11 cpx. GR. -. GR17-G-C-----G--T-A-----G--G-----A--T--G-----TGT--A--G--A-----		4936
12 BF. AR. 97. A32879-C--G--G--A-----C-A--AGT--A--C-----G-----C--T--C--G-----		5201
12 BF. AR. 99. ARMA159-A-C-----C-A--G--AGTG--A--C-----C-----G-----T-----		5639
12 BF. ES. 02. X1241-ACA--T-AGTG--A--C-----G--G-----A--T-----		4888
12 BF. UY. 99. URTR23-C--G-----C--AGT--A--C-----G-----G-----A--A--T-----		5660
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN-C-----G-----G--A--AGT-----G--A-----A--A--A-----G-----		4860
13 cpx. CM. 96. 1849-C-----G-----G-AA--T-AGT-----G--A-----A--A--A-----G-----		5039
13 cpx. CM. 96. 4164-C--C-----C--G-AA--AGT-----G--A-----A--A--A-----G-----		5039
14 BG. ES. 00. X605-GC-----G--T-A--A-----G--G-----A--CT-----G--T--A--G--A-----		5072
14 BG. ES. 00. X623-G-GC-----G--T-A--A-----G--G-----A--CTM-----Y--T--A--G--A-----		5074
14 BG. ES. 99. X397-GC-----G--T-A--A-----G--G-----A--CT-----G--T--A--G--A-----		5075
14 BG. ES. 99. X421-GC-----G--T-A--A-----G--G-----A--CT-----G--T--A--G--A-----		5072
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331-G--G--Y-C-----A--T-A--A-----T--G-----A--TA--CT--C-----T--A--G-----		4866
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332-G--G--C-----A--T-A--A-----GT--G--T-----A--TA--CT--C-----T--AT--G-----		4855
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079-G--GA-----C--A--G--A--T--A--A-----G-----T--G-----A--A--CT--G--C--T--A--G-----		5030
15 01B. TH. 99. 99TH R2399-G--G-----C--A--A--T-A--A-----T--G-----A--A--CT-----G--T--A--G-----		4989
16 A2D. KR. 97. 97KR004-GA-C-----CC-----G--G--A--A-----T-----T-----C--A--T-----		4997
18 cpx. CM. 97. CM53379-C-----G--T-AG--A-----T--G-----A--A--A-----G-----		4828
N. CM. -. YBF106-G--G--C--A-----G--T--GT-A--A-----G--G-----GC-----A--CT--T-----G--C--AT--A--A--AT		5226
N. CM. 02. DJ00131-G-----C--A-----G--T--GT-A--A-----G--A-----GC-----A--CT--T-----AT--A--A--AT		5140
N. CM. 95. YBF30-G-----C--A-----G--T--G--A--A-----G--A-----TG-----A--CT--T-----G--AT--A--A--AT		5228
O. BE. 87. ANT70-GC-GG-----T--CC-A--C-----CCA--T-A--A-----A--T--GA--T--G--A--GCT-AA-----C--A--A-----		5689
O. CM. -. 96CMABB637-GA-GT-----T--CC-A--C-----CCA--GT-A--GA--C-----G--A--T--G--T--G--A--GCA--A-----TT-----W--T-----CC--G--A--A-----		5118
O. CM. 91. MVP5180-GA-AT-----T--CC-A--C-----CCA--G-T-A--A-----TG--A--T--G--A--GCT-----TT-----CC--G--A-----		5664
O. SN. 99. SEMP1300-GACAT-----T--CC-A--C-----CCA--GT-A--A-----G--G--A--T--G--T--G--A--GCT-----TT-----T-----CC--A--A-----		5688
CPZ. CD. -. ANT	CAAG...GGTCC--GAAG--AG--C-----C-G-T-TCT-A-----A-----GC--G--TG--G-----A--A--ATG-----G--TTGT-----AAC-----A--AA		5091
CPZ. GA. -. CPZGAB-G-CAT-GA-----A-----CG-C--T-A-----T-----CA--A--A--TT--C-G-----G--T-----ACC--G--A--AT		5698
CPZ. TZ. -. TAN1	GCCAAAGGGACC--G-AGG--C-----ATC-----A-----A-----C-----A--GA--C--A--C-----G-----A--A--T--C--G-----CTGT-----CA--CC-----AA		5296
CPZ. US. 85. CPZUS-A-G--GA-----C--A-----G--T--T-----A-----TG-----GCC--A--A--T-----G--G--T-----TG--C-----A--A-----		5694
VifK I K P P L P S V T K L T E D R W N K P Q K T K G H R G S H T M N G H *		Vif
VprM E Q A P E D Q G P Q R E P H N E W T L E L L E E		Vpr
	\ Vpr start	Vif end /	



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	TTAAGAATGAAGCTGTTAGACATTTTCTAGGATTTGGCTCCATGGCTTAGGGCAACATATCTATGAAACTTATGGGGATACTTGGGCAGGAGTGGAGCCATAATAAGAATCTGCAACAACCTGCTGTT	5764
A1.KE.94.Q23_17	-----C-----T-----A-----A-----A-C-C-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----	5222
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----C-----C-----A-----RCCG-----A-----A-----W-----A-C-C-----A-----G-----T-----T-----C-----T-----A-----	5238
A1.SE.94.SE7253	-----C-----C-----T-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----T-----A-----	4968
A1.TZ.01.A173	-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----C-----A-----T-----T-----AT-----A-----	4963
A1.UA.00.98UA0116	-----C-----C-----A-----CCG-----A-----A-----A-C-C-----A-----G-----T-----T-----C-----T-----A-----	5763
A1.UG.92.92UG037	-----C-----C-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----T-----T-----T-----G-----A-----	5131
A1.UG.98.98UG57136	-----G-----C-----A-----A-----A-----T-----A-C-C-----A-----T-----T-----T-----A-----	4969
A2.CD.97.97CDKFE4	-C-----C-G--G-----C-----G--CAG-----A-C-C-----A-----A-T--C-----G-----A-----T-----T-----C-----C-----A-----	4569
A2.CD.97.97CDKS10	-C-----C-G--G-----G-----C--C--CAG-----A-C-A-----T--A--AGT--C-----A-----A-----T-----T-----C-----T-----A-----	1881
A2.CD.97.97CDKTB48	-A--C-A-----A-----C-----CCG-----A-----C-G-A-----A-T--C-----A--AG-----T-----T--G-----T-----A-----	5104
A2.CY.94.94CY017_41	-C--C-G-----C-----C-----CAC-----A-----C--A--T-C-----A-T--C-----C--A-----T-----TT--C-----TA-----A-----	5121
A3.SN.01.DDI579	-G--C-G-----A--C-----C-----CCA-----A-----A-----A-----A-C--C-----A-----T-----T-----GT-----A--T--	4962
A3.SN.01.DDJ369	-----C-----C-----C-----CCA-----T-----G-----A--T--G-----A-C--C-----A-----T-----CA--CT-----A--T--	4965
A3.SN.96.DDJ360	-----C-G--A-----C-----CCA-----A-----A-----A-----T-----A-C--C-----A-----T-----GT-----A--T--	4962
B.AR.00.ARMS008	-C-----G-----C-----CA-----AAT-----A--T--C-----AA--C--G-----	4969
B.AU.96.MBCD36	-----G-----G-----G-A-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----C-----	5119
B.CO.01.PCM074	-----C-----C-----ACCG-----A--C--A--T-----G-----T-----C--A-----AT-----A-----	4980
B.GA.88.OYI	-----G-----A-----A-----AA-----T-----A-----A-----A-----C-----	5307
B.NL.00.671_00T36	-----G-----GGA-----A-----A-----A-----C-----	5329
B.RU.-.04RUI29005	-----G-----A-----A-----T-----T--C-----A-----	5268
B.TH.90.BK132	-----C-----C-----CA-----C--A--T-----A-----C-----G-----T--C-----A-----	5115
B.US.90.WEAU160	-----G-----G-----G-A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----	5763
B.US.98.1058_11	-----G--C--C-----C-----A-----T--CAA-----A-----T-----A-----	4954
C.AR.01.ARG4006	-C--AC-G-----C-----C-----ACCA-----T--A--A--T-----C-----A-----ATG-----T-----A-----	4948
C.BR.-.04BR013	-C--C-G-----C-----C-----ACCA-----T--A--A--T-----G--C-----A--G-----T-----A-----	5228
C.BR.92.BR025-d	-C--CGG-----A--C--C-----ACCA-----T-----A-----A-----C-----A--G--G-----T-----G--A-----	5101
C.BW.00.00BW07621	-C--AC-G-----C-----C--C-----ACCA-----A-----G-----A--T--A-----A-----A--G--T-----T-----A-----	5117
C.ET.86.ETH2220	-C--C-G-----C-----C-----ACCA-----AA-----A--T-----C-----T--G-----A-----TT-----C-----AA-----	5156
C.IN.95.95IN21068	-C--C-G-----C-----C-----ACCA--T--T-----A--T--G-----C-----C-----A--ATG-----A-----A-----	5115
C.IN.99.01IN565_10	-C--C-G-----C-----C-----CCA-----T-----A--T--G-----C-----A-----T-----T-----C--A-----A-----	5145
C.KE.00.KER2010	-A--C-A-----C-----C-----ACCA-----A--A--A--T-----G--C-----A--C-----T-----C-----C-----A-----	4945
C.TZ.01.BD9_11	-C--C-G-----C--G--C-----ACC-----T-----A-----A-----A-----A-----AATC-----AT-----	4972
C.UY.01.TRA3011	-C--C-G-----C-----C-----ACCA-----T--A--A-----C-----A-----ATG-----T-----T--A-----	4935
C.ZA.04.SK164B1	-C--C-G-----C-----C-----ACCA-----AAT-----A--GT-----C-----C-----A-----C-----C-----A-----A-----	5174
C.ZM.96.96ZM651	-C--C-G-----C-----C-----ACCA-----A-----A-----A-----A-----A--T--C--G--T-----A-----A-----	5093
D.CD.83.ELI	-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----T-----A-----T--A-----	5310
D.CD.83.NDK	-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----T-----A-----	5299
D.CM.01.01CM_4412HAL	-C--G-----A-----T-----A-----A-----T-----T--C-----C--A-----T-----T-----C-----A-----	4978
D.KE.01.NKU3006	-----G-----C-----G-----T-----A--C--A-----A-----C-----A-----T-----TC-----C--T-----A-----	4969
D.TD.99.MN012	-C--G--G-----C-----C-----A-----T-----A-----A-----T-----C-----A-----T-----TT-----CCT-----A-----	4988
D.TZ.01.A280	-----G-----C-----C-----G--CCA-----T--A--C--A--T-----C-----A-----T-----T-----C-----C--A-----A-----	4965
D.UG.94.94UG114	-----G-----C-----C-----G--CCA-----T--A--C--A--T-----C-----A-----T-----T-----C-----C--T-----A-----	5119
D.UG.99.99UGD23550	-----G-----C-----C-----G--T-----A--C--A-----T-----T-----C-----A-----T-----T-----C--T-----T--A-----	4969
D.UG.99.99UGK09958	-----C-----C-----C-----G--A-----T--A--C--A--T-----T-----C-----A-----T-----T-----C--T-----A--A-----	4963
D.ZA.86.R482	--C--G-----C-----C-----A--C--A-----TCA-----A--CT-----CA-----C-----T-----A-----	5028
F1.BE.93.VI850	-----G-----C-----CCA-----T--C-----C-----A-C--C-----C-----AG-----T-----T-----G--AT-----A-----	5104
F1.BR.89.BZ126	-----C-----C-----A-----A-----A-----A-C--C-----A-----AG-----T-----T-----G--AT-----A-----	5114
F1.BR.93.93BR020_1	-----C-----C-----CCA-----A-----A-----A-----A-C--C-----A-----A-----C-----G--AT-----A-----	5092
F1.FI.93.FIN9363	-----C-----A-----C-----CA--TC-----A-----A-----T-----A-C--C-----A-----AG-----T-----A--AT-----G-----A-----	5093
F1.FR.96.MP411	-----C-----A-----C-----CA-----T-----A-----A-----T-----A-C--C-----A-----A-----T-----T-----G--A-----A-----	4966
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----C-----AGAG-----G--A--G-----A--T--C-----AG-----AG-----T-----T-----G--CA-----A--A--	4957
F2.CM.95.MP255	-----C-----C-----GAA--AT-----A--GT-----A--C--C-----A-----AGG-----T-----A--T--G-----G--A-----A--A--	4963
F2.CM.95.MP257	-----C-----C-----GAG-----A--G-----A--C--C-----A-----AG-----AG-----T-----T-----G--A-----A--A--	4975
F2.CM.97.CM53657	-----C-----C-----GAG-----A--G-----CA--C--C-----A-----AG-----TC-----T-----CA-----A--A--	4957
G.BE.96.DRCBL	---AC-----C-----T-----A--G--T-----A--C-----AG-----AG-----T-----A--A-----A-----	5721
G.CM.01.01CM_4049HAN	---A-----C-----A-----T-----A--C-----A-----A-----A-----T-----A--A-----A-----	4966
G.ES.99.X138	---A-----C-----A-----GT-----A--C-----C-----A-----A-----T-----A--A-----G--AT-----	5205
G.FI.93.HH8793_12_1	---A-----C-----T-----A-----G-----A--C-----A-----G-----T-----T-----A-----A-----A-----	5164
G.NG.92.92NG083	---A-----C-----A-----GT-----A--C-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----	5133
G.SE.93.SE6165	---A-----C-----T-----A-----G-----A--C-----A-----T-----A-----A-----A-----	5161
H.BE.93.VI991	---A--G-----G--A-----CCA-----T--A-----A--G-----A--T--C-----AG-----T-----T-----C-----T--A-----	5153
H.BE.93.VI997	---G-----C-----G-----AGAC-----CAA-----A--G-----A--T--C-----A-----G-----C--G--TT-----C-----A-----	5088
H.CF.90.056	---G-----G-----G-----AG--A-----CAA-----A--G-----A--C--C-----A-----T-----T-----CG-----A-----	5111
J.SE.93.SE7887	---A-----C-----CCA-----T--A--T-----A--GT-----AGC-----A-----A-----A-----C-----A-----AT-----	5078
J.SE.94.SE7022	---A-----C-----C-----CA-----T-----A--GT--G-----AGC-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----AT-----	5079
K.CD.97.EQTB11C	---GA-----C-----C-----CA-----A--G--A--G-----A--C--A-----A-----T-----T-----AT--A-----A-----	4956
K.CM.96.MP535	---GA-----C-----C-----CA-----AATC--G--A--G-----AC-----A-----C-----T-----T-----AT-----A-----	4960
01_AE.TH.00.OUR200I	---A-----C-----A-----GT--C-----A--C-----A-----G--T-----T--T-----C--T-----A-----	4972
01_AE.TH.01.OUR4141	---A-----C-----A-----G--C-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C--T-----A-----	4960
01_AE.TH.02.OUR769I	---A-----C-----A-----GT--C-----A--C-----A-----A-----G-----T-----T-----T--A-----A-----	4963
01_AE.TH.90.CM240	---A-----C-----A-----GT--C-----A--C-----A-----A-----G-----T-----T-----GT-----A-----	5332

B.FR.83.HXB2 TTAAGAATGAAGCTGTTAGACATTTTCTAGGATTTGGCTCCATGGCTTAGGGCAACATATCTATGAACTTATGGGGATACTTGGGCAGGAGTGGGAAGCCATAATAAGAATTCTGCAACAACCTGCTGTT 5764

02 AG.CM.02.02CM.1669LE ----AC-----G-----CCG-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----A----- 4954

02 AG.FR.91.DJ264 ----AC-----G-----CCG-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----TC-----T-----T-----T-----T-----A----- 5113

02 AG.NG.-.IBNG ----AC-----C-----CCG-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----TA-----T-----T-----T-----T-----AT----- 5289

02 AG.UZ.02.02UZ693 ----AC-----C-----CCA-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----TAC-----T-----T-----T-----A----- 4951

03 AB.BY.00.98BY10443 ----G-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----T-----C-----A-----C-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----A----- 5767

03 AB.RU.97.KAL153 2 ----G-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----GT-----G-----A----- 4990

03 AB.RU.98.RU9800I ----G-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----GT-----G-----A----- 5134

04 cpx.CY.94.CY032 ----A-----G-----ACCC-----C-----A-----GT-----A-----CA-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----GT-----G-----A----- 5130

04 cpx.GR.91.97PVCH ----A-----G-----ACCC-----C-----A-----GT-----A-----CA-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----GT-----G-----A----- 5781

04 cpx.GR.97.97PVMY ----A-----T-----C-----ACCC-----A-----TC-----A-----GT-----T-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----C-----GT-----G-----A----- 5778

05 DF.BE.-.VI1310 ----AC-----A-----CCG-----A-----A-----GT-----A-----C-----C-----G-----A-----AG-----T-----T-----G-----G-----AT-----A-----G-----A----- 5146

05 DF.BE.93.VI961 ----G-----C-----CCA-----T-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----C-----G-----T-----C-----GT-----A----- 5121

05 DF.ES.99.X492 ----A-----G-----CCA-----T-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----AG-----C-----G-----T-----C-----T-----A----- 5117

06 cpx.AU.96.BFP90 -G-----A-----G-----ACCA-----AA-----A-----GT-----T-----AGC-----A-----T-----TC-----T-----CA-----T-----A----- 5792

06 cpx.EE.-.EEO359 ----G-----A-----CCA-----A-----A-----GT-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----A-----A----- 5420

06 cpx.ML.95.95ML127 ----A-----G-----ACCA-----T-----AAT-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----A----- 5781

06 cpx.SN.97.97SE1078 ----A-----G-----CCA-----T-----A-----A-----G-----C-----A-----C-----A-----A-----T-----AC-----C-----A-----A----- 5823

07 BC.CN.-.CNGL179 -C-----C-----G-----C-----C-----ACCA-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A----- 4979

07 BC.CN.97.97CN001 -C-----C-----G-----C-----C-----ACCA-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A----- 5099

07 BC.CN.97.CN54 -C-----C-----G-----C-----C-----ACCA-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A----- 5129

07 BC.CN.98.98CN009 -C-----C-----G-----C-----C-----ACCA-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A----- 5099

08 BC.CN.97.97CNGX 6F -C-----C-----G-----C-----C-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----A-----T-----C-----A-----T-----A----- 4947

08 BC.CN.97.97CNGX 7F -C-----C-----G-----C-----C-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----A----- 4953

08 BC.CN.97.97CNGX 9F -C-----C-----G-----C-----C-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----A----- 4947

08 BC.CN.98.98CN006 -C-----C-----G-----C-----C-----ACCA-----T-----A-----A-----T-----GA-----C-----C-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----A----- 5096

09 cpx.GH.96.96GH2911 ----G-----A-----C-----CC-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A----- 4966

09 cpx.SN.95.95SN1795 ----A-----A-----C-----CCC-----T-----AG-----A-----C-----CT-----C-----A-----G-----TC-----T-----T-----T-----T-----A----- 4966

09 cpx.SN.95.95SN7808 ----A-----A-----C-----CCC-----T-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A----- 4954

09 cpx.US.99.99DE4057 ----AG-----A-----C-----CCC-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A----- 4951

10 CD.TZ.96.96TZ BF061 ----C-----C-----C-----T-----AA-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----T-----C-----T----- 5143

10 CD.TZ.96.96TZ BF071 ----C-----C-----G-----T-----A-----C-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----T-----C-----T----- 5141

10 CD.TZ.96.96TZ BF110 ----G-----C-----A-----T-----AA-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----T-----TC-----C-----T-----C-----A----- 5132

11 cpx.CM.02.02CM.2190SA ----C-----A-----C-----CCA-----A-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----AT-----A-----A----- 4960

11 cpx.CM.96.4496 -G-----C-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----A----- 5124

11 cpx.FR.99.MP1298 ----C-----A-----A-----CCG-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A----- 5758

11 cpx.GR.-.GR17 ----C-----A-----G-----A-----CCA-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----A----- 5066

12 BF.AR.97.A32879 ----C-----C-----CCA-----A-----A-----A-----C-----C-----AG-----T-----T-----G-----AT-----A-----A----- 5331

12 BF.AR.99.ARMA159 ----C-----C-----CCA-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----AG-----T-----G-----T-----G-----AT-----A-----A----- 5769

12 BF.ES.02.X1241 ----A-----A-----CCA-----A-----A-----AG-----A-----C-----C-----AG-----T-----T-----AT-----A-----A----- 5018

12 BF.UY.99.URTR23 ----C-----C-----CCA-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----AG-----T-----T-----G-----AT-----A-----A----- 5790

13 cpx.CM.02.02CM.3226MN -A-----AC-----A-----CC-----A-----A-----G-----T-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----G-----T-----A-----A----- 4990

13 cpx.CM.96.1849 ----AC-----A-----CC-----T-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----A----- 5169

13 cpx.CM.96.4164 ----AC-----A-----C-----CC-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----A----- 5169

14 BG.ES.00.X605 ----A-----AM-----CCC-----A-----A-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----A-----G-----AT----- 5204

14 BG.ES.00.X623 ----A-----AM-----CCC-----A-----A-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----A-----G-----AT----- 5204

14 BG.ES.99.X397 ----A-----A-----CCC-----A-----GT-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----G-----AT----- 5205

14 BG.ES.99.X421 ----A-----A-----CCC-----A-----GT-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----G-----AT----- 5202

15 01B.TH.02.02TH OUR1331 ----C-----A-----G-----C-----A-----GT-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----A-----A----- 4996

15 01B.TH.02.02TH OUR1332 -C-----A-----G-----GT-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A-----A----- 4985

15 01B.TH.99.99TH MU2079 ----A-----A-----A-----A-----A-----GTCC-----ACC-----A-----A-----G-----T-----T-----G-----T-----C-----A----- 5157

15 01B.TH.99.99TH R2399 ----A-----A-----C-----C-----A-----GT-----C-----C-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----CT-----A-----A----- 5119

16 A2D.KR.97.97KR004 ----GA-----CCA-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----C-----A-----T-----T-----T-----A-----A----- 5127

18 cpx.CM.97.CM53379 ----A-----T-----CC-----T-----C-----A-----G-----A-----C-----A-----AG-----T-----T-----T-----A-----A----- 4958

N.CM.-.YBF106 -A-----A-----GC-----C-----A-----A-----G-----A-----C-----A-----C-----A-----C-----AG-----G-----A-----G-----A-----T-----C-----G-----A-----A----- 5356

N.CM.02.DJ00131 -A-----A-----GC-----C-----A-----C-----A-----G-----C-----A-----C-----A-----A-----C-----C-----AG-----G-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----A-----A----- 5270

N.CM.95.YBF30 -A-----A-----GC-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----A-----C-----C-----AG-----G-----A-----G-----A-----T-----C-----G-----A-----A----- 5358

O.BE.87.ANT70 -A-----AGCA-----A-----A-----C-----CC-----A-----C-----C-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----C-----T-----TATG-----A-----T-----CT-----A-----T----- 5819

O.CM.-.96CMABB637 -A-----AGCA-----A-----A-----C-----GC-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----T-----A-----C-----C-----A-----G-----ATG-----A-----C-----CT-----A-----G-----AA----- 5248

O.CM.91.MVP5180 -G-----AG-----A-----A-----C-----CC-----T-----A-----A-----C-----GT-----GT-----C-----T-----G-----C-----A-----A-----TATG-----A-----T-----CT-----A-----A----- 5794

O.SN.99.SEMP1300 -A-----AGCA-----A-----A-----C-----ACC-----A-----G-----C-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----C-----T-----TATG-----A-----T-----CT-----A-----C-----A----- 5818

CPZ.CD.-.ANT -A-----A-----G-----A-----A-----C-----ACA-----CC-----ACAT-----A-----ACA-----C-----T-----AA-----TTGGG-----A-----C-----A-----C-----A-----T-----A-----AG-----C-----G-----TTT-----G-----TTC-----C-----T-----A-----GCT----- 5221

CPZ.GA.-.CPZGAB -A-----A-----A-----A-----C-----ACCA-----T-----G-----CAA-----A-----TTCC-----T-----C-----A-----A-----T-----A-----G-----C-----CT-----A-----CT----- 5828

CPZ.TZ.-.TAN1 -A-----AC-----A-----G-----A-----C-----A-----ACCAATAT-----A-----G-----GG-----AA-----TTGGG-----TCACC-----T-----A-----CT-----C-----AG-----AC-----G-----AAT-----C-----AG-----CT-----GAG-----GCT----- 5426

CPZ.US.85.CPZUS -A-----AG-----A-----G-----T-----GC-----C-----ACCC-----A-----A-----A-----GT-----C-----CAGT-----A-----C-----AG-----A-----A-----T-----G-----CT-----A-----TT----- 5824

Vpr L K N E A V R H F P R I W L H G L G O H I Y E T Y G D T W A G V E A I I R I L O Q L L F Vpr

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	HXB2 frameshift	HXB2 premature end of Vpr		/ Tat exon 1 start	
B.FR.83.HXB2	TATCCATTTTCAGAAATGGGTGTCGACATAGCAGAATAGCGGTT	ACTCGACAG	AGGAGAGCAAGA	AATGGAGCCAGT	AGATCCT 5848
A1.KE.94.Q23_17	-G-T-----C-A-----A-----	-T-C-GG-	-A--GC-G-	-----C-G-----	5305
A1.RU.03.03RU20_06_13	GG-T-----K-C-A-----A-----	GGG-A-AG-	-A--TC-G-	-----T-----	5321
A1.SE.94.SE7253	-G-T-----C-----C-----A-----	-TC--GG-	-A--TC-G-	G---T-G-----	5051
A1.TZ.01.A173	-G-G-----C-A-----A-----	ATTCGAG--GG-	-A--TC-G-	-----T-----	5049
A1.UA.00.98UA0116	-G-T---C-----C-A-----A-----	GTG-A-AG-	-A--C-G-	-----T-----	5846
A1.UG.92.92UG037	-G-T-----C-----C-A--C-----A-----	AAT-T--GG-	-A--TC-G-	G---T-G-----	5217
A1.UG.98.98UG57136	-G-T-----C-A-----A-----	T--AGC-	-A--TC-G-	G---T-G-----	5052
A2.CD.97.97CDKFE4	-G-----G-----C-AT-----G-----T-----	-G-----	-A--TC-G-	-----T-----C-----	4652
A2.CD.97.97CDKS10	-G-----C-----A-----A-----	T-GAAGA-	-A--TAAGGAT	-----G-----	1961
A2.CD.97.97CDKTB48	-G-T-----C-A-----A-----	T-C-AGA-	-A--T-G-	G---G-----	5187
A2.CY.94.94CY017_41	-G-----C-A-----G-----A-----	T--AGA-	-A--T-G-	G---G-----C-----	5204
A3.SN.01.DDI579	-G-T-----A-----A-----	ATTCGAA--GG-	-A--TC-G-	G---G-----C-----	5048
A3.SN.01.DDJ369	-G-T-----A-----A-----	ACTCGAA--GG-	-A--GC-G-	G---G-----	5051
A3.SN.96.DDJ360	-G-T-----A-----A-----	ATTCGAA--GG-	-A--TC-G-	G---G-----C-----	5048
B.AR.00.ARMS008	--T-----A--C-AT-----A-C-----			-----G-----	5052
B.AU.96.MBCD36	--T-----A-----A-----			-----G-----	5202
B.CO.01.PCM074	--G-----C-AC-----A-----	T-----		-----A--T--G-----	5063
B.GA.88.OYI	--T-----A-----A-----		A-----	-----A-----	5390
B.NL.00.671_00T36	--T-----A-----A-----	GA-----	G---T-G-	-----C-----	5412
B.RU.-.04RUI29005	--T-----A-----A-----		T-----	-----C-----	5351
B.TH.90.BK132	--T-----G-----A-----A-----	T-A-----		-----A-----	5198
B.US.90.WEAU160	--T-----A-----A-----A-----	C-----	A-----	-----A-----	5846
B.US.98.1058_11	--T-----A--A-----A-----	T-----		-----T-----C-----	5037
C.AR.01.ARG4006	-G-----C--T-----C-----A-----	TAA-----		-----G-----	5031
C.BR.-.04BR013	-G-----CAAT-----C-----A-----	TGA-----	A-----	-----G-----	5311
C.BR.92.BR025-d	-G-----C-AG-----C-----A-----	CTAA-----	A-----	-----G-----	5184
C.BW.00.00BW07621	--T-----A--C-AG-----TA-----	TG-----	A--A-----	-----A-----	5200
C.ET.86.ETH2220	--T-----A--C-AG-----A-----	TTA-----	A-----	-----G-----	5239
C.IN.95.95IN21068	--T-----C-AG-----A-----	TTG-C--A-	A-----	-----G-----	5198
C.IN.99.01IN565_10	--T-----C-AG-----A-----	TTG-----	A-----	-----G-----	5228
C.KE.00.KER2010	--T-----C-AC-----A-----	CT--A-	A-----	-----T-----	5028
C.TZ.01.BD9_11	-G-T-----C-AG-----A-----	TTG-A-----	A-----	-----G-----	5055
C.UY.01.TRA3011	-G-----C-AG-----C-----A--C-----	CTAA-----	A-----	-----G-----	5018
C.ZA.04.SK164B1	--T-----C-AG-----AA--C-----	TTG-----	A-----	-----G-----	5257
C.ZM.96.96ZM651	--T-----C-AG--C-----A--G-----	GT-----	A--G-----	-----G-----	5176
D.CD.83.ELI	--T-----A-----A-----	T-----	A-----	-----T-----	5393
D.CD.83.NDK	--T-----A-----A--TA-----		A-----	-----T-----	5382
D.CM.01.01CM_4412HAL	C--T-----A-----A-----		A-----	-----T-----	5061
D.KE.01.NKU3006	--G-----TC-----G--AA-----	T-----	A--A--G-	-----G-----	5052
D.TD.99.MN012	C--T-----A-----TA-----	C-----	A-----	-----T-----	5071
D.TZ.01.A280	--T-----A-----A-----	T-----	A--A-----	-----T-----C-----	5048
D.UG.94.94UG114	--G-A-----AT-----A-----	A-----	A--AT-----	-----C-----	5202
D.UG.99.99UGD23550	--G-A-----AT-----A-----	A-----	A--A-----	-----A-----	5052
D.UG.99.99UGK09958	--G-A-----T-----A-----	A-----	A--A-----	-----A-----	5046
D.ZA.86.R482	--T-----A--C-----TA-----		A-----	-----T-----C-----	5111
F1.BE.93.VI850	--T-----C--T-----A-----	GT--C-----	A--T-----	-----G-----	5187
F1.BR.89.BZ126	--T-----C-AG-----A-----	A-----	A--T-----	-----T-----	5197
F1.BR.93.93BR020_1	--T-----C--T-----A-----	A-----	A--T-----	-----A--T-----	5175
F1.FI.93.FIN9363	--T-----C-AT-----A-----	T-----	A--T-----	-----T-----	5176
F1.FR.96.MP411	--T-----C-A-----A-----	T-----	A--T-----	-----A--T-----	5049
F2.CM.02.02CM_0016BBY	--T-----C-AT-----A-----	T-----A-----	A--AT-----	-----AATG-----	5040
F2.CM.95.MP255	--T-----C-AT-----A-----	T-----A-----	A--CT-----	-----AGT-----	5046
F2.CM.95.MP257	--T-----C-AT-----A-----	T-----A-----	A--AT-----	-----AGTG-----	5058
F2.CM.97.CM53657	--T-----AT-----A-----	T-----A-----	A--CT-----	-----AATG-----	5040
G.BE.96.DRCBL	--T-----C-A-----A-----	ATTC-A-AGAG-	-A--T--G-	G---T-G-----	5807
G.CM.01.01CM_4049HAN	-G-----C-----C-A-----TA-----	C-----	A--T-G-	-----C-G-----	5049
G.ES.99.X138	--T-----C-----A-----A-----	GTG-C-----	A--T-G-	G---C-G-----	5288
G.FI.93.HH8793_12_1	--T-----C-----A-----A-----	T-G-----	A--T-G-	-----C-----	5247
G.NG.92.92NG083	--T-----C-----C-A-----A-----	C-----	A--T-G-	G---C-G-----C-----	5216
G.SE.93.SE6165	--T-----C-----C-A-----A-----	A--C-G-	A--G-T-G-	G---C-G-----	5244
H.BE.93.VI991	CGCT---A--C-----A-----	-G-----	A--T--G-	-----C-----	5236
H.BE.93.VI997	--T-----C-AT-----A-----	T-----	A--T-----	-----C-----	5171
H.CF.90.056	--T-----C-----A-----AA-----		A--T-----	-----C-----	5194
J.SE.93.SE7887	--T-----C-----C-AT-----A-----	TA-C--A-	A--GG-G-	-----G-----	5161
J.SE.94.SE7022	--T-----C-----C-AT-----A-----	TA-C-----	A--GG-G-	-----G-----	5162
K.CD.97.EQTB11C	--T-----AC-----A--C-----	TTA-----	A--G-G-	-----G-----	5039
K.CM.96.MP535	--T-----C-AC-----A-----	TA-C-----	A--GG-----	-----T-----	5043
01_AE.TH.00.OUR200I	CG-T-----C-A-----A-----	TA-C-GG-	A--GC-G-	-----TG-----	5055
01_AE.TH.01.OUR414I	-G-T-----A-----A-----	TA-C-GG-	A--GC-G-	-----TG-----	5043
01_AE.TH.02.OUR769I	-G-T-----A-----A-----	TA-C-GG-	A--GC-G-	-----TG-----	5046
01_AE.TH.90.CM240	-G-T-----A-----A-----	TG-C-GG-	A--GC-G-	-----A-TG-----	5415

	HXB2 frameshift	\ HXB2 premature end of Vpr	/ Tat exon 1 start			
B.FR.83.HXB2	TATCCATTTTTCAGAATTGGGTGTCGACATAGCAGAATAGCGGTT	ACTCGACAG	AGGAGAGCAAGA	AATGGAGCCAGT	AGATCCT	5848
02 AG.CM.02.02CM 1669LE	-G-T-----A-----A-----	-T---GG-----A---GC-G-----A-----				5037
02 AG.FR.91.DJ264	-G-T-----A-----A-----	-T---GG-----A---GC-G-----A-----				5196
02 AG.NG.-.IBNG	-G-T-----A-----A-----	-T-A-GG-----A---GC-G-----TG-----				5372
02 AG.UZ.02.02UZ693	-G-T-----A-----A-----	-T---GG-----A---GC-G-----T-TG-----				5034
03 AB.BY.00.98BY10443	C-T-----G-----A-----	-T-C-G-----A-----A-----				5850
03 AB.RU.97.KAL153 2	--T-----G-----A-----	-T-A-G-----A-----A-----				5073
03 AB.RU.98.RU9800I	--T-----G-----A-----	-T-A-G-----A-----A-----				5217
04 cpx.CY.94.CY032	--T-----C-A-----T-----A-----	ACTC--A-AG-----A---GC-G-----GG-----				5217
04 cpx.GR.91.97PVCH	-G-T-----C-A-----T-----A-----	ATTCT--A-AG-----A---GC-G-----GG-----G-----AGATTAGT-T-----				5877
04 cpx.GR.97.97PVMY	--T-----C-A-----T-----A-----	CTTC--A-AG-----A---GC-----GGCAGGGG-----				5871
05 DF.BE.-.VI1310	-----C-C-----G-----A-----	CT-----A---AT-----T-----				5229
05 DF.BE.93.VI961	--CT-----C-AT-----TA-----	-----A-----T-----C-----				5204
05 DF.ES.99.X492	--T-----AT-----TA-----	-T-----A-----				5200
06 cpx.AU.96.BFP90	-G-----C-C-AC-----G-----A-----	-TA-C-----A---GG-----A-----				5875
06 cpx.EE.-.EEO359	--T-----C---AAC-----A-----	-TA-C--A-----A---GG-----A-----A-----				5503
06 cpx.ML.95.95ML127	C-T-----C---C-AC-----G-----A-----	-TA-----A---GG-----A-----				5864
06 cpx.SN.97.97SE1078	-----C-AC-----A-----	-TA-T-----A---GG-----A-----				5906
07 BC.CN.-.CNGL179	--T-----AG-----A-----	TTGA-----A-A-----A-----				5062
07 BC.CN.97.97CN001	--T-----AG-----A-----	TTGA-----A-A-----A-----				5182
07 BC.CN.97.CN54	--T-----AG-----A-----	TTGA-----A-A-----A-----				5212
07 BC.CN.98.98CN009	--T-----AG-----A-----	TTGA-----A-A-----A-----				5182
08 BC.CN.97.97CNGX 6F	C-T-----C-AG-----A-----	GTGA-----A-----A-----				5030
08 BC.CN.97.97CNGX 7F	C-T-----C-AG-----A-----	GTGA-----A-----A-----				5036
08 BC.CN.97.97CNGX 9F	C-T-----C-AG-----A-----	GTGA-----A-----A-----				5030
08 BC.CN.98.98CN006	--T-----C-AG-----A-----	GTGA-----A-----A-----				5179
09 cpx.GH.96.96GH2911	-G-T-----C-AT-----A-----	ATTCGAG-GAG-----A---GC-G-----G-----TG-----				5052
09 cpx.SN.95.95SN1795	-G-T-----AT-----A-----	ATTCGAG-GAG-----A---TC-G-----G-----G-----				5052
09 cpx.SN.95.95SN7808	-G-T-----C-AT-----A-----	ATTCGAG-GAG-----A---TC-G-----G-----T-G-----				5040
09 cpx.US.99.99DE4057	--T-----C-AT-----A-----	ATTCGAG-GAG-----A---TT-G-----G-----C-G-----C-----				5037
10 CD.TZ.96.96TZ BF061	-----CC-----C-----A-----	GTG-----A-----A-----A-----C-----				5226
10 CD.TZ.96.96TZ BF071	-----AG-----C-----A-----	-T-----A-----A-----				5224
10 CD.TZ.96.96TZ BF110	-----C-AG-----C-----A-----	-TG--A-----A-----				5215
11 cpx.CM.02.02CM 2190SA	-G-T-----G-----C-A-----A-----	-T---GG-----A---GC-----T-----C-----				5043
11 cpx.CM.96.4496	-G-T-----G-----A-C-A-----T-----A-----	-T-A-GG-----A---GC-----C-----				5207
11 cpx.FR.99.MP1298	-G-----G-----C-A-----A-----	-T---GG-----A---GC-----C-----				5841
11 cpx.GR.-.GR17	-G-T-----G-----C-A-----A-----	-TC---GG-----A---GC-----G-----AT-----				5149
12 BF.AR.97.A32879	-----A-C-AT-----A-----	-T-----A---T-----T-----				5414
12 BF.AR.99.ARMA159	-----C-AG-----A-----	-TG-----A---T-C-----T-----				5852
12 BF.ES.02.X1241	-----C-AT-----A-----	-T-----A-----C-----				5101
12 BF.UY.99.URTR23	-----C-AT-----A-----	-T-----A---T-----T-----				5873
13 cpx.CM.02.02CM 3226MN	--T-----C-A-----T-----	GTG----A-----A---GT-----C-----				5073
13 cpx.CM.96.1849	--T-----C-A-----T-----	GTG----A-----A---GT-----T-----				5252
13 cpx.CM.96.4164	C-T-----C-A-----T-----	GTG--G-A-----A---GT-----T-----				5252
14 BG.ES.00.X605	-----C-A-----A-----	-T-C-G-----A---T-G-----G---C-G-----				5285
14 BG.ES.00.X623	-----C-A-----T-----A-----	TTG-C-G-----A---T-G-----G---C-G-----				5287
14 BG.ES.99.X397	-----C-A-----A-----	-T-C-G-----A---T-G-----G---C-G-----				5288
14 BG.ES.99.X421	-----C-A-----A-----	-T-CT-G-----A---T-G-----G---C-G-----				5285
15 01B.TH.02.02TH OUR1331	-----A-----A-----	TTG-C-GG-----A---GC-G-----TG-----				5079
15 01B.TH.02.02TH OUR1332	-G-T-----A-----G-----A-----	-TA-C-GG-----A---GC-G-----TG-----				5068
15 01B.TH.99.99TH MU2079	-G-T-----T-----AC-----C-A-----	-T-C-GG-----A---C-G-----AGG---C-G-----T-----				5243
15 01B.TH.99.99TH R2399	-G-T-----A-----CTGCCAGGGAGAAGACAGG-T-----GG-----	-A---GC-----G-----				5220
16 A2D.KR.97.97KR004	--T-----A-----A-----TA-----	-TG-C-----AG-----T-----				5207
18 cpx.CM.97.CM53379	-G-----A-C-AC-----GA-----	GTA-----A---GG-----T-----				5041
N.CM.-.YBF106	-----AT-G-----C-C-AG-C-----GA-----	CC-A-----GAG-G-----				5436
N.CM.02.DJO0131	-----AT-G-----C-C-AG-----GA-----	CT-G-----GAG-G-----				5350
N.CM.95.YBF30	-----AT-G-----C-C-AG-C-----GA-C-----	CT-A-----GAG-G-----A-----				5438
O.BE.87.ANT70	--C-----AT-----A-C-A-----T-----AA-----	AACC-AA--GGA-----AG-AG-----T-----				5905
O.CM.-.96CMABB637	-GC-----T-----A-----T-----AA-----	ACCC-ATCTA-CGCAAGAGGA-AG-AG-----T-----				5343
O.CM.91.MVP5180	-C-----AT-----A-C-A-----T-----AA-----	CTCC-ATCTA-CACAAGAGGA-AG-AG-----T-----				5889
O.SN.99.SEMP1300	-GC-----T-----A-C-A-----T-----AA-----	AACC-ATCTA-CACAAGAGGA-AG-AG-----T-----				5913
CPZ.CD.-.ANT	--CA---AT---CAC-A---GCT-----G-----A-----	-----C---C-C-----CG---				5280
CPZ.GA.-.CPZGAB	CPZ.GA.-.CPZGAB	CTCC-A-A-----A---AG-TCC-----T---A-----				5911
CPZ.TZ.-.TAN1	CPZ.TZ.-.TAN1	TGA-----T---CA-----				5486
CPZ.US.85.CPZUS	CPZ.US.85.CPZUS	TCCTTGGC-AG-AGAACTCCTCAAG-GAG--G-----T-----				5919
Vpr (premature stop)	I H F Q N W V S T *			M E P V	D P	Tat
Vpr (frameshifted)	HXB2 frameshift \ premature Vpr end	T R Q	R R A R	N G A S	R S	Vpr

Vpr end \	/ Rev exon 1 start
B.FR.83.HXB2	AGACTAGAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAAAACCTGCTTGTACCAATTGCTATTGTA AAAAGTGTGCTTTTCATTGCCAAGTTTGTTCATAACAAAAGCCTTAGGCATCTCTATGGCAGGA 5978
A1.KE.94.Q23_17	-AC-----T-C-G-----C-----C-A-A-T-C-----T-A-----T-----C--TT-G-AC---G----- 5435
A1.RU.03.03RU20_06_13	-AC-----T-----G-----C-----G-----T-C-----GG-----T-----C--TC--A---G----- 5451
A1.SE.94.SE7253	-ACT-----C-C-G-----C-----G-G-T-C-----A-----AT-----C--TCAG-AC---G----- 5181
A1.TZ.01.A173	-AC-----T-C-----GC-----G-CCG-T-C-C-----A-----T-----C--TC-G-AC---G----- 5179
A1.UA.00.98UA0116	-AC-----T-----G-----G-----T-C-----GT-----A-----C--TC--A---G----- 5976
A1.UG.92.92UG037	-C-----C-----G-----C-----A-G-T-C-----GT-----A-----TGC-----C--TC-G-AC--G-G----- 5347
A1.UG.98.98UG57136	-AC-----C-----GC-----G-CG-T-C-----A-----T-C-----C--TT-G-AC---G-----A----- 5182
A2.CD.97.97CDKFE4	-A-T-----C-----G-----G-----G-T-----A-----C--G-C--TC--AC--G-G----- 4782
A2.CD.97.97CDKS10	-A-----C-----G-----C-----A-----G-----A-----GC-G-C--TT--AC--G----- 2091
A2.CD.97.97CDKTB48	-ACT-----C-----G-----C-----A-----A-----AGG-C--TC--AC--G----- 5317
A2.CY.94.94CY017_41	-A-----C-----G-----A-----T-----CGC-----A-----GT-G-C--T--AC--G-----C----- 5334
A3.SN.01.DDI579	-AC-----C-C-----G-----A-----G-----T-----GCA-----GG-----T-----C--TC-G-AC---G----- 5178
A3.SN.01.DDJ369	-AC-----C-A-----G-----A-----G-----T-----GCA-----GG-----T-----C--TC-G-AC---G----- 5181
A3.SN.96.DDJ360	-AC-----C-C-----G-----A-----AT-G-T-----GCA-----GG-----T-----C--TC-G-AC---G----- 5178
B.AR.00.ARMS008	-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----A----- 5182
B.AU.96.MBCD36	-A-----GG-----G-----TC-----C-----C-----A-----G-----T-----G-----T-----A----- 5332
B.CO.01.PCM074	--G--A---T---C-----C-----G-----T-----C-----G-----T-----C-----G----- 5193
B.GA.88.OYI	-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----T-----C-----A-----G-----T----- 5520
B.NL.00.671_00T36	-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----T-----C-----G-----G----- 5542
B.RU.-.04RUI29005	-----G-----C-----CG-----G-----T-----A----- 5481
B.TH.90.BK132	-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----A-----G----- 5328
B.US.90.WEAU160	-----G-----G-----GA-----G-----G-----G----- 5976
B.US.98.1058_11	-A-----GG-----G-----C-----G-----G----- 5167
C.AR.01.ARG4006	-A-----C-----C-----T-----A-----A-----CA-----A-----T-----C--TC-G-----G-----T----- 5161
C.BR.-.04BR013	-AC-----C-----CC-----C-AT-G-----T-----GC-----CA-----T-----A-----T-----C--TC-G-----G-----T----- 5441
C.BR.92.BR025-d	-AC-----C-----C-----AT-----T-----C-----GA-----CA-----A-----T-----T-----C--TCAG-----G-----T----- 5314
C.BW.00.00BW07621	-AC-----C-----C-----AT-----G-----T-----C-----GT-----A-----A-----T-----T-----C--TCAG-----G-----T-----A----- 5330
C.ET.86.ETH2220	-AC-----A-----C-----ATC-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----T-----C--TC-G-----G-----T----- 5368
C.IN.95.95IN21068	-AC-----C-----C-----AT-----C-----T-----A-----A-----AC-----T-----T-----C--TCAG-----A-----G-----T----- 5328
C.IN.99.01IN565_10	-AC-----C-----C-----AT-----C-----T-----T-----A-----A-----AC-----T-----T-----C--TCAG-----A-----G-----T----- 5358
C.KE.00.KER2010	-A-----T-----C-----C-----AT-----CG-----T-----A-----A-----A-----T-----T-----C--TCAG-----A-----G-----T----- 5158
C.TZ.01.BD9_11	-AC-----T-----G-----A-----C-----T-----A-----T-----GA-----A-----A-----T-----T-----C--TCAG-----G-----G-----T----- 5185
C.UY.01.TRA3011	-AC-----C-----C-----AT-----C-----T-----T-----A-----CA-----A-----T-----T-----C--TCAG-----G-----T----- 5148
C.ZA.04.SK164B1	-ACT-----C-----C-----G-----C-----AT-----C-----T-----C-----A-----AC-----T-----T-----C--TCAGG-----G-----T-----A----- 5387
C.ZM.96.96ZM651	--CA-----C-----C-----AT-----G-----T-----C-----CGC-----A-----A-----T-----T-----C--TCAG-----G-----T-----A----- 5306
D.CD.83.ELI	-AC-----C-----GG-----C-----A-----G-----TC-----A-----A-----C-----C-----T-----AC-----G----- 5523
D.CD.83.NDK	-AT-----T-----C-----GG-----AT-----G-----TC-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----G----- 5512
D.CM.01.01CM_4412HAL	-AC-----C-----G-----GT-----C-----A-----T-----G-----GA-----A-----TGC-----C-----CT-----AG-----G-----G----- 5191
D.KE.01.NKU3006	-AT-----A-----G-----GG-----C-----A-----A-----C-----C-----A-----T-----C-----G-----C-----G----- 5182
D.TD.99.MN012	-AC-----C-----G-----GT-----C-----G-----CCA-----T-----C-----AC-----GC-----C-----G-----G-----G----- 5201
D.TZ.01.A280	-AC-----T-----GG-----C-----A-----T-----A-----A-----T-----AA-----C-----G-----G----- 5178
D.UG.94.94UG114	-AT-----C-----GG-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----TT-----C-----G-----G-----G----- 5332
D.UG.99.99UGD23550	-AC-----C-----GG-----C-----A-----A-----T-----A-----C-----A-----G-----C-----G-----G-----A----- 5182
D.UG.99.99UGK09958	--G-----C-----C-----G-----C-----AT-----G-----T-----C-----A-----A-----T-----T-----G-----C-----G-----G----- 5176
D.ZA.86.R482	--C--C-----C-----G-----A-----A-----TC-----C-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----C----- 5241
F1.BE.93.VI850	--CT-----T-----T-----C-----C-----A-----T-----CGA-----A-----TGG-----C-----T-----C-----G-----G-----G----- 5317
F1.BR.89.BZ126	-ACT-----C-----C-----GC-----C-----A-----CGA-----C-----T-----TGG-----C-----T-----C-----G-----G----- 5327
F1.BR.93.93BR020_1	-ACT-----T-----C-----C-----C-----GA-----T-----TG-----A-----TT-----CTGG-----C-----T-----C-----G-----G----- 5305
F1.FI.93.FIN9363	-ATT-----T-----C-----CC-----C-----A-----A-----CG-----C-----T-----CTGG-----C-----TGC-----G-----G-----G----- 5306
F1.FR.96.MP411	-ACT-----T-----T-----A-----C-----C-----A-----T-----CG-----C-----T-----CTGC-----C-----TGC-----G-----G-----G----- 5179
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-A-----T-----C-----G-----A-----C-----AT-----A-----T-----G-----C-----G-----C-----T-----C-----GC-----G-----G----- 5170
F2.CM.95.MP255	-A-----A-----T-----C-----G-----G-----C-----AT-----C-----A-----C-----T-----G-----C-----T-----G-----AG-----G-----G----- 5176
F2.CM.95.MP257	-AC-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----G-----AT-----A-----C-----C-----G-----C-----T-----C-----GG-----G-----G----- 5188
F2.CM.97.CM53657	-A-----T-----G-----G-----C-----AT-----A-----T-----C-----G-----G-----T-----G-----C-----T-----C-----GG-----G-----G----- 5170
G.BE.96.DRCBL	-A-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----G-----C-----TC-----G-----AC-----G----- 5934
G.CM.01.01CM_4049HAN	-AT-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----AT-----C-----C-----GG-----TA-----C-----TT-----G-----AC-----G----- 5179
G.ES.99.X138	-AC-----T-----G-----GC-----C-----A-----G-----G-----GG-----TA-----C-----TC-----G-----AC-----G----- 5418
G.FI.93.HH8793_12_1	-AC-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----TA-----GG-----T-----C-----TC-----G-----AC-----G-----G----- 5377
G.NG.92.92NG083	-AG-----T-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----GT-----C-----GG-----T-----C-----TT-----AC-----G----- 5346
G.SE.93.SE6165	-AC-----T-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----T-----GT-----C-----GG-----T-----C-----TC-----G-----AC-----G----- 5374
H.BE.93.VI991	-AC-----A-----C-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----A-----C-----TT-----AG-----G-----T-----A----- 5366
H.BE.93.VI997	-AC-----A-----C-----A-----C-----A-----T-----C-----CA-----A-----T-----G-----C-----TT-----AG-----G-----T----- 5301
H.CF.90.056	-A-----C-----C-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----TT-----AG-----G-----A-----T----- 5324
J.SE.93.SE7887	-ACAG-----T-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----TC-----CAG-----G-----G-----T----- 5291
J.SE.94.SE7022	-ACAG-----C-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----G-----C-----TC-----CAG-----G-----G-----T----- 5292
K.CD.97.EQTB11C	-ACA-----T-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----T-----A-----T-----C-----A-----C-----TT-----GCAG-----G-----G-----T-----G-----G----- 5169
K.CM.96.MP535	-ACA-----C-----A-----A-----C-----G-----A-----C-----G-----CG-----A-----A-----A-----A-----C-----TT-----AG-----G-----G-----T-----A----- 5173
01_AE.TH.00.OUR200I	-AC-----G-----C-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----A-----GG-----T-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----C----- 5185
01_AE.TH.01.OUR414I	-AC-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----GG-----A-----A-----C-----TC-----G-----A-----G----- 5173
01_AE.TH.02.OUR769I	-AC-----T-----G-----A-----A-----CG-----G-----A-----T-----C-----TA-----GG-----T-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----C----- 5176
01_AE.TH.90.CM240	-AC-----T-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----C-----A-----GG-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G----- 5545

	Vpr end \	/ Rev exon 1 start
B. FR. 83. HXB2	AGACTAGAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAAAAGTCTTGTACCAATTGCTATTGTA AAAAGTGTGCTTTTCATGCCAAGTTTGTTCATAACAAAAGCCTTAGGCATCTCTATGGCAGGA	5978
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE	-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----A-----C-----GG-----T-----A-----C-----TT-----AC-----G-----G-----	5167
02 AG. FR. 91. DJ264	-----C-----C-----G-----C-----G-----T-----C-----TA-----C-----GG-----T-----G-----C-----TC-----G-----AC-----G-----G-----	5326
02 AG. NG. -. IBNG	-----C-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----C-----T-----C-----G-----T-----G-----C-----TC-----G-----AC-----G-----G-----	5501
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	-----C-----A-----C-----G-----C-----A-----T-----C-----T-----C-----GG-----T-----G-----C-----TT-----G-----AC-----G-----G-----	5164
03 AB. BY. 00. 98BY10443	-----G-----C-----T-----C-----TC-----G-----A-----G-----	5980
03 AB. RU. 97. KAL153 2	-----C-----TC-----G-----A-----G-----	5203
03 AB. RU. 98. RU9800I	-----T-----C-----TC-----G-----A-----G-----	5347
04 cpx. CY. 94. CY032	GAC-----C-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----TC-----GG-----T-----C-----TC-----G-----A-----G-----	5347
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	-AC-----C-----G-----C-----A-----A-----T-----TC-----GG-----T-----C-----TC-----G-----A-----G-----	6007
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	-AC-----T-----C-----G-----T-----TC-----GT-----A-----TC-----C-----TC-----G-----CG-----G-----	6001
05 DF. BE. -. VI1310	-AC-----T-----GG-----A-----C-----G-----T-----A-----AA-----C-----G-----G-----	5359
05 DF. BE. 93. VI961	-AC-----C-----GG-----A-----C-----A-----TC-----A-----C-----G-----G-----	5334
05 DF. ES. 99. X492	-AC-----C-----G-----GG-----A-----C-----G-----T-----A-----T-----C-----G-----G-----	5330
06 cpx. AU. 96. BFP90	-A-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----TC-----AC-----G-----G-----T-----	6005
06 cpx. EE. -. EEO359	-A-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----CCA-----A-----CCA-----G-----C-----T-----AC-----G-----G-----T-----	5633
06 cpx. ML. 95. 95ML127	-ACA-----T-----G-----G-----C-----CCA-----A-----AC-----C-----G-----C-----TT-----AC-----G-----G-----T-----	5994
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	-ACA-----T-----A-----G-----G-----T-----CA-----C-----C-----T-----A-----C-----G-----TT-----AC-----G-----G-----	6036
07 BC. CN. -. CNGL179	-A-----T-----T-----G-----G-----C-----AG-----CG-----A-----G-----T-----	5192
07 BC. CN. 97. 97CN001	-A-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----CG-----A-----G-----T-----	5312
07 BC. CN. 97. CN54	-A-----T-----T-----G-----G-----A-----G-----C-----CG-----A-----G-----T-----	5342
07 BC. CN. 98. 98CN009	-A-----T-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----A-----G-----T-----	5312
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	-AC-----C-----G-----C-----AT-----C-----CGC-----A-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----A-----G-----T-----	5160
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	-AC-----C-----CGA-----A-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----A-----G-----T-----	5166
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	-AC-----C-----G-----C-----AT-----C-----CGC-----A-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----A-----G-----T-----	5160
08 BC. CN. 98. 98CN006	-AC-----C-----C-----G-----C-----AT-----C-----CGC-----A-----AC-----T-----T-----C-----TCAG-----A-----G-----T-----	5309
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-AC-----C-----G-----GC-----A-----A-----T-----C-----GA-----A-----CAC-----C-----T-----G-----AC-----G-----	5182
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	-AC-----T-----C-----G-----G-----GCC-----A-----G-----T-----C-----A-----AC-----T-----AAA-----C-----TT-----G-----AC-----G-----G-----	5182
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	-AC-----C-----G-----G-----GC-----A-----C-----T-----C-----A-----AC-----T-----C-----TT-----G-----AC-----G-----G-----	5170
09 cpx. US. 99. 99DE4057	-AC-----A-----C-----G-----C-----GC-----G-----C-----A-----A-----C-----A-----AC-----T-----AAG-----C-----TT-----G-----G-----	5167
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-AC-----C-----C-----C-----AT-----A-----C-----GCA-----A-----A-----T-----T-----C-----TCAG-----A-----AG-----T-----	5356
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071	-ACT-----C-----C-----C-----C-----AT-----G-----T-----T-----GCC-----A-----A-----T-----T-----C-----TCAG-----A-----G-----T-----	5354
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110	-A-----TG-----G-----T-----C-----C-----T-----CA-----A-----T-----T-----C-----TCAG-----A-----G-----T-----	5345
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA	-ACA-----C-----G-----A-----C-----G-----AT-----G-----T-----C-----GA-----A-----TT-----TAA-----C-----TG-----AG-----G-----T-----A-----	5173
11 cpx. CM. 96. 4496	-ATA-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----G-----T-----A-----T-----AY-----CRTA-----C-----TT-----AG-----G-----G-----T-----	5337
11 cpx. FR. 99. MP1298	-A-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----AC-----A-----C-----TC-----AG-----G-----T-----	5971
11 cpx. GR. -. GR17	-ACA-----T-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----T-----CA-----C-----T-----AG-----G-----T-----	5279
12 BF. AR. 97. A32879	--CT-----T-----C-----C-----C-----C-----GC-----T-----TT-----TTGG-----C-----G-----G-----	5544
12 BF. AR. 99. ARMA159	-ACT-----C-----C-----CA-----TC-----C-----CG-----CA-----TT-----CTGG-----C-----G-----G-----	5982
12 BF. ES. 02. X1241	--CT-----T-----C-----G-----C-----A-----C-----C-----A-----TT-----TAAG-----C-----G-----G-----	5231
12 BF. UY. 99. URTR23	-AC-----T-----C-----C-----C-----CC-----GA-----CG-----TT-----CCGG-----C-----G-----G-----	6003
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	-ACA-----C-----G-----A-----CG-----T-----T-----C-----C-----C-----G-----G-----	5203
13 cpx. CM. 96. 1849	-A-----A-----C-----G-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----C-----G-----G-----	5382
13 cpx. CM. 96. 4164	-A-----A-----C-----C-----A-----CG-----T-----C-----G-----T-----C-----C-----G-----G-----	5382
14 BG. ES. 00. X605	-AT-----T-----T-----G-----C-----A-----TA-----GG-----C-----TC-----G-----AC-----G-----	5415
14 BG. ES. 00. X623	-AC-----T-----T-----G-----C-----C-----GT-----GG-----C-----TC-----G-----AC-----G-----	5417
14 BG. ES. 99. X397	-AT-----T-----T-----G-----C-----A-----TA-----GG-----T-----C-----TC-----G-----AC-----G-----	5418
14 BG. ES. 99. X421	-AT-----T-----T-----G-----C-----A-----TA-----GG-----T-----C-----TC-----G-----AC-----G-----	5415
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331	-AC-----T-----T-----G-----C-----C-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----A-----GG-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----	5209
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332	-AC-----T-----T-----G-----A-----C-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----GG-----C-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----	5198
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-AC-----T-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----C-----TA-----GG-----A-----A-----C-----TC-----G-----A-----G-----	5373
15 01B. TH. 99. 99TH R2399	-AC-----T-----T-----G-----C-----AG-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----GG-----C-----G-----C-----TC-----G-----A-----G-----	5350
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-AC-----C-----C-----C-----GG-----A-----G-----T-----G-----A-----T-----C-----G-----C-----C-----AC-----G-----	5337
18 cpx. CM. 97. CM53379	--CA-----C-----G-----C-----C-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----C-----A-----C-----TT-----AG-----G-----T-----	5171
N. CM. -. YBF106	--T-----T-----C-----A-----C-----G-----A-----C-----AT-----G-----A-----C-----A-----C-----TATGTG-----C-----AG-----G-----A-----	5566
N. CM. 02. DJ00131	--T-----T-----C-----A-----C-----G-----A-----C-----ATGG-----T-----T-----C-----A-----C-----TATGTG-----C-----AG-----G-----A-----A-----	5480
N. CM. 95. YBF30	--T-----T-----T-----C-----A-----A-----C-----AT-----A-----GA-----A-----C-----TT-----TA-----C-----C-----AG-----G-----A-----	5568
O. BE. 87. ANT70	GAGG-GCCC-T-C-C-C-T-CCG-TCC-AT-C-GA-C-A-T-T-G-G-GT-G-A	6035
O. CM. -. 96CMABB637	GA-G-GCCC-C-T-C-T-CCC-CC-C-A-GC-C-A-C-T-A-T-C-TG-C-AG-G-GT-G-A-C	5473
O. CM. 91. MVP5180	GAGA-GCCC-T-C-T-C-T-G-CA-CC-CC-AT-GA-C-A-T-T-C-AG-G-GT-G-A-C	6019
O. SN. 99. SEMP1300	GAGA-GCCC-T-C-T-C-T-CCG-CC-AT-G-C-GC-C-AC-T-T-TGC-GC-G-GT-G-AC	6043
CPZ. CD. -. ANT	GA-AC-CCT-A-TTA-C-TCCTGC-ACA-AGC-GC-A-C-AT-C-T-C-TGC-T-AC-CTC-C-C-A-G-G-G-T	5410
CPZ. GA. -. CPZGAB	GAC-G-A-C-C-A-G-A-T-AT-C-GCT-T-A-C-TAT-TA-C-C-A-G-A-A	6041
CPZ. TZ. -. TAN1	CAGG--CA-A-G-A-GC-GCA--G-AC-A-C-T-C-A-C-C-T-CG-A-A-A	5616
CPZ. US. 85. CPZUS	-ACA-----G-----C-----G-----G-----C-----AT-----C-----C-----T-----GTG-----T-----CG-----AG-----G-----G-----A-----T-----	6049
B. FR. 83. HXB2	AGACTAGAGCCCTGGAAGCATCCAGGAAGTCAGCCTAAAAGTCTTGTACCAATTGCTATTGTA AAAAGTGTGCTTTTCATGCCAAGTTTGTTCATAACAAAAGCCTTAGGCATCTCTATGGCAGGA	5978
Vpr	*	
Tat exon 1	R L E P W K H P G S Q P K T A C T N C Y C K K C C F H C Q V C F I T K A L G I S	Rev Tat
Vpr end /		\ Rev exon 1

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	Tat, Rev exon 1 end \ / intron start	/ Vpu start (ACG in HXB2)	
B.FR.83.HXB2	AGAAGCGGAGA.....CAGCGACGAAGAGCTCATCAGAACAGTCTCAGACTCATCAAGCTTCTCTATCAAGCAGTAAGT.....	AGTACATGTAACG...CAACCT.....	6070
A1.KE.94.Q23_17	-----G-----C-----G-----A-----GA-----AA-----A-----CA-----	ATTAGTAATA---T-----T...TCT---	5537
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----CA-----CG-----A-----C-----G-----A-----GA-----A-----CT-----A-----	-----GCTA-----A-----T-----AC-----	5547
A1.SE.94.SE7253	-----A-----C-----G-----A-----GA-----AA-----C-----A-----C-----	GTTAATAAATT-A-T-----T-----TT---CTTG	5286
A1.TZ.01.A173	-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----GA-----AA-----C-----A-----C-----	-----AA-----A-----T-----T-----ACT---	5273
A1.UA.00.98UA0116	-----CA-----CG-----A-----C-----G-----A-----GA-----AT-----C-----A-----	-----ACTA-----A-----A-----T-----AC---	6072
A1.UG.92.92UG037	-----A-----CC-----G-----A-----C-----G-----A-----GA-----AA-----C-----A-----C-----	ATCAGTAATT---T-----T-----G-T---	5449
A1.UG.98.98UG57136	-----A-----C-----GT-----A-----AGA-----AA-----C-----G-----C-----	ATTAGTAATT---T-----T-----TTG---	5284
A2.CD.97.97CDKFE4	-----C-----G-----C-----GC-----A-----G-----A-----A-----AA-----C-----G-----C-----	AGTAGTAATT-A-G-----T-----AT---	4884
A2.CD.97.97CDKS10	-----CC-----G-----C-----TC-----G-----A-----AGA-----AA-----C-----A-----C-----	AGTGGAATTAATA---T-----T-----TTGT-C	2192
A2.CD.97.97CDKTB48	-----CC-----G-----C-----G-----GG-----A-----AC-----GA-----AA-----C-----G-----C-----	AGTAGTAATC-A-T-G-----T-----TC---	5419
A2.CY.94.94CY017_41	-----AC-----CC-----AGC-----TC-----CA-----G-----A-----A-----GAC-----AA-----C-----A-----C-----	AGTAGTAATT-A-T-----T-----TT---	5436
A3.SN.01.DDI579	-----A-----G-----A-----C-----G-----A-----A-----GA-----AA-----C-----G-----C-----	AGTAGTAATT---T-----T-----ACTT---	5280
A3.SN.01.DDJ369	-----G-----A-----C-----G-----A-----A-----GA-----GAA-----C-----G-----CG-----	AGTAGCAATT---T-----T-----GG---	5283
A3.SN.96.DDJ360	-----A-----G-----A-----TC-----A-----A-----GA-----AA-----C-----G-----C-----	AGTAGTAATT---T-----T-----A-TT---	5280
B.AR.00.ARMS008	-----A-----A-----C-----AG-----G-----A-----T-----	-----T-----A-TA---	5274
B.AU.96.MBCD36	-----A-----A-----C-----C-----AG-----A-----T-----	-----G-T-----T-C---	5424
B.CO.01.PCM074	-----C-----AG-----	-----T-----A---	5285
B.GA.88.OYI	-----C-----AG-----A-----T-----	-----A-----TA---T-CT---	5612
B.NL.00.671_00T36	-----A-----C-----G-----T-----A-----T-----T-----	-----A-----T-----T---	5634
B.RU.-.04RU129005	-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----	-----T-----T---	5573
B.TH.90.BK132	-----C-----G-----C-----T-----	-----T-----CT---	5420
B.US.90.WEAU160	-----T-----C-----A-----A-----	-----T-----T---	6068
B.US.98.1058_11	-----A-----C-----CAG-----T-G-----C-----G-----	-----C-----T-----C-T---	5259
C.AR.01.ARG4006	-----C-----C-----CT-G-G-G-GA-----AACCT-A-----G-----	ATTCCAT-C-G---TG...TT-GAM	5258
C.BR.-.04BR013	-----C-----TC-----TCA-----G-----GA-----AA-----CT-----A-----	ATTCAAT---G-----T-----T-GAC	5540
C.BR.92.BR025-d	-----C-----C-----CA-----G-----G-----GA-----AA-----C-----A-----C-----	ATTAAAT---A-----T-----TT-GAA	5413
C.BW.00.00BW07621	-----A-----CAC-----C-----CAGG-----A-----GA-----AA-----C-----A-----C-----	ACTAAAT---G-----T-----AT-GAG	5429
C.ET.86.ETH2220	-----C-----C-----A-----G-----A-----GA-----AA-----CT-----A-----	ACCAAAT-A-G-----T-----GTTGA	5467
C.IN.95.95IN21068	-----C-----C-----A-----G-----G-----GA-----AA-----C-----A-----	-----TC-----T-----GT-AA-	5417
C.IN.99.01IN565_10	-----C-----C-----CA-----G-----G-----GA-----AA-----CT-----A-----	-----TC-----T-----AGCTGAA-	5450
C.KE.00.KER2010	-----T-----A-----C-----C-----C-----GT-----G-----GA-----A-----CT-----A-----	-----T-----T-----TT-GA-	5247
C.TZ.01.BD9_11	-----C-----C-----CA-----G-----G-----AGG-----A-----C-----A-----C-----	-----T-----T-----TTTGA-	5274
C.UY.01.TRA3011	-----C-----C-----C-----G-----G-----GA-----AT-----C-----A-----A-----	ATTCAAT---G-----T-----TT-AA	5247
C.ZA.04.SK164B1	-----CA-----C-----CA-----G-----G-----GA-----A-----C-----A-----	-----T-----T-----TC-TTT	5476
C.ZM.96.96ZM651	-----C-----CA-----C-----CT-----G-----CG-----GAC-----A-----C-----A-----	-----T-----T-----TT-GA-	5395
D.CD.83.ELI	-----G-----C-----C-----AGG-----G-----G-----T-----C-----A-----C-----	-----T-----T---	5615
D.CD.83.NDK	-----A-----C-----C-----AGG-----GA-----G-----T-----C-----A-----C-----G-----	-----T-----C-----T---	5604
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----A-AG-----C-----C-----AG-----A-----T-----G-----C-----G-----	-----A-----T-----T---	5283
D.KE.01.NKU3006	-----A-----T-----C-----GG-----GA-----G-----A-----C-----A-----C-----G-----	-----T-----T-----T---	5274
D.TD.99.MN012	-----A-AG-----C-----C-----AG-----A-----T-----G-----C-----G-----	-----G-----T-----A-T---	5293
D.TZ.01.A280	-----A-----C-----GG-----GA-----G-----A-----C-----A-----C-----	-----T-----AC---	5270
D.UG.94.94UG114	-----C-----A-----C-----CAGG-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----C-----	-----T-----T---	5424
D.UG.99.99UGD23550	-----C-----TC-----AGGTGA-----CAG-----A-----C-----A-----C-----	-----T-----T-----C-G---	5274
D.UG.99.99UGK09958	-----A-----C-----G-----G-----GA-----A-----C-----A-----C-----	-----G-----T-----T---	5268
D.ZA.86.R482	-----T-----C-----AGG-----GA-----G-----T-----C-----A-----C-----G-----	-----T-----A-----T---	5333
F1.BE.93.VI850	-----AC-----A-----C-----A-----G-----AGTG-----AA-----A-----C-----	AGTGTTAAAT---T-----T-----TC-TA-	5419
F1.BR.89.BZ126	-----A-----ACC-----A-----C-----G-----TA-----A-----CT-----G-----C-----	-----A-----T-----T-----TCCTAC	5419
F1.BR.93.93BR020_1	-----C-----A-----C-----A-----G-----TA-----A-----T-----G-----C-----	ATTGTTA---C-T-----T-----TC-AA	5404
F1.FI.93.FIN9363	-----AC-----A-----C-----A-----G-----A-----TA-----A-----T-----G-----C-----	ATTGTTAAGT---GT-----T-----TC-GA-	5408
F1.FR.96.MP411	-----A-----AC-----A-----C-----G-----GC-----A-----AA-----C-----A-----C-----G-----	ATTAT---T-----T-----TCCAA-	5276
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----C-----TC-----C-----G-----A-----GAC-----A-----C-----G-----C-----	-----T-----T-----TC-TA-	5262
F2.CM.95.MP255	-----A-----A-----C-----AGG-----A-----TA-----A-----C-----G-----C-----	-----T-----T-----C-T---	5268
F2.CM.95.MP257	-----A-----A-----C-----A-----G-----G-----GTA-----A-----C-----G-----C-----	-----T-----T-----TC-T---	5280
F2.CM.97.CM53657	-----TC-----A-----G-----G-----TA-----AA-----C-----G-----C-----	-----C-T-----T-----TC-T---	5262
G.BE.96.DRCBL	-----AG-----C-----G-----A-----C-----C-----G-----A-----GA-----A-----C-----G-----C-----	AGAAATAAAT---G-----T-----A	6036
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----C-----CA-----G-----A-----TC-----CAGG-----ACAGA-----AA-----C-----G-----C-----	ATCAATATT---GT-----T-----C	5280
G.ES.99.X138	-----AG-----C-----G-----C-----C-----G-----A-----A-----GA-----AA-----C-----G-----C-----	AGTAATAAATT---T-----T-----A	5520
G.FI.93.HH8793_12_1	-----AG-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----GA-----AA-----C-----G-----C-----	AGTAATAAATT---T-----T-----T-A	5479
G.NG.92.92NG083	-----CC-----G-----A-----C-----GG-----A-----GA-----AACC-----G-----C-----	AGTAACAATT-A-T-----T-----GG-C	5448
G.SE.93.SE6165	-----AG-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----AGGC-----A-----C-----G-----C-----	AGAAAAAATT---T-----T-----GT-A	5476
H.BE.93.VI991	-----A-----G-----G-----GA-----C-----A-----TTG-----GA-----GA-----CT-----A-----C-----	-----ACATA-----T-----A-T---	5452
H.BE.93.VI997	-----C-----G-----A-----CCGCA-----GTGTG-----AGA-----AA-----CA-----A-----C-----	-----TCCTGC-----T-----T-T---	5387
H.CF.90.056	-----C-----AC-----A-----C-----GCA-----GTTTG-----AGA-----AA-----A-----	-----T-----TCATA-----T-----T-T---	5413
J.SE.93.SE7887	-----TC-----C-----CTGG-----A-----A-----A-----CT-----A-----C-----	AAATCAAGT---C-T-----T-----AT---	5392
J.SE.94.SE7022	-----A-----TC-----C-----CTGG-----A-----A-----A-----CT-----A-----C-----G-----	AACTTAATT---C-T-----T-----GT-T---	5393
K.CD.97.EQTB11C	-----A-----AC-----C-----A-----C-----T-----CGC-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----C-----	AGTACCAAGT-T-----T-----GT---	5271
K.CM.96.MP535	-----A-----CC-----C-----A-----C-----T-----C-----G-----AC-----A-----C-----CG-----	AGTGCTAAGT---T-----T-----GTGT-C	5275
01_AE.TH.00.OUR200I	-----AG-----C-----A-----C-----G-----A-----GA-----AA-----C-----A-----C-----G-----	-----AATA-----A-----T-----T-----TC---	5281
01_AE.TH.01.OUR414I	-----C-----C-----A-----C-----G-----A-----GAC-----AA-----C-----A-----C-----G-----	-----AATA-----T-----T-----AC---	5269
01_AE.TH.02.OUR769I	-----AG-----C-----C-----G-----G-----G-----AGA-----G-----A-----C-----A-----C-----	-----AATA-----A-----T-----T-----TC---	5272
01_AE.TH.90.CM240	-----AG-----C-----G-----A-----C-----G-----A-----GA-----AA-----C-----A-----C-----	-----AATA-----T-----T-----AC---	5641

	Tat, Rev exon 1 end \ / intron start	/ Vpu start (ACG in HXB2)	
B. FR. 83. HXB2	AGAAGCGGAGA.....CAGCGACGAAGAGCTCATCAGAACAGTTCAGACTCATCAAGCTTCTCTATCAAGCAGTAAGT.....AGTACATGTAACG...CAACCT.....		6070
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE	-----GC-----G-A---C---GTC---GAC---AA-C-G-C-----G---AGTAATAAATT---T---G-T-----		5269
02 AG. FR. 91. DJ264	-----R-----GC-----G-A---C---GTC---GAC---AA-C-G-----G---AGTAATAAATT---T---G-T---A-T---		5428
02 AG. NG. - IBNG	-----GC-----G-A---C---G-C---GA---AA-C-G-C-----G---AGTAATAAATT---C-T---G-T-----		5603
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	-----GT---G-A--TC---G-C---AG---GA---AA-C-G-C-----G---AGTAATAAATT---TC---T-----T---		5266
03 AB. BY. 00. 98BY10443	-----C---AG--A-----G-----T-----C-----C-----T-----T-----T-C-----		6072
03 AB. RU. 97. KAL153 2	-----C---AG--A-----G-----T-----C-----T-----T-----T-C-----		5295
03 AB. RU. 98. UR98001	-----C---AG--A-----G-----T-----C-----T-----T-----TTC-----		5439
04 cpx. CY. 94. CY032	-----A-----T-----G-T---T---AGG---CA---GGC---AA-CT-A-C-----ATTA---T---T---TT-TTC-----		5443
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	-----AG-----GCAACGA-GATCTC-TCGGCTT---AG-GA---G---AA-C-A-C-----ATTA---T---T---TC-T-CTTGTCTATCC-----		6112
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	-----AG-----C---C---AGG---AG-GA---G---AA-C-A-C-----AATA---C-T---T---TC-T-CATGTCTTCC-----		6106
05 DF. BE. - VI1310	-----C---C---AGG---G-----A-C-G-C-G-----AGTGATAAGT---CT---T---TC-GA-----		5461
05 DF. BE. 93. VI961	-----TC---C---AGG-G---G-----AT-C-G-C-G-----ATTATTAAGC---T---T---TC-GA-----		5436
05 DF. ES. 99. X492	-----AC---C---AG---G-----ATCC-G-C-G-----AGTGTAAAT---T---T---TC-GA-----		5432
06 cpx. AU. 96. BFP90	-----CAG---C---CTGG---A-A-----A-C-G-----AATAATAATTAGCTA---TG---T---GG-A-----		6109
06 cpx. EE. - EEO359	-----A---C---CTGG---A-AC-----A-C-G-----AACCAATAGTT---GTG---T---GG-A-----		5735
06 cpx. ML. 95. 95ML127	-----A---C---CTGG---A-A-----A-C-G-C---A---G---AATAATAAATT---T---T---GT-A-----		6096
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	-----C---C---T-GGG---A-G-----A-C-G-C---A---G---AATAATAAATT---T---T---G-A-----		6138
07 BC. CN. - CNGL179	-----A---C---A-G---G-GA---AA-CT-A-----T-----G-----		5284
07 BC. CN. 97. 97CN001	-----A---C---A-G-G-G-GA---AA-C-A-----A---T-----G-----		5404
07 BC. CN. 97. CN54	-----A---C---GA-G---GA---AA-C-A-----A---T-----G-----		5434
07 BC. CN. 98. 98CN009	-----A---C---A-G---G-GAC---AA-CT-A-----T-----A-----		5404
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	-----C---C---G---G-GA---AA-CT-A-----TC---T---TT-GA-----		5249
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	-----G---G---G---G-GA---AA-CT-A-----TC---T---TT-AA-----		5255
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	-----C---C---G---G-GA---AA-CT-A-----TC---T---TT-GA-----		5249
08 BC. CN. 98. 98CN006	-----A---C---G---G-GA---AA-CT-A-----TC---T---TT-GA-----		5398
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-----A---GC---TC-TGCCG---A-G-A---A-C-A-C-----G---ATAAATAAAT-AGCTC---T---T-----		5284
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	-----GC---TC-GGCCG---A-A-GCA---A-CT-A-C-----G---ATAAATAAAT-AGGTC---T---T-----		5284
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	-----GC---TC-GGCCG---A-A-G-A---A-A-A-C-----G---ATAAATAAAT-AGCTC---T---T-----		5272
09 cpx. US. 99. 99DE4057	-----GC---TC-GGCCG---A-AC-GCA---A-CA-A-C-----G---ATAAATAAAT-AGCTT---T---T-----		5269
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061	-----C---C---CA-G---G-GA---AA-CT-A-----GCTAAAT---A---T---TT-AG-TTACTA...GCAAGAGT		5469
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071	-----C---C---CA-G---G-GA---AA-CT-A-----ACCAAT---A---T---TT-GA-TTAATA...GCAAGAAT		5466
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110	-----C---C---CA-G---CG-GA---A-CT-A-----ACCAAC---G---T---TT-AA-TTAACA...GCAAGAAT		5458
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA	-----C---TC---C---A-A---A-----C---C-G---AG-A-TTT---T---A-----		5267
11 cpx. CM. 96. 4496	-----GC---TC---GC-G---A-AC---A-C-A-C-G---ATAACTAATAGTTC---T---A-CT-----		5438
11 cpx. FR. 99. MP1298	-----A---C---T---CG---A-A---A---A-C---C-G---ATACTAAT-AGTTC---T---GT-T-----		6073
11 cpx. GR. - GR17	-----T-----C---TC---GC-G---CA---A---A-C-A-C-G---ATAAATAGTTAGTGC---T---AT-A-T-----		5381
12 BF. AR. 97. A32879	-----C---C---AG---A---TC-----T-----T-CTTAGAC...ATA...		5645
12 BF. AR. 99. ARMA159	-----C---AGG---C---A-----G-----T-----T-----		6074
12 BF. ES. 02. X1241	-----C---AG---A-A---T---C-----A-T---G-T-----T-----		5323
12 BF. UY. 99. URTR23	-----A-----C---AGG---A-A---T-----T-----		6095
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	-----G-----TC---T-G---A---G-A-C-A-C-----G---ATAAATAATAGTGT---T---A-TG-----		5304
13 cpx. CM. 96. 1849	-----T---TC---C---A---A-CT-A-C---A---G---ATAAATAAATAGTAT---T---A-TG-----		5483
13 cpx. CM. 96. 4164	-----G-----TC---GC-G---A-G---A-CT-G-C---T---G---ATAAATGAATAGTGT---T---A-TG-----		5483
14 BG. ES. 00. X605	-----AG-----C---G---C---G-GA-AGAGA---AA-C-G-C-----AGTAATAAATT---T---T---K-A-----		5517
14 BG. ES. 00. X623	-----AG-----C---G---A---C-C-G---A-GA---AA-C-G-C-----AGTAATAAATT-A-RT---T---A-----		5519
14 BG. ES. 99. X397	-----AG-----C---G---C---A-G---A-GA---AA-C-G-C-----AGTAATAAATT---T---T---T-A-----		5520
14 BG. ES. 99. X421	-----AG-----C---G---C---G---G-GA---A-A-G-C-----AGTAATAAATT---T---T---T-A-----		5517
15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1331	-----AG-----C---A---C---G---A-GA---AA-C-A-C-G---ACTA---T---T---AC-----		5305
15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1332	-----AG-----C---A---C---G---A-GA---AA-C---C-G---ACCCAGTAT---T---A-----		5293
15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079	-----AG-----C---G---A---C---G---A-GA---AA-C-GC-C---AATA---T---T---TC-----		5469
15 01B. TH. 99. 99TH_R2399	-----AG-----C---G---A---C---G---A-GA---AA-C-G-C---AATA---T---T---AC-----		5446
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-----CC-----C---C---GG-G---AC-GGC---GAA-C-A-C-G---AGTAGTCTCT-A-G---T---A-TT-----		5439
18 cpx. CM. 97. CM53379	-----GC-----TC-T-CGG---A-A---A-C-A-C-G---ATAAATAAATAGTTT---T---AT-----		5271
N. CM. - YBF106	-----T-----A---C---A-A-G---A-AGA---A-C-A-C-G---AA-CTGTATAT-T---T---TG-----		5657
N. CM. 02. DJ00131	-----T-----A---A---C---A-A-G---A-A---A-C-A-C-G---AAA-CTGTATAT-T---T---TGGAG-----		5575
N. CM. 95. YBF30	-----T-----A---A---C---G---A-G---A-CT-A-C-G---AAA-CTGTATAT-T---T---TG-----		5660
O. BE. 87. ANT70	-----AG-----C---GC-GCA-G-CA-CAGA---A-A-C-G-C---ACGC---T---T---T-A-----		6118
O. CM. - 96CMABB637	-----C---C-GC---GC-GCA-G-T-TC---A-A-A---A-CT-G-C-G---ACGC---T---A-TTA-----		5559
O. CM. 91. MVP5180	-----A-----A---C-GC---GC-GCA-G-TA-CAGA-A-A---A-C-G-C-G---ACGC-G-T---T-AA-----		6105
O. SN. 99. SEMP1300	-----AC-G---A---C-GCC---GC-GC-CG---A-CAGA-A---A-AT-G-C-G---A-GC---T---T-A-----		6129
CPZ. CD. - ANT	-----GAA-AGCTCGAAGGA-CA---C-A-GC-G-A-G---G-A-A-A---A-C-G---T---TCT---T---ACTAA-----		5505
CPZ. GA. - CPZGAB	-----A-CCACAAGA...-C-CG---C-GCAGG---A-A-A-A---A-A-C---AT-T---A-----		6125
CPZ. TZ. - TAN1	-----GAA-AG---T---GC-GTAC---AC-A-A---A-C-G-C-G---ACCC-T---AT-AAA-----		5696
CPZ. US. 85. CPZUS	-----G-GCGACGC...-A---C-A-GC-A---G---GC-GA-A---A-C---CGC---GCCCT-TTG---CT-T---TTAA-----		6147
Tat exon 1 / Vpu	K K R R Q R R R A H Q N S Q T H Q A S L S K Q *	T Q P	Vpu
Rev exon 1	R S G D S D E E L I R T V R L I K L L Y Q S		Rev

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

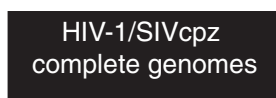
B.FR.83.HXB2ATACCAATAGTAGCAATAGTA...GCATTA...GTAGTAGCA...ATAATAATAGCAATAGTTGTGTGGTCCATA...GTAATCATAGAATATAGGAAAATATTAAGACAA...	6169
A1.KE.94.Q23_17T-GGA--CAGT-----GGC-G...A-----G...C---CC-----C-----A-T-----GGT-----A-----AG--A-----	5636
A1.RU.03.03RU20_06_13T-GA--CTAT-----A-----G-----G...T-TG-C-----A-----A-T-----GGT-----A-----T-GC--A-----	5646
A1.SE.94.SE7253-GCA--CTGG-----A-----G-C-G...A-----G...C---CC-----A-A-T-----GGT-----A-----T-GC--AG-----	5385
A1.TZ.01.A173T-GGA--TTGG-----A-----G-C-G...G-----G...C---C---T-----A-T-----GG-----A-G-T-G-----	5372
A1.UA.00.98UA0116T-GA--CTAT-----A-----TG...T-TG-C-----A-----A-T-----GGT-----A-----T-GC--A-----	6171
A1.UG.92.92UG037T-GGA--CTGT--G-----G-C-G...G-----G...C---C-----A-----A-T-----GGT-----A-----T-GC--AG-----	5548
A1.UG.98.98UG57136T-G-A--CTGT-----C-----G-C-G...G-----G...C---CC-----C-----A-T-----GGT-----TA-G-T-AG-AG-----	5383
A2.CD.97.97CDKFE4T-G---TT-GT-----GGC-G...A-----T---CT-----A-A-A-T-----T-T-----TCAG-AGG-----	4983
A2.CD.97.97CDKS10T-GA--CT-----G-C-G...G-----G...T---CG-----A-A-T-----T-T-----G---TAGGGAG-----	2291
A2.CD.97.97CDKTB48T-G---C-GT-----G-C-G...G-----G...TC---TT-----A-TG-----T-T-----A-G---TAAG-AG-----	5518
A2.CY.94.94CY017_41T-GT--T-G-----G-C-G...A-----T...T---CT-----A-A-T-----T-----A-----TAAG-AG-----	5535
A3.SN.01.DDI579T-GGA--CTGG-----A-----G-C-G...A-----G...C---CT-----A-----A-----GGG-----A-----G-GC--AG-----	5379
A3.SN.01.DDJ369C-GGA--CTGT-----A-----G-C-G...A-----G...G---CT-----A-----A-T-----GGG-----A-----T-GAG-AG-G-----	5382
A3.SN.96.DDJ360T-GGG--ACTGG-----G-C-G...A-----G...C---CT-----A-----A-T-----GGG-----AA---G-GC--AG-----	5379
B.AR.00.ARMS008T-A---C-----GC-----T-----A-----GC-T-----	5373
B.AU.96.MBCD36T-A-----GC-----A-----T-----G-----	5523
B.CO.01.PCM074T-GT--T-----GC---T-----T-----AG--A-----	5384
B.GA.88.OYIT-A--T-----C-----T-----C-T-----	5711
B.NL.00.671_00T36T-A-----GC-----A-----A-T-----GT-----	5733
B.RU.-.04RUI29005C-GAG--T-----T-----T-----A-----A-----T-G-----	5672
B.TH.90.BK132T-A--T--G-----GG-----	5519
B.US.90.WEAU160T-G-A--T-----GG-----C-----	6167
B.US.98.1058_11T-TAT--CT--G-----GC---C-----GT-A-----A-----	5358
C.AR.01.ARG4006WTAGATTAT-G-T--G---G-----G...A-----C---C-----A-----A-----CTTAT-----T-GG-----	5360
C.BR.-.04BR013TTAACATATAGAGTAGATTAT-G-T--G-G---G-----G...A-A-----C---G-CT-----A-----AT-----CTTAT-----T-GG-----	5654
C.BR.92.BR025-dTTAATAGGAAGAATAGATTAT-G-T--GGG---G-----G...A-----C---C---T-----A-----A-----CTTAT-----T-GG-----	5527
C.WW.00.00BW07621TTAATAGCTGCAGTAGATTAT-G-A--G-G---C-----C-T...A-A-----C---C-----A-----A-----C-TAT--G-----T-G---A-----	5543
C.ET.86.ETH2220TTACTAGCAAAGTAGATTAT-G-A--T-----C...A-----C---C-----A-----A-----C-TAT-----T-G-----	5581
C.IN.95.95IN21068TTAGATTAT-A-T--G-G---G-----G...A-----C---C-----A-----A-----TAT-----T-GG--CA--G-----	5519
C.IN.99.01IN565_10TTAGATTAT-A-T--G-G---G-----G...A-A-----T---C-----A-----A-----TAT-----G-T-GG-----	5552
C.KE.00.KER2010TTACTAGCAAAGTAGATTAT-G-T--G-G---G-----G...A-----C---C-----A-----A-T-----TAT-----T-G-----	5361
C.TZ.01.BD9_11TTACCAGCAAGAGTAGATTAT-G-T--G-G---G-----G...C-----C---C-----A-----A-----CCTAT-----A---T-G---A-----	5388
C.UY.01.TRA3011TTCATAGAAAAGATAGACTAT-G-T--G---GG-----G...A-----TC---C---T-----A-A-----AG-----TTAT-----A---T-G-----	5361
C.ZA.04.SK164B1TTATATGCAAAGTGTAGATTAT-G-T--G-G---GG-----C-G...A-A-----T---CC-----AT-----TAT-----T-GC-----	5590
C.ZM.96.96ZM651TTACTAGCAAAGTA-ATTAT-G---G-G---G-----G...A-----C---C---C-----A-----A-----C-TAT-----GC-G-----	5509
D.CD.83.ELIT---GGG---A-----C-----A-----T-----C-----A-----A-----A-GG--AA--AG-----	5714
D.CD.83.NDKT---GTC---A-----C-----A-----TA-----A-----GG--AA--G-----	5703
D.CM.01.01CM_4412HALTTAGAGAT-T---C-AT-G---C-----G...G-----C---G-----C-----A-----A-----TAT-----A---AA--AG-----	5382
D.KE.01.NKU3006T---G---T-----G-----A-----G...C-----C---G-----A-----A-----A-----A-----G-G---AA-G-G---CA--G-G-----	5373
D.TD.99.MN012T---GTG---AC-----C-----A-----A-----G...C-----C---C-----A-----A-----TA-----A-----AAG-AG-----	5392
D.TZ.01.A280T---GAG---AC-----C-----A-----T-----TC---C-----G-----A-----TA-----G-----G---AA--AG-----	5369
D.UG.94.94UG114T---GAG---T-----C-----C-----A-----A-----T-----T-----G-G---AA--T---AG--G-----	5523
D.UG.99.99UGD23550T---GTG---T-----C-----C-----A-----A-----T-----G-----G-G---AA--T---AA-G-----	5373
D.UG.99.99UGK09958T---GAG---T-----C-----C-----G-----A-----T-----T---T-----G-G---A-G-T---AA-GAG-----	5367
D.ZA.86.R482T---AG--T-T---T-----GC---C-----T-----ACA-----A-----T-----T-----G-----AA--G-----	5432
F1.BE.93.VI850T-GTT-GC-A--GG---C-----A-----C-----C-----C-----A-----A-----T-----TAT-----A---C-GG---G-----	5518
F1.BR.89.BZ126T-TTT-GC-A--AGC-AC-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----C-TAT-----C-G---G-----	5518
F1.BR.93.93BR020_1T-GTT-GC-A--GC---C-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----C-TAT-----A---C-GG---G-----	5503
F1.FI.93.FIN9363T-GTT-GC-A--A-G-----T-----A-----C-----C-----T-----A-----A-----T-----T-T-----A---GC---G-----	5507
F1.FR.96.MP411C-GTATG-T-T-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----A-----T-----T-----A---T-G-----	5375
F2.CM.02.02CM_0016BBYTTG--AT-T---AT-G---C-----T...A-----G...C---GC---A-----A-----A-----T-----TAT-----A---CAG---G-----	5361
F2.CM.95.MP255T-G-T-GC---G---TC-----C-T...A-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----TATT-----A---C-G---G-----	5367
F2.CM.95.MP257TCG-T---T-----C-----AT...A-----TG...C---C-----A-----A-----A-----T-----TAT-----A---C-G---G-----	5379
F2.CM.97.CM53657T-G-T-C-A-----AT...A-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----GTAT-----A---C-G---G-----	5361
G.BE.96.DRCBLC-GA--TCT-----GC---A-----TCC-GC---C-----A-----A-----T-----T-T-----A---AG--A--G-----	6135
G.CM.01.01CM_4049HANTTAGA-AT-GCT-C-AT-G---G-----C...A-----T-C---GC---C-----A-----A-----AGT-----T-T---G-----AG--A--G-----	5379
G.ES.99.X138T-GA--CT-----G-C...A-----GGC-GC---C-----A-----ATT-----CT-T---C-----A-G---AG--A--G-----	5619
G.FI.93.HH8793_12_1T-GA--TCT-----GGC...A-----T-C---GC---C-----A-----A-----AGC-----C-TG---C-----G---AG--A--G-----	5578
G.NG.92.92NG083T-GA--TCT-----C...A-----T-C---GC---C-----A-----AGT-----T-T---A-----AG--A--G-----	5537
G.SE.93.SE6165T-GT---T-----G...A-----T-C---GC---C-----A-----A-----T-----T-T---G-----AG--A--G-----	5575
H.BE.93.VI991--TT-GG-A--G---G-----C-G...G-----T...T-T---C-----C-----A-----A-----C-TAT-----C-G---AG--G-----	5550
H.BE.93.VI997--AT-GG-A--G---G-----CC...A-----T-T---C-----C-----A-----A-----TAT-----GT-GG---AG-----	5486
H.CF.90.056--TT-GG-T--G---G-----GC-----A-----T-T---C---CG--A-----A-----TAT-----AA---T-GG---G-----	5512
J.SE.93.SE7887T-G-A---C-----T...A-------TT-CC-T-----G-A-----A-----A-----GTAT-----A---C-G-----	5491
J.SE.94.SE7022T--A-----A-----T-TT-CC-T-----TG--A-----A-----A-----GTAT-----A---C-G-----	5492
K.CD.97.EQTB11CTT--C---G---A-----C---G...C-----C-----A-----A-----CCTATC-----A---G-GG-----	5367
K.CM.96.MP535T-G---T...T-----C---T-----C-----T-----G---A-----A-----A-----TAT-----T-GG-----	5371
01_AE.TH.00.OUR200IT-GGA--TAGT-----G-C-G...A-----C---CT-----A-----A-----A-----GCT-----C---CA--G-----	5380
01_AE.TH.01.OUR4141T-GGA--TAGT-----G-C-G...A-----G...C---CT-----A-----A-----A-----GCT-----GC---A---CC---GG-----	5368
01_AE.TH.02.OUR769IT-GGA--TAGT-----G-C-G...G-----G...T---TT-----A-----A-----A-----G-T-----CT---A---C---G-----	5371
01_AE.TH.90.CM240T-GGA--TAGT-----G-C-G...A-----G...C---CT-----A-----AA-T-----GCT-----GT---A---C---G-----	5740

B.FR.83.HXB2ATACCAATAGTAGCAATAGTA...GCATTA...GTAGTAGCA...ATAATAATAGCAATAGTTGTGTGGTCCATA...GTAATCATAGAATATAGGAAAATATTAAGACAA...	6169
02 AG.CM.02.02CM.1669LET-GT---CT-----G-----T-----GGC--GC--C-----A-----T-T-----AGG-A-----	5368
02 AG.FR.91.DJ264T-GA---CT-----G-C-----C--GC--GC--G-----A-----G---T-----AGG-A-----G...	5527
02 AG.NG.-.IBNGT-A---ACT-----G-C-----T-C--GC--C-----AG-----TAT-----AGG-A-----G...	5702
02 AG.UZ.02.02UZ693G-GA---CT-----G-C-----T-C--GC--C--A-----A-----TAT-----AG--AG--G...	5365
03 AB.BY.00.98BY10443T-G---C-----T-----GG-----A-----T-----T-----	6171
03 AB.RU.97.KAL153 2T-G---C-----T-----GG-----G-----T-----T-----	5394
03 AB.RU.98.RU9800IT-GT---C-----G-----GG-----T-----T-----	5538
04 cpx.CY.94.CY032TGGGA---CTGG-----G-C-G...-----G...C--T--T-----A-----A-TT-----T-T-----A--T-GAG--G-----	5542
04 cpx.GR.91.97PVCHT-GGA---CTGGA-----C-G...A--G-G...C--T-----A-----A-T-----TAT-----A--T-GCA--G-----	6211
04 cpx.GR.97.97PVMYT-G-A-G-CTGG---AC-----G...A...C--T-----A-A-----A-T-----C-T-A-----T-GC--G-----	6205
05 DF.BE.-.VII1310C-G-T--C-A---G-----A-----C-----ATT-----TAT-----A--T-GG--G-----	5560
05 DF.BE.93.VI961T-GTT-GC-----C-----C...A...C-----A-T-----TA-T-----T-GG--G-----	5535
05 DF.ES.99.X492T-GTT-GC---A-G--C-----C...A...C-----A-T-----TAT-----A--T-GG--G-----	5531
06 cpx.AU.96.BFP90T-GAG---CT-----G-C-----T-CT--GC--C-----A-T-----T-T--C-----G-----AG--A-----G...	6208
06 cpx.EE.-.EEO359T-GA---TCT-----G-C...A-A--T...TC-T-GGC--C-----A-T-----T-A--C-G-----G-----AG--A-----G...	5834
06 cpx.ML.95.95ML127T-GA---TCT-----G-C-----T-CT--GC--C-----G-----A-T-----T-T--C-----G-----AG--A-----G...	6195
06 cpx.SN.97.97SE1078T-GAG---TCT-----G-----A...T-CT--GC--C-----A-T-----GT-T--CT-C---AC---AAG-A--G...	6237
07 BC.CN.-.CNGL179T-A-C--TT-----C-----C-----AT-----T-----	5383
07 BC.CN.97.97CN001T-A-C--TT-----C-----C-----A-----T-----	5503
07 BC.CN.97.CN54T-A-C--TT-----C-----C-----A-----T-----	5533
07 BC.CN.98.98CN009T-A-C--TT-----C-----G...GC-----A-----C-----	5503
08 BC.CN.97.97CNGX_6FT-GA...T---G--G-----G...A...C--C-----A-----TAT-----G-T-GG--A-----	5345
08 BC.CN.97.97CNGX_7FT-GA...T---G--G-----G...A...C--C-----A-----TAT-----G-T-GG--A-----	5351
08 BC.CN.97.97CNGX_9FT-GA...T---G--G-----G...A...C--C-----A-----TAT-----G-T-GG--A-----	5345
08 BC.CN.98.98CN006T-GA...T---G--G-----G...A...C--C--T-----A-----TAT-----T-GG--A-----	5494
09 cpx.GH.96.96GH2911T-G-A---C-AGC-----G-A...A...T-C--GC--C--A--C--A-----T-T--GT-----G--AG--A-----	5383
09 cpx.SN.95.95SN1795T-GTAC--C-AGT-----G-----A...T-C--GC--C--A-----A-----T-T--GT-----AG-----	5383
09 cpx.SN.95.95SN7808T-G-A---C-AGC-----G-C...A...T-C--GC--C--T-----G-----C-T--GT-----AG--A-----	5371
09 cpx.US.99.99DE4057T-GGA---CTAGC-----G-C...A...T-C--GC--C-----A-----GCT-----G-T--GC--AG--A-----	5368
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	A.....TATTAT-A-T--CG-G--G-----A...C-----C-----AT--G-----TAT--C-----T--G--GA--CT...	5569
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	A.....GATTAT-G-T--G-G--G-----C-----C-----A-----TAT-----T--G-----	5566
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	A.....GATTAT-G-T--G-G--G-----A--A...C--C-----A-----TAT-----T--G-----	5558
11 cpx.CM.02.02CM.2190SATTGCA-AT-G---GCAT-G--C-----C-----T-T-T--T-G-A-----A-T-----C-GGG-----A-GC-TC---G-----	5366
11 cpx.CM.96.4496T-GTAC---AGC-----A-----T-T-T--T-GG-----A-T-----A--GGT-----A-GC-G-----G-----	5537
11 cpx.FR.99.MP1298C--A---AGC-----C-----A...T-T-T--G-----A-----C-T-T-----A-GTGG---AG-----	6172
11 cpx.GR.-.GR17TGCGA-CAGT--AGC-----GT--C---TT--T-----A-----A-T-----C-GGT-----A-GGC-G-----C...	5482
12 BF.AR.97.A32879T-A-----C-----C-----	5744
12 BF.AR.99.ARMA159T-GT--C-T-----GC--T-----C-----T-A-----	6173
12 BF.ES.02.X1241T-GA---C-----C-----GC-----C-----	5422
12 BF.UY.99.URTR23T-TGA---T-----C-----CT-----AG-----G-----	6194
13 cpx.CM.02.02CM.3226MNTTATC-AT-GC--GCAT-G--C-----A-----T-T-T--G-----A-----TAT-----A-GC-GG--A--G...	5403
13 cpx.CM.96.1849T-----A-AGC-----A-----T-T-TT--G-----A-----C-TAT-----A-GC-GG--CAT--G...	5582
13 cpx.CM.96.4164T-T-----C-AGC-----G-----A...T-T-TGC--G-----A-----TAT-----GC-GG--AT--G...	5582
14 BG.ES.00.X605T-GA---CT-----G-C...A...GGC--GC--C--A-----AT-----TT-T--C-----A-G--AG--A--G...	5616
14 BG.ES.00.X623T-GAG---TCT-----G-C...A...KGCY--GC--C--R-----AT-C-----CT-T--C-----G-----AG--A--G...	5618
14 BG.ES.99.X397T-GA---TCT-----G-C...A...GGC--GC--C--A-----AT-----TT-T--C-----A-G--AG--A--G...	5619
14 BG.ES.99.X421T-GA---T-T-----G-C...A...GGC--GC--C--A-----A-----TT-T--C-----A-G--AG--A--G...	5616
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331T-G-A---TAGT-----C-----G-C-G...A...G...C---CT-----A-----A-T-----GCT-----A-----G-----	5404
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332T-GGA---TAGT-----G-C-G...A...G...C---CT-----A-----A-T-----GCT--C--AT--G--C--G-----	5392
15 01B.TH.99.99TH_MU2079T-GA---TAGT-----G-C-G...A...C-----CT-----A-----A-T-----GCT-----AT--T--G-AG-----	5568
15 01B.TH.99.99TH_R2399T-GGA---TAGT-----G-C-G...A...C-----CT-----A-----A-T-----GCT-----A--C--G-----	5545
16 A2D.KR.97.97KR004T--A---T-GT-----GTC-G...A...T-C-CT--G-----G-----A--A-T-----T-----A-----TAAG-AG-----	5538
18 cpx.CM.97.CM53379T--AC---AGC-----C-----T-T-T--T-G-----A-----TAT-----A--GG-G--A-----	5370
N.CM.-.YBF106TGGT-G-G-T-CA-----G-----G--G-----T-----GC-A-AA-C---GTAT-G...C--TAT-A-----A-----AA-TTG--G...	5750
N.CM.02.DJ00131TGG-G-T-C-C-----G--G--G-----T-----G-A-AA-C---CTTT--C--TAT-A-----A-----C--AA-TTG--G...	5665
N.CM.95.YBF30TC-T-G-G-T-CA-----G-----G--G-----G-T-GC-----G-A-A-C--G-AT--C--TAT-G-----A-----AA-TTG--G...	5753
O.BE.87.ANT70GGGACC-GC-----A-----ATTA-T...AGT-CITTG...C-GT-T--AATG--A--T-A--GGGT-T...A-TC-T-G-A---TTAG--CA-AAGGA-----	6217
O.CM.-.96CMABB637AGGA-T-GC--AGCT--A---TTG-T...AGT-TTTG...C-TC-TGC--T---GA-A--ATGT-T...A-TC-T-AGA-----TTAG--CAGAAGGA-----	5658
O.CM.91.MVP5180GAGAACC-GC---CT--A---T---AGT-CITTG...TGTC-T--AATG--C-A-A--TGT-T...AACC-T-G-ATT---TTAGTGA-AG--A-----	6204
O.SN.99.SEMP1300GGGACC-GC--A--T--A---ATTA-T...AGT-CITTG...C-GC-T-C-AATG--A--C-A--G-AT-T...A-TC-T-G-C---TTA-G-CA-AAG-A-----	6228
CPZ.CD.-.ANTAT---TGAGTAT-CTTT...C-TGCCCT-TAGT---AC-A---ATT--CTGTA--CCT---CTC---A-CTTTATAA--T-T-TAAG	5592
CPZ.GA.-.CPZGABC-GTT-G-C-GCTTA-TTC-CATAT---GCTTA--TGC-TGGAAC--TTG-A-A---GGATAC...--T-TA---GGG-AT-T-G-AGGTATA--AGA	6224
CPZ.TZ.-.TAN1AT-G---G-G--GT--GTCAA-TAATGTCA---GCATTCITGT--T-CTG--TT-AA-AG--GGAGGC...T-GC-A---GTATAG-T-T-G-AG-GAGTT-GAA	5804
CPZ.US.85.CPZUSTGTTTGA-A--GGTTT-A--GCAT--G-AT-GAAGGT--TT--T-G-GA-AA-C---GGAC...G-TGCTAG--TGT--G-CA-A--A-AT-AAA	6246
VpuI P I V A I V . A L . V V A . I I I A I V V W S I . V I I E Y R K I L R Q .	Vpu

/ Env start

B.FR.83.HXB2AGAAAAATA.....GACAGGTTAATTGATAGACTAATAGAA.....AGAGCAGAAGAC.AGTGGCAATGAGAGTGAAGGAG.....AAATAT...CA	6247
A1.KE.94.Q23_17T---G---G---A---G---.....T---G---ATACAGAGG---T---G---.....	5723
A1.RU.03.03RU20_06_13G---A---G---.....G---ATGCAGAGG---T---.....A---C---.....	5733
A1.SE.94.SE7253A---G---A---G---.....T---G---ACACAAATG---C---GG---.....	5472
A1.TZ.01.A173G---G---A---G---.....G---ATACAGAGG---C---C---.....	5459
A1.UA.00.98UA0116G---G---A---G---.....A---C---G---G---ATGCAGAGG---T---.....	6258
A1.UG.92.92UG037G---G---A---G---.....T---G---ATAGAGAGG---T---.....C	5635
A1.UG.98.98UG57136-AG---G---A---G---.....T---G---ATACAGATG---T---GG---.....	5470
A2.CD.97.97CDKFE4-G---C---CA---G---A---GT---.....T---G---ATACAGAGG---T---G---.....C	5070
A2.CD.97.97CDKS10-G---T---CC---A---A---GT---.....T---G---ACACAGACG---GT---.....	2378
A2.CD.97.97CDKTB48-G---T---C---G---A---GT---.....C---T---G---ACACAGAGG---T---G---.....	5605
A2.CY.94.94CY017_41-G---T---CA---A---A---GT---G---.....T---G---ACACAGAGG---C---.....	5622
A3.SN.01.DDI579-A---G---A---A---G---.....T---G---ATACAGAGG---T---.....T	5466
A3.SN.01.DDJ369-A---G---G---A---A---G---.....C---T---G---ATACAGAGG---C---G---.....AC	5469
A3.SN.96.DDJ360-A---G---A---A---G---.....T---G---ATACAGAGG---T---.....T	5466
B.AR.00.ARMS008-T---CA---A---A---.....C---ATCAGGAGG---T---GG---.....	5460
B.AU.96.MBCD36G---A---G---G---.....C---T---ACCAGGAAG---T---.....G	5610
B.CO.01.PCM074C---A---G---.....G---ATCATGAGG---T---G---.....	5471
B.GA.88.OYIA---G---.....C---C---G---G---ACCAGGAAG---T---.....	5798
B.NL.00.671_00T36-G---T---A---A---G---.....A---G---ATCAGGAAG---T---.....	5820
B.RU.-.04RU129005A---A---GT---.....C---G---ACCAGGAAG---T---.....	5759
B.TH.90.BK132-G---A---.....A---ATCAGGAAG---T---G---.....	5606
B.US.90.WEAU160-G---A---G---C---.....G---ATCAGGAAG---T---.....	6254
B.US.98.1058_11-AG---A---A---GA---G---.....T---G---ATCAGGAGG---T---G---.....	5445
C.AR.01.ARG4006-A---G---T---A---A---T---GG---.....C---G---ATACAGAGG---T---GG---.....A	5447
C.BR.-.04BR013-A---G---T---A---A---T---GG---.....G---ACACAGAGG---T---GG---.....A	5741
C.BR.92.BR025-d-G---T---G---A---A---T---AG---.....G---G---ATACAGAGG---T---GG---.....A	5614
C.BW.00.00BW07621-AG---C---A---G---A---T---.....G---T---G---ATCATGAGG---T---G---.....	5630
C.ET.86.ETH2220-G---A---A---ACT---GG---.....A---T---G---ATACAGAGG---T---G---.....	5668
C.IN.95.95IN21068-T---A---A---A---T---G---.....G---G---ATACTGAGG---T---.....	5606
C.IN.99.01IN565_10-AG---T---A---A---A---T---GG---.....G---G---ATACTGAGG---T---.....	5639
C.KE.00.KER2010-G---T---A---A---T---GG---.....G---G---ATACAGAGG---T---GG---.....	5448
C.TZ.01.BD9_11-AG---G---T---G---A---A---T---G---.....G---G---AGATCGAGG---T---GG---.....	5475
C.UY.01.TRA3011-G---T---G---G---A---T---GG---.....G---ATACAGAGG---T---GG---.....A	5448
C.ZA.04.SK164B1A---A---C---GA---T---G---.....A---G---G---ATATTGAGG---T---GG---.....C	5677
C.ZM.96.96ZM651-T---A---A---A---T---GG---.....G---G---ATACTGAGG---T---GG---.....	5596
D.CD.83.ELI-G---G---T---T---C---A---C---.....C---G---G---ATAGAGAGA---T---G---.....	5801
D.CD.83.NDK-T---T---A---G---.....C---G---AAGAGAGG---T---G---.....	5790
D.CM.01.01CM_4412HAL-GC---C---C---A---G---.....G---T---G---ATAGAGAGG---T---.....	5469
D.KE.01.NKU3006-AG---A---G---.....T---C---G---ACAGAGAGG---T---.....	5460
D.TD.99.MN012-G---TATC---A---G---.....G---G---ATAGAGAGG---T---.....	5479
D.TZ.01.A280-AG---T---A---G---.....T---T---ACACAGAGG---T---.....	5456
D.UG.94.94UG114-T---T---A---G---.....T---G---ACAAAGAGG---T---.....	5610
D.UG.99.99UGD233550-A---G---TT---G---A---G---.....T---T---G---ACACAGAAG---T---.....	5460
D.UG.99.99UGK09958-G---T---A---G---.....T---G---ATAGAGAGG---T---.....	5454
D.ZA.86.R482-C---T---T---A---G---.....C---G---G---ATAGAGAGG---T---G---.....	5519
F1.BE.93.VI850A---T---AA---TA---A---A---G---.....G---G---ATGCAGAGG---T---GG---.....	5605
F1.BR.89.BZ126A---T---TA---A---A---G---.....G---G---ATGCAGAGG---T---GG---.....	5605
F1.BR.93.93BR020_1A---T---TA---A---A---GC---.....G---G---ATGCAGAGG---T---GG---.....	5590
F1.FI.93.FIN9363A---T---GTA---ATA---A---G---.....G---G---ATGCAGAGG---T---GG---.....	5594
F1.FR.96.MP411A---T---TA---A---A---G---.....G---T---ATGCAGAGG---C---GG---.....	5462
F2.CM.02.02CM_0016BBYA---G---A---T---TA---A---A---G---.....G---G---ATGCAGAGG---T---GG---.....	5448
F2.CM.95.MP255A---G---A---T---TA---A---A---G---.....G---ATGCAGAGG---T---GG---.....	5454
F2.CM.95.MP257A---G---A---T---TA---A---A---G---.....A---G---ATGCAGAGG---T---GG---.....	5466
F2.CM.97.CM53657A---G---A---T---TA---A---A---G---.....G---ATGCAGAGG---T---GG---.....	5448
G.BE.96.DRCBL-A---G---A---A---C---GA---G---.....A---G---ATACAGAGG---T---GG---.....	6222
G.CM.01.01CM_4049HAN-A---A---C---G---A---G---.....A---G---ATACAGAGG---T---GG---.....	5466
G.ES.99.X138-AG---C---A---A---C---A---G---.....A---A---C---G---ACACAGAGG---T---GG---.....	5706
G.FI.93.HH8793_12_1G---A---A---GA---G---.....A---G---ATAGAGAGG---T---GG---.....	5665
G.NG.92.92NG083-A---A---C---A---G---.....G---ATACAGAGG---T---GG---.....	5624
G.SE.93.SE6165-A---G---GA---A---C---A---G---.....A---C---G---ATACAGAGG---T---GG---.....T	5662
H.BE.93.VI991-G---A---A---G---.....C---T---ACACAGAGG---T---.....C	5637
H.BE.93.VI997-AG---C---C---G---A---C---.....G---C---T---AG---.....C	5564
H.CF.90.056-AG---C---A---A---GG---.....C---T---ACACAGAGG---T---.....C	5599
J.SE.93.SE7887-G---T---A---A---A---G---.....T---C---T---ACACAGAAG---T---GG---.....	5578
J.SE.94.SE7022-G---T---A---A---A---G---.....G---T---C---T---ACACAGACG---GT---GG---.....T	5579
K.CD.97.EQTB11C-A---G---A---T---T---A---G---.....C---G---ATACAGAGG---T---GG---.....	5454
K.CM.96.MP535-A---G---A---T---A---A---G---.....G---G---ATGCAGAGG---T---GG---.....	5458
01_AE.TH.00.OUR200I-G---G---A---G---.....A---ACACAGATG---T---GG---.....C	5467
01_AE.TH.01.OUR414I-A---A---A---G---A---GG---.....A---ACACAGATG---T---GG---.....C	5455
01_AE.TH.02.OUR769I-A---G---A---CA---.....A---G---ACACAGATG---GT---GG---.....C	5458
01_AE.TH.90.CM240-G---A---G---A---G---.....A---ACACAGATG---T---GG---.....C	5827

Accession	Sequence	Position	Notes
B.FR.83.HXB2AGAAAAATA.....GACAGGTTAATTGATAGACTAATAGAA.....AGAGCAGAAGAC.AGTGGCAATGAGAGTGAAGGAG.....AAATAT...CA	6247	/ Env signal peptide start
02_AG_CM.02.02CM.1669LE-AG-----	5455	
02_AG_FR.91.DJ264-AG-----	5614	
02_AG_NG.-.IBNG-AG-----	5789	
02_AG_UZ.02.02UZ693-AG-----	5452	
03_AB_BY.00.98BY10443-G-----	6250	
03_AB_RU.97.KAL153_2-A-----	5473	
03_AB_RU.98.RU9800I-A-----	5617	
04_cpx_CY.94.CY032-G-G-----	5629	
04_cpx_GR.91.97PVCH-G-----	6298	
04_cpx_GR.97.97PVMY-A-----	6292	
05_DF_BE.-.VI1310A-T-----	5647	
05_DF_BE.93.VI961A-T-----	5622	
05_DF_ES.99.X492A-T-A-----	5615	
06_cpx_AU.96.BFP90-A-----	6295	
06_cpx_EE.-.EE0359-A-AA-----	5921	
06_cpx_ML.95.95ML127-A-A-----	6282	
06_cpx_SN.97.97SE1078-A-----	6324	
07_BC_CN.-.CNGL179-A-----	5470	
07_BC_CN.97.97CN001-A-----	5590	
07_BC_CN.97.CN54-A-----	5620	
07_BC_CN.98.98CN009-A-G-----	5590	
08_BC_CN.97.97CNGX_6F-G-----	5432	
08_BC_CN.97.97CNGX_7F-G-----	5438	
08_BC_CN.97.97CNGX_9F-G-----	5432	
08_BC_CN.98.98CN006-TT-C-----	5581	
09_cpx_GH.96.96GH2911-AG-G-----	5470	
09_cpx_SN.95.95SN1795-AG-G-----	5470	
09_cpx_SN.95.95SN7808-AG-----	5458	
09_cpx_US.99.99DE4057-A-GGG-----	5455	
10_CD_TZ.96.96TZ_BF061-CG-----	5656	
10_CD_TZ.96.96TZ_BF071-G-----	5653	
10_CD_TZ.96.96TZ_BF110-T-----	5645	
11_cpx_CM.02.02CM.2190SA-G-G-----	5453	
11_cpx_CM.96.4496-G-----	5624	
11_cpx_FR.99.MP1298-AG-----	6259	
11_cpx_GR.-.GR17-G-----	5565	
12_BF_AR.97.A32879-G-----	5831	
12_BF_AR.99.ARMA159-G-----	6260	
12_BF_ES.02.X1241-G-----	5509	
12_BF_UY.99.URTR23-A-----	6281	
13_cpx_CM.02.02CM.3226MN-G-----	5490	
13_cpx_CM.96.1849-AG-----	5669	
13_cpx_CM.96.4164-AG-----	5669	
14_BG_ES.00.X605-AG-----	5703	
14_BG_ES.00.X623-AG-----	5705	
14_BG_ES.99.X397-AG-----	5706	
14_BG_ES.99.X421-AG-----	5703	
15_01B_TH.02.02TH_OUR1331-A-G-A-G-A-G-A-G-C-----	5491	
15_01B_TH.02.02TH_OUR1332-A-A-G-A-G-A-G-C-----	5479	
15_01B_TH.99.99TH_MU2079-G-A-G-A-G-A-G-----	5655	
15_01B_TH.99.99TH_R2399-G-A-G-A-G-A-G-----	5632	
16_A2D_KR.97.97KR004-AC-----	5625	
18_cpx_CM.97.CM53379-AG-----	5457	
N.CM.-.YBF106GA-----	5832	
N.CM.02.DJ00131GA-----	5752	
N.CM.95.YBF30GA-----	5835	
O.BE.87.ANT70GAC-G-AG.....GAGA.....GAGAAATACTTGA-AGGT-AAGA--A-G-----TTAGG-T-T-----A-T-----A-CA-T-----AAGAGG-C.....A	6310	
O.CM.-.96CMABB637GAT-G-GG.....GAAA.....GAGAGCTGTT-AAAG--A-A-----R-----GYCAGG-T-T-----A-T-----A-A-T-----ATGAAG-C.....A	5751	
O.CM.91.MVP5180GAT-G-GG.....GAGC.....AGGAAATACTTGAAG-T-AAGG--A-AG-----TCAGG-T-----A-T-----A-A-----AAGAAC-C.....AG	6297	
O.SN.99.SEMP1300GAT-G-GG.....GAAA.....GAGAAATACTTGAAGGC-AAGA--A-G-C-----TTAGG-T-----A-T-----A-A-----AAGAGG-C.....AG	6321	
CPZ.CD.-.ANT	CAGCAGCAAATAGAT--T-AGAGAAATCAAAGAATCATAGAA-TGTTAAGT-GAAGACTTAGT----T.....AGT-C-ATA.GAA-AAG----G.....AAGCCG.....	5689	
CPZ.GA.-.CPZGAB	CATAGGCTTGAG-C-G---TGAGAGACTTA...ACCTAATTTG-AGA-----T-----A-----A-----A-----AAGAGG-GAGAGACTG	6323	
CPZ.TZ.-.TAN1	AGGGAAGGCACATC--G-GTATTAGAAA...GGCTA.....GC-AGA--T--GCAT-GACAGTG--T-----AG.....AG.....AATTTA-TT.....	5892	
CPZ.US.85.CPZUS	GAAAATACTCAACA-G-G---TCAAATCTTT...TAGAAAGAAT---AA-----A-----T-----A-----A-----AAGAGG-GAGACTCTG	6345	
VpuR K I.....D R L I D R L I E.....R A E D S G N E S E G.....E I.....S		
Env signal peptideM R V K E.....K Y.....Q		



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

			Vpu end \	Env signal peptide end \	Env gp120 start
B.FR.83.HXB2	G...CACTTG...TGGAGATGG.....GGGTGGAGATGGGGCACC.....ATGCTCCTTGGGATGTTGATG...ATCTGT		AGTGCTACA...GAA	6320	
A1.KE.94.Q23_17	A...-----A...-T...-C...-G-TT...-A...-T-G...-CAA-A-A...-T...-G...-GTG...-G...-5784				
A1.RU.03.03RU20_06_13	A...-----A...-T...-G...-A-Y...-T...-T-R-A-A-A...-G...-AG-CG...-G...-5794				
A1.SE.94.SET253	A...-----A...-T...-A...-T...-AA-T-G...-A-A...-C...-CA-G...-C...-5533				
A1.TZ.01.A173	-...-----C...-T...-A...-T...-A...-T-G-AT-A-A-A...-G...-G...-C...-5520				
A1.UA.00.98UA0116	A...-----A...-T...-G...-A-T...-T...-T-T...-A-A-A...-G...-AG-G...-G...-6319				
A1.UG.92.92UG037	T...TG-G...-C...-G-TT...-A...-T-G...-A-A-A...-T...-A-A-G...-G...-5696				
A1.UG.98.98UG57136	A...-----A...-T...-A...-T...-A...-T-G-G-A-AT-A...-T...-G...-G...-5531				
A2.CD.97.97CDKFE4	A...-C--A...-G-G--A-T...-T...-TT...-A...-A...-G...-G...-5100				
A2.CD.97.97CDKS10	-...-----A...-T...-T-AA-TT-G...-C-A-A...-T...-AA...-G...-2436				
A2.CD.97.97CDKTB48	A...-A-A-G...-T...-G-TT...-T...-G-TT...-A...-A...-G...-AG-G...-G...-5663				
A2.CY.94.94CY017_41	-...-----G...-T...-T-A-TT-G...-A-A...-G...-AA...-G...-5680				
A3.SN.01.DDI579	A...-C...-G...-G-TG...-ATC...-CT-T...-A-A-A...-T...-AA...-G...-5527				
A3.SN.01.DDJ369	A...-C-G...-G...-TA...-AT...-AT-A-A-A...-T...-AG...-G...-5530				
A3.SN.96.DDJ360	A...-C...-G...-G-TG...-AT...-A-A-A...-T...-AG...-G...-5527				
B.AR.00.ARMS008	-...-----G...-GGCACCATGCTCCT--A...-G...-G...-5545				
B.AU.96.MBCD36	A...-A-G...-TG...-A...-A...-GA-GAA-C...-C...-5674				
B.CO.01.PCM074	-...-G...-A...-C...-G...-A...-A...-A...-A...-G...-5532				
B.GA.88.OYI	-...-G...-A...-G...-A...-A...-A...-G...-G...-5859				
B.NL.00.671_00T36	-...-T...-T...-C...-C...-G...-G...-5881				
B.RU.-.04RU129005	-...-G...-T...-A...-A...-R-G...-G...-5820				
B.TH.90.BK132	-...-T...-T...-A-A...-TA...-G...-G...-5667				
B.US.90.WEAU160	-...-A...-T...-A...-A...-G...-G...-6315				
B.US.98.1058_11	-...-C...-TACGCTCACC--A-A...-A-G...-G...-5515				
C.AR.01.ARG4006	A...-A-G...-T...-T...-T-AGG-T-T-C...-M...-T...-A-TG-GG...-GG...5508				
C.BR.-.04BR013	A...-A-G...-T...-A-T...-T-AGG-T-T...-CC...-T...-A-TGGT...-GG...5802				
C.BR.92.BR025-d	A...-A-G...-T...-T...-T-AGG-T-T...-G-A...-T-A...-A-TA-GG...-GG...5675				
C.BW.00.00BW07621	A...-A-G...-T...-T-T...-T-AGG-T-T...-C-A...-G-T...-TA-T...-GG...5691				
C.ET.86.ETH2220	A...-A-G...-T...-A-T...-T-AGG-T-T...-A...-T...-A-GA-TG...-GG...5729				
C.IN.95.95IN21068	A...-A-G...-T...-GT...-T-AGG-T-T...-A-A...-T...-A-TGGT...-G...5667				
C.IN.99.01IN565_10	A...-A-G...-T...-A-T...-T-AGG-T-T...-A...-T...-A-TGGT...-G...5700				
C.KE.00.KER2010	A...-A-G...-T...-G...-T-AGG-TC-T...-A...-CT...-TGA...-GG...5509				
C.TZ.01.BD9_11	A...-A-G...-TG...-G...-T-AGG-T-CT...-A...-T...-A-TGGT...-GG...5536				
C.UY.01.TRA3011	A...-A-G...-T...-T...-T-GG-T-T...-C-A...-GGT-A...-A-TA-GG...-GG...5509				
C.ZA.04.SK164B1	A...-A-G...-T...-T...-T-AGG-T-T...-A-A-A...-T...-G-GGGAG...-G...5738				
C.ZM.96.96ZM651	A...-GA-G...-C...-T...-T-AGG-T-T...-A...-T...-A-TGTGG...-GG...5657				
D.CD.83.ELI	A...-A-G...-A...-T...-A...-A...-C...-G...-G...-5862				
D.CD.83.NDK	A...-A...-A...-T...-A...-C...-C...-G...-G...-5851				
D.CM.01.01CM_4412HAL	A...-CA...-A...-A...-C-ATG-CA-A...-A...-AG...-GT...5533				
D.KE.01.NKU3006	A...-A...-T...-A...-A...-A...-G...-A-T...-G...5521				
D.TD.99.MN012	A...-A...-A...-C...-C-ATG-C-A...-A...-AG...-T...5543				
D.TZ.01.A280	A...-A...-T...-A...-A-G...-CA-A...-T...-T-G...-G...5517				
D.UG.94.94UG114	-...-G...-A...-G...-A...-C...-A...-T...-G...-G...5671				
D.UG.99.99UGD23550	-...-GGCACCATGCTCCT--CC--A...-AGTGCTATAG-A-A...-G...5554				
D.UG.99.99UGK09958	A...-AG...-A...-A...-CA-A...-AA-T-G...-G...5515				
D.ZA.86.R482	A...-A...-T...-G...-A...-G...-G...-G...5580				
F1.BE.93.VI850	-...-G...-A...-CTT...-T-AT--G--A-A-A...-A...-G...-C...5666				
F1.BR.89.BZ126	-...-G...-A...-CTT...-T-AT--G--A-A-A...-A...-G...-G...5663				
F1.BR.93.93BR020_1	-...-G...-AG...-CTT...-T-AT--G--CA-A-A...-A...-G...-G...5651				
F1.FI.93.FIN9363	-...-G-A...-A...-CTT...-T-AT--G--A-A-A...-AA--G-G...-T...5655				
F1.FR.96.MP411	-...-G...-A...-TCTT...-T-AT-T-G--A-A-A...-C...-G...-C...5523				
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-...-G...-AG...-TTT...-T-AT--G-A-A-A-A...-A...-G...-T...5509				
F2.CM.95.MP255	-...-G...-AG...-CTT...-T-AT--G--A-A-A...-AAT...GCT-A...-T...5521				
F2.CM.95.MP257	-...-G...-G...-CT...-T-AT--G--A-A-A...-A...-G...-T...5527				
F2.CM.97.CM53657	-...-G...-A...-CTT...-T-AT--G--A-A-A...-A...-G...-T...5509				
G.BE.96.DRCBL	A...-A...-AC...-G-TT...-T-A...-T-G...-A...-T...-G...-G...6280				
G.CM.01.01CM_4049HAN	-...-A...-T...-A...-T...-T-A...-T-G...-A...-T...-CT...-A-T...5527				
G.ES.99.X138	A...-C...-A...-G-TT...-T-A...-AT-G...-A...-T...-A...-CT...-A-T...5767				
G.FI.93.HH8793_12_1	A...-A...-A...-G-T...-T-A...-T-G...-A...-T...-T...-CT...-A-T...5726				
G.NG.92.92NG083	A...-A...-A...-G-T...-T-A...-T-G-A-A...-T...-CT...-A-T...5685				
G.SE.93.SE6165	A...-A...-T...-A...-G-T...-T-A...-T-G...-A...-T...-CT...-A-T...5723				
H.BE.93.VI991	A...-AG...-T-AA--T-G-T...-C...-T-GT...-G...5698				
H.BE.93.VI997	A...-A-G...-G...-T...-T-A-TT-G-T...-C...-T-A...-G...-G...5625				
H.CF.90.056	A...-AG...-A...-T-AA-T-G-T...-C...-G...-G...-C...5660				
J.SE.93.SE7887	-...-AC...-A...-T...-A...-A...-A...-T...-AG--A-A...-G...5639				
J.SE.94.SE7022	-...-AG...-CT...-A...-T...-A...-A...-T...-AG...-G...-G...5640				
K.CD.97.EQTB11C	-...-G...-A-C...-T...-T-AT--T-G--A-A-A...-C...-G...-A-C...5515				
K.CM.96.MP535	-...-ACA...-G...-AC...-T...-T-AT--T-G-A-A...-CAA-G...-C...5519				
01_AE.TH.00.OUR200I	C...-A...-A...-G-T...-T-A...-T-G-A-A...-G...-CT...-C...5528				
01_AE.TH.01.OUR414I	A...-A...-T...-A...-G-T...-T-A...-T-G-A...-T...-CT...-A-C...5516				
01_AE.TH.02.OUR769I	A...-A...-C-G...-G-TT...-T-A-A...-T-G-A...-T...-CT...-A-T...5519				
01_AE.TH.90.CM240	A...-A...-A...-G-T...-T-A...-T-G...-A...-T...-CT...-C...5888				

						Vpu end \	Env signal peptide end \	Env gp120 start
B.FR.83.HXB2	G...CACTTG...TGGAGATGG.....GGGTGGAGATGGGGCACC.....ATGCTCCTTGGGATGTTGATG...ATCTGT					AGTGCTACA...GAA		6320
02_AG.CM.02.02CM.1669LE	A...TT--A.....-T-TG.....-A-AT-T---A-A--ATA--T---							5516
02_AG.FR.91.DJ264	A...-T--C.....-A--T-TG.....-AA-AT-T---AA--A--T---							5672
02_AG.NG.-.IBNG	A...-T--A.....-ATA-AT-T---AA--A--T---							5847
02_AG.UZ.02.02UZ693	C...TC--A.....-T-G.....-AA-AT-T---AC--A--T---							5510
03_AB.BY.00.98BY10443A.....-T-T.....-C.....-A.....							6310
03_AB.RU.97.KAL153.2A.....-T-T.....-C.....							5533
03_AB.RU.98.RU9800IA.....-T.....-C.....							5677
04_cpx.CY.94.CY032	A.....GA--A--T.....T--A.....T--G--A.....-CT--A-C							5690
04_cpx.GR.91.97PVCH	A.....GA--G--T.....T--A.....T--G--A.....-G.....-CT--A--							6359
04_cpx.GR.97.97PVMY	A...-G.....-C--G--T.....T-CA--T--T--G--A.....-T.....-CT--A-T							6703
05_DF.BE.-.VI1310G.....-AG--C-TT.....T-AT--G--A--A--A.....-C							5538
05_DF.BE.93.VI961G.....-A--C-TT.....T-AT--G--A--A--A.....-G--C							5683
05_DF.ES.99.X492G.....-A--C-TT.....T-AT--G--A--A--A.....-A--G--A--C							5676
06_cpx.AU.96.BFP90	A.....A.....-A--G--T.....T--A.....T--G--A.....-CT--T...A-G							6356
06_cpx.EE.-.EE0359	A.....A.....-A--A--T.....T--A.....T--G--A.....-T.....-CT--A-G							5982
06_cpx.ML.95.95ML127-T--A.....-A--A--T.....T--A.....T--G--A.....-T--CT--A-T							6343
06_cpx.SN.97.97SE1078	A.....A.....-A--A--T.....T--A.....T--G--A.....-T.....-CT--C-G							6385
07_BC.CN.-.CNGL179-T--A.....-T.....-G--GT...-G							5531
07_BC.CN.97.97CN001-T--A.....-G--GT...-A							5651
07_BC.CN.97.CN54-T--A.....-G--GT...-A							5681
07_BC.CN.98.98CN009-T--A.....-G--GT...-G							5651
08_BC.CN.97.97CNGX.6F	A...-A-G.....-T-----GT.....T-AGG-T-T-----A-----T-----A--TGGA...-G							5493
08_BC.CN.97.97CNGX.7F	A...-A-G.....-T-----GT.....T-AGG-T-T-----A-----T-----A--TGGA...-G							5499
08_BC.CN.97.97CNGX.9F	A...-A-G.....-T-----GT.....T-AGG-T-T-----A-----T-----A--TGGA...-G							5493
08_BC.CN.98.98CN006	A...-A-G.....-T-G-----GT.....T-AGG-T-T-----A-----AT-----A--TGGG...-G							5642
09_cpx.GH.96.96GH2911	A...A.....-CT.....-A-T-----A-----T-----A--G-----C							5531
09_cpx.SN.95.95SN1795	...A.....-CT.....-A-T-----A-----C-----T-----A--G-----C							5531
09_cpx.SN.95.95SN7808	A...A.....-TCT.....-A-T-----A-----T-----A--G-----C							5519
09_cpx.US.99.99DE4057	A...A--G.....-A-----CT.....-A-T-----A-----A-----T-----A--G-----C							5516
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061	A...-A-G.....-T-----A-T.....T-AGG-T-T-----A-----T-----A--A-GG...-G							5717
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071	A...-A-G.....-T-----T.....T-AGG-T-T-----A-----T-----A--GG...-G							5708
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110	A...-CA-G.....-T-----T.....T-AGG-T-T-----A-----T-----A--TG--G...-GG							5706
11_cpx.CM.02.02CM.2190SA	C...A.....-A-----CT.....-A-T-G--A-----A-----A-----G-----C							5514
11_cpx.CM.96.4496	C...A.....-A-----CT.....-A-T-----A-----A-----T-----A-----G-----C							5685
11_cpx.FR.99.MP1298	C...A.....-A-----CT.....-A-T-----A-----A-----T-----A-----G-----C							6320
11_cpx.GR.-.GR17	C...A.....-A-----CT.....-A-T-----A-----A-----AA-G-----C							5623
12_BF.AR.97.A32879G.....-C-----CT.....T-AT--T-G--A--A-----A-----A-----							5892
12_BF.AR.99.ARMA159-T-----G.....-AC--TT.....T-AT--G--A--A-----A-----A-----							6321
12_BF.ES.02.X1241G.....-C-----CT.....T-AT--T-G--A--A-----A-----A-----							5570
12_BF.UY.99.URTR23G.....-A-----CT.....T--T--T-G-----A--A-----AA-G-----C							6339
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	A...A.....-A-----AG-T.....T--A-----T--G-----C--T-----A--CT-----C							5551
13_cpx.CM.96.1849	A...A.....-A-----A--T.....T--A-----T--G-----A-----T-----CT-----A-T							5730
13_cpx.CM.96.4164	A...A.....-A-----A--T.....T--A-----T--G-----A-----T-----CT-----GC							5730
14_BG.ES.00.X605	A...TC.....-A-----G--T.....T--A-----T--G-----A-----T-----CT-----A-T							5764
14_BG.ES.00.X623	A...A--K.....-A-----G--T.....T--A-----T--G-----A-----T-----CT-----T							5766
14_BG.ES.99.X397	A...TC.....-A-----G--T.....T--A-----T--G-----A-----T-----CT-----A-T							5767
14_BG.ES.99.X421	A...TC.....-A-----G--T.....T--A-----T--G-----A-----T-----CT-----A-T							5764
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	A...A.....-A-----A--T.....T--A-----T--G-----A-----G-----CT-----A-C							5552
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	A...A--G.....-A-----G--T.....T--A-----T--G-----A-----G-----CT-----A-C							5540
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	A...A.....-A-----G--T.....T--A-----T--G-----A-----T-----G-----							5716
15_01B.TH.99.99TH_R2399	A...A--G.....-A-----G--T.....T--A-----T--G-----A-----T-----CT-----A-C							5693
16_A2D.KR.97.97KR004	A.....A.....-A-----A-T.....T--A-TT-G-----C-A-----TA-----AA-----							5686
18_cpx.CM.97.CM53379	A...GG.....-A-----AA--G--T-----C-----G--G-----G							5518
N.CM.-.YBF106CC--TC...TT.....TGT--GATA-GC---CA...--TG-G.....T-T---C							5877
N.CM.02.DJ00131	A.....T--T-CT-T...C-----AA--TTG.....ACA-T--GGT-T...A--							5792
N.CM.95.YBF30TGG--TG.....-A-AGTGG-T-----AC-C...T--A-CTTCTAGTAAGCTTGATCAAGGTA--GGT-T...							5907
O.BE.87.ANT70	...A-G--A.....-CC-T...TA.....T-AGC-A-G-CTT--A-A-CC...CCA.....TTGAGCCTT...AG							6368
O.CM.-.96CMABB637	...A-G--A...-C...-A--A-G-CTT--C-A--C...CCA.....TTGAAC-T...-C							5809
O.CM.91.MVP5180	...A-G-CA.....-C-TA...TA.....-AGC-A-G-CTT--C-A--C...CCA--TTG.....-TA--GT...A-							6358
O.SN.99.SEMP1300	...A-G--A...G...-TC-T...TG.....-G-TA-G-CTT--A-A-CC...CCA.....TTGAGCCAT...A-C							6379
CPZ.CD.-.ANT-T-CATATT-TT.....TG-GGT--G-CTT--C-A--C...CAG-T-ATA.....GAGAGGGG...ACG							5743
CPZ.GA.-.CPZGAB	-AACAG--ATCC.....-T-ATTACA-T...-AACAA-CATTT--C-A-CC...CCA.....TTGA-CT-T...							6384
CPZ.TZ.-.TAN1G-A.....-T-ACT...TTG.....-C--A-AATT-CAA-CC-A...GGGAT...G-ATT--GC...ACT							5943
CPZ.US.85.CPZUS	-CTAAGT-AT.....TGT.....C-T--TCGA-CT--A-A--C...CCAG-A.....TTGT--...ACT							6391
Vpu	...A L...V E M...G V E M G H...H A P W D V D...D L...*							Vpu
Env gp120	...H L...W R W...G W R W G T...M L L G M L M...I C...S A T...E							Env
						Env signal peptide end \	Env gp120 start	
						J. Virol 66:5114-8 (1992)		

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2AAATTG...TGGGTACACAGTCTATTATGGGGTACCTGTGTGGAAGGAAGCAACCACCCTCTATTTTGTGCATCAGATGCTAAAGCATATGATACAGAGGTACATAATGTTGGGCCA	6435
A1.KE.94.Q23_17-C-----T--T-----GA-T--GA-----CT-----G---AAAG-----C---T-	5899
A1.RU.03.03RU20_06_13-C-----G-A-C-----GA-T--GAG-----C-----G-A-A-C-----C---T-	5909
A1.SE.94.SE7253-C-----T--T-----C-----A-T--GAG-----C-----C-----A-G---AA-G---A---T-	5648
A1.TZ.01.A173-C-A-----T-----C-----A-----A-T--GAG-----CT-G-----G-----G-A-G-----C---T-	5635
A1.UA.00.98UA00116-C-A-----G-A-C-----GA-T--GAG-----C-----A-----A-A-C-----C---T-	6434
A1.UG.92.92UG037-C-----T--T-----C-----A-A-----T--AT-----CT-----G-----A-G-----C---T-	5811
A1.UG.98.98UG57136-C-----T--T-----C-----GA-T--GAG-----CT-----A--T-----AA-G-----C---T-	5646
A2.CD.97.97CDKFE4G-T-G-----A-C-----A-----A-T--GAA-----CT-----C-----A-----G-A-CG-----C---T-	5100
A2.CD.97.97CDKS10G-T-----A-C-----A-----GA-T--GAT-----C-----C-----C-----AAAG-----C---T-	2551
A2.CD.97.97CDKTB48G-T-----A-C-----A-----A-T--GAT-----TC-----C-----A-G-----A-----T-	5778
A2.CY.94.94CY017_41G-T-----A-C-----A-----A-T--GAT-----TC-----C-----A-G-----A-----T-	5795
A3.SN.01.DDI579-C-----G-----C-----G-----A-C--GAG-----C-----C-----CA--A-G-----T-	5642
A3.SN.01.DDJ369-G-----C-----G-----A-C--GAG-----C-----C-----GCG--A-G-----T-	5645
A3.SN.96.DDJ360-C-----G-----C-----G-----A-C--GAG-----C-----C-----CA--A-G-----T-	5642
B.AR.00.ARMS008	AATAATAATACT--T-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----	5672
B.AU.96.MBCD36-G-----G-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----	5789
B.CO.01.PCM074A-----A-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----	5647
B.GA.88.OYI-T-----A-----C-----G-----C-----C-----C-----C-----C-----	5974
B.NL.00.671_00T36-T-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----	5996
B.RU.-.04RU129005-C-----A-----C-----T-----C-----G-----TGA-----Y-----A-----	5935
B.TH.90.BK132-T-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----	5782
B.US.90.WEAU160-C-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----	6430
B.US.98.1058_11C-G-----C-----GA-----AA-----G-----A-----A-----	5630
C.AR.01.ARG4006-C-A-----A-----A-----AA-T--T-----G-----A-G-----C---T-	5623
C.BR.-.04BR013-C-----A-----AA-T--C-----A-----A-G-----C---T-	5917
C.BR.92.BR025-d-C-----G-A-----A-----AA-T-----C-----C-----G-A-G-----C---T-	5790
C.BW.00.00BW07621-C-----AG-T-----GA-----AG-T-----C-G-A-G-----C---T-	5806
C.ET.86.ETH2220-C-----A-----A-T--G-C-T-----A-----A-----C-----GT-	5844
C.IN.95.95IN21068-C-----AT--T-A-----C-----G-A-A-G-----C---T-	5782
C.IN.99.01IN565_10-C-----T-----A-----AA-T-----C-----C-A-A-G-----C---T-	5815
C.KE.00.KER2010-C-----C-----AAG-TC-----C-----G-A-A-G-----C---T-	5624
C.TZ.01.BD9_11-C-C-----T-----GA-----A--T-----C-----G-A-----G-----C---T-	5651
C.UY.01.TRA3011-C-----A-----C-A-----AAG-T-----C-----C-----A-G-----C---T-	5624
C.ZA.04.SK164B1-C-C-----T-----CA-----AA-T-----C-----G-A-----A-----T-	5853
C.ZM.96.96ZM651-C-----A-----AA-T-----C-----T-----G-A-A-G-----C---T-	5772
D.CD.83.ELI-TC-----T-----G-----A-----T-----A-----C-----A-C-----	5977
D.CD.83.NDKG-T-----T-----G--A-A-----T-----T-----A-A-A-----C-----A-C-----	5966
D.CM.01.01CM_4412HAL-T-----A-----G-----A-----A-----AA-----T-----T-----A-A-----C-----A-C-----	5648
D.KE.01.NKU3006-G-----T-----A-----A-----A-----AG-----T-----T-----AG-----C-----A-C-----	5636
D.TD.99.MN012-G-----G-----G-----A-----A-----AA-----C-----T-----GT-A-AG-----C-----A-A-----TT	5658
D.TZ.01.A280C-G-----A-----T-----GA-----A-----T-----T-----C-----C-----A-C-----T-	5632
D.UG.94.94UG114-G-C-----T-----G-----A-----T-----T-----G-----A-AG-----C-----CA-C-----T-	5786
D.UG.99.99UGD23550-T-----T-----T-----T-----T-----A-----C-----A-C-----T-	5669
D.UG.99.99UGK09958-G-----T-----T-----A-C-----T-----T-----A-AG-----C-----CA-C-----T-	5630
D.ZA.86.R482-T-----T-----G-----C-----G-----T-----T-----A-A-----C-----A-C-----T-	5695
F1.BE.93.VI850-C-----A-----T-----C-----T-----A-G-----C-----C-----	5781
F1.BR.89.BZ126-C-----A-----T-----C-----T-----A-A-----C-----C-----T-	5778
F1.BR.93.93BR020_1-C-A-----T-----A-----T-----C-----T-----A-A-----C-----C-----T-	5766
F1.FI.93.FIN9363G-C-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----A-A-A-----C-----T-	5770
F1.FR.96.MP411-C-----T-----A-----T--GT-----C-----G-----A-G-A-G-----C-----	5638
F2.CM.02.02CM_0016BBY-C-----A-----A-----A-----T-----G-----A-A-----C-----C-----T-	5624
F2.CM.95.MP255G-C-----A-----A-----C-----T-----G-----CC--A-----C-----T-	5636
F2.CM.95.MP257-G-----A-----A-----A-----T-----A-G-----C-----C-----T-	5642
F2.CM.97.CM53657-C-----A-----A-----A-----T-----A-G-----A-----C-----T-	5624
G.BE.96.DRCBL-A-----G-A-T--ATG-C-----T-----T-----C-AG--T--AAGT-----A-C-----	6395
G.CM.01.01CM_4049HAN-C-----C-----G-A-----ATC-----C--C-----T-----AG-T--T--AAA-----C-----T-	5642
G.ES.99.X138G-C-----G-----T--AT-----T-----T-----AG--T--AAGC-----C-----T-	5882
G.FI.93.HH8793_12_1-C-----G-A-C--AG-----T-----T-----AG--T--AG-----A-C-----T-	5841
G.NG.92.92NG083-C-----G-A-T--GAT--C-C-----C-----C-----T-----T-----AG-T--T--AAA-----C-----T-	5800
G.SE.93.SE6165-G-A-T--GAT-----C-----C-----C-----T-----AG-G-T--AAGC-----C-----T-	5838
H.BE.93.VI991-C-----A-----G-----A-----AG--T-----C-----C-----AAGG-----A--T-	5813
H.BE.93.VI997-C-----T-----A-----G-----A-----AA-----C-----G-----GC--AAAG-----C-----T-	5740
H.CF.90.056-C-----T-----A-----A-G--AA-----C-----G-----G-----AAAG-----C-----T-	5775
J.SE.93.SE7887G-C-----A-----T--AG-----T-----C-----T-----AG--T--AAA-----C-----T-	5754
J.SE.94.SE7022-C-----GA-T--AG-----T-----C-----T-----AG--T--AAA-----C-----T-	5755
K.CD.97.EQTB11C-C-----A-----A-----C-----A-----A-----C-----T-----	5630
K.CM.96.MP535-C-----A-----AC-----C-----C-----G-AG-----C-----T-	5634
01_AE.TH.00.OUR200I-C-----T-----T-----T-----GA-T--GAT-----C-----C-----C--TG--A-G-----C-----	5643
01_AE.TH.01.OUR4141-C-----T-----T-----T-----GA-T--GAA-----C-----C-----C-C-G--A-G-C-----C-----	5631
01_AE.TH.02.OUR769I-C-----T-----T-----A-C-----GA-T--GAT-----C-----C-----C-----G-A-G-----C-----	5634
01_AE.TH.90.CM240-C-----T-----T-----G-----GA-T--GAT-----C-----C-----C--G--C--G--A-G-C-----C-----	6003

B.FR.83.HXB2AAATTG...TGGGTCACAGTCTATTATATGGGGTACCTGTGTGGAAGGAAGCAACCACCCTCTATTTTGTGCATCAGATGCTAAAGCATATGATACAGAGGTACATAATGTTGGGCCA 6435

02 AG.CM.02.02CM.1669LEG-----G-----C-----GA-C--GAT----C-----C-----GA-----A-C-----T-----T----- 5631

02 AG.FR.91.DJ264G-----G-----C-----GA-T--GAA-----C-----C-----GT--A-----C-----T-----T----- 5787

02 AG.NG.-.IBNGC-----G-----C-----ACG--GAG-----C-----C-----A-----C-----T-----T----- 5962

02 AG.UZ.02.02UZ693T-----G-----C-----A-----A-T--AG-----C-----C-----A-----A-----A-C-----T-----T----- 5625

03 AB.BY.00.98BY10443T-A.....A-----AG--AG-----T-----T----- 6425

03 AB.RU.97.KAL153_2T-A.....T-----A-----AG--AG-----T-----T----- 5648

03 AB.RU.98.RU9800IT-A.....A-----AG--AG-----T-----T----- 5792

04 cpx.CY.94.CY032T-----T-----GA-C--GAG----C-----A-----G-A--A-----A-C-----T-----T----- 5805

04 cpx.GR.91.97PVCHG-CA.....T-----GA-C--GAG--AG--CGAW-----A-AA-----A-C-----T-----T----- 6474

04 cpx.GR.97.97PVMYC-----T-----GA-C--GAG--T-C-C-----A-A-----A-C-----T-----T----- 6468

05 DF.BE.-.VI1310T-----A-----GA-----AA-T--C-G-----G-----C-A-----C-----T-----T----- 5823

05 DF.BE.93.VI961C-----A-----A-----T-----G-----A-A-----C-----T-----T----- 5798

05 DF.ES.99.X492C-----A-----A-----A-G-----C-A-----C-----T-----T----- 5791

06 cpx.AU.96.BFP90CA-----T-----G-----C--G-A-T--GAT----T-----T-----AG-C-T--TAAG-----C-----A----- 6471

06 cpx.EE.-.EE0359G-C-----T-----G-----CA-G-A-T--GAT----T-----T-----C-----C-----AG--T--AAAG-----C-----T----- 6097

06 cpx.ML.95.95ML127C-----G-----A-G-----C--G-A-T--GAT----T-----T-----AG-G-T--AAG-----C-----T----- 6458

06 cpx.SN.97.97SE1078CA-----G-----CT--G-A-T--GAT----T-----T-----AG-G-T--AAAG-----C-----T----- 6500

07 BC.CN.-.CNGL179C-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 5646

07 BC.CN.97.97CN001C-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 5766

07 BC.CN.97.CN54C-----A-----A-----GG-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 5796

07 BC.CN.98.98CN009C-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 5766

08 BC.CN.97.97CNGX_6FC-----A-----AA-T-----C-----G-----G-----A-G-----C-----T-----T----- 5608

08 BC.CN.97.97CNGX_7FC-----A-----AA-T-----C-----G-----G-----A-G-----C-----T-----T----- 5614

08 BC.CN.97.97CNGX_9FC-----A-----AA-T-----C-----G-----G-----A-G-----C-----T-----T----- 5608

08 BC.CN.98.98CN006C-----A-----AA-T-----C-----G-----G-----A-G-----C-----T-----T----- 5757

09 cpx.GH.96.96GH2911C-----A-G--GAG--CT-----C-G-----CTC--A--AAA-----T-----T----- 5646

09 cpx.SN.95.95SN1795C-----A-----A-T--GAG--C-----C-----G-----CTC-----AAA-----C-----T-----T----- 5646

09 cpx.SN.95.95SN7808C-----C-----GAG--C-----G-----G-----CTCC-----AAA-----C-----T-----T----- 5634

09 cpx.US.99.99DE4057C-----A-----A-G-----GAA-----C-----C-----GT--C-T-----AAA-----C-----T-----T----- 5631

10 CD.TZ.96.96TZ_BF061G-----A-----A-----A-----T-----C-----CA-AG-----C-----A-C-----T-----T----- 5832

10 CD.TZ.96.96TZ_BF071CC-----A-----A-----A-----T-----T-----TAT--A-AGA-----C-----A-C-----TG-----T----- 5823

10 CD.TZ.96.96TZ_BF110A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----A-A-----A-C-----T-----T----- 5821

11 cpx.CM.02.02CM.2190SAC-----A-----T-----A-G-----T-----C-----G-----AG--T--AA-----C-----T-----T----- 5629

11 cpx.CM.96.4496G-C-----C-----T-----G-A-T--GAT----T-----T-----AG--T--AAA-----C-----T-----T----- 5800

11 cpx.FR.99.MP1298C-----CGA-T--AT-----T-----T-----GT-AG--T--AAA-----C-----T-----T----- 6435

11 cpx.GR.-.GR17A-----GA-T--GGAT--T-----T-----G-A--AG--T--AAA-----C-----T-----T----- 5738

12 BF.AR.97.A32879T-----A-----A-C-T-----C-----G-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 6007

12 BF.AR.99.ARMA159T-----A-----T-----C-----T-----T-----A-GG-----C-----T-----T-----T-----T----- 6436

12 BF.ES.02.X1241T-----A-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----T----- 5685

12 BF.UY.99.URTR23T-----A-----T-----C-----T-----T-----A-A-----C-----T-----T-----T-----T----- 6454

13 cpx.CM.02.02CM.3226MNC-----T-----A-T-----G-----T--GAG--T-----A-----C-----AAA-----C-----T-----T----- 5666

13 cpx.CM.96.1849C-----T-----T-----GA-T--GAG--C-----G-----TC-----AAA-----C-----T-----T----- 5845

13 cpx.CM.96.4164C-----T-----T-----GA-T--GAG--C-----G-----AC-----AAA-----C-----T-----T----- 5845

14 BG.ES.00.X605G-C-A.....A-----A-----C-----G-----AT-G--A-C-----T-----T----- 5879

14 BG.ES.00.X623C-----A-----A-----C-----C-----AT-G--A-C-----T-----T----- 5881

14 BG.ES.99.X397G-C-A.....A-----A-----C-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 5882

14 BG.ES.99.X421G-C-A.....A-----A-----C-----R-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 5879

15 01B.TH.02.02TH_OUR1331C-----T-----A-----A-----C-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 5667

15 01B.TH.02.02TH_OUR1332C-----T-----A-----GA-----C-----A-----G-----T-----T-----AAA-----C-----T-----T-----T----- 5655

15 01B.TH.99.99TH_MU2079C-----A-----A-C-T-----C-----T-----C-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 5831

15 01B.TH.99.99TH_R2399T-----T-----T-----T-----A-T--GAT----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C----- 5808

16 A2D.KR.97.97KR004G-TC.....A-C-----A-----GA-T--GAG--T--C-----A-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T----- 5801

18 cpx.CM.97.CM53379C-----A-----G-----GA-T--GAT----T-----T-----T-----AG--T--AAA-----C-----T-----T----- 5633

N.CM.-.YBF106CC-CAT.....A-----G-----C-----A-----A-----GA-C--GAG--AGT--T--C--C--T-----CC--AG-----CT--C--CA-C----- 5992

N.CM.02.DJ00131AT-----CA-----G-----C-----A-----A-----GA-T-T-GAA--AGT--T--C--C--C-----CC--AG-----CT--C--CA-C----- 5907

N.CM.95.YBF30C-----CAT.....A-----G-----C-----A-----A-----GA-----GAG--A-----T--C-----T-----CC--AG-----CT--C--CA-C----- 6022

O.BE.87.ANT70C-GC-A...-AT-CA-----GC-----G-----A-----G-A-T-----AC-AGTA-----C-----T-----CCT-ACAAGC--T--AAAG-----A-----AT----- 6483

O.CM.-.96CMABB637C-GC-A...-AT-CA-----T-----C-----G-----G-A-T-----C-A-AT-----C-----T-----CCTTAC-AGC--T--AAG-----A-----AT----- 5924

O.CM.91.MVP5180C-----AT-C-----T-----C-----A-----G-A-G-----G-AC-AGTA-----C-----T-----CCT-ACAAGC--T--ACAG-----A-----AT----- 6473

O.SN.99.SEMP1300C-----CAC...-AT-CA-----GC-----A-----G-A-G-----C-AGTA-----C-----T-----T-----CTT-ACGAGC--T--CAG-----A-----AT----- 6494

CPZ.CD.-.ANTTGAAGAC-AT--A-----A-TC-----A-----C-----C-----GAA-T--G--AC-T-----CA--A-----CTCCATGACAAG-----G-----C-----A-----A----- 5861

CPZ.GA.-.CPZGABG-G-A...-A-----A-----A-----T-----C-----T-----TGA-C-GGTA--C-----C-----C-----G-----C-----AG-----CT-----A-----A----- 6499

CPZ.TZ.-.TAN1T-----ACAC-----G-T-----A-----T-----A-----G-----CCAAC-A--CT-G-----C-----T-----G-TATTAC-AG--G-----TAA--C--CA-A-----A----- 6055

CPZ.US.85.CPZUSGC-A...-CT-----A-----A-----GA-T-T-GAG--A--CT-----C-----C-----T-----A-----G-----CA-GCAG-----CC--C--CA----- 6506

Env gp120K L . W V T V Y Y G V P V W K E A T T T L F C A S D A K A Y D T E V H N V W A Env

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	CACATGCCTGTGTACCCACAGACCCCAACCCACAAGAAGTAGTATTGGTAAATGTGACAGAAAATTTTAAACATGTGGAAAATGACATGGTAGAACAGATGCATGAGGATATAATCAGTTTATGGGATCA	6565
A1.KE.94.Q23_17	-----T-----	6029
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----A-----	6039
A1.SE.94.SE7253	-----C-----	5778
A1.TZ.01.A173	-----T-----	5765
A1.UA.00.98UA0116	-----C-----	6564
A1.UG.92.92UG037	-----G-----	5941
A1.UG.98.98UG57136	-----T-----	5776
A2.CD.97.97CDKFE4	5100
A2.CD.97.97CDKS10	-----A-----	2681
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-----	5908
A2.CY.94.94CY017_41	-----A-----	5925
A3.SN.01.DDI579	-----C-----	5772
A3.SN.01.DDJ369	-----G-----	5775
A3.SN.96.DDJ360	-----C-----	5772
B.AR.00.ARMS008	-----TG-----	5802
B.AU.96.MBCD36	-----G-----	5919
B.CO.01.PCM074	-----A-----	5777
B.GA.88.OYI	-----T-----	6104
B.NL.00.671_00T36	-----T-----	6126
B.RU.-.04RUI29005	-----R-----	6065
B.TH.90.BK132	-----Y-----	5912
B.US.90.WEAU160	-----A-----	6560
B.US.98.1058_11	-----C-----	5760
C.AR.01.ARG4006	-----T-----	5753
C.BR.-.04BR013	-----T-----	6047
C.BR.92.BR025-d	-----T-----	5920
C.BW.00.00BW07621	-----C-----	5936
C.ET.86.ETH2220	-----TT-----	5974
C.IN.95.95IN21068	-----C-----	5912
C.IN.99.01IN5655_10	-----G-----	5945
C.KE.00.KER2010	-----G-----	5754
C.TZ.01.BD9_11	-----C-----	5781
C.UY.01.TRA3011	-----G-----	5754
C.ZA.04.SK164B1	-----G-----	5983
C.ZM.96.96ZM651	-----G-----	5902
D.CD.83.ELI	-----G-----	6107
D.CD.83.NDK	-----G-----	6096
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----G-----	5778
D.KE.01.NKU3006	-----A-----	5766
D.TD.99.MN012	-----C-----	5788
D.TZ.01.A280	-----C-----	5762
D.UG.94.94UG114	-----A-----	5916
D.UG.99.99UGD23550	-----A-----	5799
D.UG.99.99UGK09958	-----A-----	5760
D.ZA.86.R482	-----G-----	5825
F1.BE.93.VI850	-----T-----	5911
F1.BR.89.BZ126	-----T-----	5908
F1.BR.93.93BR020_1	-----T-----	5896
F1.FI.93.FIN9363	-----T-----	5897
F1.FR.96.MP411	-----C-----	5768
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----T-----	5754
F2.CM.95.MP255	-----T-----	5766
F2.CM.95.MP257	-----T-----	5772
F2.CM.97.CM53657	-----T-----	5754
G.BE.96.DRCBL	-----T-----	6525
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----G-----	5772
G.ES.99.X138	-----G-----	6012
G.FI.93.HH8793_12_1	-----G-----	5971
G.NG.92.92NG083	-----T-----	5930
G.SE.93.SE6165	-----A-----	5968
H.BE.93.VI991	-----A-----	5943
H.BE.93.VI997	-----G-----	5870
H.CF.90.056	-----A-----	5905
J.SE.93.SE7887	-----T-----	5884
J.SE.94.SE7022	-----T-----	5885
K.CD.97.EQTB11C	-----G-----	5760
K.CM.96.MP535	-----C-----	5764
01_AE.TH.00.OUR200I	-----A-----	5773
01_AE.TH.01.OUR414I	-----A-----	5761
01_AE.TH.02.OUR769I	-----A-----	5764
01_AE.TH.90.CM240	-----A-----	6133

B. FR. 83. HXB2 CACATGCCTGTGTACCCACAGACCCCAACCCACAAGAAGTAGTATTGGTAAATGTGACAGAAAATTTTAAACATGTGGAAAATGCATGGTAGAACAGATGCATGAGGATATAATCAGTTTATGGGATCA 6565

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE -----C-----T-----A--TAT---A---A-----A-----G-----CA-----T-----C----- 5761

02 AG. FR. 91. DJ264 -----T-----G-----A--CAT--AA---A-----G-----A-----A-----T---C-----C----- 5917

02 AG. NG. -. IBNG -----T-----A-----A--CAT--A---A-----G-----A-----A-----T---C-----C----- 6092

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 -----T-----T-----A--CAT--A---A-----C-----A-----G-----A-----T---C-----C----- 5755

03 AB. BY. 00. 98BY10443 -----T-----G-----A--C-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A----- 6555

03 AB. RU. 97. KAL153 2 -----T-----G-----A--CC--AA---A-----G-----G-----A-----A-----A----- 5778

03 AB. RU. 98. RU98001 -----T-----G-----A--CC--A---A-----G-----C-----G-----A-----A----- 5922

04 cpx. CY. 94. CY032 -----CTC--A---A-----G--C-----A-----A-----A-----A----- 5935

04 cpx. GR. 91. 97PVCH -----T-----CTC--AC---A-----G-----G-----AG--C-----G----- 6604

04 cpx. GR. 97. 97PVMY -----A--T--TC--AA---A-----G-----A-----A-----A-----GG----- 6598

05 DF. BE. -. VI1310 -----T-----TC--G---A-----T-----A-----ACA-----T----- 5953

05 DF. BE. 93. VI961 -----T-----T-----CTC--A---A-----T-----A-----A-----CA----- 5928

05 DF. ES. 99. X492 -----T-----T-----A--TA--A---A-----T-----A-----A-----C----- 5921

06 cpx. AU. 96. BFP90 -----T-----A--TCTC--AA---A-----T-----A-----C-----A-----G----- 6601

06 cpx. EE. -. EE0359 -----T-----A--CCT--A---A-----A-----A-----C-----AA-----G----- 6227

06 cpx. ML. 95. 95ML127 -----T-----A--CCTC--AA---A-----T-----G-----C-----T-----G----- 6588

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 -----T-----A--AA--C--A---A-----T-----A-----A-----T-----GG----- 6630

07 BC. CN. -. CNGL179 -----G-----A--G--T--A---A-----A-----A--A-T-----A--G--C----- 5776

07 BC. CN. 97. 97CN001 -----G-----A--G--T--A---A-----A-----A--A-T-----G--A--G----- 5896

07 BC. CN. 97. CN54 -----G-----A--G--T--A---A-----A-----A--A-T-----G--A--G----- 5926

07 BC. CN. 98. 98CN009 -----A--GT--T--A---A-----A-----A--A-T-----A--G----- 5896

08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F -----G-----A--TA--A---A-----T-----T-----GA--T-----G--C----- 5738

08 BC. CN. 97. 97CNGX_7F -----A--TA--A---A-----T-----T-----GA--T-----G----- 5744

08 BC. CN. 97. 97CNGX_9F -----A--TA--A---A-----T-----T-----GA--T-----G----- 5738

08 BC. CN. 98. 98CN006 -----C--A--GT--TA--AG---A-----T-----T-----GA--T-----G--G-----C----- 5887

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 -----G-----G-----A--GTC--G---A-----A-----A-----G-----A--A--C-----C----- 5776

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 -----G-----G-----A--GTC--G---A-----A-----A-----G-----A--C-----C----- 5776

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 -----G-----G-----A--AGTC--A--A---A-----T-----AG-----G-----A-----C-----C----- 5764

09 cpx. US. 99. 99DE4057 -----G-----G-----A--TC--A---A-----A-----AG-----AG-----C--A--C-----C----- 5761

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061 -----C-----T-----G-----A--T--A---A-----T-----G-----G--T----- 5962

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071 -----C-----T-----AG--A--A---A-----T-----T-----T----- 5953

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110 -----C-----T-----A--T--A---A-----T-----G-----G--T----- 5951

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA -----GA--CCTC--AA---A--A--G--G-----AGT-----C--A-----C-----G----- 5759

11 cpx. CM. 96. 4496 -----GA--CCTC--G---A-----AGT-----AGT-----C-----G----- 5930

11 cpx. FR. 99. MP1298 -----CT-----GA--T--TC--A---A-----A-----A-----C-----C-----G----- 6565

11 cpx. GR. -. GR17 -----CT-----G-----C--AGTC--A--A---A-----A-----A-----G-----C-----G----- 5868

12 BF. AR. 97. A32879 -----T-----G-----C--ATC--A---A-----G--T-----A-----A-----ACA--G--A----- 6137

12 BF. AR. 99. ARMA159 -----C-----T--A--T-----TC--A---A-----G--T-----A-----A-----ACA----- 6566

12 BF. ES. 02. X1241 -----T-----T-----AATC-----A-----G--T-----A-----A-----ACA----- 5815

12 BF. UY. 99. URTR23 -----T-----T-----A--C--AA---A-----T-----A-----A-----CA----- 6584

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN -----T--T-----A--AA--CC-----A--G--A-----A-----CA--G-----GACA-----T--C----- 5796

13 cpx. CM. 96. 1849 -----A--AAT--A--GC-----C-----G-----CA--T-----G-----ACA-----T--A----- 5975

13 cpx. CM. 96. 4164 -----A--AACA--C-----C-----CA--T-----G-----A-----T--C----- 5975

14 BG. ES. 00. X605 -----C-----A-----C-----G-----A-----G-----G----- 6009

14 BG. ES. 00. X623 -----C-----G-----C-----G-----A-----C-----G----- 6011

14 BG. ES. 99. X397 -----C-----A-----C-----G-----A-----C-----G----- 6012

14 BG. ES. 99. X421 -----C-----A-----C-----G-----A-----C-----G----- 6009

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 -----A--C--A-----C-----C-----A-----A-----A-----C----- 5797

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 -----C-----GG-----C-----A-----A-----A-----C----- 5785

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 -----G-----G-----A--A--G-----C-----G-----T-----G--A-----C----- 5961

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 -----G-----C-----C-----G-----A-----C-----A-----A----- 5938

16 A2D. KR. 97. 97KR004 -----A--AACCC--A---A-----A-----A-----A-----C----- 5931

18 cpx. CM. 97. CM53379 -----G-----A--ACTC--A---A-----T-----A-----A-----C-----C-----G----- 5763

N. CM. -. YBF106 -----A--A-----C-----T--T-----T-----GC--AACCC-----T--T-----T-----G-----A--A--C-----A-----A-----C--T-----A----- 6122

N. CM. 02. DJ00131 -----A--A-----T--T-----T-----CC--C--A--AC-----T--CC-----T-----G-----A--A--C-----AG--A-----C--T-----T-----A----- 6037

N. CM. 95. YBF30 -----A--A-----T--T-----T-----T-----GC--ACCC-----A--T-----A-----T-----G-----A--A--C-----C--A-----A-----T-----C--G-----A----- 6152

O. BE. 87. ANT70 -----A-----T--T-----CT--T--T-----TATCC-----CAC-----TG--C-----T--A-----T-----A-----G--A--C--T--T-----C----- 6613

O. CM. -. 96CMABB637 -----A-----C--C-----TCA-----T-----GTATCC--C--AA--C-----T--A--C--T--A--G-----T-----T-----A-----G--A--C--T--T-----G----- 6054

O. CM. 91. MVP5180 -----A-----C--T--T-----T-----T-----T--TCC--C--A--GC-----T--C-----G--T--A-----T-----G--C--A-----A--C--C--T-----G-----A----- 6603

O. SN. 99. SEMP1300 -----A-----T--A-----TCT--T--T-----TATCCT--AAA-----A-----T--C--C--T--A--G-----T-----T-----A-----G--A-----T-----T-----A----- 6624

CPZ. CD. -. ANT -----TACCAAGT-----G--A--T-----T--AG--T-----TATT--T-----TAG. . . . C--C-----ACCT--TCTGG-----TGCT--AT-----T--T-----AGT--ACA--A-----GN--ACAA-----TCC--A----- 5988

CPZ. GA. -. CPZGAB -----G--A-----T-----T-----GT--T--G-----T--TC--TCC-----A--T-----TCA-----A-----T-----G--C--A-----A-----C--T-----C--C----- 6629

CPZ. TZ. -. TAN1 -----AA-----G--TTT-----T-----T--TT--T-----ACCC--A--CC-----T--AT--GG-----T-----GAAG-----T-----GC--G-----A--A--A-----T--ATCAC--T--TTC--A----- 6185

CPZ. US. 85. CPZUS -----G--A-----C--T--T-----T-----CAT--CC-----T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----G--A-----T--T--CC-----C----- 6636

Env gp120 T H A C V P T D P N P Q E V V L V N V T E N F N M W K N D M V E Q M H E D I I S L W D Q Env

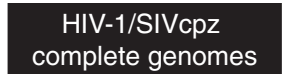


Table with columns for sample ID, sequence alignment, and position. Includes samples like B.FR.83.HXB2, A1.KE.94.Q23_17, A1.RU.03.03RU20_06_13, etc.

B.FR.83.HXB2	AAGCCTAAGCCATGTGTAAAATTAACCCCACTCTGTGTAGTTTAAAGTGCACCTGATTGAAGATGATACTAATACC.....	6644
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	-----T-----C-----C-T-T-T-TCCT--AT--T-TATC-GA-G---TG.....	5840
02 AG.FR.91.DJ264	-----G-G-----T-----C-----G-T-TTA-A-CG-C-GC-GCA---GC-GC-T.....	5996
02 AG.NG.-.IBNG	-----G-G-----T-----C-----G-T-TCA-A---C-C--CAGCTAC-GC-A.....	6171
02 AG.UZ.02.02UZ693	-----G-----T-----C-----G-T-TCA--C-AC--A-G-A--GTCTC-GAT.....	5834
03 AB.BY.00.98BY10443	-----G-----C-----T-----C-----GA-GT--C--AT.....	6634
03 AB.RU.97.KAL153.2	-----G-----T-----C-----T-----G-GGT--C--GT.....	5857
03 AB.RU.98.RU9800I	-----G-----T-----C-----T-----AG--CGA--GA--C--GT.....	6001
04 cpx.CY.94.CY032	-G-----A-----C-----GC-----T-T-----C--T-CA--T-T-A--GCA-CT-C-AC--A-G---.....	6014
04 cpx.GR.91.97PVCH	-G-----A-----GC-----T-----GC-----C--T-G-A--GCA-CT-TAATC-T-----GT.....	6701
04 cpx.GR.97.97PVMY	-G-----A-----GC-----T-----GC-----C--TGG--GCA-CC-T-A-A-G--C--AT.....	6677
05 DF.BE.-.VI1310	-----T-----G-----C-----C-----C-T-----C--GCA--T-C-C-G---.....	6038
05 DF.BE.93.VI961	-----T-----T-----G-----C-----C-----C-T-----GCC-CC-G--CC-C-CC--T.....	6034
05 DF.ES.99.X492	-----T-----A-----G-----ACC--C--T--AATGCCA-TACCAA--GC--T-----.....	6000
06 cpx.AU.96.BFP90	-----T-----GC-----T-----C-----C-----CA--T--A--GCT-CATTA-G--AC--A--A.....	6710
06 cpx.EE.-.EE0359	-----GC-----T-----C-----C-----T--GA--G-A-CC--A--GG--CC-GT.....	6306
06 cpx.ML.95.95ML127	-----GC-----T-----C-----TC--T--A--A-A--T-TAACC-G--C--AT.....	6667
06 cpx.SN.97.97SE1078	-----GC-----T-----C-----C--T--A--G-C--TGCAAC--AAT--GT.....	6715
07 BC.CN.-.CNGL179	-----G-G-----C-C-----G-A--T-GAA--G-T-GC-G-A---G---GGT.....	5855
07 BC.CN.97.97CN001	-----G-G-----C-C-----G-A--T-GAA--G-T-GC-G-A---G---GAT.....	5975
07 BC.CN.97.CN54	-----A-----G-G-----C-C-----G-A--T-GAA--G-T-GC-G-A---G---GAT.....	6005
07 BC.CN.98.98CN009	-----G-G-----C-C-----T-AAA--G-T-GC-G-A---G---GGT.....	5975
08 BC.CN.97.97CNGX_6F	-----G-G-----C-C-----G-A--T-GAA--G-T-GC-G-A---GG---GGT.....	5817
08 BC.CN.97.97CNGX_7F	-----G-G-----C-C-----G-A--T-AAA--G-T-GC-G-AC-GG---GGT.....	5823
08 BC.CN.97.97CNGX_9F	-----G-G-----C-C-----G-A--T-GAA--G-T-GC-G-A---GG---GGT.....	5817
08 BC.CN.98.98CN006	-----G-G-----C-C-----G-A--T-AAA--T-GA---T-GC-G--AT.....	5966
09 cpx.GH.96.96GH2911	---T-----G-----T-----C-C-CG--G-T--CA-AGAG-C--C--CAGC-AACCC-A.....	5855
09 cpx.SN.95.95SN1795	---T---G-----G-----T-----C-C-CG--G-T--A--CG-C-GC-GAA-C-AC-CC-AT.....	5861
09 cpx.SN.95.95SN7808	-----T-----C-C-CG--T--T--CA-CACC-C--G--C-AC-CC.....	5843
09 cpx.US.99.99DE4057	-----TGC-----T-T-C-C-CG-----T--A-CA-C-GC-GAA-A--C-A.....	5840
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	-G-----A-----A-----C-C-----C---A--GCA-T--TGCCAC--A-G-C--T.....	6041
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----C-C-----C---G--G--GCGCTC-A-CG-C--CGT.....	6032
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	-G--T---A-----C-C---G--G--A-G--TGCGAC--ACC--GAG.....	6030
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----A-----GC-----T-----C-----C--T-TG--G-A--T---GC---GT.....	5838
11 cpx.CM.96.4496	-----A-----A-----GC-----T-----C-----C--T---G-A-G---ACA---GTG-AT.....	6009
11 cpx.FR.99.MP1298	-----A-----GC-G-----T-T-----C-----C--T---A--C-A--TGTAACC-AC-GC--G.....	6653
11 cpx.GR.-.GR17	---T---A-----GC-----T-----GC-----T-T-----GCA.....	5929
12 BF.AR.97.A32879	-----G-G-----C-----T-T-----G-C-CT--CA--G-C-C--A.....	6234
12 BF.AR.99.ARMA159	-----G-G-----C-----T-T--G-A--GCT--TGCCAC-G-C---AT.....	6657
12 BF.ES.02.X1241	-----CG-G-----T---A-----C-----T-T-AA--AT-T--CACC-A--GC--T.....	5906
12 BF.UY.99.URTR23	G-----G-G-----C-----T-T-G-A--GCC--TGTCAG-G-C-CC-AT.....	6669
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----GT-----T-----C-----CC-----T-T-TGA-CA-C-CT--A-C-TC-CC-T.....	5875
13 cpx.CM.96.1849	-----GT-----T-----C-----CC-----T-T-A-A-CA-C-CT-G---GC-GC-T.....	6054
13 cpx.CM.96.4164	-----GT-----T-----C-----G-CC--C-T-T-A-A-CG-C-CC--CA-C-TC-CC-TA.....	6054
14 BG.ES.00.X605	-----A-----G-C-----C-----T-----T-T-CCAC--G---AT.....	6097
14 BG.ES.00.X623	-----A-----G--C-----C-----T-----G-T--T-C-A---C-C-GAT.....	6090
14 BG.ES.99.X397	-----A-----G--C-----C-----T-----T-T-CCAC--G---AT.....	6100
14 BG.ES.99.X421	-----A-----G--C-----C-----T-----T-M-A--G---C--AT.....	6088
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----A-----A-----CC-----CT--T-----G-----C---C---TT.....	5876
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----G-----A-----C-----T-----A-----CCA--G--CG-GT.....	5879
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	-----T-----G-----T-----C-----T-----G-----T-----AACACG.....	6040
15 01B.TH.99.99TH_R2399	---T-----G-----T-----C-----T-----T-T-C--GCT-C-TGGATC-G-G-C-A.....	6023
16 A2D.KR.97.97KR004	-----T-----T-----C-----C-----T-T-GCAGGG-C-A--ACC-TC-G--G.....	6010
18 cpx.CM.97.CM53379	---T---A-----GC-----T-----C-----C--T-TAA-CA-A-CCT-CA--GA--C--A.....	5848
N.CM.-.YBF106	G--T-----C-----T-----T-A-----A-C-A-GCTT--T-ACA--AGC--TGGGA--G-GCAGGG.....	6204
N.CM.02.DJ00131	G--T-----C-----T-----T-A-----A-C-A-G-T-T--T-GCA--AGC--TGAA--CGG-CA--A.....	6125
N.CM.95.YBF30	G--T-----C-----T-----T-A-----A-C-A-GCTT--T-AC--AGCT-TGGG--GGAA--GG-A.....	6237
O.BE.87.ANT70	G--T--T-A--T-----TC--A-G--TTTC--G-----ACAAA-GG---T-AA-CA-AGCTGGAACA--A--GAA.....	6692
O.CM.-.96CMAB637	G--T--A--T-----TC--A-G--TTTC--G-----ACAAA-G-T--T-A--G-C--TGCAACC--A-G--AT.....	6148
O.CM.91.MVP5180	G--TT-----T-----AG--A-G--TTTCT-A-----ACAAA-G-C--TGTA--C-C-A-CAA--AA-CAGG.....	6682
O.SN.99.SEMP1300	G--TT---A--T-----TC--A-G--TTTT--G-----ACAAA-G--T--T-AA--G-A--TG--G--C--C-G.....	6703
CPZ.CD.-.ANT	-----AT-----C-----A--TA-G--A-A-AAA-G--T--T--A-GA-AC--TGAACAC--CA--A.....	6091
CPZ.GA.-.CPZGAB	G--T--C-----T-----G-G-----TT-A-----A-CC--GC-----G-A-GGCT--CTT-AGCCAGGCA-AA.....	6708
CPZ.TZ.-.TAN1	G--TT-T-----T-----A--T--T--CA-A-AGA-G-CA--T..ACAA--CT--ACC-A--AA.....	6288
CPZ.US.85.CPZUS	G--T---A--T---A---G-----T-G-----C-A-G-CT--TCT-A-CCCG-T-G-A--G--G-G-T.....	6715
Env gp120	S L K P C V K L T P L C V S L K C T D L K N D T N T.....	Env

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

Table with columns for accession numbers (e.g., B.FR.83.HXB2, A1.KE.94.Q23_17), sequence alignments (AATAGTAGTAGCGGGAGAATGATAATGGAGAAAGGAGAGATAAAAACTGCTCTTTCAATATCAGCACAAAGCATAGAGGTTAAGGTGCAGAAAAGAAATATGCATTTTTTTATAAACTTGATATAATACCAA), and corresponding lengths (6774, 6214, 6254, etc.).

B. FR. 83. HXB2 AATAGTAGTAGCGGGAGAATGATAATGGAGAAAGGAGAGATAAAAAAAGCTCTTTCAATATCAGCACAAAGGATAGGAGGTGAGAGAAAGATATGCATTTTTTTATAAACTTGATATAATACCAA 6774

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE .. -G-----AG-----A-----CG-C-----GAAT-----A-----AGAAG-----G-----C-----G-----A-----G-----GA-- 5940

02 AG. FR. 91. DJ264 .. TC-GTC-AGA-C-T-TCT-GGGACAT-C-----G-A-----T-----G-C-----GAAC-----A-----AAA-----C-----TG-C-----G-----G-----G-----A-- 6123

02 AG. NG. -. IBNG .. AACCT-CT-GTGACAT--T-G-A-----A-C-----GAAG-----A-----AAAA-----GATGC-----C-----G-----G-----A-- 6295

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 .. CC-----CA-----T-----A-C-----GTAG-----A-G-AAA-----ATG-C-----C-----G-----G-----C-- 5934

03 AB. BY. 00. 98BY10443 .. -A-AAT-CT--T-GCCCA-GA-TGA-G-A-G-----C-----G-C-G-----A-A-AA-A-----C-C-----G-----G-----A-- 6755

03 AB. RU. 97. KAL153 2 .. -C-AAT-CT-GT-GC--AA-A-TGATG-A-G-----C-----G-C-G-----A-A--A-A-----C-----G-----G-----A-- 5978

03 AB. RU. 98. RU9800I .. -CC-ATGCT-GT-GC-T--A-AT--G-----C-----G-C-----GA-C-G-----A-A--A-A-----C-----C-----G-----G-----A-- 6116

04 cpx. CY. 94. CY032 .. -ATGGC-CTG-A-ATT--A-GA-----G-A-C-----GAA-----G-A--AA-A-----GC-----C-----G-A-----G-G-- 6129

04 cpx. GR. 91. 97PVCH .. -C-G--AAT--C-CTG-G-A-GT-C--A-A-----A-C-----GAAG-----A-----CA-A-----C-----C-----G-----G-----G-- 6831

04 cpx. GR. 97. 97PVMY .. -TACCCCC-ATG--CAACC-C-AAC-A-G-----A-C-----GAA-----A-----AA-A-----CT-----GC-----C-----G-----G-----G-- 6798

05 DF. BE. -. V11310 .. -CC-CC-ACTC-ACT-CCC--A-GAA---G-CAG-C-----T-----G-CT--GAAG--AT-AC-AAA-T---T-C-----C-----G-----G-----G-- 6168

05 DF. BE. 93. VI961 .. -GC-ACCCC-AT-AC-CCC--AGGAA--C-----G-CA--C-----TA-----A-C-----GAAG--A-A--AATA--G-T-C-----C-----G-----G-----T-- 6164

05 DF. ES. 99. X492 .. -C--AAGCC-CTA-C-ACCCCC-G-G-A--TCAAG--CA-C-----T-C-----G-C-----GTAG--AT-AC--AG-G-G--T-C-----C-----G-----G-----G-- 6130

06 cpx. AU. 96. BFP90 GG--AC-A--TACT-T-G-AGATGATATC-GCAAG--A-----A-C-----GAA-----A-----ACAA-----GC-----C-----G-----G----- 6840

06 cpx. EE. -. EE0359 .. GAGG-A-C-AAT-TC-CTG-G-GTAGC--A-A--C-----G-A-C-----GAA-----A-----AAAA-----C-GC-----C-----G-----G----- 6433

06 cpx. ML. 95. 95ML127 .. -CC-AAAAT-TC-CTG-GG-AGCGG-A-A-----G-A-C-----GAA-----A-----CAAA--G-----C-GC-----C-----G-----G----- 6794

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 .. -C-GTGG--AAA-TTT--CTG-G-A--C-G-A--A-----A-C-----GAAG-----A-C-AAAA--C-----C-GC-----C-----CG-C-----G-A-G 6845

07 BC. CN. -. CNGL179 .. .GCCAC-AT-A--CCTACCATGA-AGC-TGAAG--A-G-----T-----GCA-C-----GTAG--A-G-AA--C-TG-----C-----G-----G-----C 5982

07 BC. CN. 97. 97CN001 .. .CCTACCAT-A--CCTACCATGA-AGC-TGAAG--A-G-----GCA-C-----GTAG--A-G-AA--C-TG-----C-----G-----G-----C 6102

07 BC. CN. 97. CN54 .. .CCTACCAT-A--CCTACCATGA-AGC-TGAAG--A-G-----T-----GCA-C-----GTAG--A-G-AA--C-TG-----C-----G-----G-----C 6132

07 BC. CN. 98. 98CN009 .. .CCT-C-AT-A--CCTGCCGTGA-AGC-TGAAG--A-G-----T-----GCA-C-----GTAG--A-AA--C-TG-----C-----G-----G-----T 6102

08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F .. .CCTAC-AT-A--CCTAC-ATGA-AGCGTGAAG-----T-----GCA-C-----TTAT--A-G-AA-A--C-TG-----C-----G-----G-----CC 5944

08 BC. CN. 97. 97CNGX_7F .. .CCTAC-AT-A--CCTAC-ATGA-AGCGTGAAG-----T-----GCA-C-----TTAT--A-G-AA-A--C-TG-----C-----G-----G-----CC 5950

08 BC. CN. 97. 97CNGX_9F .. .CCTAC-AT-A--CCTAC-CTGA-AGCGTGAAG-----T-----GCA-C-----TTAT--A-G-AA-A--C-TG-----C-----G-----G-----CC 5944

08 BC. CN. 98. 98CN006 .. .G-C-CTGAG-CC--C--T-AG-----T-----GCA-C-----GTAT--A-A--A--TG-C-----C-----G-----G-----C 6081

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 .. .ACC-CG-GTGACGG-AGTG--T-AGA--GC-----A-C-----GAAT-----A--ACAC-----T-----T-C-----G-TC-----G-T-- 5973

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 .. -GC-TATT--AAC-TT-C-GAGGAC-G-CG-----A--GGC-----G-C-----GAAT-----A-----AAAA-----T-C--T--C-----G-AA-- 5991

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 .. .ACG-C-CG-GT-GCG-GA-T-A-G-----G-C-----GAAC-----A-----ACAA-----T-C--T--C-----G-A-----G-A-- 5958

09 cpx. US. 99. 99DE4057 .. .CG-GACA-T-GAA-C-GAATAC--AAT--A-----G-C-----GAAT-----A-----CAC-----T-C--C-----G-----G----- 5964

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061 .. .G-T-GTG-CCCCAGA--G-C-----CA-C-----GAAG--A-A--AA-A--C-----C-----G-GG--A-- 6147

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071 .. .C--G--ACT-AC-GC-CTGATAGTG-CACG-GA-G-----A-C-----GAA-----A-----CA-A-----C-----C-----G-GG--A-- 6159

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110 .. .G---GACTGTG-ATGCG-CTA-C--T-TC-GA--G-----A-C-----GAA-----A-----AAAA--C-----C-----G-TC-----G-GG--A-T 6154

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA .. .CTCT--GGAA-GCC--C-A-G-----T-----A-C-----GAA--AG-A--G-AAG-----C-TC-----C-----G-----G----- 5953

11 cpx. CM. 96. 4496 .. .G-C-ATRRGG--C-A-----R-A-CT--GAA--A-A--AA-A-A-----T--GC-----C-----G-----G-----C 6118

11 cpx. FR. 99. MP1298 GCAGA-GTA-C-AAC--C---TGAA--A-G-----A-G-----GGG-A-C-----GAGG--C-TA--AAATG--GT-----C-GC-----C-----A--G-G----- 6783

11 cpx. GR. -. GR17 .. .GGGATA-CGC-AC--C-----A-----A-C-----GAAC--GA-A--AA-A--C---AGA-GC-----C-----G-----G----- 6038

12 BF. AR. 97. A32879 .. -GC-C-CAA--TASCCCC--AGGAA--CT--G-A-----T-----G-G-C-----GAAG--A--CA-A--G--T-C-G--C-----TC-----G----- 6364

12 BF. AR. 99. ARMA159 GGC-C-CAA-A-AAC-CCC-GAGGAA--CC--G-CA--C-----T-----G-C-----GAA--A--ACA-T--T-C--C-----G-----G-----G----- 6787

12 BF. ES. 02. X1241 CCA-A--C-CTAAC-TCC--A-GAA--CC--G-CA--C-----TA-----G-C-----GAA--A--CA-ATA--T-AC--C-----AC-----GG----- 6036

12 BF. UY. 99. URTR23 C-A-A--CC-AT-AT--CC--CAGGAA--TT--G-A--C---T-TA-----G-CT--GAAG--A--CA-A-----T-C-G--C-----G-----A-- 6799

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MM .. .CTAAT-AC--C-CC-C-TC-GG-A-A-----AT--G-CT--G-AT--A--G-AGA--T---T--CT--C-----C-----G-----G----- 5996

13 cpx. CM. 96. 1849 .. .ATA-C--C-CC--CA-G-G-A-A-----AT--G-C--G-AG-G-C-A--G-AGA--T---T--CT--C-----C-----G-G-----GA----- 6175

13 cpx. CM. 96. 4164 .. .TC-----AT--A-----AT--G-C--G-AT--A--G-AGA--T---T--CT--C-----C-----G-----GA----- 6160

14 BG. ES. 00. X605 .. -CC-TK-A--TA-CCT-GAA--G-----A-----Y-----C-----A-----AGAA-----C-----C-----G-G--A-- 6227

14 BG. ES. 00. X623 .. .C--A--C-ACT--T--TC--GAAAT-----A-----C-----C-----A--A--M-R-----C-----C-GC-----G--AG-- 6217

14 BG. ES. 99. X397 .. -CC-T--A--TA-CCT-GAA--G-----A-G-----C-----C-----A--A-AA-----C-----C-----G-G--A-- 6230

14 BG. ES. 99. X421 RCC-M--A-R-TCKCCT-GAR--GR-----R-----A-----G--T-----C-----GA-C-----A--A-AA-----T-M-----C-----C-----G-C--A-- 6218

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 .. .C--A--GG-A--AC-----T-----C-----A-AC-G-A--...-C-----C-----T-G--A-- 5982

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 .. -CC-A-----CT-CT-AT-----GT-----AC-----T-----AC-----A...-G-C-----C-----G-----T-G--A-- 6006

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 .. .AT-G--C--A--AGG-----A-----T-----A-C-----AC-----A...-C-----C-----C-GC-----G-GA-G-- 6152

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 TCG-CC-A-G-A-C-TC-CA--C-ACTCT-C-AT--A-G-----G--T-----G-C-----GAAG--G-A-G-AA--T-TCAG--C-----G-----G-----A-- 6153

16 A2D. KR. 97. 97KR004 .. .CCCA--GCCCC--T-GCAATA-C-CC-TG-----TG-G-CT-C-----GAAC--A-----AAA-----TCC-A--C-A-----G-----G--A-C 6125

18 cpx. CM. 97. CM53379 .. -CAGTGA--A-A-T--TGAA--GGA-A-C-G-A--A-----CA-C-----GAAC-----A-G-AG-A-----C-GC-----C-----G--A-- 5978

N. CM. -. YBF106 .. -G-C-CC-ATA--C-G-GATC-A--AG-CA--C-A-G-----T-----A-----A-C-----TGAG-----A-----GAAA-A--C---TT--CT-TC-G-----GT-GAA--G--G-G-- 6334

N. CM. 02. DJ00131 G-A-AACCAG-AAATG-G-CAGACC-A--AGC-A--C-C-G-----T-----A-----A-C-----TGAA--CAT-AC-AAA-A--C---CT--CT-TC-G-----GT-GAA--G--G-G--C 6255

N. CM. 95. YBF30 .. -TG-CA-CAA-AGA-CGACG--A-GAT-CAA-C-A-G-----T-----A-----GCA-C-----TGAGC--C-A--AAA-A--C---TT--CT-TC-G-----GT-GAA--G--G-G-- 6367

O. BE. 87. ANT70 .. .AACCTT-G-G-G-TGAG--T--G-A-C-----TGTT--C-A--AC--AAA-G-----A--C-G--TC-A--C---GT-TCA--T-G--GGA-C 6789

O. CM. -. 96CMABB637 .. -C-GCA-CAA-T-C-CCAGGG--A-----G-GATGA-AG-----A-TGAA--T--G-A-CT---TTT--A-AC-AAA-G-A--GA--C-G--TC-A--C---GT-TCA--T-G-CTAAGG 6278

O. CM. 91. MFP5180 .. .CT-T-A-ATGA-ACA-T-AAT---G-G--T--TAG--T--G-A-CT---GT-C-C-C-AC--AAA-G--C--A--C-G--TC-A--C---GT-TCA--C-G-GTAAGG 6797

O. SN. 99. SEMP1300 .. .TCCGTA-AGAATGAT-CC-GC-GCTCAG-GAACCTT--G--G--G-TGAG--T--G-A-C-----GTTC-C-A--AC--AAA-G-----C--C-G--TC-A--C---GT-TCA--T-G-GAA-G 6830

CPZ. CD. -. ANT .. -CACCA-AG-CAACA-C-CCA--G-A--TGCGATGA--C--C--G-A--TAAC-T--CAG-----G-AT-T-A--A-----AAA--A--ATGA-A--CA-A-----GGA--C--T--GAAGT 6221

CPZ. GA. -. CPZGAB .. .ACCTA-CAAACCAG-CATCTTCTCC-CCTCTC--A-G-----T-----A-T--G-G-CA--GAAT-----A--AA-A-AC-G-TC---T--C-A-----GTGGAG--G-G--AAAC 6835

CPZ. TZ. -. TAN1 .. -CACCA-CAGTAAATTTG-TTCT--ACCT--CTAT--G-GT-T-T-T-A-T--CAG-CA--TGAGT-T--A-----AAAA-AC--AT---T-C-G-----G-GAA-----TG--AA-G 6418

CPZ. US. 85. CPZUS .. .G--ATACT-CT-ATATA--G-G-----T-----T-----A-CT--TGAA-----AC--AAA-A-AC--TG---T-C-A-----GT-GA-----C-GCT-AT- 6824

Env gp120 N S S S G R M I M E K G E I K N C S F N I S T S I R G K V Q K E Y A F F Y K L D I I P Env

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	TAGATAAT.....GATACTACCAGCTATAAGTTGACAAGTTGTAACACCTCAGTCATTACACAGGCTGTCCAAGGTATCCCTTTGA	6856
A1.KE.94.Q23_17	-TA--G-A.....AATC-GGG--GTGAA---GA--A-T-A-----T-----C-----G--C-----	6299
A1.RU.03.03RU20_06_13	CT-G-G-.....AAT-G-G-GGGCAG--GAC-A-T-A-C-T-A-C-G-----T-----A-----	6339
A1.SE.94.SE7253	-TA--G-.....AATGGAATAACAGTAATA-C-G-GTGAG--G--A-T-A-----T-----C-----T-----	6066
A1.TZ.01.A173	-TAG-----AGTA--G-GTCAAG--GA-A-T-AC-T-----C-----C-----T-----A-----	6074
A1.UA.00.98UA0116	CT-G-G-.....AAT--G-GGCAG--GAC-A-T-A-----T-A-C-G-----G-----T-----A-----	6855
A1.UG.92.92UG037	-TA-----GGTAATAACAG--G-ATCTG--GA-A-T-A-----T-----C-C-----TC-----A-----	6241
A1.UG.98.98UG57136	-TA--G-C.....AACAG--GC-AT-C---GA--A-T-A-----T-----C--A-----T-----	6061
A2.CD.97.97CDKFE4AGTGACAGTAATAGTACAAAG--G--TCAG--GAC-A-T-A-----T-----C--C-----T-----	5100
A2.CD.97.97CDKS10	-TA--G-A.....AGTAAGAATAGTAG-TA-GT-CT--GAC-A-T-----T-----C-----A-T-----	2987
A2.CD.97.97CDKTB48	-TA--GA.....AGTGAATAAAGAATACATCAGGTAG--A--TCTG--GAC-A-T-A-----T-----AC--C-----A-G-----A-----	6184
A2.CY.94.94CY017_41	-T--G-A.....GGTAGTAACAGTACTGAGA-C-G--TGAA---GA--A-T-A-----T-----C-----T-----	6237
A3.SN.01.DDI579	-TA--G-A.....AATAGTAATAGTAGTAGA--G-GTGAG--GAC-A-T-A-----T-T-C-----T-C-----A-----	6072
A3.SN.01.DDJ369	-TA-----AATAGTAGTAATAATAG--G-ATGAG--GAC-A-T-A-----C-----T-----T-----	6081
A3.SN.96.DDJ360	-TA-----G-----A--G--A-----T--GT-----A-----A-----A-----	6057
B.AR.00.ARMS008	-----GATAATAAAACTACTGATAAAAAGTAATGCACAAGGTAATAATAGTAAAAC-T--A-G-T-----AAA-----C-----A-----	6117
B.AU.96.MBCD36	-----G-----GCAAGA--A--T--G-A--T-----TC-G-----A-----A-----	6258
B.CO.01.PCM074	-----G-----A-GA--T-AA-T-G--A-T-CA-----AC-----A-----	6101
B.GA.88.OYI	-----G-----G-TAT--T--T--T-A-----T-----AC-----C-----	6413
B.NL.00.671_00T36	-----G-----GCTAAGA--G--T-A-----G--T-----C-----C-----	6429
B.RU.-.04RUI29005	-----A-----A--T--G--T-----C-----	6377
B.TH.90.BK132	-----C-----A--A-----C--T-A-----AT--AC-----C-----	6200
B.US.90.WEAU160	-GA-----A--A-AT--G-C--T-----AT--AC-----	6866
B.US.98.1058_11	-----A--A-AT--G-C--T-----	6051
C.AR.01.ARG4006	-TA-----GAGAAT--G-GTGAT--GA--T-A-----T-----C--A--A-----CA-T-----	6053
C.BR.-.04BR013	-T--GG--.....GGGAGTAATAACAC-TA-GAT-AT--GA--A-T-A-----T-----AC--A--A-----CA-T-----	6359
C.BR.92.BR025-d	-TA--G-.....GAGAGTAGTAACAC-T-GGTGAT--GA--A-T-A-----T-----C--A--A-----C--T-----	6208
C.BW.00.00BW07621	-T-GGG-G.....AATAATGCCA--T-C-GTGAG--GA--A-T-A-----T-----AC--A--A-----CAAT-----	6209
C.ET.86.ETH2220	-TA---C-----G-T---TGAT--GA--A-T-A-----T-----AC--A--A-----C--T--G-----	6259
C.IN.95.95IN21068	-T-----GAGGAGCAGGAAAACGATAGCACTC--G-GGGTAT--GA--A-T-A-----T-T--C-C-A--A-----CA-T-----	6224
C.IN.99.01IN565_10	-T--GG--.....AAGAATGAGAGTAGCAACCCTAACACCT--G-TGAG--GA--A-T-A-----T-----C--A--A-----C--T-----	6251
C.KE.00.KER2010	-T--G---.....GGTAATA--G-GT-CG--GA--A-T-AC-C-T-----C--A--A-----A-C-T-----	6066
C.TZ.01.BD9_11	-TA--GGC.....AATGATGCCAECTCTA-CT--TGAG--GA--A-T-AC--T-----ACTG-A--AA-T-----C--T-----	6093
C.UY.01.TRA3011	-T--GG--.....AACAC-T-A-GT-AT--GA--A-T-A-----T-----C--A--A-----C--T-----	6039
C.ZA.04.SK164B1	-T--G-G.....A--GCT-TGAG--TA--A-T-A-C-T-----AC--A--A-----T--T-----	6244
C.ZM.96.96ZM651	-TA--G-G.....ACTGACGACTCTGAGACTGGCACTC--G-AATAT--GA--A-T-A-----T-----C-C-A--A-----C--T-----	6232
D.CD.83.ELI	-----C-----GATAGTAGTACCA--G---AT--G--A-T-A-----T-----C-----T-----	6404
D.CD.83.NDK	-----C-----AATAATAGGACCA--G--T-AT--G--A-T-A-----G-T--AC-----T-----A-----	6375
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----G---GT--TA--G--A-T-A-----C-----C-----T-----C--A--A--C-----	6054
D.KE.01.NKU3006	C---GGG.....G--A--A-----GA--A-T-A-----T-----C-----A-----A--A-----	6108
D.TD.99.MN012	-----GAGGAAAATAGTAC--A-GAT-CT--GA--A-T-A-----T-----C-----A--T-----	6070
D.TZ.01.A280	-----A-----AAGA--A-AT--T--CA--A-TGCA--C-T-----C--A--A--T-----	6062
D.UG.94.94UG114	--A-G-----AATGATAGT--AC--GAC-A-T-A-----T-----C-----G-----A-GA-----	6186
D.UG.99.99UGD23550	-----G-----AATAATAGTAC--A-----GA--A-T-A-----T-----C-----G-----	6087
D.UG.99.99UGK09958	-----AGTACCA--G--C--G--A-T-A-----T-----C-----G-----A-----	6036
D.ZA.86.R482	A--C---.....GATAATA--GG--AT--G--T-T-T-----T-----C--G--T--AT--A-----	6113
F1.BE.93.VI850	--GC---.....AACA--GC-GTGAA--G-C-A-T-A-----T-----AC-----T-----T-GG--	6178
F1.BR.89.BZ126	-TAGC-----AGCAGTAATA-C-G-GAGAA--C-GAC-A-T-CA--CG-T--AC-----T-----T-GG--	6208
F1.BR.93.93BR020_1	-CA-C-G.....GAT--C-A-GA-CA--C-GAC-A-T-A-----G-TG--AC-----T-GG--	6196
F1.FI.93.FIN9363	-CAGC-----AATAATAGC-GGGAAGAA--G-C-A-T-C-----T-----AC-----T-GG--	6197
F1.FR.96.MP411	-CA---C.....AGCAG--G-GTGA--G-C-A-T-A-----T-----AC--A-----T-GG--	6065
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-T--A--A.....A--G--ATC--G-C-A-----T-----AC-G-----T--G--G-----	6048
F2.CM.95.MP255	-TA-G-----AG--G--AT-TA--C-A-T-----T-TG--ACTG--T-----G-----	6054
F2.CM.95.MP257	-CA---C.....AG--A--T--T--G-C-A-T-A-----T-----AC-C-----T--C--G-----	6069
F2.CM.97.CM53657	-CA-----AG--GTGAA--G-C-ACT--T-----AC-G-----T--G-----	6051
G.BE.96.DRCBL	-TA--G-G.....ATGAATAATGAAAATAATGGTACAA--G--G-C-----A-----TGT--AC--A-----A-T-----	6822
G.CM.01.01CM_4049HAN	-TA-----A--GA--T--T-C-A-T-A-----TGT--TC--A-----T--A--GAT-----	6069
G.ES.99.X138	-TAC-G-----AATGGTAATAGTAG--G-AGAT-AT--G-C-A-T-A-----TGT--AC--AG--T--G--A-----	6312
G.FI.93.HH8793_12_1	-TA--G-----GATAGTAGTAATAGTACAGGTA--TA-GT-AT--G-C-A-T-A-----TGT--AC--A-----GGAT-----	6268
G.NG.92.92NG083	-TAG-----GGGA--AG--T--T--G-C-A-T-CA-----TGT--AC--A-----T--AAT-----	6218
G.SE.93.SE6165	-TA-----G-A--T-AT--G-C-A--CA-----TGT--AC--C-A-----A-T-----	6280
H.BE.93.VI991	-T--G-A.....GGTGAAAGAAATAAAG--GA--ATCAT--G-C-A-T-A-----T--G-----A--A--T--C-----G-----	6255
H.BE.93.VI997	-T--G-G.....ACTAGTAATAATAATAATAGTA--G--T-AG--C-G-C-A-T-A-----C-T-----T-C-----T-----	6188
H.CF.90.056	-T-----C-----A--G--TCAG--G-C-A-T-A-----T-----T-----C-----G-----	6187
J.SE.93.SE7887	-T---G-----A-C-A--AA-AT--TTC-A-T-AC--T-----T-----A--A--T-----G--T--C-----	6169
J.SE.94.SE7022	-TA---G-----C-A--AA--T--TTC-A-T-AC--T-----T-----T-----A-----T-----G--T--C-----	6176
K.CD.97.EQTb11C	--A-GC-A.....TCTGAAATTAATCAATC-GAAT-TGAAG--G-C-A-T-A-----T-----AC-G-----	6078
K.CM.96.MP535	-TA--GGC.....GAGGGAATAACAG--G--TGAA--C-G-C-A-T-A-----T-----AC-----A-T-----A--A-----	6064
01_AE.TH.00.OUR200I	-T---G-----A--G--GTGAG--G--A-T-A-----T--T-----AG-----T--C-----A-----	6082
01_AE.TH.01.OUR4141	-----GAG-----AAAAATAATA--G-GAT-TA--G--A-T-A-----T--T-----AG-----T--C-----A-----	6064
01_AE.TH.02.OUR769I	-T--A-----A--G--GTGAG--G--A-T-A-----T--T-----AG-----T--C-----A-----	6058
01_AE.TH.90.CM240	-T--AG-----AAGAAGAC--G-GTGAG--G--A-T-A-----T--T-----AG-----T--C-----A-----	6436

B. FR. 83. HXB2 TAGATAAT GATACTACCAGCTATAAGTTGACAAGTTGTAACACCTCAGTCATTACACAGGCTGTCCAAAGGTATCCTTTGA 6856

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE -G--AGGA -ATGAGAG--G--A-T-----T-----AC-----T-----A----- 6016

02 AG. FR. 91. DJ264 -TA--G-A AGTAGC-A--GTCAA--G--A-TC-A--T-----C-----A--A--A-----A----- 6208

02 AG. NG. -. IBNG -TA--G-A AATA--GG--GTCAG--G--A-T-A--T-----C-----A-----T----- 6380

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 -TAC-G-- GGACAAAACAGTAGTC-G-AC-GT-----G--A-T-A--T-----T-----C-----T----- 6031

03 AB. BY. 00. 98BY10443 --A----- GAT-----G-----T-----T-----G-----A-----A----- 6831

03 AB. RU. 97. KAL153 2 -G----- GAT-----G-----T-----T-----G-----A-----A----- 6054

03 AB. RU. 98. RU9800I -G----- GAT-----G-----T-----T-----G-----A-----A----- 6192

04 cpx. CY. 94. CY032 -TA--GC- AGAGTGCCAATTAATGGTACTAATAGGAATAATAG--AGAAGAG--T--A-T-A--T-----G---AC---A---T--C---G--T--- 6244

04 cpx. GR. 91. 97PVCH -TA----- AATGTGCCAATTAATAACTAGTAATACAAAGT--GTA--GGGAG--G--A-TG-----T-----CAA-CA--A---T--C---GA-T--G-- 6946

04 cpx. GR. 97. 97PVMY -TA--G- AATAATAGTACTAATAGTAGGAGAAGTAGTA--A-GTGA--T--A-T-A--TGT--TC--A--A--T--C---A--AAG-- 6910

05 DF. BE. -. VI1310 -CAG--GC GATGACAGTAGC-A--G--T---G-C-A-T-A--T-----T-----AC---A---T-----T-----T--GG-- 6259

05 DF. BE. 93. VI961 -CA---G AGC-GA-AAGAA--G-C-A-T-A--T-----T-----AC---A---T-----A---GT--GG-- 6246

05 DF. ES. 99. X492 -CA----- GGCAG-GAC-AT-AA--G-C-A-T-A--T-----T-----AC---A---T-----A---T--GG-- 6215

06 cpx. AU. 96. BFP90 -T--GGG-- GATAGTA--A--GTGAT---GA--A-T-A--T-----TGT---AC---A-----T-----G--T--- 6928

06 cpx. EE. -. EE0359 -T--GGG-- AAAAAATAAGTAGTAGTA--G--GTGCT--TA--A-T-A--T-----TG--A--AC---A---TT-----G--T--- 6530

06 cpx. ML. 95. 95ML127 -TA--G- GGGAGTA--A--AT--T--G--GA--A-T-A--T-----TG--AC---A---T-----T-----GA-T--- 6882

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 -T--GG- AAAA--G--GT-CT---GA--A-T-A--T-----TG---AC---A--A--T--C-----G--T--- 6930

07 BC. CN. -. CNGL179 -TAC---G AAGAACTCTAGGGAGAAGCTC--G-GAGTAT---GA--A-T-A--T-----C---A---A-----CAAT----- 6082

07 BC. CN. 97. 97CN001 -TAC---G AAGAACTATAGTGAGAATTC--G-GAGTAT---GA--A-T-A--T-----C---A---A-----CA-T--- 6202

07 BC. CN. 97. CN54 -TAC---G AAGAACTATAGTGAGAATTC--G-GAGTAT---GA--A-T-A--T-----C---A---A-----CA-T--- 6232

07 BC. CN. 98. 98CN009 -TAC---G AAGAACTCTAGTGGGAAGCTC--G-GAGCAT---GA--A-T-A--T-----C---A---A-----CA-T--- 6202

08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F -TA--G- GAGAAGCTCTGGTGAGAAGCTC--G-GAATAT---GA--A-T-A--T-----C---A---A-----CA-T--- 6044

08 BC. CN. 97. 97CNGX_7F -TA--G- GAGAAGCTCTGGTAAGAATTC--G-GAGTAT---GA--A-T-A--T-----C---A---A-----CA-T--- 6050

08 BC. CN. 97. 97CNGX_9F -TA--G- GAGAAGCTCTGGTAAGAAGCTC--G-GAGTAT---GA--A-T-A--T-----C---A---A-----CA-T--- 6044

08 BC. CN. 98. 98CN006 -TA--G- AAGAAGCTCTAGTGAGATCTCGGTAAGAAGCTC--G-GAGTAT---GA--A-T-A--T-----C---A---A-----CA-G--- 6193

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 -CA--GCA AG--A--ATGAG--GAC-A-T-A--T-----C-----T-----A----- 6055

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 -G--G-A ACAACAGAAAAATA--GA-GTCAT--GAC-A-T-A--T-----T-----A----- 6085

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 -G--A-GA AATGATA--G-GAT-AG--GAC-A-T-A--T-----C-----A----- 6046

09 cpx. US. 99. 99DE4057 -CA--G-C AATGAAACAAACCTTA--AC-GTGAG--GAC-A-T-A--T-----G-C---A---T-----A----- 6061

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061 ---G-G--- AG--A--AG--GA--A-T-A--T-----C-----A----- 6229

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071 ---G-G--- AG--A--AG--GAC-A-T-A--T-----C-----A----- 6241

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110 ---GG--- AATAC--A--A-T-A--T-----T-----A--G-----A--A----- 6239

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA -TAG--- AATAGTA--G-A-GT-AT---T-C-A-T-A--TGT---ACTG--A---T--C-----A----- 6041

11 cpx. CM. 96. 4496 -TA--GG- AATAGTAATARTAGTAGTAGTA--G-A-GTGAG--G-C-A-T-A--TGT---CTG-C-A---T--Y-----A----- 6221

11 cpx. FR. 99. MP1298 -TA--GTG A--T-CT---GA--A-TTC---TGT---CTG--A---T-----A---A----- 6862

11 cpx. GR. -. GR17 -TA--G- AGTAGTAGTA--TAGGTCAG--G-C-A-T-A--TGT---CAG-C-A---T--CT---A---A----- 6129

12 BF. AR. 97. A32879 -CA-C--- GGCGATGGT--C-A--G--CA--C-G-C-A-T-CA--T---AC-----T-----T-----T--GG-- 6455

12 BF. AR. 99. ARMA159 -C-G--- GC-G-GAA-CA--C-G-C-A-T-A--T---AC-----T-----T-----T--GG-- 6869

12 BF. ES. 02. X1241 -CA-C--- AGC-G-GG--CA--C-G-C-A-T-CA--T-T--AC-----T-----T--GG-- 6118

12 BF. UY. 99. URTR23 -CAGC--- AACAGTAGT--C-A-GGA-TA--C-G-C-A-T-A--T---AC-----T-----T-----T--GG-- 6890

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN -T--GG-A AATAGTAATAGTAGTAATAGTA--G--GTGAA--GA--A-T--T-----T-----A----- 6099

13 cpx. CM. 96. 1849 -T--GGGA AATAGTAATAGTGGAATAGTAG--G--GTGAA--GA--A-T--T-----T-----A----- 6278

13 cpx. CM. 96. 4164 -T--GGGA AATAGTAATAGTAGTAATAGTAG--G--ATGAA--A--A-T--T-----TG--A---T--C-----A----- 6263

14 BG. ES. 00. X605 -G-RC--- A--GT---G-----A-----A-----AC 6309

14 BG. ES. 00. X623 -G--C--- A--GT---G-----A-----A-----AC 6299

14 BG. ES. 99. X397 -G--C--- A--GA---G-----A-----A-----AC 6312

14 BG. ES. 99. X421 -G--C--- ARY--A--GT---G-----A-----A-----AC 6303

15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1331 -A----- GG--T-----G--A-T-A-----A--A--T----- 6061

15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1332 -A----- A--T-----G--A-T-A-----A--A--T-----Y----- 6088

15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079 -G--G--- AATAGTAGTAATAGTAGTAGTA--TA--GTGAG--GA--A-T-CA--T-T-----A--T-----A----- 6228

15 01B. TH. 99. 99TH_R2399 -G--G--- AATAGTAGTAATAGTAGTAGTA--TA--GTGAG--GA--A-T-CA--T-T-----A--T-----A----- 6256

16 A2D. KR. 97. 97KR004 -TA--G- AGTGACAGTAATGATACACTG-A--GGCAG--GAC-A-T-CA--G-T-----AC---C-----T--C----- 6225

18 cpx. CM. 97. CM53379 -TAG-G-G AATAGTAG--GGA-ATGAG--G--A-T-A--TGT---AC---A---T--C-----GA-T--- 6066

N. CM. -. YBF106 -CA-AG-- GGGACT--C-A--AT-CA--G-C-A-T-A--T--A---CTG-G---A--T-----T---ACTA----- 6422

N. CM. 02. DJ00131 -CA--G- GGGG--A--GT-CA--C-G-C-A-T-A--T--A---CTG-A---A--T-----T---ACTA----- 6340

N. CM. 95. YBF30 -CA--GCC T--A--AA-CA--G-C-A-T-A--T--A---CTG-G---A--T-----T---ACT----- 6449

O. BE. 87. ANT70 -GA--G-G ACAAGCAGCACAAATAAGACAA--C-GC-AA-TG---CA--A--T-A-----T--A--AC---C--G--A-----T----- 6892

O. CM. -. 96CABB637 -TA----- AGTGAAACGGGTAATAATAC--GAAC-A-TA--C-CA--A-TT-A---C--TT--A--AC---C--AG--A-----C-----A--TAAT----- 6378

O. CM. 91. MVP5180 -TA--G-C TCAAATGCAGTAA--GGA--A-CA--T--A--T-A-----T--A--A--T--C--AG-----G-----AGT----- 6891

O. SN. 99. SEMP1300 -GA--G-A AATA--GAC--A-TG---CA--A-TT-A---TT--A--AC---AG--AA-----G----- 6915

CPZ. CD. -. ANT GTC-GG-C AACAAAT--G---A-T---T-C--ATGGCAC--C-----A--ACT--C-----AT-----GA---TCTA-T----- 6309

CPZ. GA. -. CPZGAB ---GG--- G-AC-A--CA---G-A-A-TT-A---C-T--TA---C---A---A---A-----AACG----- 6917

CPZ. TZ. -. TAN1 AG--GG- A-C-A--AT--T---T-T--ACAT-A--C-T-----T--A-AA---GAT--ATCTA-T----- 6500

CPZ. US. 85. CPZUS -CA----- -AT-C---GAC--T-A--C-----A-C-CT--C-----T-----T---ACC----- 6900

Env gp120 I_D_N D T T S Y K L T S C N T S V I T Q A C P K V S F E Env

B.FR.83.HXB2	G.CCAATTCCCATACATTATTGTGCCCCGGCTGGTTTTGCGATTCTAAAATGTAATAATAAGACGTTCAATGGAACAGGACCATGTACAAATGTACAGCAGTACAATGTACACATGGAATTAGGCCAGT	6985
A1.KE.94.Q23_17	-.-----T-----A---A-----C-----G-----GG-G--GG-----G-----GTT--C-AG-----C-----C-A-----	6428
A1.RU.03.03RÜ20_06_13	-.-----A--T-----A-----C-----G--C--GG--CA-AT--T-C-----G-----C-AG-----C-----C-A-----	6468
A1.SE.94.SE7253	-.-----C-----A-----C-----G-----GGG--GA-----G-----C-AC--A-----G-----C-----C-A-----	6195
A1.TZ.01.A173	-.-----C-----T-A-----G-----G--A-----G-----C-AT-----T-----C-----C-----	6203
A1.UA.00.98UA0116	-.-----T-----A-----A-----G--C--GG--CA-AT--T-C-----G-----C-AGG-----C-----CC-A-----	6984
A1.UG.92.92UG037	-.-----A-----A-----G-----G--GA-----G-T--C-AG-----C-----C-----	6370
A1.UG.98.98UG57136	-.-----C--T-A-----G-----G--AGA-----G-T--C-AGG-----C-----C-A-----	6190
A2.CD.97.97CDKFE4	5100
A2.CD.97.97CDKS10	-.-----T-----A-----G--G--GG--CC-GA-----G-----C-AT-----T--T-----T-----	3116
A2.CD.97.97CDKTB48	-.-----T-----A-----A-----G--GG--GAA-----A-GT--C-GT-----T--T-----G-----	6313
A2.CY.94.94CY017_41	-.-----T-----A-----G-----GG--CC-GA-----GT--C-AG-----T--T-----AA-----	6366
A3.SN.01.DDI579	-.-----A-----A-----G--GG-G--AA-----G-----C-GG-----G-----C-A-----	6201
A3.SN.01.DDJ369	-.-----A-----A-----G--GG--GAT-----A-----C-GG-----C-----C-A-----	6210
A3.SN.96.DDJ360	-.-----A-----C-----G--GG--AA-----G-----C-GG-----G-----C-A-----	6186
B.AR.00.ARMS008	A.-----T-----T-----G--GAG--A-----T-----TC-----	6246
B.AU.96.MBCD36	-.-----GAG--GG--GAC-----T-----A-----G-----	6387
B.CO.01.PCM074	-.-----G-----CA-A-----T-----A-----C-----AA-----	6230
B.GA.88.OYI	-.-----G--A-T-----G-----G--A-----A-----A-----	6542
B.NL.00.671_00T36	A.-----A-----A-----G--A-----T-----G-----A-----	6558
B.RU.--.04RUI29005	-.-----G--AG--A-A-----M-----	6506
B.TH.90.BK132	-.-----G--G--A-----G--AC-----A-----A-----	6329
B.US.90.WEAU160	A.-----G--G--A-----AG--C--A-----C-----A-----	6995
B.US.98.1058_11	-.-----T-----A--G-----G--AT-----G--A--GA--A-----G-----	6180
C.AR.01.ARG4006	C.-----T-----T--A--G--A-----G-----A-----C--T--G--T-----A-----	6182
C.BR.--.04BR013	C.-----T-----A--G--A-----G-----A-----C-AT-----A-----	6488
C.BR.92.BR025-d	C.-----T-----T--A--G--A-----G-----A-----C-AT-----A--G-----C-----	6337
C.BW.00.00BW07621	C.-----T-----T--A--A-----G-----C--A--G-----C--T-----T-----A-----	6338
C.ET.86.ETH2220	C.-----T-----T--A--A-----G--GAG--A--C-----CCAT-----C-----AA-----	6388
C.IN.95.95IN21068	T.-----T-----T--A--A-----G-----G-----G-----CCAT-----A-----	6353
C.IN.99.01IN565_10	T.-----T-----C-----T--A--A-----G-----G--A-----G-----C-GT-----A-----	6380
C.KE.00.KER2010	A.-----T-----T--A--A-----G-----G-----A-----CCAG--T-----A-----	6195
C.TZ.01.BD9_11	C.--G--C--T-----T--T-----A-----G-----AA-----G-----CCGT-----A-----	6222
C.UY.01.TRA3011	C.-----T-----T--A--G--A-----T-----G-----G-----A-----C-AT-----G-----A-----	6168
C.ZA.04.SK164B1	T.--G--T-----T--A--A-----T-----G-----A-----A-----C-GT-----C-----A-----	6373
C.ZM.96.96ZM651	C.-----T-----T--A--A-----G-----G-----A-----G-----CCAT-----A-----	6361
D.CD.83.ELI	D.-----C-----A-----G--GAG--A-----C-----C-----	6533
D.CD.83.NDK	A.-----T-----T-----A-----A-----G--GAG--A-----G--C--CT-----A-----	6504
D.CM.01.01CM_4412HAL	-.-----T-----A--A--A-----G-----CT-----C-----G-----C-A-----	6183
D.KE.01.NKU3006	-.-----C-----A--A--A-----C-----G--G--T-----C-A-----G-----G-----A-----	6237
D.TD.99.MN012	-.-----A--A--GA-----G-----A-----C--T-----C-A-----C-A-----	6199
D.TZ.01.A280	-.-----A-----A-----G--AG--A-----C-----C--A--A-----T-----	6191
D.UG.94.94UG114	-.-----A-----A-----A-----CG-A-----A-----T-----C-A-----G-----A-----	6315
D.UG.99.99UGD23550	-.-----C-----A--G--A-----G-----G-----G-----C-AC-----G-----G-----	6216
D.UG.99.99UGK09958	-.-----T-----A-----A-----TG--T-----C-----G-----G-----A-----	6165
D.ZA.86.R482	-.-----A-----A-----T--G--GA-----A-----C-----C--A-----	6242
F1.BE.93.VI850	T.-----C--T-----T--A--A-----G--A-GA-----G--G--C-AG-----AA-----	6307
F1.BR.89.BZ126	T.-----T-----A-----A-----G--A--A-----G--G--C-AG-----AA-----	6337
F1.BR.93.93BR020_1	T.-----T--A--A-----G--G--A-AT-----CA--GT--C-AG-----T-----AA-----	6325
F1.FI.93.FIN9363	T.-----T--A--A-----G--GG--A-G-----G--G--G--GG-----AA-----	6326
F1.FR.96.MP411	T.-----T--A--A-----G--GGG--CCA-G-----G--G--C-AG-----	6194
F2.CM.02.02CM_0016BBY	T.-----T--T-----T--T-----A-----G--G--A-G-----G--A--GTT--C--G-----AA-----	6177
F2.CM.95.MP255	T.-----T-----T-----A-----G--G--A-G-----G--G--CGA--G-----A-----	6183
F2.CM.95.MP257	C.-----T-----T--T--C-----G-----A--A-----G--TT--C--GG-----T-----AA-----	6198
F2.CM.97.CM53657	T.-----A-----T-----T-----G-----G--AGA-----G--GTT--GG-----AA-----	6180
G.BE.96.DRCBL	-.-----T--A-----C--G--GTGG--A-----A-----AC-----T-----A-----	6951
G.CM.01.01CM_4049HAN	A.-----T-----T-----G--GAG--AT-----T-----G-----T-----A-----	6198
G.ES.99.X138	C.-----T-----T-----A-----C--GGG--RA-----T-----A-----T-----G--A--G-----	6441
G.FI.93.HH8793_12_1	C.-----C-----T--A--G-----T-----G--GG--A--GA-----CA-----T-----	6397
G.NG.92.92NG083	C.-----T-----A-----T-----G--GGG--GA--A-----A-----T-----A-----	6347
G.SE.93.SE6165	C.-----T--AA-----T-----G--GGG--GA-----A-----T-----A-----	6409
H.BE.93.VI991	A.-----T--A-----T-----G--C--GGG--A-AA--T-----C-----C-----	6384
H.BE.93.VI997	T.--C--C--T-----T--A-----T-----G--C--A--T-----T-----A-----	6317
H.CF.90.056	A.--T-----T--A-----C-----G--C--A--A-----TT-----T-----A-----	6316
J.SE.93.SE7887	A.-----A-----G-----AT-----T-----C--A-----T-----C-----A-----	6298
J.SE.94.SE7022	A.-----T--A-----T-----C--A-----T-----C-----A-----	6305
K.CD.97.EQTB11C	-.-----T--A-----C-----G-----C--A--G-----G-----C-----AA-----	6207
K.CM.96.MP535	-.-----A-----C-----G--GG--A-G-----G-----A-----AA-----	6193
01_AE.TH.00.OUR200I	T.-----T-----A--T--A-----T-----G-----G--A--AA-----G--G--A-----T-----C-----	6211
01_AE.TH.01.OUR414I	T.-----T-----A--T--A-----A-----A--G--G-----G--A--AT-----G-----G-----A-----T-----C-----	6193
01_AE.TH.02.OUR769I	T.-----T-----CA--T--A-----A-----C--T--G-----G-----A--CA--G-----G--T--AG-----T-----C-----	6187
01_AE.TH.90.CM240	T.-----T-----A--T--A-----A-----T-----G-----G-----A--T-----G-----G-----A-----T-----C-----	6565

B. FR. 83. HXB2 G. CCAATTCCCATACATTATTGTGCCCCGGCTGGTTTTCGCATTCTAAATGTATAATAAGACGTTCAATGGAACAGGACCATGTACAAATGTCAGCACAGTACAATGTACACATGGAATTAGGCCAGT 6985

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE T A G GGG GA G C A T C A 6145

02 AG. FR. 91. DJ264 A A G G A G C AG T C C A 6337

02 AG. NG. IBNG A A G GG AGG G C A C C C A 6509

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 T C A G GG GA G C GG C C C A 6160

03 AB. BY. 00. 98BY10443 A A G G A A G T T A A 6960

03 AB. RU. 97. KAL153 2 A A G CG A A C G G T T A A 6183

03 AB. RU. 98. RU9800I A A G CG A A G G T T A A 6321

04 cpx. CY. 94. CY032 A A T G G G A AT C TT G C C T G G C T A 6373

04 cpx. GR. 91. 97PVCH C A T G G A AT C CC TT GT C A C G C T A 7075

04 cpx. GR. 97. 97PVMY A T A C G G A GA GA T T C A T G G C T A 7039

05 DF. BE. VI1310 T T A A G G G A A G G G C AG C AG C A A A 6388

05 DF. BE. 93. VI961 T T A A G AG G A G G G C AG C A A A 6375

05 DF. ES. 99. X492 T T A A G G G A A G G G G A A A 6344

06 cpx. AU. 96. BFP90 A C T A T G GGG GAT A T G A A 7057

06 cpx. EE. EE0359 A C C T A T G GAG AT A T T C A A 6659

06 cpx. ML. 95. 95ML127 A C T A T G GGG AT A T T G GGG AT A T T A A 7011

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 C T A T G GGG A AT G A T T A A 7059

07 BC. CN. CNGL179 T T C CA T A A A G G TA G G CTAT T G A A 6211

07 BC. CN. 97. 97CN001 T T C CA T A A A G G TA G G CCAT T G G A A 6331

07 BC. CN. 97. CN54 T T C CA T A A A G G TA G G CCAT T G G A A 6361

07 BC. CN. 98. 98CN009 T T C CA T A A A G G G GA G G CCAT T G G A A 6331

08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F T T C CA T A A A G G TA G G A CCAT T G G A A 6173

08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F T T C CA T A A A G G A G G A CCAT T G G A A 6179

08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F T T C CA T A A A G G TA CA T A G G A CCAT T G G A A 6173

08 BC. CN. 98. 98CN006 T T C C T A A A G G A G G A C AT T G G A A 6322

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 A A G GGG GA AT A TT G G G G 6184

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 A A G GAG A A A AC TT G G A A 6214

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 A A G GGG AT C A C AC A TT G A A 6175

09 cpx. US. 99. 99DE4057 G A T G GG A A A AC AC TT TT A A 6190

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 T A A A A G G A G G C A CA T G G AA 6358

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071 A A A A C C G T G G G G T G G A A 6370

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110 A A A A G G A G G G C A C T G C G G 6368

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA C T A A A G G TT AT A G C AG C C A 6170

11 cpx. CM. 96. 4496 T A A A G GGG G G G CCAG G C C A 6350

11 cpx. FR. 99. MP1298 T A A A G G G GA AG C AG C C C A A 6991

11 cpx. GR. GR17 T C T A A G C GGG GA C A C A C A A 6258

12 BF. AR. 97. A32879 C T A A G GG AGA T G G G A AA AA 6584

12 BF. AR. 99. ARMA159 A T A A C G G A A G G G CCAG G AA AA 6998

12 BF. ES. 02. X1241 T T A A G GG CAGA T C G GA C AT AA AA 6247

12 BF. UY. 99. URTR23 T T A A G G G A A G G G C AG AA AA 7019

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN A G G GA GT C AG T C C A 6228

13 cpx. CM. 96. 1849 G G G GA G C GG T C C C A A 6407

13 cpx. CM. 96. 4164 T G G A G C AG G T C C C A A 6392

14 BG. ES. 00. X605 G C G C 6438

14 BG. ES. 00. X623 A T G C 6428

14 BG. ES. 99. X397 T G C 6441

14 BG. ES. 99. X421 T G C 6432

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 T A A G G A A G C T T 6190

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 T A A G G A G A G T T 6217

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 A A A G C C A A T G G T T 6357

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 A A A G C A A G G T T 6385

16 A2D. KR. 97. 97KR004 T A A A G GG CCC GAA G C AG T T 6354

18 cpx. CM. 97. CM53379 T A G C C T G G C C C A A 6195

N. CM. YBF106 A C A AC A C C A G G AGGA AT T G AT AGC G T T C A A 6551

N. CM. 02. DJ00131 A C A AC A C C A G G AGCA AT T G G GA A G T T C A A 6469

N. CM. 95. YBF30 A C A AC A C C A G G AGGA AC T G AT AGC G T T C A A 6578

O. BE. 87. ANT70 A A C T A A A T CT T G C GC CAGAA T CA C G CA A CGGT TACT C C AC 7021

O. CM. 96CMABB637 C C A T A A A C CT T G G C CAG A T CTT C AG CA TTCAGT TACT C T C A AC 6507

O. CM. 91. MVP5180 C C T AA A A C CT T G G C CAGAC T C T CCAC A TTCAGT TACT C C A AC 7020

O. SN. 99. SEMP1300 G A C T A G A A C CT T G C C CAGG T C C T CAGT TACT C C A AC 7044

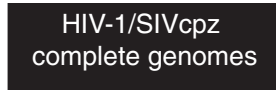
CPZ. CD. ANT T T A A A T AT G G AG G GAT T CA GT GATG A TCAGT T C T A C A 6438

CPZ. GA. CPZGAB T A C T A A G T C G AGAC TTCA A TAA T A T G T AA AA 7046

CPZ. TZ. TAN1 A CAGA C T A A C CC GT GAG C AT CA G A CT C TCAGT T C G TAT TA 6629

CPZ. US. 85. CPZUS A C A AC A C C G A AGAT A AG GAG A T T G G T C AA AA 7029

Env gp120 P I P I H Y C A P A G F A I L K C N N K T F N G T G P C T N V S T V Q C T H G I R P V Env



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	AGTATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAG...GTAGTAATTAGATCTGTCAATTTCCACGGACAATGCTAAA.....ACCATAATAGTACAGCTGAACACATCTGTAGAA	7103
A1.KE.94.Q23_17	-----T-----G-----A-A-T...A-AC-----AA--A-----AA-----C-----TT-----A-TGT-CA-C---GAC-	6546
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----GA-----A-G-Y-----AA--A-----GC-----TY-----T-CTGAGC-----A-C	6586
A1.SE.94.SE7253	-----A-----A-A-----AA--A-T-A-----C-----A-T-C-GAGC-----AC-	6313
A1.TZ.01.A173	-----G-----A-CA-----AG--A-----AA-----C-----AT-----AT-T-C-GAGC-----C-	6321
A1.UA.00.98UA0116	-----GA-----A-G-----AA--A-----GC-----T-----T-CTGAGC-----A-C	7102
A1.UG.92.92UG037	-----G-----T-----G-A-----A-G-----AA--A-----AA-----TC-----A-----A-T-----GAG-----AC-	6488
A1.UG.98.98UG57136	-----A-----AG-----A-----AA--A-T-A-----ATC-----A-----A-T-----GAG-----AC-	6308
A2.CD.97.97CDKFE4	-----G-----A-----GA-G-----AA--A-T-AA-----C-----A-----T-T-TGA-----G-CC-	5100
A2.CD.97.97CDKS10	-----C-----G-----A-----A-G-----AA--C-----AA-----C-----A-----T-T-T-A-C-----CC-	3234
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-----C-G-----G-A-----A-G-----AA--A-T-A-----C-----A-----T-T-T-A-C-----CC-	6431
A2.CY.94.94CY017_41	-----C-----G-----G-G-AAAA-A-G-----AA--A-T-AA-----C-----A-----T-T-T-CT-AGC-----CT-	6487
A3.SN.01.DDI579	-----G-----G-----G-----A-G-----AA--C-----AA-----C-----A-----TGTT-ATC-----GC--	6319
A3.SN.01.DDJ369	-----GA-----G-----G-A-----A-G-----AA--C-----AA-----C-----A-----TG-TGAGC-----T-C	6328
A3.SN.96.DDJ360	-----T-----G-----G-----A-G-----AA--C-----AA-----C-----A-----TGTT-TC-----C--	6304
B.AR.00.ARMS008	-----G-----G-----G-----A-----AA-----AA-----A-----T-----CA-A-----A--	6364
B.AU.96.MBCD36	-----A-----C-----C-----T-----G-AA-----A-----GA-----CA-A-----A--	6505
B.CO.01.PCM074	-----G-----A-----A-----A-G-----AA--C-----T-AA-----G-----CA-A-C-----C-	6345
B.GA.88.OYI	-----G-----C-----A-----AG-----AA-----A-----T-----T-----A-----A-----C-----	6660
B.NL.00.671_00T36	G-G-----C-----T-A-----T-----AAA-----A-----A-C-----A-----GGA-----T-----	6676
B.RU.-.04RUI29005	-----G-----G-----G-----C-----A-----A-----TGA-----R-----T-----	6624
B.TH.90.BK132	-----G-----C-----T-----C-----AA-----T-----A-----AGA-----C-----	6447
B.US.90.WEAU160	-----G-----C-----T-----C-----AA-----AA-----TGA-----CA-----	7113
B.US.98.1058_11	-----T-----T-----T-----A-----C-----A-----A-----GA-A-----T-----	6298
C.AR.01.ARG4006	G-----A-----T-----A-----A-----AAA-----A-A-----A-----A-----C-----A-----C-----T-----TGA-----	6300
C.BR.-.04BR013	G-----A-----T-----A-----A-----AAA-----A-AT-----A-----TC-----A-----T-----T-----GGA-C-----	6606
C.BR.92.BR025-d	-----G-----A-----T-----A-----A-----AAA-----C-A-----A-----TC-----A-----T-----T-----GA-----G	6455
C.BW.00.00BW07621	-----C-----A-----T-----T-----G-----A-----G-----AA-----A-----AA-----G-----T-----T-----TGA-----	6456
C.ET.86.ETH2220	G-----AT-----T-----A-----GT-----AC-----A-----T-----AA-----C-----G-----AA-----C-----TA-----T-----TGA-----	6506
C.IN.95.95IN21068	G-----A-----T-----C-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----AA-----TC-----A-----T-----T-----TCA-C-----	6471
C.IN.99.01IN565_10	-----A-----T-----C-----A-----A-----AA-----C-----A-----AA-----C-----A-----T-----T-----TCA-----	6498
C.KE.00.KER2010	G-----A-----A-----C-----A-----A-----AA-----A-A-----AA-----TC-----A-----C-----T-----T-----A-----A-----	6313
C.TZ.01.BD9_11	-----A-----T-----C-----G-----A-----A-----AA-----C-----G-----AA-----A-----G-----T-----T-----A-----A-----	6340
C.UY.01.TRA3011	G-G-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----AAA-----A-A-----A-----A-----C-----TA-----T-----T-----TGA-----	6286
C.ZA.04.SK164B1	G-----A-----T-----C-----GG-----A-----A-----AA-----C-----G-----A-----C-----A-----T-----T-----A-----C-----	6491
C.ZM.96.96ZM651	G-----A-----A-----T-----C-----G-----A-----A-----AA-----C-----G-----AA-----TC-----A-----T-----T-----G-----A-----	6479
D.CD.83.ELI	G-G-----G-----G-----CA-----C-----AA-----C-----AA-----A-----C-----T-----T-----TGA-----A-----	6651
D.CD.83.NDK	G-G-----G-----G-----A-CA-----AA-----C-----AA-----T-----A-----C-----T-----TG-----A-----T-----	6622
D.CM.01.01CM_4412HAL	G-----T-----G-----G-----CA-GG-----AA-----C-----A-----A-----C-----T-----T-----ATA-----A-----A-C	6298
D.KE.01.NKU3006	-----G-----A-----G-----T-----AC-----AA-----C-----T-----AA-----T-----T-----C-----T-----GAG-----AC-----	6355
D.TD.99.MN012	G-G-----T-----T-----G-----G-----A-----A-----G-----AA-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----A-C	6317
D.TZ.01.A280	G-G-----G-----T-----G-----G-----A-----A-----AA-----C-----AA-----T-----T-----A-----TGAG-----A-----	6309
D.UG.94.94UG114	-----G-----T-----G-----A-----A-----AA-----C-----AA-----T-----T-----T-----TGAG-----CC-----	6433
D.UG.99.99UGD23550	-----G-----G-----T-----T-----G-----G-----A-----A-----AA-----AC-----GAA-----T-----GTT-----T-----TGAG-----T-----	6334
D.UG.99.99UGK09958	-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----A-----AA-----C-----AA-----T-----T-----GAG-----A-----C-----	6283
D.ZA.86.R482	G-G-----T-----C-----C-----A-CA-----T-----AA-----C-----AA-----A-----T-----C-----T-----TG-----TA-----	6360
F1.BE.93.VI850	G-----T-----T-----C-----GT-----A-----C-----CAA-----A-----T-----AA-----T-----A-----C-----T-----TGA-----C-----G	6425
F1.BR.89.BZ126	G-----T-----T-----C-----T-----A-----A-----C-----CAA-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----T-----TGA-----C-----G	6455
F1.BR.93.93BR020_1	G-----C-----T-----C-----G-----A-----C-----CAA-----A-----T-----A-----T-----A-----G-----C-----T-----TGA-----C-----G	6443
F1.FI.93.FIN9363	G-----T-----T-----C-----T-----G-----GT-----A-----A-----C-----CAA-----C-----T-----A-----T-----A-----T-----C-----T-----TGA-----C-----G	6444
F1.FR.96.MP411	G-----T-----T-----C-----G-----T-----A-----A-----C-----CAA-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----C-----T-----TGA-AG-----C-----G	6312
F2.CM.02.02CM_0016BBY	G-----A-----CT-----A-----A-----T-----A-----A-----AA-----A-----A-----T-----A-----A-----T-----T-----TGA-----A-----A-----	6295
F2.CM.95.MP255	G-----A-----C-----C-----C-----T-----A-----A-----AAA-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----AT-----	6301
F2.CM.95.MP257	G-----A-----C-----C-----A-----A-----GA-----AA-----A-----T-----A-----T-----A-----A-----T-----T-----A-----ATC-----A-----	6316
F2.CM.97.CM53657	-----G-----A-----G-----T-----A-----AA-----A-----T-----A-----T-----A-----A-----T-----T-----T-----G-----C-----	6298
G.BE.96.DRCBL	-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----CA-----T-----AA-----A-----T-----A-----C-----GT-----G-----C-----T-----GG-----	7069
G.CM.01.01CM_4049HAN	G-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----AG-----AA-----A-----A-----A-----C-----T-----G-----T-----TGA-----A-----A-----	6316
G.ES.99.X138	GA-----T-----AC-----C-----T-----A-----A-----A-----AA-----CA-----A-----A-----C-----A-----G-----T-----GGA-----G-----A-----A-C	6559
G.FI.93.HH8793_12_1	G-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----A-----AA-----CA-----A-----A-----C-----GT-----G-----T-----TGA-----A-----	6515
G.NG.92.92NG083	G-----A-----C-----G-----T-----T-----A-----AG-----AA-----A-----A-----C-----GT-----G-----T-----T-----ATAG-----A-----	6465
G.SE.93.SE6165	G-----A-----AC-----G-----T-----G-----A-----A-----AA-----G-----AA-----A-----A-----C-----GT-----T-----A-----A-----	6527
H.BE.93.VI991	G-----T-----A-----C-----TG-----GAG-----A-----AAA-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----T-----A-----TGA-----C-----C-----	6505
H.BE.93.VI997	G-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----AA-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----TG-----T-----GTC-----A-----	6435
H.CF.90.056	G-----A-----A-----C-----C-----A-----CA-----A-----AAA-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----T-----G-----C-----A-----A-C	6434
J.SE.93.SE7887	G-----A-----C-----A-----G-----C-----A-----A-----AA-----CA-----T-----A-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----A-----	6416
J.SE.94.SE7022	G-----A-----C-----G-----G-----C-----A-----A-----AA-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----TGAC-----A-----	6423
K.CD.97.EQTB11C	G-----T-----A-----C-----A-----A-----T-----G-----AAG-----A-----T-----AA-----G-----A-----A-----A-----T-----TGA-----G-----	6325
K.CM.96.MP535	G-----A-----C-----G-----AA-----A-----T-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----TGA-----A-----C-----	6311
01_AE.TH.00.OUR200I	G-----T-----A-----C-----A-----A-----C-----AA-----C-----AA-----C-----A-----A-----G-----C-----T-----T-----A-----	6329
01_AE.TH.01.OUR4141I	G-----T-----A-----C-----A-----A-----C-----AA-----C-----G-----A-----A-----C-----G-----C-----T-----T-----A-----	6311
01_AE.TH.02.OUR769I	G-----T-----A-----C-----A-----A-----C-----AA-----A-----AA-----A-----A-----G-----C-----T-----T-----A-----	6305
01_AE.TH.90.CM240	G-----T-----A-----C-----A-----A-----C-----AAG-----C-----AA-----C-----A-----G-----C-----T-----T-----A-----	6683

B. FR. 83. HXB2
 02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE
 02 AG. FR. 91. DJ264
 02 AG. NG. - . IBNG
 02 AG. UZ. 02. 02UZ693
 03 AB. BY. 00. 98BY10443
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 03 AB. RU. 98. RU98001
 04 cpx. CY. 94. CY032
 04 cpx. GR. 91. 97PVCH
 04 cpx. GR. 97. 97PVMY
 05 DF. BE. - . V11310
 05 DF. BE. 93. VI961
 05 DF. ES. 99. X492
 06 cpx. AU. 96. BFP90
 06 cpx. EE. - . EEO359
 06 cpx. ML. 95. 95ML127
 06 cpx. SN. 97. 97SE1078
 07 BC. CN. - . CNGL179
 07 BC. CN. 97. 97CN001
 07 BC. CN. 97. CN54
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F
 08 BC. CN. 98. 98CN006
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 09 cpx. SN. 95. 95SN1795
 09 cpx. SN. 95. 95SN7808
 09 cpx. US. 99. 99DE4057
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110
 11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA
 11 cpx. CM. 96. 4496
 11 cpx. FR. 99. MP1298
 11 cpx. GR. - . GR17
 12 BF. AR. 97. A32879
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 12 BF. ES. 02. X1241
 12 BF. UY. 99. URTR23
 13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN
 13 cpx. CM. 96. 1849
 13 cpx. CM. 96. 4164
 14 BG. ES. 00. X605
 14 BG. ES. 00. X623
 14 BG. ES. 99. X397
 14 BG. ES. 99. X421
 15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331
 15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 15 01B. TH. 99. 99TH R2399
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 18 cpx. CM. 97. CM53379
 N. CM. - . YBF106
 N. CM. 02. DJ00131
 N. CM. 95. YBF30
 O. BE. 87. ANT70
 O. CM. - . 96CMABB637
 O. CM. 91. MPP5180
 O. SN. 99. SEMP1300
 CPZ. CD. - . ANT
 CPZ. GA. - . CPZGAB
 CPZ. TZ. - . TAN1
 CPZ. US. 85. CPZUS
 Env gp120

AGTATCAACTCAACTGCTGTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAG . . . GTAGTAATTAGATCTGTCAATTTCCAGGACAATGCTAAA ACCATAATAGTACAGCTGAACACATCTGTAGAA 7103
 -----T-----T-----G-----A--C-----AA--A--T-AA-----C-----T--G--TCAGC-----AG- 6263
 -----A-----G-----AA--A--AA-----C-----A-----G--T--GTG--GC-----AG- 6455
 -----G--A-----G--C-----AA--A--AA-----C-----T--GCT--ATC-----A-- 6627
 -----T-----G-----AC-----AA--C--AA-----C--G-----GT-----T--TGAG-----C- 6278
 --G-----T--C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AGA-C----- 7078
 -----T-----A-----A-----AGA-C-----G----- 6301
 --G-----T--C-----A-----A-----A-----A-----A-----AGA-C----- 6439
 G-----T-----A--CT--ACG-----A-----AAA--A--A-----A--C-----AT-----TGCA--AGG--A-- 6491
 G-----T-----A--CT--AC--G--G-----A-----AAA--A-----A--C-----AT-----TG--AGG--A-- 7193
 -----T-----A--CT--T--AC-----G-----AAA--C-----A-----A--C-----AT-----TGCA--AGG--A-- 7157
 G-----GT-----T-----A-----GT--A--A--C-----CAA--A--T--A--T-----A-----C--T--TGA-----C--T 6506
 G-----T-----A-----AGT--A--A--C-----CAA--A--TTA--T--A-----A-----C--T--TGA-----C--G 6493
 G-----T-----A-----TAG-----A-----CAA--A--T--ATCT--A--A-----AT-----T--T--TGA-----C--G 6462
 G-----T--A--C--G-----T-----G--A--C--A--AC-----A--A--CA-----A--A--C-----AT-----G--T--TCAGC----- 7175
 G-----G--T--A--C-----T-----AGT--A--A-----AA--CA-----A-----C-----A-----G-----T--T--A----- 6777
 -----GT--A--C--G-----T-----A--A-----A--AAA--CC-----A-----A--C-----T-----G--T--T--A----- 7129
 -----T--A--AC--G-----T-----G--A--A--A-----A--AA--CC-----A-----AGC--G-----A-----T--T--A-----A----- 7177
 -----A-----T--C-----G--A--A--A-----AA--C--G--AA-----TC-----A-----T--T--TCA----- 6329
 -----A--TG--T-----T--C-----G--A--A-----G--AA--C--G--AA-----TC-----A-----T--T--TCA----- 6449
 -----A-----T--C-----G--A--A-----AA--C--G--AA-----TC-----A-----T--T--TCA----- 6479
 -----A-----T--C-----A--A-----AA--C--G--AA-----TC-----A-----T--T--TCA----- 6449
 -----A-----T--C-----AG-----A--A-----AA--C--G--AA-----TC-----A-----T--T--TCA----- 6291
 -----A-----T--C-----AG-----A--A-----AA--C--G--AA-----TC-----A-----T--T--TCA----- 6297
 -----A-----T--C-----AG-----A--A-----AA--C--G--AA-----TC-----A-----T--T--TCA----- 6291
 -----A-----T--C-----G-----C--A--A-----AA--C--G--AA-----TC-----A-----T--T--TCA----- 6440
 G-----T--A--C--G-----T-----C--A--A-----AG--A--AA-----TC-----GT-----T--GCTGATC-----ACG 6302
 G-----T--A--C--G-----T-----T--A--A-----T--AG--A--AAG-----C-----GT-----T--T--AGC-----A-- 6332
 G-----T--A--C--G-----T-----A--A--G-----AG--A--AA--T--C-----GT-----T--GT--GAGC-----AC- 6293
 G-----T--A--C--G-----T-----A--C--A--A-----AG--A--A--T--A--C-----GT-----AT--GTTGAGC-----ATG 6308
 --G-----T--A--G-----A--A-----AA--C--A--T-----AT-----G-----T--TGAG-----AC- 6476
 --G-----T--A--G-----A--A-----AA--A-----AAGT--G--CT-----T-----T--TGAG-----AC- 6488
 --G-----G--T--A--G-----A--A-----AG--C--A--T-----T-----T--TGAG-----AC- 6486
 -----T--A-----T-----G--A-----A--G-----AA--C-----A-----A-----A-----T--T--CAG-----AC- 6288
 -----A-----G-----AGG-----A-----AA-----AA-----A-----T-----TG--GTC--R--AG- 6468
 -----A--A-----A--GG-----AAG-----AA--C-----A-----T-----A-----GT-----ATG 7109
 -----A-----G-----AGG-----A--AA--CC-----AA-----A-----T-----GTA-----AG- 6376
 G-----T--T-----C-----A--A--C--C-----CAA--A--T--A--T-----A-----A-----C--T--GGA--C-----TGG 6702
 G-----T--T-----C-----T--A--A-----CAA--CA--T--A--T-----A-----T--T--TGA-----C--G 7116
 G-----T--T-----C-----G--T--A--AG--C-----CAA--A--TG--A--T-----A-----C--T--TGA--C-----C--G 6365
 G-----T--T-----C-----T--A--A-----C-----CAA-----T--A--T-----A-----T-----C--T--TGAG-----C--G 7137
 -----CA--T-----GA-----AAG-----AA--C--T--AAG-----A-----TGCC--AGC--A--AG- 6346
 -----C-----G--A--A--AAG-----G--AAA--C--T--A-----T--GG-----A-----TGCT--GC-----AG- 6525
 -----C-----A-----A--G-----AA--C--T--A-----T-----TGCT--AGC--A--AG- 6510
 -----C-----A--A-----G--AAA--C-----A-----AGAGC--A----- 6556
 -----C--A-----G--AAA--C--T-----A-----GGAGC--A--S-- 6546
 -----C-----A--A-----G--AAA--C--G--GT-----A-----AGACC--A----- 6559
 -----C-----A--A-----G--AAA--C-----A--G-----AGACC--A----- 6550
 -----T-----G--T-----AG-----GT-----TGA--C-----T----- 6308
 -----T-----T-----AG-----AA-----GT-----TGA--A----- 6335
 -----T-----A--C-----AG--C-----A-----GT-----A--TGA----- 6475
 -----T-----A-----AG-----G-----GT-----TGA----- 6503
 G--C--T-----T-----C--G-----G--A--TAAAC--A-----CA--A--T--A-----A-----T--T--CT--AGC-----C-- 6475
 G-----A-----AC-----A-----GA--G--C-----AA--A--A-----A--C-----A-----T--A--AGC-----T- 6313
 GA--C-----GT--AA--CC-----A--CT--ATAC-----T--T--A--T--T-----CA-----C-----GGGT-----ATC--GT--G--G--ATG--TGAG--A--GTC- 6654
 GA--C-----GT--AA--CC-----G--CT--ATA-----T--T--A--T--T-----ATA--T--G--G--GT-----ATC--GT--G--G--ATG--TGAG--A--GTC- 6572
 GA--C-----GT--AA--CC-----A--CT--AATAC-----T--G--A--T--T-----AA--AT-----G--CAC--GT-----ATC--GT--G--G--ATG--TGAG--A--GCC- 6684
 -----AGT-----G--AA--A-----G--CA--CT--TA-----G--A--A-----A--G-----G--TGG--AAAAG--A--TTT--AGG--GA-----AT--C-----GACC--A--T--TA--CC--A--C 7139
 -----AGT-----AA--AC-----A--CAA--CT--T-----G--A--A-----A--G-----GCTGGGAAAA--C--TT--AA--T--C-----G--T-----AT--CC-----GACC--A--TT--CA--C--A--C 6622
 -----AGT-----AA--AC--G-----G--CA--CT--TAG-----A-----A--G-----TGGGAAAA--A--T--A--ATCA--A--G-----AT--C-----ACC--A-----TC--A--A--C 7138
 -----AGT-----AA--A-----G--CAA--CT--T-----G--A-----A--G-----TGGGAAAA--A--TT--A--C--GG-----AT--C-----GACCA--A--TT--TA--A--A--C 7162
 G--GG-----ATGGT--A--A-----A--C--TACCA--AC--A--CACTTCA-----G--ATGG--CG-----AAATGAATCTGTGCT--GT-----GAT--TGG--AA--G--AT--CG--A--AC--TA--AC- 6556
 G--TA--C-----GT--A--TA--T-----A--T-----G--A--C-----A--ACTG--A-----GTG--AG-----AAGT--AA--A-----ACTGATGT--TGG-----AGTAGA--G--A--TAGT 7164
 GA--G--C--AGC--T--A--AC-----GTCC--G--A-----AC--AA--GC--TAC-----TTT--TT-----A--CTC--GTTAATACAC--T--T-----A--AT--T--TGT-----AA--A--T 6744
 G--GA--T--A--G--CA--AA-----T-----ACTA--A--T-----TACTG--A--AG--AAA--C--TG--A-----T-----TC-----AT--CTCAGAGGGA--CA--T 7138

V S T Q L L L N G S L A E E E . V V I R S V N F T D N A K T I I V Q L N T S V E Env

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	- V3 loop start	- V3 tip -	
B.FR.83.HXB2	ATTAATTTGTACAAGACCCAAACAACAATACAAGAAAAAGAATCCGTATCCAGAGAGGACCAGGGAGAGCATTGTGTTACA.....	ATAGGA.....AAA...ATAGGA...AAT...A	7200
A1.KE.94.Q23_17	-----G-----TC-----T-----T-A-----T-----ACA-----CTA-G-----C-----TGAC-----T-----G...G-----		6640
A1.RU.03.03RU20_06_13	--C-C-----TC-----TGG-----C-----T-A-----T-----ACA-A-C-----CTA-G-----C-----KGAT-----GT-----G...G-C-----		6680
A1.SE.94.SE7253	-----C-----C-----T-G-----C-----T-A-----T-----ACA-----CTA-G-----C-----TGAC-----T-----C-----G...G-----		6407
A1.TZ.01.A173	---T---C-TC-----T-----GG-A-A-----T-----ACAGA-----CTA-G-----C-----GAC-----T-----G...G-----		6412
A1.UA.00.98UA0116	--C-C-C-----TC-----TGG-G-G-----A-----C-----T-A-----T-----ACA-A-C-----CTA-G-----C-----TGAT-----GT-----G...G-C-----		7196
A1.UG.92.92UG037	-----C-----C-----T-----T-----G-----TG-A-----T-----ACA-A-----CTA-G-----C-----TGAT-----T-----G...G-----		6582
A1.UG.98.98UG57136	---G---TC-----T-----T-----TG-A-----T-----ACA-----CTA-G-----C-----GAC-----T-----C-----G...G-----		6399
A2.CD.97.97CDKFE4	-----C-----TC-----G-----G-T-A-C-----TT-----ACA-TC-----CTA-----C-A-TGAC-----T-----G...G-----		5100
A2.CD.97.97CDKS10	-----C-----C-----T-A-C-----TTT-----ACAG-C-----CTA-----ATAATAAC-----T-----G...G-----		3325
A2.CD.97.97CDKTB48	---C---TC-----T-----T-A-C-----TTT-----ACA--C-----CTA-----C-AATGAA-----T-----G...G-C-----		6525
A2.CY.94.94CY017_41	---G---C-----C-----C-----TG-A-C-----T-----ACA-----CTA-G-----C-----TGAC-----T-----G...G-----		6578
A3.SN.01.DDI579	-----C-----C-----C-----TG-A-A-----T-----ACAG-----CTA-G-----C-----GAC-----T-----G...G-----		6413
A3.SN.01.DDJ369	-----C-----C-----C-----TG-A-C-----T-----ACA-----CTA-G-----C-----TGAC-----T-----G...G-----		6422
A3.SN.96.DDJ360	---C---C-----C-----G-T-A-C-----T-----GTT-G-TT-----TA-G-----C-AC-GAA-----T-----G...G-----		6398
B.AR.00.ARMS008	---G---T-----T-----C-----T-----GAC-----CT-----A-AG-T-----CTA-----C-----T-----C-----G...G-----		6458
B.AU.96.MBCD36	---T---C-----GG-----C-----T-ATC-----T-----T-----TAC-----C-----CAA-----T-----G...G-----		6596
B.CO.01.PCM074	-----C-----G-----ATCA-----T-----CA-----C-AA-CAA-----T-----G...G-----		6439
B.GA.88.OYI	---T---A-----T-----TA-G-----C-----GAA-----T-----G...G-----		6754
B.NL.00.671_00T36	-----R-----R-----T-----A-C-----T-----TA-----C-----GAC-----T-----G...G-----		6770
B.RU.-.04RU129005	-----T-----T-----G-----AAC-----TG-----T-A-TA-----C-----GAA-----T-----G...G-----		6718
B.TH.90.BK132	---C-C---T---G---T---T---C-T-AAC-----TG-----A-T-A-TA-----C-----GAA-----T-----G...G-----		6541
B.US.90.WEAU160	-----C-----C-----C-----T-----A-----TT-----T-C-TA-----C-----GAA-----T-----G...G-----		7207
B.US.98.1058_11	---G---T-----T-----T-----G-----TG-----A-T-A-TA-----C-----CAA-----T-----G...G-----		6392
C.AR.01.ARG4006	-----C-----G-----T-----T-----G-----T-AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----C-----GAC-----T-----G...G-----		6394
C.BR.-.04BR013	-----G-----G-----T-----T-----G-----T-AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----C-----GAC-----T-----G...G-----		6700
C.BR.92.BR025-d	-----G-----G-----T-----T-----G-----T-AA-G-----T-----ACA-----CTA-G-----C-----GAA-----T-----G...G-----		6549
C.BW.00.00BW07621	--CGTG-----G-----GG-----T-----G-----TG-GA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----C-----GAC-----T-----G...G-----		6550
C.ET.86.ETH2220	---C---G-----G-----T-----T-----G-----T-AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----C-----GAC-----T-----G...G-----		6600
C.IN.95.95IN21068	---TG-----G-----T-----T-----T-AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----C-----GAC-----T-----G...G-C-----		6565
C.IN.99.01IN565_10	---GTG-----T-----GG-----T-----TG-AA-A-----T-----ACA-ATG-----CTA-G-----C-----GAC-----T-----G...G-C-----		6592
C.KE.00.KER2010	---GTG-----T-----GG-----T-----TG-AA-A-----T-----ACA-A-----TA-G-----C-----TGAC-----T-----G...G-C-----		6407
C.TZ.01.BD9_11	---GTG-----G-----TGG-----T-----T-----T-AA-A-----T-----ACA-----CT-G-----C-----TGAG-----GT-----G...G-C-----		6434
C.UY.01.TRA3011	---GTG-----G-----T-----T-----G-----T-AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----C-----GAA-----T-----G...G-----		6380
C.ZA.04.SK164B1	---GTG-----GT-----T-----G-----T-AA-G-----T-----ACA-T-----CTA-----C-AATGAA-----T-----C-----G...G-----		6582
C.ZM.96.96ZM651	---GTG-----GT-----T-----C-----T-AA-A-----T-----ACA-A-----CTA-G-----C-----GAC-----T-----G...G-C-----		6573
D.CD.83.ELI	---CC---G---G---T-TC-A-----C-----CA-C-----T-----T---CA-T-C-CTA---T-----C-A---TCA-----G---TC-----TA-----		6742
D.CD.83.NDK	---C---G---T---AT---GC---G-CATCG-----T---T-A-CA-T-C-CTA---A-----TA-C---AAAAAG---AAG---C---C---T---C-----		6725
D.CM.01.01CM_4412HAL	---C---GT---G---G---G---T---AAA-----CT---CAG-----CAG-----CTA-G-----C-TATGCAACA---AAT---T---C-----		6398
D.KE.01.NKU3006	---C---T---G---TC---C---G---T---A-----T---CA---C---CTA-----C---A-----GT-----G-----G-C-----		6446
D.TD.99.MN012	---C---T---G---T---T---G---T---A---A-----T---A---CAG---C---CTA-----C---GAC-----GT-----C---G-C-----		6408
D.TZ.01.A280	---C---T---G---T---T---G---T---A---A-----T---CA---A---CT-----GC---AG-----GT-----C---G-----		6400
D.UG.94.94UG114	---C---T---G---T---T---C---T---CA-----T---CA---C---CT-----C---AA-----GT-----G-----G-C-----		6524
D.UG.99.99UGD23550	---C---C---G---T---T---C---T---CA-----T---CA---ATA-----C---GAA-----T-----T-----C---A-----		6428
D.UG.99.99UGK09958	---C---C---G---T---C---G---T---A---A-----T---CA---CTA-G-----C---A-----T---G-----G-C-----		6374
D.ZA.86.R482	---C---G---T---G---A---T---G---T---C---AG-CATCA-----T---A---CA---C---CAA-----C---AACAAAG---AGG-TT---C---G-C-----		6454
F1.BE.93.VI850	---G---G---T---A---A-----TT---ACA-A---CTA-G-----C---GCA-----T-----G---G-C-----		6519
F1.BR.89.BZ126	---T---T---ATA-----TTW---AC---T---CA-----GC---AAA-----T-----G---G-C-----		6549
F1.BR.93.93BR020_1	---C---T---ATC-----TT---AC---T---TA-----C---GAA-----T-----G---G-C-----		6537
F1.FI.93.FIN9363	---C---T---A-----T---ACA-T---TA-G-----C---GAA-----T-----G---G-C-----		6538
F1.FR.96.MP411	---T---A---A-----TT---ACA---CTA-G-----C---TGAT-----T-----G---G-C-----		6406
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---C---G---T---A-----T---ACA-T---TA-G-----C---TGAC-----T-----G---G-C-----		6389
F2.CM.95.MP255	---G---G---G---A-----T---ACA-A---CT-G-----C---TGAA-----T-----G---G-C-----		6395
F2.CM.95.MP257	---C---G---T---A---A-----T---AC---CTA-G-----C---TGAG-----T-----G---G-C-----		6410
F2.CM.97.CM53657	---C---C---T---G---G---T---G-----T---AC---T---TA-G-----C---TACC-----GT---C---TA-G-----		6392
G.BE.96.DRCBL	---G---C---G---TG-AGCA-----TT---ACA---CTA---C---GAA-----GT-----G-C-----		7163
G.CM.01.01CM_4049HAN	---G---TC-----T---AACA-----TTC---ACA---G---CTA-G-----C---TGAC-----T-----GGC-----		6410
G.ES.99.X138	---CA---TC-----T---AA-C-----TTC---ACA---G---CTA-G-----C---TGAC-----T-----G---G-C-----		6653
G.FI.93.HH8793_12_1	---CG---GTC-----T---A-AC-----CTC-G---ACA---GC-CTA-G-----C---GGAC-----T-----G---G-C-----		6609
G.NG.92.92NG083	---G---TC-----T---A-CA-----TC---ACA---G---CTA-G-----C---TGAT-----T-----G---G-C-----		6559
G.SE.93.SE6165	---C---C---A-AGG---T---G---G---AA-A---GGGA-TT---ACA-A-G---CTA-G-----C---TGCC-----T-----G---G-C-----		6627
H.BE.93.VI991	---CC---C---T---T---G---G---T---A---A-----TTC-G---CA---CTA-G-----C---TGAC-----TC-----G---G-C-----		6599
H.BE.93.VI997	---CA---C---G---T---T---G---C---T---A---A-----TT-G---AC---CTA-G-----C---TGAC-----TC-----G---G-C-----		6529
H.CF.90.056	---GTG---TAC---T---T---G---G---T---A---AC-----TG---ACA---TGC-CTACG---C---GAA-----T-----G---G-C-----		6510
J.SE.93.SE7887	---GTG---C---T---T---G---G---T---A---AC-----TG---ACA---TGC-CTACG---C---GGAA-----T-----G---G-C-----		6517
J.SE.94.SE7022	---G---A---G---T---A---A-----T---A---A---CTA-G-----C---TGAC-----T-----G---G-C-----		6419
K.CD.97.EQTB11C	---G---A---G---T---A---A-----T---A---A---CTA-G-----C---TGAT-----T-----G---G-C-----		6405
K.CM.96.MP535	---C---C---TC---T---C---T---A---A-----T---ACA-T---CTA-G-----C---GAC-----T-----G---G-C-----		6423
01_AE.TH.00.OUR200I	---C---C---TC---T---C---T---A---A-----T---AC---T---CTA-G-----C---GAT-----T-----G---G-C-----		6405
01_AE.TH.01.OUR414I	---C---C---TC---T---C---T---A---A-----T---AC---T---CTA-G-----C---GAC-----T-----G---G-C-----		6399
01_AE.TH.02.OUR769I	---C---C---TC---T---C---T---A---A-----T---AC---T---CTA-G-----C---GAT-----T-----G---G-C-----		6399
01_AE.TH.90.CM240	---C---C---TC---T---C---T---A---A-----T---AC---T---CTA-G-----C---GAT-----T-----G---G-C-----		6777

	- V3 loop start	- V3 tip -	
B.FR.83.HXB2	ATTAATTTGTACAAGACCCCAACAACAATACAAGAAAAAGAATCCGTATCCAGAGAGGACCAGGGAGAGCATTTGTGTACA.....	ATAGGA.....AAA...ATAGGA...AAT...A	7200
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	-----C-----T-G-----G-----TG-G-----T-----CA-A-----CTA-G-----	CC-TGAA.....T.....C-----G.....G.....	6357
02 AG.FR.91.DJ264	---C-----T-----T-----G-----TG-G-----T-----CA-A-----CTA-G-----	---C-----TGAC.....T-----G.....G.....	6549
02 AG.NG.-.IBNG	-----C-----T-----G-----TG-A-A-----T-----CA-----CTA-G-----	-----C-----TGAC.....T-----G.....G.....	6721
02 AG.UZ.02.02UZ693	-----C-----T-----G-----TG-A-A-----T-----ACA-----CTA-G-----	-----C-----TGAC.....T-----G.....G.....	6372
03 AB.BY.00.98BY10443	-----G-----T-----T-A-----TG-----T-----TA-G-----	-----C-----GAC.....T-----G.....G.....	7172
03 AB.RU.97.KAL153_2	-----G-----T-----T-A-----T-----T-----TA-G-----	-----C-----GAC.....T-----C-----G.....	6395
03 AB.RU.98.RU9800I	-----G-----T-----T-A-----T-----T-----TA-G-----	-----C-----GAC.....T-----G.....G.....	6533
04 cpx.CY.94.CY032	-----C-----TGG-----G-----TG-A-A-----T-----G-----ACT-A-----GGTA-G-----	-----C-----TGAA.....T-----G.....G.....	6585
04 cpx.GR.91.97PVCH	-----CG-C-TT-----G-----GG-----TGAA-----GGT-T-----G-----ACACA-----GGTA-G-----	-----C-----TAAC.....T-----G.....G.....	7293
04 cpx.GR.97.97PVMY	-----C-----T-----G-----TG-A-A-----T-----A-A-A-----GGT-G-----	-----C-----GGAA.....GT.....G.....G.....	7251
05 DF.BE.-.VI1310	-----G-----T-----T-A-A-----TT-----ACA-----CTA-G-----	-----C-----TGAC.....T-----G.....G.....	6600
05 DF.BE.93.VI961	-----G-----T-----T-A-C-----TT-----ACA-----CTA-----	-----C-----GGAC.....T-----G.....G.....	6587
05 DF.ES.99.X492	-----G-----T-----T-A-A-----TT-----CA-----CTA-G-----	-----C-----TGAT.....T-----G.....G.....	6556
06 cpx.AU.96.BFP90	---GG-----C-----GGT-----T-----ATCC.....TTT-----ACA-----G-----CA-G-----	---C-----TGAC.....T-----G.....G.....	7269
06 cpx.EE.-.EE0359	---TA-----C-----T-T-T-----T-----A-AC-----TTT-----CA-----G-----T-G-----	---C-----TGAA.....T-----G.....G.....	6871
06 cpx.ML.95.95ML127	---G-----T-----C-----T-----T-----A-AC-----TT-----CA-----G-----CTA-G-----	---C-----TGAA.....T-----G.....G.....	7223
06 cpx.SN.97.97SE1078	---G-----C-----T-----T-----ATCC.....TTT-C-----CA-----G-----CTA-G-----	---C-----TGAC.....T-----G.....G.....	7271
07 BC.CN.-.CNGL179	---GTA-----GG-----T-----G-----T-----AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----	---C-----GAC.....T-----G.....G.....	6423
07 BC.CN.97.97CN001	---GTA-----GG-----T-----T-----AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----	---C-----GAC.....T-----G.....G.....	6543
07 BC.CN.97.CN54	---GTA-----GG-----T-----T-----AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----	---C-----GAC.....T-----G.....G.....	6573
07 BC.CN.98.98CN009	---GTA-----GG-----T-----T-----AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----	---C-----GAA.....T-----G.....G.....	6543
08 BC.CN.97.97CNGX_6F	---GTA-----T-----T-----AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----	---C-----GAC.....TC-----G.....G.....	6385
08 BC.CN.97.97CNGX_7F	---GTA-----T-----T-----AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----	---C-----GAC.....TC-----G.....G.....	6391
08 BC.CN.97.97CNGX_9F	---GTA-----T-----T-----AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----	---C-----GAC.....TC-----G.....G.....	6385
08 BC.CN.98.98CN006	---GTA-----T-----T-----AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----	---C-----GAC.....TC-----G.....G.....	6534
09 cpx.GH.96.96GH2911	---G-----GTC-----A-TGG-----C-----TG-A-----T-----ACA-A-G-----CTA-G-----	---C-----TGAC.....T-----G.....G.....	6396
09 cpx.SN.95.95SN1795	---C-----T-----G-----TG-A-A-----T-----ACA-A-G-----CTA-G-----	---C-----ATGAC.....T-----G.....G.....	6426
09 cpx.SN.95.95SN7808	---C-----T-----T-----A-----T-----ACA-A-G-----CTA-G-----	---C-----GAC.....T-----G.....G.....	6384
09 cpx.US.99.99DE4057	---C-----T-----C-----G-----TG-A-----T-----ACA-A-G-----CTA-G-----	---C-----TGAT.....T-----G.....G.....	6402
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	---CGTG-----T-----G-----T-----AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----	---C-----GAC.....T-----G.....G.....	6567
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	---C-----G-----T-----T-----AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----	---C-----GAC.....T-----G.....G.....	6582
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	---C-----G-----T-----T-----AA-G-----T-----ACA-A-----CTA-G-----	---C-----AAC.....T-----C-----G.....	6580
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	---C-----C-----T-----T-----G-----T-----A-A-----T-----ACA-----T-----CTA-G-----	---C-----TGAT.....T-----G.....G.....	6382
11 cpx.CM.96.4496	---C-----C-----T-----T-----G-----T-----A-A-----T-----ACA-----T-----CTA-G-----	---C-----TGAT.....T-----G.....G.....	6562
11 cpx.FR.99.MP1298	---C-----C-----T-----G-----G-----A-----AG-----T-----AC-----A-----TG-----CTA-G-----	---C-----GGCT.....T-----G-----G-----C.....	7203
11 cpx.GR.-.GR17	---C-----T-----GG-----T-----A-----A-----T-----ACA-----T-----TA-G-----	---C-----TGAT.....T-----G.....G.....	6470
12 BF.AR.97.A32879	---C-----T-----T-----A-----A-----TT-----ACA-----TA-G-----	---C-----GAT.....T-----G.....G.....	6796
12 BF.AR.99.ARMA159	---C-----T-----T-----A-----AG-----TT-----AC-----G-----TA-G-----	---C-----GAC.....T-----G.....G.....	7210
12 BF.ES.02.X1241	---G-----T-----G-----T-----A-----G-----T-----ACA-----TA-G-----	---C-----GAC.....T-----G.....G.....	6459
12 BF.UY.99.URTR23	---G-----T-----G-----T-----A-----A-----T-----ACA-----TA-G-----	---C-----GGAC.....T-----G.....G.....	7231
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	---C-----C-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----T-----ACA-----CTA-G-----	---C-----TGAT.....T-----G.....G.....	6440
13 cpx.CM.96.1849	---C-----C-----T-----T-----A-----G-----T-----ACA-----CTA-G-----	---C-----GGAT.....T-----G.....G.....	6619
13 cpx.CM.96.4164	---C-----C-----T-----T-----A-----G-----T-----ACA-----CTA-G-----	---C-----TGGA.....T-----G.....G.....	6604
14 BG.ES.00.X605	---G-----C-----AAC-----TG-----T-----GGTA-----C-----CAA.....T-----G.....	6650	
14 BG.ES.00.X623	---G-----C-----AAC-----TG-----A-----T-----GTA-----C-----CAA.....T-----G.....	6640	
14 BG.ES.99.X397	---G-----C-----AAC-----TG-----T-----GTA-----C-----CAA.....T-----G.....	6653	
14 BG.ES.99.X421	---G-----C-----AAC-----TG-----T-----GGTA-----C-----CAA.....T-----G.....	6644	
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	---G-----T-----T-----A-----A-----CT-----A-----CA-----GGTA-G-----CAT-----GAC.....T-----G.....	6402	
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	---G-----T-----T-----A-----A-----CT-----A-----CA-----GGTA-G-----CAT-----GAA.....T-----G.....	6429	
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	---G-----T-----T-----A-----A-----T-----T-----T-----GGTA-----C-----GAA.....T-----G.....	6569	
15 01B.TH.99.99TH_R2399	---G-----T-----T-----A-----A-----TG-----CAC-----GGCA-----C-----A-----CAA.....T-----G.....	6597	
16 A2D.KR.97.97KR004	---C-----C-----G-----GT-----GG-----CA-----GG-----TG-----A-----C-----TT-----AC-----C-----CTA-----AGGCAACATAT-----C-----A-----GCAA.....GC.....A-----G.....	6581	
18 cpx.CM.97.CM53379	---C-----C-----G-----T-----C-----T-----A-----T-----ACA-----TA-G-----C-----TGAT.....T-----G.....	6407	
N.CM.-.YBF106	---A-----G-----AGGA-----T-----G-----GG-----CAGG-----G-----AG-----T-----T-----CT-----TGA-----TA-----AT-----A-----AAA.....T-----G.....	6748	
N.CM.02.DJ00131	---G-----G-----AGGG-----T-----G-----GG-----CAGG-----A-----AA-----T-----T-----CT-----TGA-----TA-----AC-----A-----AAA.....T-----G.....	6666	
N.CM.95.YBF30	---A-----G-----AGGA-----T-----G-----GG-----CAGG-----G-----AG-----T-----T-----CT-----TGA-----TA-----AC-----A-----AAA.....T-----G.....	6778	
O.BE.87.ANT70	---G-----CC-----GA-----AC-----A-----TAG-----C-----T-----C-----GAG-----GA-----A-----T-----T-----TG-----C-----GGTAC-----GCATGGGAATAGGGGGA-----C-----GC-----CAGCT	7236	
O.CM.-.96CMABB637	---A-----CC-----CGAG-----AT-----G-----GC-----GTT-----GT-----C-----GA-----GAAG-----T-----T-----T-----TG-----T-----GGTAC-----GCATGGGAAGTAGAACGA-----CAAG-----C-----CCGCC-----C-----C	6725	
O.CM.91.MVP5180	---G-----CC-----C-----T-----GAAGGA-----TTGCAGAGGT-----C-----GAT-----ATA-----C-----T-----TGAG-----GGCG-----GTATGACACTTAAAAGA-----GTAAC-----ATAC-----TCACCAAGAT	7244	
O.SN.99.SEMP1300	---G-----CC-----GAG-----AGGA-----TC-----G-----GT-----C-----AG-----A-----TA-----C-----T-----GTG-----C-----GGTAC-----GCATGGGCCTGAAAAAT-----CCTA-----ACT-----C-----T	7259	
CPZ.CD.-.ANT	---CA-----T-----AGGA-----T-----GG-----GT-----G-----ATC-----A-----AA-----T-----A-----TGA-----T-----CTA-----AC-----G-----A-----ATA.....GC.....C-----G.....	6650	
CPZ.GA.-.CPZGAB	C-----A-----CAT-----AGGA-----GGG-----GAGG-----G-----AG-----T-----G-----A-----TGA-----C-----TA-----AT-----A-----AAT.....GT.....G.....	7258	
CPZ.TZ.-.TAN1	T-----A-----CG-----GA-----A-----AGGA-----GGT-----CA-----G-----AG-----T-----T-----T-----TGA-----C-----TA-----AT-----A-----AAT.....GT.....G-----G.....	6838	
CPZ.US.85.CPZUS	---G-----C-----TT-----AGGA-----GTGGG-----ATG-----A-----AA-----CT-----A-----TGA-----T-----TA-----AC-----C-----AAG.....T-----G.....G.....	7232	
Env gp120	I N C T R P N N N T R K R I R I Q R G P G R A F V T I G K . I G . N		Env

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	V3 loop end - TGAGACAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGCAAATGGAATAACACTTTAAACAGATAGCTAGCAAATTAAGA GAACAATTGGA AAT AATAA	7294
A1.KE.94.Q23 17	-A-----TG-C-C-----T---G-----G-----C-G-G-----GAA-----AC-T-C-----G-----C-----	6731
A1.RU.03.03RU20_06_13	-A--A--T-----WTG-C-C-----GC--R--G-----C-A--AG-CAC-----A--T-C--AAT-----C-----	6771
A1.SE.94.SE7253	-A-----T-----TG-C-C-----T---GC-----A--C-C-G-C-----T-CAC-----T-T-C-GG-----G-----	6495
A1.TZ.01.A173	-A-----T-----CTG-C-A--A--G-----CA--GC-A-G-----GC-AAC-----GATTT-T-C--AAT-----C-----	6506
A1.UA.00.98UA0116	-A--A--T-----TG-C-C-----GC-----G-----C-A--AG-CAC-----C--T-C--AAT-----C-----	7287
A1.UG.92.92UG037	-A-----T-----TG-C--G-GT--C-----A-----C-C--G--T-GAAC-----A--T-T-GGAAC-----C-----	6673
A1.UG.98.98UG57136	-A-----T-----TG-----A-AGGGG-----GC--A-G--T-GAAC-----T--C--AG-----C-----	6490
A2.CD.97.97CDKFE4	-----T-----GT--C-AC-A-A-----G--GC-T--C-A-G-----GAAC-----A--C-CCCT-----	5100
A2.CD.97.97CDKS10	-A-----T-----T-C-C-T-A-G-----GC--C--A-G--T-GAAC-----C-CCCT-----	3416
A2.CD.97.97CDKTB48	-A-----T-----T-C-AC-A-A--TT-----G-----C-A-G-----GAAC-----GA--CCCT-----	6616
A2.CY.94.94CY017_41	-A-----T-----T-C-AC-A-A--TT-----G-----C-A-G-----GAAC-----GA--CCCT-----	6669
A3.SN.01.DDI579	-A-G-----TG-C-----A--T---C-G-G-----C-----G-----AAC-----A-----AG--C-----C-----	6501
A3.SN.01.DDJ369	-A-----T-----TG-C-----A-G-T-----A-----T-TA-G-G-T-GAAC-----A-G-C--AAC-----C-----	6513
A3.SN.96.DDJ360	-A-----CTG-C-A-----C-----C-----G-----G-----A-C-----A--C-----C-----	6486
B.AR.00.ARMS008	-A--A--T-----G-G--A-AA-G-T-----G-----GCA-G-----AA--G-----G-GGAAT-----C-A-----C-----	6549
B.AU.96.MBCD36	-A--A--T-----A--AA-G-----A-----G--G-----TA--C-G-----AAG-----	6687
B.CO.01.PCM074	-A--A-G--T-----A--T--G-C--G-AG-A-----G-----AA--CA-----C-----AG-----	6530
B.GA.88.OYI	-A-----C-----C-----G-G-A-----G-----CA-----A--A-G-----	6845
B.NL.00.671_00T36	-A-----C-----C-----G-----C-----T-G-A-----TT--A-AAG-----	6861
B.RU.-.04RU129005	-A-----YC-----CA-----G-----G--A--T-GAA-----G-----	6809
B.TH.90.BK132	-A--G-----CA-----GG-----T-AA-----A-----AAC-----	6632
B.US.90.WEAU160	-A--G-----C-----A--GT-----T-GAA-----GAAATAA-----AAG-----	7304
B.US.98.1058_11	-A-----C-----GA-----G-AG-G--T--A-----A-----	6480
C.AR.01.ARG4006	-A--G-----T-----C-A--GC-----A-----C-TG-AT-AG-AA-----A-----A-G-TC-CCCT-----	6485
C.BR.-.04BR013	-A-----A-----GC-----A-----C-G-AG-AG-CA-----GC-----G-C-CCCT-----	6791
C.BR.92.BR025-d	-A-----A--GC-----C-A--C-G-G--G-AA-----GC-----G-C-CCCT-----	6640
C.BW.00.00BW07621	-A-----A-A-T-----G-C--G-GCAG--T-GGGAA-----AG-----C-CCCT-----	6641
C.ET.86.ETH2220	-A-----GA--A-----A--C--A--G--AAGGAA-----CA-----A-G-C-CCCT-----	6691
C.IN.95.95IN21068	-A-----GA--AT--G-----G-A-----C-A-TG-AG-AA--G-----GC-----C-CCCT-----	6656
C.IN.99.01IN565_10	-A-----T-----AGT--C-----G-A-----T-TA-TG-AG-AA-----GC-----C-C-CCCT-----	6680
C.KE.00.KER2010	-A--A--T-----A--AG-----T-----C-----G--AGG-AA-----GA-----C-CCCT-----	6498
C.TZ.01.BD9_11	-A-----GA--ATG-----A-----C-G-G--G--A-----A-----T-C-CCCT-----	6525
C.UY.01.TRA3011	-A-----A-AA-GC-----GG-A-----C-A--G-AGA-AT-----GC-----G-C-CCCT-----	6471
C.ZA.04.SK164B1	-A-----AGCT-----C--T-----G-----G--AAG-AG-----G-A-----C--CAG-----	6673
C.ZM.96.96ZM651	-A-----GA-T-C-----C--G-----CG-G--G--AGG-A-----C--CCCT-----	6664
D.CD.83.ELI	-AG-----T-----C-----G--A-----C--AG-----A-----G-----ACC-TTC--AAC-----A-----C-----	6833
D.CD.83.NDK	-AG-----A-----C-----G-----AG-----C--G-----CA-----C-----A-C-TTC--AAC-----A-----C-----	6816
D.CM.01.01CM_4412HAL	-A--G-----T-----TC-----GC-A--C-----A--C--C--G--ACAA-----G-----A-G-TTC--AAC-----G-----C-----	6489
D.KE.01.NKU3006	-A--T-----TT--G-G--A-G--A--G-G-----A--C--G-----AA-----G-----A-C-TT-CCCC-----C-----	6537
D.TD.99.MN012	-A--G-----T-----G-A--A--C-----C--AT--G-----AG-----A--AGTA--AAC-----A-----C-----	6499
D.TZ.01.A280	-A--A--T-----G--G--G-----A--C--AG-----CA--C--G-----C--TTC--AAC-----G-----C-----	6491
D.UG.94.94UG114	-A-----G-----GG-----A--C--G-----GAA-----G-----A-C-TTC--AAC-----C-----G-----	6615
D.UG.99.99UGD23550	-A-----G-----G-----A--T--G--C--AG-----AA-----G-----C--TT--AAC-----A-----C-----	6519
D.UG.99.99UGK09958	-C-----GA--G--C-----GA-----C--G-----GAA-----C--TTC-----A-----	6462
D.ZA.86.R482	AT-----A-----C-----G--A-----A-----C--GC-----TAC--GG-----A-C-TTC--AAC-----A-----C-----	6545
F1.BE.93.VI850	-A--A-G-----G--A--C-----C-GG-GT-TG--AAGGCAG-----AG-----TCG--T--CCCT-----C-----	6613
F1.BR.89.BZ126	-C--A-G--C--AGGGG-----G--A--C-----A--A--G--G--AGGGCA--G--AG-----TCT-T-CCCT-----C-----	6640
F1.BR.93.93BR020_1	-C--A-G-----G--A--C-----GG-----G--GC-A--G--AAGGCA--G--G-----CTTT-T-CCCT-----GC-----	6628
F1.FI.93.FIN9363	-A--A-G-----G--A--C-----A-----G-C-GAG--AAGGCAG--G--AG-----CTT-T-----	6626
F1.FR.96.MP411	-A-A-A-G--T-----G-A--A-G--A--C-----G--A--AA--C--G--CAAGAA--G--C-G-----CT-TT-----	6494
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-A--A-G-----C-----A-G--A--CTG-----GCA-----TAG-G-----GCAG-GG-C-A-----A-C-TCAC-AAT-----T-----	6477
F2.CM.95.MP255	-A--A-G--T-----A--A--CTG-----G-A-----A-TG-AG-G-AG-G--C-A-----A--C--C-----TT-----	6483
F2.CM.95.MP257	CA--A-G-----GA-AA-C-G--T--G-----T--A-----CAG-G--C-A-----C--A-----	6498
F2.CM.97.CM53657	-A--A-G--T-----C-----A-G--A--CTG-----A-----G--GGAG-----AAG-GG-CCA-----AGC-CC-----	6480
G.BE.96.DRCBL	-A--A-G-----TG-----T-GA-----G-G--GC-----GGG-TG-CCAGGCA--C--CAG-----T-C--ATT-----	7254
G.CM.01.01CM_4049HAN	-A-----T-----TG-----AG-----G-CA-TG-----A-TG-CA-A-CACTTC--CAT-----A-GA--A-AAT-----	6498
G.ES.99.X138	-A--G--T-----T--A--A--G-----T-TGA-----TA-TG-GT--AA--C--A-----ATC--AAC-----C-----	6744
G.FI.93.HH8793_12_1	-A-----G-----G-TG--G--AG--T--G-----TGA--G-GA--G--AAAGCAC--C-----A--ATC-----C-----	6697
G.NG.92.92NG083	-A-----TG-----AT-----GGG-G-TG-----GA-TG-CA-AGCAC-GC--G-----A--ATC-A-AAT-----	6650
G.SE.93.SE6165	-A-----TG--C-A-AG-----AG-GG-C--C-GA-TG-C--GCAG--C-G-G-----A--ATC--AAT-----AAG-GC-----GCG--	6724
H.BE.93.VI991	-A--G--T-----T-----G--AA-C-----G-G--C--C-CA--G--ATC-C-----G-----AGCT-C--AC-----	6690
H.BE.93.VI997	-A-----TG-----GA--AG-----G-----C-----C--G--T--CAC-----T-----A--T-C--TC-----G-----	6620
H.CF.90.056	-A-----T-----A--G--C-----G-----C--G--T--CAC-----G-----AT--C--GAAC-----G-----	6619
J.SE.93.SE7887	-A--G--A-----GA--AG-G-T-----G-----CGTAGAG-----CA--C-----C-----	6598
J.SE.94.SE7022	-A-GA--T-----AA-G-T-----G-----CGTAGAG-----AA--C-----C-----	6605
K.CD.97.EQTB11C	-A--G--G--G-----CG--G--C--G-----A--G-----C--AG--AAG--AAG-----G-----A--C-----C-----	6507
K.CM.96.MP535	-A-----G-----C-----G--A-----C-TG-----GCAGAG--AAGGAA--GC--A-----T--AAG-----GG-----	6496
01_AE.TH.00.OUR200I	-A--A--T-----G-G--A-G--A-----G--A-----G-----AA--C--A-----G--C--AAT-----	6514
01_AE.TH.01.OUR414I	-A--A--T-----G-G--A-G--A-----G--G--C-----GCA-----A-----G--C-----	6493
01_AE.TH.02.OUR769I	-A--G--T-----G--A-G--A-----G--A-----G-----G--A-----G--C-----A-----GGG-CAG-----	6493
01_AE.TH.90.CM240	-A--A--T-----G-G--A-G--A-----AGT-----G--A--GAA-----A-----G--C-----	6865

V3 loop end - |
B.FR.83.HXB2 TGAGACAAGCACATTGTAACATTAGTAGAGCAAATGGAATAACACTTTAAAACAGATAGCTAGCAAATTAAGA GAACAATTTGGA AAT AATAA 7294

02 AG.CM.02.02CM 1669LE -A--A-----T-----TG-C-C--AA-G-C-----G-----C-C-G-G-G---CAC-----G...ACTAGGT-C---AAG...G-----G----- 6451

02 AG.FR.91.DJ264 -A--A-----T-----TG-C-----T-----C-----G-G-----TAC-----G...A-G-C-----C-----C----- 6637

02 AG.NG.-.IBNG -A-----T-----TG-C--A-A-G-----A-----C-T--G--T--CAC-----AG...ACGT-C---AAG...C-----C----- 6812

02 AG.UZ.02.02UZ693 -A-----T-----TG-C--G--GG-----AG--C-A-G-G-T-GCAC---CAG...A---T---CAG...-----C----- 6463

03 AB.BY.00.98BY10443 -A-----C-C-A--G-----A-----T-GA-----A...A-----G----- 7263

03 AB.RU.97.KAL153 2 -A-----T-----T-A-----A-----T-T-----A-----G----- 6486

03 AB.RU.98.RU9800I -A-----T-----A-----A-G-----T-----A-----A-G----- 6624

04 cpx.CY.94.CY032 -A-----G--AATG-T-----G--C--GT--AG-GAAG---G-A-...AG--TC--CCCT...----- 6676

04 cpx.GR.91.97PVCH -A-----C-----G--AGTG-T-----G-AG--C-GA-G--T-GTA-----C-----CCCT...----- 7384

04 cpx.GR.97.97PVMY -A--A-----GA-AA-G-T-----CA-----C-A-----T-GATG-----A---C--CCCT...----- 7342

05 DF.BE.-.VI1310 -A--A-G-----G-----G-A-C-----A-C---TC--G--G--AAG-G---CAG...TCT-C--CCCT...----- 6691

05 DF.BE.93.VI961 -A--A-G-----G-----G-----A-----G--AAGGAAG-GC---G...CT--TA-AAAGGACATAGGC...----- 6687

05 DF.ES.99.X492 -A--A-G-----G--A-C-----GA-----G--AGG-CAG-G---C...A-G-TTA-C...----- 6644

06 cpx.AU.96.BFP90 -A-----T-----TG-----T-----CAG-T-TAC--GG-G-AG-GAAGGTA---C-GA...-GTT--AAT...-----C----- 7360

06 cpx.EE.-.EE0359 -A-----T-----AA-T-----G-G--G--C-GA-CG-GA-AGCA---C-CAG...-T-C--CCT...G-----C----- 6962

06 cpx.ML.95.95ML127 -A--A--T-----TG-----AA-GCT-----GT-TG--C-GA-TG-GA--GCA---C--A...-TC--AAT...----- 7314

06 cpx.SN.97.97SE1078 -A-----T-----TG-----A-G-T-----T-TG--GA-TG-GA--CA---C-T...-GTC-----A----- 7359

07 BC.CN.-.CNGL179 -A-----G-----GA-AT-----A-----C-AG-G-AG-AA---GC...-----C--CCAG...----- 6514

07 BC.CN.97.97CN001 -A-----G-----GA-AT-----G-A-----C-AG-G-AG-AA---GC...-----C--CCAG...----- 6634

07 BC.CN.97.CN54 -A-----G-----GA-AT-----A-----C-AG-G-AG-AA---GC...-----C--CCAG...----- 6664

07 BC.CN.98.98CN009 -A-----G-----GA-AT-----A-----C-C-GG-G-AG-GAA---GC...-----C--CCAG...----- 6634

08 BC.CN.97.97CNGX 6F -A-----A--ATGC---T--G-A-----C-GAG-G-AG-AA---GC...-----C--CCCT...----- 6476

08 BC.CN.97.97CNGX 7F -A-----A--ATG---T--G-A-----C-GAG-G-AG-AA---GC...-----C--CCCT...----- 6482

08 BC.CN.97.97CNGX 9F -A-----A--AT---T--G-A-----C-GGG-G-AG-AA---GC...-----C--CCCT...----- 6476

08 BC.CN.98.98CN006 -A-----A--AAT---CG-A--A--C-GAG-G-AG-GAA---GC...-----C--CCCT...----- 6625

09 cpx.GH.96.96GH2911 -A--GA--T-----C-G--A-G--A-----G-A-TC--GG-A-G---GAA---A...-G--C--AAT...----- 6487

09 cpx.SN.95.95SN1795 -A--A--TT--G-GG--A-G--A--C-----G-A-C-----A-G--AGGAA---A...-C--AA...----- 6517

09 cpx.SN.95.95SN7808 -A--A--TC--C-A--A-GA-A--C-----G-GG-A-C-----A-G--G-AC---G...-A--C--AAT...----- 6475

09 cpx.US.99.99DE4057 -A-----G-----A-G--A-----G-A-C--G-A-G---G-AG---A...-C--AAT...----- 6493

10 CD.TZ.96.96TZ BF061 -A-----T--A-----G-A-G-----A-----C--AG---AA---G...-C-TT--AAC...CGA...CC 6658

10 CD.TZ.96.96TZ BF071 -A-----G--A--G-----A-----C-----G-----AA--C-----C-TTC--AAC...-----A-----C 6673

10 CD.TZ.96.96TZ BF110 -A--G-----T-----G-A--A-G-GA--G-----A-----C-----G-----A-----G...-A--TTC--AAC...-----A-----C 6671

11 cpx.CM.02.02CM 2190SA -A-----TG-C-C-A-----C-G-----GG-G-----C-A-AG---AAC-G...-CATC-A-AAC...----- 6470

11 cpx.CM.96.4496 -A-----TG-C--A--G-----A-----AG--C-A-G-----G-AC-----GACC--A-C...-----C----- 6653

11 cpx.FR.99.MP1298 -A--GA-----T-C--G-----A-----G--G-----G-----TG-C-----A--G--AAC...-----C----- 7288

11 cpx.GR.-.GR17 -A--A-----G-C-----G-C-----C-----G-----GAAC---CAT...A-TA-C-----C----- 6558

12 BF.AR.97.A32879 -C--A-G-----G-----A--C-----T--GA-G-----AG--AAG-AA-GG---G-G...TCTT-T-C-A...GG--C 6890

12 BF.AR.99.ARMA159 -T--A-G-----TG--G-----C-----G--A--GG-G-----G--AAGGCA--G-----TCT--C...----- 7298

12 BF.ES.02.X1241 -C--GA-G-----G-----R--A--C-----C-G-TG--G--A-G--AGGCA--G-----AG...CCT-T-CTCT...----- 6550

12 BF.UY.99.URTR23 -C--A-G-----G-----G-----G--A--G--G--G--AAG-CA---G...TCTT-T-CTCT...-CA-C 7325

13 cpx.CM.02.02CM 3226MN -A--GC-----C--GA--G-G-G-----G--C--C--AG---GAT-----C--A-C-A--...GGA-C 6534

13 cpx.CM.96.1849 -A-----G-----C-----CA-----C-----C-----GCAC-G-----A--T-T-GAA-GAT...-----C----- 6713

13 cpx.CM.96.4164 -A-----T-----AAC--A--AA-A-G-----G--C--G--G-----AAC-----CC--AAC...AAG-CAGC 6701

14 BG.ES.00.X605 -A--AR-----C-A-A-----GG---T--A-----CATG...----- 6741

14 BG.ES.00.X623 -A--AGT-----C--C--A--G-----C-----G--A--T--G-A-----C--G...----- 6731

14 BG.ES.99.X397 -A--A-----C-A-A-----C-A-A-----GG---T--A-----A-----CATG...----- 6744

14 BG.ES.99.X421 -A--A-----C-A-A-----GG---T--A-----CATG...----- 6735

15 01B.TH.02.02TH OUR1331 -A-----G--C-----T---M-----T---TA-GAA---G...-C----- 6490

15 01B.TH.02.02TH OUR1332 -A-----TC-----CA-----G-----T---T---GAA...A-----C----- 6517

15 01B.TH.99.99TH MU2079 -A-----C-----CA-----GG-----C-----A---GAA...G----- 6660

15 01B.TH.99.99TH R2399 -A--AG-----T-C--AA-CA-----T---GG-----T---GAA...G-----G----- 6691

16 A2D.KR.97.97KR004 -A-----A-----T--C--C--CAG-C-----G-----C--A--G-----GAGC-G-----A--T-C--CTCT...----- 6672

18 cpx.CM.97.CM53379 -A--A-----TC-----G--A--A-A-G-G-----G--G-----TCCA--G-----CAC---G---G...AC--CC-GAAC...-----G----- 6498

N.CM.-.YBF106 -T-----T-C---TG-CTC-GA...G---GGATCA-TG-GG--TA-A-C-AAA-AG-GA--A...AG--TCC-G--- 6833

N.CM.02.DJ00131 -T-----C---TG-CTC-AC...G---GATCA-TG-GG--TA-A-C-AAA-AG-GA--A...AG--TCC-G--- 6751

N.CM.95.YBF30 -T-----T-C---TG-CTC-A-A-CT---G-ACCA-TG-GG--TAGA-C-AGAGAGG--A--AG...A--ATCC-G-G---A... 6869

O.BE.87.ANT70 CA--GGC---TT---C--GTA--A-GCCA-TG-T---GGA--A-TA-----A--C---GAA-GG-ATTT...T-G-AAAC...ACAGGT-G--T 7336

O.CM.-.96CMABB637 CC--GAC---TT---C-CATA--A-GTCT-GT---G-A-GT-A-----A-----GAA-G-ATTT...TTA-AAATCAG...ACAGAC...GT 6825

O.CM.91.MVP5180 CA--GGT---TT---CATA--A-AGA-TGT---G-A--TG-CC-C---A-C---TA-GG-ATTT...A-T-TTG-AAACCAA...CA...GAG--GT 7344

O.SN.99.SEMP1300 CA--GGC---CTC---C--GTA--AC--CT-TGTT--G-AG-AG-C-----A-C---GAA-GG-ATTT...TTA-GAAC...ACAAAT-CAGT 7359

CPZ.CD.-.ANT CT--GA-----GTTC---CAG-C-A--AGA-GCT---G-AC-AG-ACGT--CA-A-C--AGCA-GTTC-TGCC...-G--T-GGAA...-AGTAGACAACAAAACCAATGCG-- 6762

CPZ.GA.-.CPZGAB CC---TCT-CT-C---G--A-A-G-GA-C-C---CGA--GG-GG--G-AG--AAA-AGGCT---G-C...ACCTC--CAAATCGA...CA...GCAC 7355

CPZ.TZ.-.TAN1 CC--GA-----TT---TCAG-C-A-GC-A--C---T--C-GG-AC---TTG-GCTATGGCTGCCA--AC...AC-ACCA-GA-G...GCC...-GA-- 6932

CPZ.US.85.CPZUS -A--G-----CTCA-A-CTG-C---G-G--ACAGAG---T-C-CTTTAGAG-T-A--A...A-GG--GCAAAC...CTG...-----C----- 7323

Env gp120 M R Q A H C N I S R A K W N N T L K Q I A S K L R E Q F G N N K Env

V3 Loop end - |

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	AACAATAATCTTT AAGCAATCC TCAGGAGGGGACCCAGAATTTGTAACGCACAGTTTAAATGTGGAGGGGAATTTTCTACTGTAATTCACACAACCTGTTTAAT	7400
A1.KE.94.Q23_17	-----A-----GCTA-C-----T-T--G-CAC--A-T-----A-----T-----A-T--GGCT-----	6837
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----Y-----A-C-----TTT--G-AC--A-T-----C-----A-----C-A--G-C--C-----	6877
A1.SE.94.SE7253	-----T-----TAGC-----TTT--AC--A-T-----A-----C-----T-----A-T--GGC-----	6601
A1.TZ.01.A173	-----T-----CTAGC-----T-T--AC--A-T-----G-A-----T-----CA--T--GGC-----GGCCTGTTTAAT	6624
A1.UA.00.98UA0116	-----T-----A-C-----TTT--G-AC--A-T-----C-----A-----T-----C-A--G-C--C-----	7393
A1.UG.92.92UG037	T-----T-----TAGC-----TTT--AC--A-T-----C-----A-----T-----A-T--GGC-----	6779
A1.UG.98.98UG57136	-----C-----GCTA-C-----T-T--AAC--A-T-----A-----T-----G-CA--T--GGC-----	6596
A2.CD.97.97CDKFE4	-----AT-----CCA-C-----T-T--AC--A-T-----A-----T-----A--AGC-----	5100
A2.CD.97.97CDKS10	-----T-----TAGC-----T-----AC--A-T-----A-----T-----C-----A--GGC-----	3522
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-----CTA-C-----AC--A-TT-----C-----A-----T-----C-----A--GGC-----	6722
A2.CY.94.94CY017_41	-----C-----CTA-C-----AC--A-TT-----C-----A-----T-----C-----A--GGC-----	6775
A3.SN.01.DDI579	-----CTGGG-----A-TTT-----AC--A-T-C-----A-----T-C--A-T--GGT-----	6607
A3.SN.01.DDJ369	-----A-----CTGC-C-----TTT-----AC--A-T-C-----A-----T-C--A-T--GGC-----	6619
A3.SN.96.DDJ360	-----A-----CTAGGC-----A-TTT-----AC--A-T-C-----A-----T-C--A-T--GGT-----	6592
B.AR.00.ARMS008	-----G-T--TC-A-----T-----C-----C-----A-----A-G-----	6655
B.AU.96.MBCD36	-----G-----A-C-----G-----AA-T-----A-----C-----A-----C-----	6793
B.CO.01.PCM074	-----T-----T-----T-----A-----C-----CG-----T-----R-----	6636
B.GA.88.OYI	-----GC-----G-T-G-----T-----T-----A-----A-----T-----	6951
B.NL.00.671_00T36	-----G-----TTC-----T-----T-----A-----A-----G-----	6967
B.RU.-.04RUI29005	-----AG-----T-----T-----C-----C-----	6915
B.TH.90.BK132	T-----G-----A-----T-----T-----T-----A-----	6738
B.US.90.WEAU160	-----G-T-----A-----T-----T-----G-----	7410
B.US.98.1058_11	-----G-----T-----A-----T-----C-----T-C-C-----CA--A-----	6586
C.AR.01.ARG4006	-----CAA-----CAA-CCA-----T-----AC--A-T-C-----A-----A-----T-C--A-----G-----	6591
C.BR.-.04BR013	-----AA-----CAA-GAG-----AT-----AC--A-T-C-----ATG-A-----T-C--A-T--GGCT-----	6897
C.BR.92.BR025-d	-G-----AA-----GCAA-GCA-----A-----T-----AC--A-T-C-----A-----A-----T-C--A-T--AGC-----	6746
C.BW.00.00BW07621	-----C-----GA-----CTC--T-----G-----TT-----AC--A-T-C-----C-----A-----G-----T-C--A-----AG-----	6747
C.ET.86.ETH2220	-----GAA-----C-----T-----AC--A-T-C-----A-----A-----T-C--A-T--A-C-----	6797
C.IN.95.95IN21068	-----A-----TTC--A-----T-----AC--A-T-C-----A-----A-----T-C--A-T--GGC-----	6762
C.IN.99.01IN565_10	-----A-----CATC-----T-----AC--A-T-C-----A-----A-----T-C--A-T--A-----	6786
C.KE.00.KER2010	C-----GAA-----C-CA-----C-----T-----G-----C-----A-T-C-----T-----A-T--GGC-----	6604
C.TZ.01.BD9_11	-----A-C-----TAC-----T-----AC-CAA-T-C-----G-A-G-----T-C-CA-T--GGT-----	6631
C.UY.01.TRA3011	-----A-----CAA-GCA-----T-----AC--A-T-C-----A-----A-----T-C--A-T--AGC-----	6577
C.ZA.04.SK164B1	-----GAA-----C-A-C-C-----G-----T-----G-AC--A-T-C-----A-----A-----T-C--A-T--A-T-----	6779
C.ZM.96.96ZM651	-AC-----CA-----A-C-----T-----AC--A-T-C-----A-----A-----T-C--A-T--GGGC-----G-----	6770
D.CD.83.ELI	--T-----AG-----A-C-----AC--A-----C-----A-----T--GG-----	6939
D.CD.83.NDK	-----CT-----C-----AC-T-A--TGC-----C-----C-----A-----T--AG-----	6922
D.CM.01.01CM_4412HAL	--A-----AT-----TTC-----AC--A-----GT-----A-----A-----C-----A-T--GG-T-----	6595
D.KE.01.NKU3006	-----C-T-----A-C-----G-----A-----T-----AC--A-----C-----A-----A-----C-----A-T-----	6643
D.TD.99.MN012	-GAC-----GT-----A-C-----A-----A-----AC--A-----A-----A-----T-----C-----A-T--AT-T-----	6605
D.TZ.01.A280	-----T-----AT-----GT-C-----AC--A-T-C-----A-----A-----T-----C-----A-T--TC-----	6597
D.UG.94.94UG114	-----T-----T-----A-C-----G-----AC--A-----C-----A-----A-----AG-----	6721
D.UG.99.99UGD23550	-----T-----T-----A-C-C-----T-----AC--A-----C-----C-----A-----T--G--T-----	6625
D.UG.99.99UGK09958	G-----GAT-----A-C-CA-----G-----G-AC--A-----C-----C-----C-----A-----T--A-G-----	6568
D.ZA.86.R482	-----CCT-----CGA-C-C-----AC--A-----G-----A-----T--GG-----	6651
F1.BE.93.VI850	-G-----AA-----C-----T-----AC--T-----T-----A-----A-----CG-A-----T--GG-----	6719
F1.BR.89.BZ126	-----AA-----MTC-----T-----AC--T-----T-----A-----A-----C-----A-----T--GG-----	6746
F1.BR.93.93BR020_1	-----AA-----CTC-----T-----AC--G-----T-A-----ATG-A-----A-----GATG-----	6734
F1.FI.93.FIN9363	-----CAA-----CTC-----T-----AC--T-----T-----A-----A-----C-----A-----T--T-----	6732
F1.FR.96.MP411	-----AA-----C-----T-----AC--T-----T-----A-----A-----G-----C-----CG-A-----T--GG-T-----	6600
F2.CM.02.02CM_0016BBY	T-----AA-----G--C--A-----T-----G-AC--A-----T-----G-----A-----G-----CG-CA-----GC-----C-----	6583
F2.CM.95.MP255	CT--G--GC-----TTC-----TGT-----AC-----T-----A-----A-----AC--CA-----T--GG-----	6589
F2.CM.95.MP257	-----G--GG-----C-A-C--A-----G-----T-T-----AC--A-----T-----A-----A-----C-----CA-----TATT-----	6604
F2.CM.97.CM53657	-T-----CA-----GC--C--A-----T-----G-AC--A-----T-----A-----A-----G-----C-----CA-----GT--GCT-----	6586
G.BE.96.DRCBL	G-GC-----GAA-----CTC--T-----T-----AC--A-----T-----C-----T-----A-----T--GG--A-----	7360
G.CM.01.01CM_4049HAN	G--C-----TC-----G-----TG-----ACC--A-----T-C-C-----A-----A-----T-----A-----T--G-----	6601
G.ES.99.X138	G-GC-----C-----C-C-C-----TT-----AC--A-----T-----A-----A-----C-----T-----A-----T--G-----	6850
G.FI.93.HH8793_12_1	G--C-----C-----G-CTC--T-----G-----T-----AC--A-----T-----A-----G-----A-----T-----GG-----	6803
G.NG.92.92NG083	G-AC-----C-----CTC--T-----G-----T-----AC--A-----T-----C-----A-----A-----G-----T-----C-----A-----T--GG-----	6756
G.SE.93.SE6165	G-AC-----C-----CTC--T-----G-----T-----AC--A-----T-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----T--GGC-----	6830
H.BE.93.VI991	-----T-----T-----A-----C-A-C-C-----G-----TAT--G--A-----A-----T-----A-----G-----T-----C-----A-----A-----T-----	6796
H.BE.93.VI997	-----T-----T-----A-----C-CA-----TG--G-AC--A-----T-----C-----A-----A-----T-----C-----A-----T--GGG-----	6726
H.CF.90.056	-----G-----C-----AA-----ATG--G--AG--A-----T-----C-----A-----A-----T-----C-----A-----T--GGG-----	6725
J.SE.93.SE7887	-----A-----CATC-C-----TAT-----G--A-----T-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----C-----	6704
J.SE.94.SE7022	-----GA-----CATC-C-----AT-----AC--A-----T-----A-----A-----T-----A-----T--AC-----C-----	6711
K.CD.97.EQTB11C	-----A-----C-A-C-----ACC-----A-----C-----G-CAC--G-----T-----C-----A-----A-----C-----G-A-----T--G-CAC--G--G-----	6613
K.CM.96.MP535	-----CA-----A-C-C-AA-----ACC-----A-----C-----C-----TG-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----T-----	6605
01_AE.TH.00.OUR200I	G-----A-----C-----A-----C-----A-----T-----T-----AC--T-----TCA-----A-----T-----C-----A-----T-----A-----	6617
01_AE.TH.01.OUR414I	G-----G-----C-A-C-C-----A-----T-----T-----ACC--T-----TCA-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----	6599
01_AE.TH.02.OUR769I	G-A-----C-----A-----C-----A-----T-----A-----T-----T-----AC--T-----TCA-----C-----A-----A-----T-----A-----T-----	6599
01_AE.TH.90.CM240	G-----CCT-----C-A-C-C-----A-----T-----T-----AC--T-----TCA-----A-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----	6971

B.FR.83.HXB2 AACAAATAATCTTT AAGCAATCC TCAGGAGGGGACCCAGAAATGTAAACGCACAGTTTAAATGTGGAGGGGAATTTTCTACTGTAATTCACACAACCTGTTTAAT 7400

02 AG.CM.02.02CM.1669LE -----CTA-C-----TGT-----AC-A-T-----A-----T-C--A-T-AGC----- 6557

02 AG.FR.91.DJ264 -----GCTA-CC-----TAT-----AC-A-T-----A-----T-C--A-T-GG----- 6743

02 AG.NG.-.IBNG C-----GCTA-CC-----T-----TGT-----AC-A-T-----A-----T-C--A-T-A----- 6918

02 AG.UZ.02.02UZ693 C-----A-----GCTA-CCA-----TTT-----AC-T-A-T-C-----A-----T-C--A-T-GC----- 6569

03 AB.BY.00.98BY10443 -----G-----T-----T-----A-G-G----- 7369

03 AB.RU.97.KAL153 2 -----G-----T-----T-----A-----A----- 6592

03 AB.RU.98.RU9800I -----G-----T-----T-----A-----A----- 6730

04 cpx.CY.94.CY032 -----AA-----GCT-C-C-----GT-----T-----AC-A-T-C-----AA--A-----T-C--A-----C----- 6782

04 cpx.GR.91.97PVCH -----A-----T-----T-----G--AC-A-T-C-----A-----C--A-T-GG----- 7490

04 cpx.GR.97.97PVMY --AC--CA-----GCT-C--A-----G-----GT-----AC-A-T-----CGGCT-----C--A-T-G-C----- 7448

05 DF.BE.-.VI1310 -----AA-----CTC-----T-----AC-T-T-----A--A-----CG-A-T-A-T----- 6797

05 DF.BE.93.VI961 -----G-A-----CTC-----G-----T-----AC-GC-T-T-----A--A-----C--A-T-GG-T----- 6793

05 DF.ES.99.X492 ---G--A-----G--TC-C-----AT-----T--G--AC-GC-T-----A--A-----T-C--A-T-----T----- 6750

06 cpx.AU.96.BFP90 -CAC--C-----TC--T-----G-----T-----AC-A-T-----A-----C-----T-----A-T-A-C----- 7466

06 cpx.EE.-.EE0359 T-AC--C-----TTC--A-----G-----T-----AC-A-T-----A-----T-----A-T-G----- 7068

06 cpx.ML.95.95ML127 G-AT--C--C-----TTC--A-----G-----T-----G--AC-A-T-----A-----T-----A-T-G-G----- 7420

06 cpx.SN.97.97SE1078 G-AC--C-----TTC--T-----G-----T-T-----AC--A-T-----A-----T-----A-T-----C----- 7465

07 BC.CN.-.CNGL179 -----AA-----GCATC-----T-----AC--A-T-C-----A--A-----T-----A-T-GGC----- 6620

07 BC.CN.97.97CN001 -----AA-----GCATC-----T-----G--AC-A-T-C-----A--AA-----T-----A-T-GGC----- 6740

07 BC.CN.97.CN54 -----AA-----GCATC-----T-----G--AC-A-T-C-----A--A-----T-----A-T-GGC----- 6770

07 BC.CN.98.98CN009 -----AA-----GCATC-----T-----AC--A-T-C-----A--A-----T-----A-T-GGC----- 6740

08 BC.CN.97.97CNGX_6F -----AA-C-----GCATC-----T-----AC--A-T-C-----A--A-----T-----A-T-GGC----- 6582

08 BC.CN.97.97CNGX_7F -----AA-----GCATC-----T-----AC--A-T-C-----A--A-----T-----A-T-GGC----- 6588

08 BC.CN.97.97CNGX_9F -----AA-----GCATC-----T-----AC--A-T-C-----A--A-----T-----A-T-GGC----- 6582

08 BC.CN.98.98CN006 -----CA-----GCA-C-----T-----AC--A-T-C-----A--A-----T-----C--A-T-GGC----- 6731

09 cpx.GH.96.96GH2911 G-----G-----CGA-C-----TGT-----AC--A-T-----A-----T-----CG-A-T-GGC--A----- 6593

09 cpx.SN.95.95SN1795 G-----G-----C-A-C-----TTT-----AC--A-T-----A-----T-----C--A--A-C--A----- 6623

09 cpx.SN.95.95SN7808 G-----G-----C-A-C-----TAT-----AC--A-T-C-----A-----T-----CG-A-T-GGC----- 6581

09 cpx.US.99.99DE4057 G-----G-----GA-C-----TTT-----G--AC--A-T-C-C-----A--G-----T-C--A-T-AGC--A----- 6599

10 CD.TZ.96.96TZ_BF061 -----T-----A-C-----T-----AC--A--CC-----G-----C--A-T-G----- 6764

10 CD.TZ.96.96TZ_BF071 ---A---T-----A-CT-T-----G-----G--AC--A--CC-----C--A--AT----- 6779

10 CD.TZ.96.96TZ_BF110 -----CAT-----CGA-C-----G-----A-----G--AC-GAA--T-CC-----C--A-T-A----- 6777

11 cpx.CM.02.02CM.2190SA -----Y-----CTA-CCA-----TGT-----AC--A-T-C-----T-----A-----T-C--GA--T-A-----C----- 6576

11 cpx.CM.96.4496 -----Y-----CTA-CCA-----TAT-----AC--A-T-----C-CA-----C-----T-C--A--A-C-----G----- 6759

11 cpx.FR.99.MP1298 --AC-----TAGTA-----TAT-----AC--A-T-C-----A-----T-----CG-A-T-GG----- 7394

11 cpx.GR.-.GR17 -----G-A-----TG-GCAT-----TTT-----G--AC--A-T-----C-----A--T-GGC----- 6664

12 BF.AR.97.A32879 -----GG-----CAC-----AC-T-T-----C-----A--A-----C--A-T-A-----G----- 6996

12 BF.AR.99.ARMA159 -----AA-----CTC-----AC-T-T-----C-----A--A-----C--A-T-GG----- 7404

12 BF.ES.02.X1241 G-----AT-----CTC-----AC-T-T-----C-----A--A-----C--A-T-G----- 6656

12 BF.UY.99.URTR23 -T-----CA-----CTC-----AC-T-T-----C-----A--A-----C--A-T-A-----C----- 7431

13 cpx.CM.02.02CM.3226MN -----GCTA--CA-----TTT-----G--AC--A-T-----C-----A-----T-C--A-T-GCC----- 6640

13 cpx.CM.96.1849 -----GCTA-TC-----TTT-----G--AC--A-T-----A-----T-----C--A--T-GCC----- 6819

13 cpx.CM.96.4164 -----G-----GCTA-TCA-----TAT-----AC--A-T-----A-----T-----C--A--T-ACC----- 6807

14 BG.ES.00.X605 -----G-----C--GT-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----C----- 6847

14 BG.ES.00.X623 -----G-----T-----T-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----T-----C----- 6837

14 BG.ES.99.X397 -----G-----C--GT-----A-----A-----T-----A-----A-----T-----C----- 6850

14 BG.ES.99.X421 -----G-----C--AGT-----A-----C-----C-----A-----T-----R-A-----T-----C----- 6841

15 01B.TH.02.02TH_OUR1331 -----T-----G-----T-----A-----A-----T-----A-----T----- 6596

15 01B.TH.02.02TH_OUR1332 -----G-----T-----T-----G-----T-----A-----A-----T-----G----- 6623

15 01B.TH.99.99TH_MU2079 -----G-----C--C-----G--A--GT-----C-----A-----T-----A----- 6766

15 01B.TH.99.99TH_R2399 -----T-----G-----C--T-----G-----C-----T-----A-----T-----A----- 6797

16 A2D.KR.97.97KR004 -----CCA-C-----G-----AT-----AC--A-T--G-C-----A-----T-----CG-A--T-GGC----- 6778

18 cpx.CM.97.CM53379 C-A-----AT-----A-C-----A--AT-----AC--A--C-----C-----A-----T-----A-----A-C----- 6601

N.CM.-.YBF106 C-AC-C--CT--CAAAGCTC--G-TAAA AAT-----A-----T-----G-AAC-CACTTA-TG-C-----RR--A--G-----T-C--CA-TT-CAG-T-A----- 6945

N.CM.02.DJ00131 N.CM.-.96CMABB637 C-AC--CA-C GCTCAGGAAAAGAAT-----A-----T-----G-AAC-CACTTA-TG-C-----A--G--A-----T-----A-TT-CAG-T-A--C----- 6863

N.CM.95.YBF30 C-AC--C--CAGGCTCGAG-GAGG AAT-A-----A-----T-----G-GAC-CACTTA-TG-C-----A--A--G-----T-----CA-TT-CA--T-A----- 6981

O.BE.87.ANT70 T-AC--G-CA--C T--CAG-----AGC--T-A--T-T--GG-AACCCATTACAC-----C--CAT--A-----C--T--T-----CA--G-TA-GA----- 7442

O.CM.-.96CMABB637 TG-TG-G-----C G-TAG-AGT A-T-T-A--T-----GG-AAGTTATTGCA-----C--CAT--A-----C--T--T-----CA--GTG-GA----- 6931

O.CM.91.MVP5180 T--C-----A--C GCAG-A-T AGT--T-A--TG-----G-AAGCCATTACA-----C--CAT--A-----C--T--T-----CA--T-TGGGA-----C----- 7450

O.SN.99.SEMP1300 T-AC--CA--C T--CAG-----A-T--T-A-----GG-AACCCATTGCA-----C--CAT--A-----C-----T-----CA--T-T-GA----- 7465

CPZ.CD.-.ANT -----TG-AC--T-----CA--AT--A--T--T--G-AAA-GT--TT-G-----CCA--A-----C--T--T--G--AT-----CTTG--C----- 6862

CPZ.GA.-.CPZGAB C-AC--CAC-C CAG-G-----T-----A-----T-----GG-CAC-CAT--T-TG-----A-----T-----A-T-GC--A-A--C----- 7461

CPZ.TZ.-.TAN1 TGA--CGG-ACAACAACGTTTC-----GGC AGAG-AT--A-----T--GG-CACT-GCTT-T-G-C-----CA--A-----C--T-----CTC-----A-TTG-AC----- 7047

CPZ.US.85.CPZUS --AGG--GAG--A TT-C-AAT G-----A-----G-G-----ATATG-TGC-----A-----T-----A-----TT-CC--A-----C----- 7429

Env gp120 T I I F K Q S S G G D P E I V T H S F N C G G E F F Y C N S T Q L F N Env

HIV-1/SIVcpz complete genomes

Table with columns for accession numbers (e.g., B.FR.83.HXB2, A1.KE.94.Q23_17), nucleotide sequences, and accession numbers (e.g., 7514, 6951, 6982, 6709, 6723, 7498, 6875, 6704, 5100, 3630, 6827, 6889, 6718, 6736, 6700, 6763, 6907, 6741, 7047, 7072, 7026, 6837, 7515, 6697, 6699, 7002, 6851, 6846, 6890, 6870, 6891, 6703, 6727, 6694, 6869, 6857, 7051, 7018, 6703, 6757, 6713, 6699, 6829, 6730, 6670, 6762, 6794, 6818, 6821, 6807, 6675, 6673, 6673, 6709, 6679, 7453, 6700, 6949, 6878, 6837, 6920, 6919, 6828, 6833, 6809, 6819, 6691, 6677, 6725, 6707, 6701, 7067).

B. FR. 83. HXB2 AGTACTTGG. TTTAATAGTACTTGGAGTACTGAAGGGTCAATAACACTGAAGGAAGTGAC. . . ACAATCACC. . . CTCCCATGCAGAATAAAACAAATTATAAAC. ATGTGGCAGAAAGTA 7514

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE --C-T----- -G-ACC-A-G-ACT--AAT--C--T-GCACT--GGA--G- . . . AT--A--T. A-----G-----G-----G----- 6662

02 AG. FR. 91. DJ264 --C----- GA-AAC--CTTAA-TCACA--G-GTCA-A-C-CAC-GAA- . . . AT--A--T. A-----G-----G-----T----- 6848

02 AG. NG. -. IBJNG --C----- GA-AAT--C-A-AGCACTG-C-CC-- -A-GGTC-A- . . . -T--A--T. A-----G-----G-----T----- 7023

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 --C-G----- AAT--C--TGGAATAGC-C-GGGGAGA-TATC-C- . . . C-T--A-AA. G-----G-----T----- 6671

03 AB. BY. 00. 98BY10443 --C----- -A-GG-ATT--AGGGTTA--T-ACACT-A-G-A--T. G--A- G-----G-----G----- 7468

03 AB. RU. 97. KAL153 2 --C----- -G-ACC-ACT-AAGAGTTA--T-ACACT-A-G-A--T. . . -T-G--A- G-----G-----G----- 6691

03 AB. RU. 98. RU9800I --C----- -A--A-ACT-AAGAGTCA--T-ACACTAA-G-A--T. . . -T-G--A- G-----G-----G----- 6829

04 cpx. CY. 94. CY032 ----ACAC. -TGCAAAATG--AA-CATTA--G--CAGA-TCTAC--A-TCA. . . -C-----A-----A-----C-----T--G--GG. G-----G-----G----- 6890

04 cpx. GR. 91. 97PVCH --A-AC. -TGTT--A-A-T-CA-A-AGGACAAAC-CA-C--A--G-AC--ACTCA. . . -C--G- G-----G-----G----- 7601

04 cpx. GR. 97. 97PVMY --G-A-AC. -TGGT--A-AAA-ACGAAAC-AATAGT-CA- . . . GAC--ATGAAA-A- . . . TT--GG- . . . T- G-----G-----G----- 7559

05 DF. BE. -. VII1310 GCC--AGT. GA--AGT-TT--A--CCACAATGTT--T-A--CA-TGACA-G- . . . AT--TT. T-A-----AG--GA- . . . AT--GG- G-----G-----G----- 6911

05 DF. BE. 93. VI961 GTC--AGTA. CCAAT-A--A- . . . -T--T- T-----T-----G-----G----- 6868

05 DF. ES. 99. X492 GAC--ACTA. CCAAG-A--GA- . . . -T--T- . . . -A--T- G-----G-----G----- 6825

06 cpx. AU. 96. BFP90 --CAT-AGAC. CTGTT-A-CACC----GGGT-A--CACC-ACAC- . . . T-----A-----A-----T-AG-----G--GA- G-----G-----G----- 7565

06 cpx. EE. -. EE0359 . . . -A-CA. AACTGTTTAAAT-GCTCAT-A-G-A-TGA--G- . . -T--A- T-----T-----G-----G-----A-G-- 7161

06 cpx. ML. 95. 95ML127 -A--A-ATA. -CAG-T-G-A-T-AG-CCAC- . . . ATT--A- T-AG-----G-C-GA- . . . ATT-A-G--G 7504

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 --G-AAC. CTTAATAAT--G-T-A--TAAT-A--GG- . . -C-----A- T-G-----T-----G-----G-----A-G--G 7558

07 BC. CN. -. CNGL179 G-----A-AC. -TGCTTAATGGT-CA--A-G-A-TTC--CTCA- . . TC-----A- . . A- G-----T-----G-----G----- 6716

07 BC. CN. 97. 97CN001 G-----A-AC. -GCCTAATGGT-CA--A-G-A-TTC--CTCA- . . TC-----A- . . A- G-----T-----G-----G----- 6836

07 BC. CN. 97. CN54 G--G-A-AC. -GCCTAATGGT-CA--A-G-A-TTC--CTCA- . . TC-----A- . . A- G-----T-----G-----G----- 6866

07 BC. CN. 98. 98CN009 G-----A-AC. -TGCTTAATGAT-CA--A-G-A-TTC--CTCA- . . TC-----A- . . A- G-----T-----G-----G----- 6836

08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F G-----A-AC. -A-GG-ACATAC-TGCTTAATGGT-CA-GAGA-A-TTC--CTCA- . . TC-----A- . . A-A- G-----G-----G----- 6690

08 BC. CN. 97. 97CNGX_7F G-----A-AC. -TGCTTAATGGT-CAG-AGA-A-TTC--CTCA- . . TC-----A- . . A- G-----G-----G----- 6684

08 BC. CN. 97. 97CNGX_9F G-----A-AC. AATGGT-CA--AGA-A-TTC--CTCA- . . TC-----A- . . A- G-----G-----G----- 6672

08 BC. CN. 98. 98CN006 --A-AC. -TGTT--A-G-T-CATACATGTTTAAATGG--CA-AA--TAATCAAG- . . T-----A- . . A- G-----G-----G----- 6842

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 --AC----- -A-GG-ACTT--GA-----A-A-TA-C-TA--A- . . ATTA--T- . . A--AC-----G--G-GA- G-----G-----G----- 6692

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 T-G-A-AAC. ACTAA-GAT-TC-TGC-AA-T--C-CAA-G- . . ATTA-TTT- . . A-A--A- G-----G-----G----- 6716

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 --C-G----- AAAATG-C--A-TATACAGGGGTCA-A--GCAC-TG-ATCA- . . ATTA--ACAGA-AG--A- G-----G-----G----- 6689

09 cpx. US. 99. 99DE4057 --C----- GA-GAAAAT-C--A--A-TG-C-GGGG-CA-T--C-G-C- . . AT--A- . . A- T-A-----G-----G-----G----- 6707

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061 ----A----- CAT-AA-TAATA--G--CAGGG-T-AATG-GAGT- A- G-----G-----T----- 6863

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071 --A-G-GAA. TGG-CAT-AAAT-A--A-GTAATA--G-TCAGGG-T-AATGA-AGT- TA- . . A- G-----G-----G----- 6890

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110 --C-G-ATA. GAGAT-TCAAAAT-CA-GT-TA-GTAAT-CAAGT- . . T--AA- A-----G-----G----- 6873

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA G-----C----- -A-GAA-AC-GCAGACA-----G---GA-GTC-A- . . . -T-A-T- A-----AT-----G-----C-T- G-----G-----G----- 6681

11 cpx. CM. 96. 4496 --C-C-G----- CCTG-GGGAATT-AACAG--G-A-AA-T-Y-A-G- . . . -T-A-T- A-----AR-----G-----G-----T----- 6861

11 cpx. FR. 99. MP1298 --C-G----- AG-TGG-A-GAGACT-AC-A-AC-AT-A--CTA--TGCACTAT-GC-- . . AT--A--T- G-----G-----G-----G----- 7508

11 cpx. GR. -. GR17 --C----- T--GCA-A-GAC-A--CAGCACACA-----G--TGC-GTC-A- . . . -T-A-T- G-----G-----T----- 6775

12 BF. AR. 97. A32879 GAAGGACT- TT-----CA--A--T-AC-A- T--T-TT- TC-----G-----G-----G-----G----- 7083

12 BF. AR. 99. ARMA159 GA--AATA. TCC-A--T- T--T-TT- T-A-----G-----C-----G-----G----- 7476

12 BF. ES. 02. X1241 --AC--AGAA. ACC-A--GCAC-AACA-C--GG--A--ACC-A-G- . . . -T--T-TT- T-----G-----G-----G-----G----- 6758

12 BF. UY. 99. URTR23 --C--AGTA. CCAAT-A--G- . . . -C--T-TT- TC-----C-----G-----G-----G-----G----- 7506

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN --CG----- GAAATGA--A-CA-CA-GC-GGTTT-G-GGTC-A- . . . AT--A--T- G-----T-----G-----G-C-A-----GG-G 6745

13 cpx. CM. 96. 1849 --C----- GAA--GAC--GTC-C-GC-----G-----G-----G-----T-----G-----G----- 6933

13 cpx. CM. 96. 4164 --C----- GCA-A-GACAC-AA-G- . . . -G--A-GGTC-A- . . . -T-A-T- G-----T-----G-----T-A-----A-G----- 6909

14 BG. ES. 00. X605 ----GGTC--A-A-T-C-TGGA-T-ATA-T-CAG-G--AA-TAAC-C- . . CT-----A- G-----G-----G----- 6958

14 BG. ES. 00. X623 ----ACTGTG-A--G-ACTA-----CT--AA-TAAC-A- A-----G-----G----- 6939

14 BG. ES. 99. X397 ----GGTC--A-A-T-C-TGGA-T-ATAAT-CAG-G--AA-TAAC-C- . . CT-----A- G-----G-----G----- 6961

14 BG. ES. 99. X421 ----GGTC--A-A-T-C-TGGA-T-ATA-T-CAG-G--AA-TAAC-C- . . CT-----A- G-----G-----G----- 6952

15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1331 ----RA----- -A-GG-ACTATTA-TT-----AC--A-G-A- . . . AT-----G- T--T-----G-----G-----G----- 6695

15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1332 ----AATG--A-ACTACT-GG--G-T--AC-----A-A- . . . AT--T-G- T-----G-----G-----G----- 6725

15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079 ----TT-CAGAATG--A-AGTACT-GG--G-T--C-----A-G- . . . -T--G- T-----G-----G-----G----- 6874

15 01B. TH. 99. 99TH_R2399 ----C-A-AGTACT-GGG--GGT--AC--A--A- . . . AT--G- T-----G-----G-----G----- 6896

16 A2D. KR. 97. 97KR004 --C-G----- CCTGCC-A--C-TCAAGGG-G--TGAG--GAA-GA-CG- . . . ATG-G-T- G-----G-----G----- 6880

18 cpx. CM. 97. CM53379 A-----GA--GC-CC--CAATG-C--CA-T--CAACT-C-CAGTAAGTAAT-A--T- . . -T--T-A- G-A-----G----- 6712

N. CM. -. YBF106 GAG-CGCA- ACA-GACT-A-A-G- . . . -T--T-TT- G-C-T-----G-----R-T-T-----ACA-G----- 7023

N. CM. 02. DJ00131 GAG-GCAT- CA-A--GGACT-A--GG- . . . -T--T-T- G-C-T-----G-----T-----ACA-G----- 6947

N. CM. 95. YBF30 GAGGAA-TA- CTT-AC--GAC-G--G- . . . C-T--T- G--G--G-----T-T-----ACA-GG----- 7062

O. BE. 87. ANT77 TA--C-TT- TCAT--ACG-A-C-C--CTGTA-TGTT-G--TGT-AGTCA-G-A- . . . ATGG--T- . . . -A--T-----A-C-G-G--GG-GG--GG-TC-A--ATA-GG-G- 7553

O. CM. -. 96CMABB637 TAC--C-TTAACTGTACCCCG-CC-AATG-AATGAA-G-AGTTACAT-G--CAGG-AGTTAC-A-AGTACACTT-GGCGA- . . A-A--T-----AG-----GG-AG--GG-TC-A--ATA--G-G- 7057

O. CM. 91. MVP5180 TA-----TT- . . ATCAAC-G-CA-AGT-CG-AT-CCAG--GATCAA-GGG-G-A- . . -GACC-A-A-A- . . ATGGT--T- . . A-A--T-----AGT--G--GC-AG--GA-TC-A--AT--G-G- 7570

O. SN. 99. SEMP1300 TA--C-TT- TCATG-ACA--A--CA-CT-TATT-GAC-A-G-A-CA-T--CATT- . . ATGG--A- . . A-AT-T-----G-----GG-GG--GG-TC-A--ATAC-G-G- 7573

CPZ. CD. -. ANT GCC--A-A-AC. A-GGGA--CTCATCAC--AC-GA- . . G-CC--TA- . . GCA-AT-----T--G--G--AG-T--T-CAT--GGC-T--T 6949

CPZ. GA. -. CPZGAB GAC-ACATT- AC--A--G- TT--A-TA- G-----G-----T--G--G--AG-T--GT-TC-A--AT--GG- 7533

CPZ. TZ. -. TAN1 AC--G-CA-CT--TAG-AC-AAT-AT-CTCAT-GGT--T-CT-TGTT- . . GCA-----C-G-GG-G-AG--T-CT-CAT--GGT-T--G 7137

CPZ. US. 85. CPZUS -TG--C-AC- -A-ACC-AC-ACAC- . . . -T-----A- . . . TAAG--T-----G-----G-----T-CA--AT--G----- 7510

Env gp120 S T W F N S T W S T E G S N N T E G S D . T I T . L P C R I K Q I I N M W Q K V Env



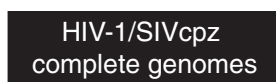
HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	GGAAAAGCAATGTATGCCCTCCCATCAGTGGACAAATTAGATGTTTCATCA.AATATTACAGGGCTGCTATTAACAAGAGATGGTGGT.....AATAGCAACAATGAGTCCGAGATCTTC	7628
A1.KE.94.Q23_17	---C---GT---A-AG---GA---C---A---A---G---A---GGAT-----TAAAT--A-C---	7065
A1.RU.03.03RU20_06_13	---C---T---AA---AGT---A-G---GA---C---A---AY---C---A---GGTGA-CT--TR-CAGYRAT--A-C---	7099
A1.SE.94.SE7253	---C---A---CCA---AT---A-G---GA---C---A---G---G---GT-GTT--G-ACAAAT--A-C---	6823
A1.TZ.01.A173	---C---A---CAA---GT---A-AG---GT---C---A---AA---AG---GG-A--T-G-CTAAAT--A-C---	6837
A1.UA.00.98UA0116	---C---T---TGAA---A-T---A-G---GA---C---A---A---AGTGGAGCT--T-GCAGCAAG--C-A-	7615
A1.UG.92.92UG037	---C---CAA---GT---A-AG---GA---C---A---AA---G---GT--AT-G-G--CAGT--A-C---	6989
A1.UG.98.98UG57136	---C---A---CAA---GT---A-TG---AA---C---A---AA---A---GG--AT-G-G--AC-T--A-C---	6818
A2.CD.97.97CDKFE4	5100
A2.CD.97.97CDKS10	---C---TGCA---GT---ATAT---A---C---AA-AA---G---G---GC-T--CCA-TAGT-----T	3744
A2.CD.97.97CDKTB48	---CG---TGCA---GT---A-AG---A---C---AA---A---G---C---AG--G-ATTAAT--C---	6938
A2.CY.94.94CY017_41	---G---TGCA---AT---A-AG---A---C---AA-AA---G---A---A--TGGGACTAAT--C---	7000
A3.SN.01.DDI579	---C---TCAA---GGT---A-AC---A---C---A---G---G---G---G---AT-GT-G-ACAAAT--CA---	6832
A3.SN.01.DDJ369	---C---TCAA---GT---A-A---GT---C---A---GC---G---G---CCTT--T-GCTCA-TT--CG---	6850
A3.SN.96.DDJ360	---C---T-AA---GGT---A-AC---A---C---A---GC---G---G---G---AT--T-G-ACAGAT--AG---	6814
B.AR.00.ARMS008	---T---C---GT---C---GT-----GGG--C-CG-G-GA--CAA--A-C---	6880
B.AU.96.MBCD36	---A---AT---AC---A---TTG--T-G-ACAAA-----CT	7018
B.CO.01.PCM074	---A---AT---AT---CA-----A-CA-C	6855
B.GA.88.OYI	---G---C---C---G---AT---A---AAG-C-C-CG-C-G-AT--A---	7164
B.NL.00.671_00T36	---TGCA-----C---C---C---G---G---GGTGG-GAG-----AGCA-----T	7189
B.RU.-.04RUI29005	---C---A-----C---A---C---G---GCA-A--T-GCAC-A--G---	7140
B.TH.90.BK132	---G---A-----CA-C-----A---AACCAA--G-G-C--C--A-T-A---	6957
B.US.90.WEAU160	---A---GAA-----T---A---AGT-G-GAAG-G-CC-A-----	7632
B.US.98.1058_11	---A-----A-----A---AAGAAC--G--CT--G-A--G---	6817
C.AR.01.ARG4006	---CG---T---A---ATG---A-C---AG-----C---AA-A--C-G--C-T---A-C---ACA--G--CA--A-CA-A--A---	6816
C.BR.-.04BR013	---C---T-AG---ATG---A-C---AG-----C---AT-A---G---C-G---A-C---TCT--C-C-GG--A-CA-A--A-CA---	7119
C.BR.92.BR025-d	---CG---TGAA---AT-T-A-C---AG-----C---AT-A---C-G---C-G---A---CAG-T-TGC--CA-A--A---	6965
C.BW.00.00BW07621	---G---TGCA---A-C---A-T---AA---C---A---A---G---C-T---A---G-AG-TG-A--ACAA-A--CA---	6960
C.ET.86.ETH2220	---CG---TGAA---AT---A-TG---AG-----C---A---A---C-G---C-T---A-CC---AAAG-GCCAC-T-GCACAAAA--A---	7007
C.IN.95.95IN21068	---CG---TGAA---A---A-C---AG-----C---A---A---GGT-C-T---A---AGAAGACAAAAATAAT-CAGAG-CA--A-A-G---CA---	6999
C.IN.99.01IN565_10	---CG---TGCA---A-C---A-C---AA-----C---AA-A---GGT-C-T---G---AAA-CA-AGG-T---CA-A--A---	7008
C.KE.00.KER2010	---CG---TGCA---A-C---A-C---AA-----A-C---A---AT---GCA-C-T---A---G---C-T-CA--A-AA-T---CA---	6817
C.TZ.01.BD9_11	---CG---AA---TGCA---A-C---A-C---AA-----C---A---AT---GGT-C-T---A---CAG-T---AA-A--A-CA---	6838
C.UY.01.TRA3011	---CG---TGAA---A-C---A-C---AGG-----C---AT-A---C-G---C-G---A---G-CG-G--TGGCACAA-A--CA---	6808
C.ZA.04.SK164B1	---CG---TGCA---A-C---A-C---AAC---G---C---A---A---G---C-T---A---CAATAACAATGACACAGGC-AT---CA-A--A---	6998
C.ZM.96.96ZM651	---CG---TGAA---A-C---AGC---AA---G---C---A---A---GGTTC-G---A---A---AGCACAAATGAT-GC-CA-T---A-CA-A--A---	6983
D.CD.83.ELI	---A-----T---GAAA---A-C---CT-----T---A---AT---T-G-ACTAA--C--T	7164
D.CD.83.NDK	---G---GAA-----T---A---GCA-AT--T-G-TCTCAT--C-A--	7132
D.CM.01.01CM_4412HAL	---G---TGAA---T---A---TGAA--T-A-G-G---C---CT-GTG--AGTG-A--CT--T	6817
D.KE.01.NKU3006	---G---T---A---GCC---C-AC---T---G---A---AT-G-G---A---G---T---T-G-ACTAAT--C---	6871
D.TD.99.MN012	A---C---GCA-----C---A---A---C---A---A---AACAACAATGCC--GCTTCT--TCTAGT--	6839
D.TZ.01.A280	---G---GCA---T---C---A---A---A---AATGTA-AT--T-G-AGAGAG-----	6816
D.UG.94.94UG114	---G---TGAA---TTC---C-AC---A---A---AT-G-G---GCA-T--AT-GT-GCC--AAT--C---	6946
D.UG.99.99UGD23550	---G---TGCA-----C---C---G---GCA---AT-AT-G-G---GCA---AT--T-G-C--AAT--C---	6847
D.UG.99.99UGK09958	---C---TGAA---T---CCA---C---G---GCA-C---ATG-T-G-C---AGT---C---T	6787
D.ZA.86.R482	---C---ACAA---AC-C---C---A---A---C---AT-GTTC-A-CAA--C---	6876
F1.BE.93.VI850	---CG---A---T---TGCA---A-C---CC---AAC---TT-A---G---ATG-G-G-A-CATT--C---	6905
F1.BR.89.BZ126	---CG---G---TGAA---A-C---CC---AAC---T---A---G---C-G-AT-GT--C--A-T--C---	6932
F1.BR.93.93BR020_1	---CG---AA---TGCA---A-C---CC---AAC---CTG--T-G-ACTAAT--C---	6932
F1.FI.93.FIN9363	---CG---G---TGCA---A-C---CC---AAC---CAG-G---AT--T-G--T--T--C---	6924
F1.FR.96.MP411	---C---T---G---TGCA---GC---AC---AAC---C---C---A---CAGAGT--GAT-CT--AG-A-T--CT---	6795
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---GCG---TGCA---A---CAG---CAAC---C---T---A---G---A---G---AGGCA--A-CA-A--C--C---	6787
F2.CM.95.MP255	---G---T---TGAA---G---CCAG---A-C---C---T---A---G---A---GGAT-TTG-C-G-AAA--TC---	6787
F2.CM.95.MP257	---C---G---TGCC---A---CAG---AAC---C---T---A---G---T---GAGGGA-----C---	6820
F2.CM.97.CM53657	---CG---G---TGCA---G---CAG---AAC---GC---C---T---AA---G---G---A---AT--T-CCA-TAAT--C-C-C---	6793
G.BE.96.DRCBL	---C---TGCA---A-C---C---AG---C---A---AA---G---G---A---T-GCACTAGT-----	7567
G.CM.01.01CM_4049HAN	---C---T---GCC---A-C---C---AA---C---A---AA---A---AAT-C--GG-T--ACC-A---	6817
G.ES.99.X138	---C---GCA---A-C---C---AGG---C---A---AT---G-T---R---C-GAT-CA--G-A-T--T---	7063
G.FI.93.HH8793_12_1	GC---T---GCAA---A-C---C---AA---C---A---A---AATGCT--C-ATGCA-G--A-T--C---	6998
G.NG.92.92NG083	---C---T---GCA---A-CC-GT---AA---C---AT-AA---G---AAT--C-ATG--G-ACAGAG--C---	6954
G.SE.93.SE6165	---C---GCA---A-C---GA---AAC---GC---A---AA---G---AATAATAACAAT-CA-AT-C-G--AGT---	7046
H.BE.93.VI991	---C---A---A-C---C---C---AT---A---AA---G---TTT--CC-G---AT--T-CAA-TAAT-TT-C---	7027
H.BE.93.VI997	---C---T---AA---AGC---C---GT---AT-AA-CC-G-TTAT--C-AA-A---GG-A-T---TAAT-TT-C---	6942
H.CF.90.056	---CG---CAA---A-C---TG---GT---A---AA---G---TT--C-AG---CGCGTCTGCA--AAATT-T-C---	6947
J.SE.93.SE7887	---C---C---TGCA---A-C---CG---CA---AT-A---G---C-T---A---A---AACAGGGGGAATGGC--TG-G--GCA-T---	6935
J.SE.94.SE7022	---C---A---GCA---A-C---C---CAA---AT-AT---G---C-T---A---A---AACAGGAATGGC--TG-G--GCA-T---	6942
K.CD.97.EQTB11C	---GC---A---A---C---GCA---A-C---CC---AG---AA-A---G---AATGAC-----AT-CT-GGACTGAG--C---	6811
K.CM.96.MP535	---C---A---TGCA---AGT---AC---AGC---AA-A---G---AT--T-C-TAAT--C---	6788
01_AE.TH.00.OUR200I	---C---T---AG---AT---GT---AA-A---G---AT-CT--C--AA-T--A-C---	6836
01_AE.TH.01.OUR4141	---C---T---AA---AGC---AT---GT---AA-A---G---GAT--CTGGAAGTAAA--C---	6821
01_AE.TH.02.OUR769I	---C---T---AG---GAT---GT---AA-A---G---CTT--T--ACTAA--C---	6812
01_AE.TH.90.CM240	---C---T---AG---AT---GT---AA-A---G---GT--AT--T-CG--TAA--C---	7181

B. FR. 83. HXB2
 02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE
 02 AG. FR. 91. DJ264
 02 AG. NG. -. IBNG
 02 AG. UZ. 02. 02UZ693
 03 AB. BY. 00. 98BY10443
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 03 AB. RU. 98. RU9800I
 04 cpx. CY. 94. CY032
 04 cpx. GR. 91. 97PVCH
 04 cpx. GR. 97. 97PVMY
 05 DF. BE. -. VI1310
 05 DF. BE. 93. VI961
 05 DF. ES. 99. X492
 06 cpx. AU. 96. BFP90
 06 cpx. EE. -. EEO359
 06 cpx. ML. 95. 95ML127
 06 cpx. SN. 97. 97SE1078
 07 BC. CN. -. CNGL179
 07 BC. CN. 97. 97CN001
 07 BC. CN. 97. CN54
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F
 08 BC. CN. 98. 98CN006
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 09 cpx. SN. 95. 95SN1795
 09 cpx. SN. 95. 95SN7808
 09 cpx. US. 99. 99DE4057
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071
 10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110
 11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA
 11 cpx. CM. 96. 4496
 11 cpx. FR. 99. MP1298
 11 cpx. GR. -. GR17
 12 BF. AR. 97. A32879
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 12 BF. ES. 02. X1241
 12 BF. UY. 99. URTR23
 13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN
 13 cpx. CM. 96. 1849
 13 cpx. CM. 96. 4164
 14 BG. ES. 00. X605
 14 BG. ES. 00. X623
 14 BG. ES. 99. X397
 14 BG. ES. 99. X421
 15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331
 15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332
 15 01B. TH. 99. 99TH MU2079
 15 01B. TH. 99. 99TH R2399
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 18 cpx. CM. 97. CM53379
 N. CM. -. YBF106
 N. CM. 02. DJ00131
 N. CM. 95. YBF30
 O. BE. 87. AN770
 O. CM. -. 96CMABB637
 O. CM. 91. MVP5180
 O. SN. 99. SEMP1300
 CPZ. CD. -. AN7
 CPZ. GA. -. CPZGAB
 CPZ. TZ. -. TAN1
 CPZ. US. 85. CPZUS
 Env gp120

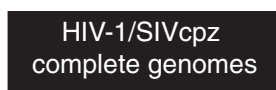
GGAAAAGCAATGTATGCCCTCCCATCAGTGGACAAATAGATGTTTCATCA. AATATTACAGGGCTGCTATTAACAAGAGATGGTGGT. AATAGCAACAATGAGTCCGAGATCTTC 7628
 ---C---G---A---G---CAAC---C---A---A---A---G---GT---AT---T---G---ATAAAT---C--- 6776
 ---CG---G---A---G---GA---C---A---A---A---G---G---AT---T---G---ACAAAT---CT--- 6962
 ---C---G---A---G---GAT---C---A---A---A---G---AT---T---G---ACAAAT---A---C--- 7134
 ---C---T---CCA---GT---A---G---AAT---C---AA---A---A---G---T---G---ACAAAT---C--- 6782
 -----GCA-----A-----G-CCAG-G-----GTA----- 7582
 -----G-----GCA-----A-----TTA-----CCAG-G-----T---T 6805
 -----GCA-----A-----A-----CCAG-----TCA----- 6943
 --GC-----C---T---C---TGCA---GAGC---AC---CAGC---G-----AA-AA---G-----CT---A---TA---T----- 6998
 ---C-----C---TGCA---GAGC---AC---CAGC---G-----AA-AA---G-----ATAAGTAATAAT---GAG---CT---TAAT---C---C--- 7727
 ---C-----A---C---TGCA---GATC---AC---CAAC---AGT---AA-AA---G-----AAT-GA---TG---T---C---GCAAT---C--- 7676
 ---C-----G---TGCA---A---C---GCC---AAC---C---A---A---G---AATGGTAATG---TC---C---CA---A---A--- 7034
 ---C-----G---TGCA---A---T---CC---AAC---C---A---A---G---GTA---TT---CT---TA---A---CA--- 6985
 ---C-----G---TGCA---A---T---CC---AAC---C---A---AA---G---A---AA---GAT---AT---GT---CGAGTAAT---CA--- 6942
 ---C-----TGCA---A---C---C---GT---C---AA-AA---G-----ATG-G-----TCAGT---A---C--- 7676
 ---C---G---TGCA---A---C---C---AA---C---A---A---G---AATAATGGAAATGGGTCT---T---GAAAT---CT--- 7287
 ---C---G---GCA---A---C---T---A---C---G---G---GG-ATG-T-GCA-TAGT---C--- 7618
 ---C-----TGCA---A---C---C---A---C---A---A---G---GCA-----CA-T---A--- 7663
 ---CG-----TGAA---A---C---A---C---AA---C---A---A---GGT-C-T---A---A---CAGAGCCA---TA---A---CA--- 6830
 ---CG-----TGAA---A---C---A---C---AA---C---A---A---GGT-C-T---A---A---CAGAGCCA---TA---A---CA--- 6950
 ---CG-----A---AA---A---C---A---C---AA---C---A---A---GGT-C-T---A---A---CAGAGCCA---TA---A---CA--- 6980
 ---CG-----TGAA---A---C---A---C---AA---C---A---A---GGT-C-T---A---A---CAGAG-CA---TA---A---CA--- 6950
 ---CG-----TGAA---A---C---A---C---AA---C---A---A---GGT-C-T---A---A---AGA-CAGAGCCA---A---TA---A---A--- 6807
 ---CG-----TGAA---A---C---A---C---AA---C---A---A---GGT-C-T---A---A---AGA-CAGAGTCA---TA---A---A--- 6801
 ---CG-----TGAA---A---C---A---C---AA---C---A---A---GGT-C-T---A---A---AGA-CAGAGTCA---TA---A---A--- 6789
 ---CG-----TGAA---A---C---A---C---AA---C---A---A---GGT-C-T---A---A---ACAGAGTCA-AT---A---CAA---GTA---A--- 6962
 ---C---G---CCA---G---A---G---AG---C---A---AA---G---GTG---CAAT---C--- 6800
 ---C---T---CCA---AT---AGAG---GT---C---A---AG---G---CTGG---ACAAGT---C--- 6827
 ---C---G---CCA---GT---AG-G---AT---C---A---AA---G---G-C-AT-CAGG---TAAT---A---C--- 6803
 ---C---G---CCA---GT---A---AT---AT---C---A---AA---T---GAG-G-GC-ACAAAT---C--- 6821
 -----A---TGCA---TG---C---AT---C---A---A---AG-G-G---GCG---AT---T---G---C---AAT---C--- 6980
 -----A---TGCA---T---C---C---C---A---A---AT-G-G---GGTGGTGCA---AT---CT---G---C---AAT---C--- 7013
 -----A---TGCA---TT---C---AC---A---AT-G---GCAAAAT---T---TC-GAGTGGG--- 6993
 ---C---G---CAA---A---A---G---GA---C---A---AA---G---CA-AT---CAC-AAAT---C--- 6795
 ---C---G---CAA---G---C---A---G---GAC---C---A---A---G---GTG-AT---CAA-CAAT---C--- 6975
 ---GC---G---CCA---A---A---T---AAT---GC---AT---A---G---CCA-AT---CCACCAGT---C---T 7622
 ---C---G---CAA---G---C---A---G---GAC---C---A---A---G---GAGGGG---GAT-C-T---G-AAA---C--- 6895
 ---CG---G---TGCA---A---C---AC---AAC---C---A---T---AA---G---A---AT-CT-C-G-AAT---C--- 7197
 ---CG---G---TGAA---A---C---CC---AAC---C---T---A---G---CTT---GAG-CT---C---A---T---A---C--- 7593
 ---CG---G---TGCA---A---C---CC---CAAC---C---T---A---G---CT-GT---A---TA---T---C--- 6872
 ---GCG---A---G---TGCA---A---C---CC---AG---C---T---A---G---AACAAAT---GCT-CT---A---A---T---C--- 7626
 ---C---G---CAA---GT---A---G---CGA---C---A---A---C---AG---GG-AT---T---GAACAAAT---C--- 6859
 ---C---G---CAA---AT---A---G---GA---C---G---A---A---T---GTGGG---AT---T---GGACAAAT---CA--- 7050
 ---C---T---CAA---AC---A---G---GAC---C---A---A---G---GAT---T---GCCTAAAT---C--- 7020
 -----T---C---G---C---C---G---GG---ACTAA---C---T 7072
 -----C---T---G---GT---AT---GT---C---A--- 7050
 -----C---G---C---AGTAAACAAT---C---AT---CT---C---C--- 7084
 -----C---G---WY---YACTAM---Y---T 7063
 -----AA---T---A---AAAGAGAAC---C---C---C---GACCAA---C---T 6818
 -----AG---T---A---AAA---GAG-G---CACCA---C---T 6842
 -----AA---T---AAAAATGAG---C---CG---ACCA---C--- 6997
 -----TGCA---C---A---AATAATGGGAACG---C---CA-AAA---C--- 7022
 ---CG---T---AC---AC---A---AG---A---C---C---AA---A---G---AACAGTGGGG---TGCAACCAAT---C--- 6997
 ---C---C---T---GAA---AGC---C---GT---G---A---AA---G---T---CTT---T---AGTCA-CA---GAG-T---C--- 6826
 -K---G---T---A---A---A---TC-G---A---TC---C---ARC---C---G---C---T---A---A---TC---GA---C---A---G-A---C-GTAA-A---CAG-A 7128
 -----G---T---A---G---A---TC-G---A---TC---CC---AAC---C---C---T---A---A---TC---GA---C---A---GGCAGTAAT-GC-CAG-A 7049
 -----G---T---A---A---A---TC-G---GTT---AC---A---C---C---T---A---G---TC---GA-TATAG---G---CCTG---CCA---GAAACA---AG-A 7173
 CAGTCG-G-C-C---A---AA---TA---TC---A---C---ATG---C---A---T---AA---A---CC---CA---TG---AACACA---TGG-C---G---CA-CAAT-TA-CA---T 7670
 -AGTCG-G-C-C---A---A---T---AA---TT---CC---A---CC---CAT---C---A---T---AA---A---TC---CA---G---CA---CCA---ACCAATT-C---T 7159
 -AGTCGAG---C---A---CCC---CA---CT---A---C---CAT---C---C---A---T---AA---A---TC---CAGTT---CAACCA---TGG-ATTC---CA-GTGAAA-T-CAC-T 7684
 -GTCC-G-C-T---A---GGCCA---TT---CC---A---C---CAAC---TCC---A---T---AA---A---TC---CA---TTG---AAGACA---TGGAACCCG-C---CAGCGAATCC-CA---T 7693
 TC---GC---T---CTTAG-C-T-GG---A---GA-TG---TCC---A---T---C---GC---A---T---AA---TA---G---GGA---CAA---TAT-T---AA-T-TT-AAG-G 7054
 ---G---G---A---A---C---A---A---A---C---C---CT---CAAT---T---C---T---A---T---C---TTC---CAC---CC---GTG-C---A---G---GTAA-CT---CA---T 7650
 TC---GGG-T---CCTT---C---A---GG---G---AC---G---A---A---CAC---C---C---C---A---TA---CA---G---CA-AA---AAG---CA-TAATAGTTATAC- 7242
 ---G---C---T---A---A---AA---TGTGC---A---T---AAC---C---A---G---AA---A---TC---TGAC---T---AGCATA---AGCGCAGTC---A---G---T---G---AG---AATATA---CAG-G 7630

G K A M Y A P P I S G Q I R C S S N I T G L L L T R D G G N S N N E S E I F Env



	AGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGGAGAAGTGAATTATATAAATATAAAGTAGTAAAAATTGAACCATTAGGAGTAGCACCCACCAAGGCAAGGAGAAGAGTGGTG.....C	7743
B.FR.83.HXB2	-----G-----G-----C-----T-----G-----	7180
A1.KE.94.Q23_17	-----G-----G-----C-----T-----G-----	7214
A1.RU.03.03RU20_06_13	-AT-----A-----C-----G-----T-----G-----	6938
A1.SE.94.SE7253	-----A-----A-----G-----C-----G-----G-----	6952
A1.TZ.01.A173	-----G-----C-----T-----G-----	7730
A1.UA.00.98UA0116	-AT-----A-----C-----G-----CA-----G-----	7104
A1.UG.92.92UG037	-----T-----G-----G-----C-----G-----	6933
A1.UG.98.98UG57136	-----C-----G-----G-----C-----G-----	5100
A2.CD.97.97CDKFE4	-----G-----C-----T-----G-----	3859
A2.CD.97.97CDKS10	-----G-----C-----A-----AG-----G-----	7053
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-----C-----T-----G-----A-----	7115
A2.CY.94.94CY017_41	-----A-----A-----C-----G-----	6947
A3.SN.01.DDI579	-----A-----A-----C-----C-----G-----	6965
A3.SN.01.DDJ369	-----C-----C-----G-----	6929
A3.SN.96.DDJ360	-----T-----G-----G-----G-----G-----A-----	6995
B.AR.00.ARMS008	-----A-----G-----C-----G-----G-----T-----C-----	7133
B.AU.96.MBCD36	-----C-----C-----A-----G-----G-----	6969
B.CO.01.PCM074	-----C-----C-----A-----G-----G-----	7279
B.GA.88.OYI	-----R-----A-----K-----C-----C-----R-----M-----	7304
B.NL.00.671_00T36	-----A-----A-----T-----C-----T-----	7255
B.RU.-.04RU129005	-----A-----A-----T-----C-----C-----	7072
B.TH.90.BK132	-----A-----A-----T-----C-----C-----	7747
B.US.90.WEAU160	-----A-----A-----T-----C-----C-----	6932
B.US.98.1058_11	-----G-----Y-----G-----G-----CA-----C-----A-----TR-----T-----A-----G-----	6931
C.AR.01.ARG4006	-----G-----G-----G-----A-----A-----TG-----A-----G-----	7234
C.BR.-.04BR013	-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----G-----	7080
C.BR.92.BR025-d	-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----GC-----A-----G-----	7075
C.BW.00.00BW07621	-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----T-----C-----A-----G-----	7122
C.ET.86.ETH2220	-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----CA-----A-----G-----	7114
C.IN.95.95IN21068	-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----TG-----A-----A-----G-----	7123
C.IN.99.01IN565_10	-----G-----A-----A-----C-----C-----G-----GG-----A-----G-----G-----A-----TG-----A-----G-----	6932
C.KE.00.KER2010	-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----AGG-----G-----A-----T-----A-----G-----	6953
C.TZ.01.BD9_11	-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----CT-----A-----G-----	6923
C.UY.01.TRA3011	-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----G-----	7113
C.ZA.04.SK164B1	-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----TG-----A-----G-----	7098
C.ZM.96.96ZM651	-----G-----C-----C-----G-----	7279
D.CD.83.ELI	-----G-----G-----A-----G-----	7247
D.CD.83.NDK	-----G-----G-----G-----C-----C-----TC-----G-----G-----	6932
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----G-----G-----C-----A-----T-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----	6986
D.KE.01.NKU3006	-----G-----G-----C-----A-----T-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----	6954
D.TD.99.MN012	-----G-----G-----C-----A-----T-----A-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----	6931
D.TZ.01.A280	-----C-----AA-----C-----C-----AA-----A-----TC-----G-----GC-----A-----	7061
D.UG.94.94UG114	-----C-----AA-----C-----C-----AA-----A-----TC-----G-----GC-----A-----	6962
D.UG.99.99UGD23550	-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----AG-----C-----G-----ACA-----	6902
D.UG.99.99UGK09958	-----C-----C-----A-----T-----C-----C-----C-----AG-----C-----G-----ACA-----	6991
D.ZA.86.R482	-----AG-----A-----AA-----C-----G-----G-----G-----A-----CA-----	7020
F1.BE.93.VI850	-----G-----A-----AA-----C-----G-----G-----G-----A-----CA-----A-----	7047
F1.BR.89.BZ126	-----G-----A-----AA-----C-----G-----G-----G-----A-----CA-----A-----	7047
F1.BR.93.93BR020_1	-----G-----A-----AA-----C-----G-----G-----G-----A-----CA-----A-----	7039
F1.FI.93.FIN9363	-----AG-----A-----C-----AA-----A-----C-----G-----G-----GA-----C-----	6910
F1.FR.96.MP411	-----AT-----G-----G-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----T-----G-----A-----CA-----	6902
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----AT-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----	6902
F2.CM.95.MP255	-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----	6935
F2.CM.95.MP257	-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----	6914
F2.CM.97.CM53657	-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----AAG-----AGAG-----	7682
G.BE.96.DRCBL	-----A-----A-----AAA-----G-----AC-----CA-----T-----C-----A-----G-----G-----	6932
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----C-----A-----C-----A-----A-----T-----AC-----CA-----T-----G-----G-----	7178
G.ES.99.X138	-----C-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----G-----G-----	7113
G.FI.93.HH8793_12_1	-----C-----A-----A-----A-----G-----AC-----CA-----T-----C-----G-----G-----	7069
G.NG.92.92NG083	-----G-----AC-----CA-----T-----C-----G-----G-----G-----	7161
G.SE.93.SE6165	-----G-----AC-----CA-----T-----C-----C-----G-----A-----G-----G-----	7142
H.BE.93.VI991	-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----	7057
H.BE.93.VI997	-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----	7062
H.CF.90.056	-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----	7050
J.SE.93.SE7887	-----AC-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----G-----A-----	7057
J.SE.94.SE7022	-----AC-----A-----AA-----T-----G-----GC-----G-----C-----A-----	6926
K.CD.97.EQTB11C	-----C-----A-----C-----C-----G-----C-----G-----G-----	6903
K.CM.96.MP535	-----C-----C-----G-----C-----G-----C-----A-----G-----G-----	6951
01_AE.TH.00.OUR200I	-----G-----A-----A-----A-----C-----A-----G-----	6936
01_AE.TH.01.OUR414I	-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----	6927
01_AE.TH.02.OUR769I	-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----	7296
01_AE.TH.90.CM240	-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----G-----	

	AGACCTGGAGGAGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAGTGAATTATATAAATATAAAGTAGTAAAAATTGAACCATTAGGAGTAGCACCCACCAAGGCAAGAGAAGAGTGGTG.....C	7743
B. FR. 83. HXB2		
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE	--G-----C-----G-----G-----C-T-----CGT-A-----G	6891
02 AG. FR. 91. DJ264	--G-----C-----G-----G-----C-TA-----G-----G	7077
02 AG. NG. -. IBNG	--G-----G-----C-----T-----CGT-A-----G	7249
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	-----C-----G-----C-----T-----GG-A-----G	6897
03 AB. BY. 00. 98BY10443	-----A-----T-----G-----	7697
03 AB. RU. 97. KAL153 2	--A-----T-----G-----	6920
03 AB. RU. 98. RU9800T	-----T-----G-----	7058
04 cpx. CY. 94. CY032	-----C-----C-----G-----A-----AT-----G-----C-----	7113
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	-----C-----T-----C-----G-----G-----G-----A-----GGG-----G-----C-----	7842
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----G-----C-----G-----	7791
05 DF. BE. -. VI1310	-----A-----C-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----A-----CA-----A	7149
05 DF. BE. 93. VI961	-----C-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----A-----CA-----A	7100
05 DF. ES. 99. X492	-----C-----C-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----CA-----A	7057
06 cpx. AU. 96. BFP90	-----C-----G-----G-----A-----C-----A-----TG-----G-----A-----G	7791
06 cpx. EE. -. EEO359	-----A-----A-----A-----C-----CA-----T-----G-----A-----G	7402
06 cpx. ML. 95. 95MLL127	-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----G	7733
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----GA-----G-----A-----G	7778
07 BC. CN. -. CNGL179	-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----TGCA-----A-----G-----G	6945
07 BC. CN. 97. 97CN001	-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----CA-----A-----G-----A-----G	7065
07 BC. CN. 97. CN54	-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----CAA-----A-----G-----G	7095
07 BC. CN. 98. 98CN009	-----G-----G-----A-----G-----G-----TGCA-----A-----G-----G	7065
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	-----AA-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----TGCA-----A-----G-----G	6922
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	-----AA-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----TGCA-----A-----G-----G	6916
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	-----AA-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----TGCA-----A-----G-----G	6904
08 BC. CN. 98. 98CN006	-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----TGCA-----A-----G-----G	7077
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	-----AC-----A-----A-----G-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----G	6915
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	-----AC-----A-----A-----G-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----G	6942
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	-----AT-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----CC-----G-----G	6918
09 cpx. US. 99. 99DE4057	-----AT-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----G-----GA-----G-----G	6936
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061	-----C-----C-----A-----TC-----C-----G	7095
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071	-----A-----C-----C-----C-----TC-----C-----G	7128
10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110	-----A-----GG-----C-----TC-----C-----G	7108
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA	-----AC-----A-----GG-----A-----C-----C-----A-----G-----G	6910
11 cpx. CM. 96. 4496	-----C-----G-----G-----G-----A-----C-----R-----G-----GA-----G	7090
11 cpx. FR. 99. MP1298	-----AC-----A-----C-----GG-----G-----A-----C-----G-----A-----G	7737
11 cpx. GR. -. GR17	-----AC-----AA-----G-----G-----G-----G-----A-----C-----T-----A-----G	7010
12 BF. AR. 97. A32879	-----G-----A-----AA-----G-----G-----G-----C-----C-----C-----CA-----G	7312
12 BF. AR. 99. ARMA159	-----G-----A-----AA-----G-----G-----G-----C-----C-----C-----CA-----A	7708
12 BF. ES. 02. X1241	-----G-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----G-----CC-----A	6987
12 BF. UY. 99. URTR23	-----T-----G-----A-----AA-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----CA-----A	7741
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	-----T-----C-----G-----GA-----G-----A-----G	6974
13 cpx. CM. 96. 1849	-----A-----AA-----G-----G-----G-----GA-----G-----G-----G	7165
13 cpx. CM. 96. 4164	-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A	7135
14 BG. ES. 00. X605	-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G	7187
14 BG. ES. 00. X623	-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G	7165
14 BG. ES. 99. X397	-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G	7199
14 BG. ES. 99. X421	-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G	7178
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331	-----R-----A-----W-----C-----T-----A-----G	6933
15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332	-----A-----C-----C-----G	6957
15 01B. TH. 99. 99TH MU2079	-----C-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----G	7112
15 01B. TH. 99. 99TH R2399	-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----G	7137
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-----G-----C-----A-----C-----T-----G-----GA-----G	7112
18 cpx. CM. 97. CM53379	-----G-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----G	6941
N. CM. -. YBF106	TAT--CTC-----A-C--GTTA-TCTC-----CAA--C-G--G-C-----T-GT-A--CA-----AGGT-A-C-A--C-CACA-----A	7243
N. CM. 02. DJ00131	TAT--CAC-----A-C--GTCA-TCTC-----CAA--G-G--G-C--AC--C-GT-A--CA-----AGGT-A-T-A--C-CACA-----A	7164
N. CM. 95. YBF30	TAT--CTC-----A-C--GTTA-TCTC-----CAA--G-G--G-C--T-GC-A--CA-----AGGT-A-T-A--C-CACA-----A	7288
O. BE. 87. ANT70	-----AAT--G-----C-----AA--T-TA-----C-----G-TC-C-C-----GGG-AA--T--TA-T-G-----ACGTATTGCA--GCC--CA-AAGCACT...AGAACT--	7797
O. CM. -. 96CMABB637	-----G-A-T--G-----Y-----AA--T-TA-----C-----GCC-T-C-----GCC--AA--T--TA-T-----T-A--AATT-CA--GCC--CA-AAGCACT...GGCAAT--	7286
O. CM. 91. MVP5180	-----A-T--G-----AA--T-TA-----C-A--G-C-C-C-----C-G-AA--T--TA-T-----T-A--AATGTCA--CC-A-AA-AAACATTCACACCCT--	7814
O. SN. 99. SEMP1300	-----AAT--G-----AA--T-TA-----C-----G-TC--C-----G-AA--T--TA-T-G-----T-A--AATTGCA--CC--CA-AGGCACT...GGCACT--	7820
CPZ. CD. -. ANT	TC-----CT-C-A-----G-AGCA--C-A-----GCG--G-G-CC-GG--CC-G-G--G-G-----RT--C--GTC-----C-A-A-CA-GN--A--GCC--AAA-AAAAC...AACACT--	7175
CPZ. GA. -. CPZGAB	-----AC-----A-C-----A--T-T-----GC-C-----G-----TCG--A--G--T--TC-----G-----A-A-A-----GA--GCATACA--GCAAGA...CAGAAAG	7777
CPZ. TZ. -. TAN1	CCC-AATTTTCT-CT-TAG-AGAA--T-----A-GTA-----GCA-G-----G-GG-----C-G--C--GTC--G-T--A-GGCCA-G--A--GCCT-AAA-TAAGGCC...AATCATA	7369
CPZ. US. 85. CPZUS	-TG--AC-----C--CTTTA--A-A-----C--G--G--G--G--C-GC--A--TA-----G-----AGGT--C-A--GCATACA-----A	7745
Env gp120	R P G G G D M R D N W R S E L Y K Y K V V K I E P L G V A P T K A K R R V V	Env



HIV-1/SIVcpz complete genomes

	Env gp120 end \ / Env gp41 start	RRE Stem I	Stem IIA	Stem IIIB	Stem IIB'	Stem IIC	Stem IIC'	
B.FR.83.HXB2	AGAGAGAAAAAGAGCA...GTGGGA...ATAGAGAGCTTTGTTCCTT...GGGTTCTTTGGGAGCAGCAGGAAGCACTATGGGGCGCAGCCTCAATGACGCTGACGGTACAGGCCAGACAATTATTGTCTGG							7864
A1.KE.94.Q23_17		-T-	-G-C-	-A-	-A-G-	-A-		7301
A1.RU.03.03RU20_06_13		-A-T-	-C-G-	-CGCC-	-A-	-T-	-G-G-	7335
A1.SE.94.SE7253		-T-	-C-G-	-A-A-	-A-	-G-G-	-A-	7059
A1.TZ.01.A173		-C-	-C-G-	-G-C-A-	-A-	-G-G-	-G-A-	7073
A1.UA.00.98UA0116		-A-T-	-C-G-	-GCC-	-A-	-T-	-G-G-	7851
A1.UG.92.92UG037		-TAC-	-C-G-	-G-A-A-	-A-A-	-T-	-A-	7225
A1.UG.98.98UG57136		-A-	-T-	-G-	-A-	-G-G-	-A-	7054
A2.CD.97.97CDKFE4				-G-T-		-T-	-G-G-	5100
A2.CD.97.97CDKS10				-G-T-		-T-	-G-G-	3980
A2.CD.97.97CDKTB48		-T-	-T-G-	-G-T-	-G-G-	-G-G-	-A-	7174
A2.CY.94.94CY017_41		-T-	-C-G-	-G-C-	-G-G-	-C-A-		7236
A3.SN.01.DDI579		-T-	-C-	-G-C-	-A-	-T-	-G-G-	7068
A3.SN.01.DDJ369		-G-	-C-	-G-C-	-A-	-T-	-G-G-	7086
A3.SN.96.DDJ360		-T-	-C-	-G-C-T-	-A-	-T-	-G-G-	7050
B.AR.00.ARMS008			-T-	-A-	-G-G-	-T-	-G-	7116
B.AU.96.MBCD36		-G-	-AC-	-C-	-A-	-G-	-A-	7254
B.CO.01.PCM074			-AACG-	-C-	-A-	-G-T-	-C-	7090
B.GA.88.OYI			-ATGC-	-A-	-CGG-	-G-		7403
B.NL.00.671_00T36			-A-AACG-	-C-	-A-	-G-G-		7425
B.RU.-.04RU129005		-K-	-A-	-T-	-AA-	-GG-	-G-A-	7373
B.TH.90.BK132				-G-	-G-	-G-	-T-	7193
B.US.90.WEAU160			-ATGC-	-A-	-G-		-T-	7871
B.US.98.1058_11			-AC-	-C-	-G-		-T-	7053
C.AR.01.ARG4006		-ATA-	-C-	-G-	-A-	-A-		7055
C.BR.-.04BR013				-G-	-A-	-A-		7355
C.BR.92.BR025-d				-G-	-A-	-A-	-T-	7201
C.BW.00.00BW07621		-GTA-		-G-	-A-	-A-	-T-	7199
C.ET.86.ETH2220			-CA-	-C-	-G-	-A-	-G-	7240
C.IN.95.95IN21068				-G-	-G-	-A-	-G-	7235
C.IN.99.01IN565_10			-C-	-C-	-A-A-	-G-	-A-	7241
C.KE.00.KER2010				-G-AC-		-G-	-A-	7053
C.TZ.01.BD9_11				-G-C-		-G-G-	-C-G-	7074
C.UY.01.TRA3011			-C-	-C-	-A-	-G-	-A-	7041
C.ZA.04.SK164B1		-G-		-G-AC-	-A-	-A-	-G-	7234
C.ZM.96.96ZM651				-G-	-G-	-A-	-C-	7219
D.CD.83.ELI		-A-	-A-A-	-T-	-A-	-CGG-	-G-	7400
D.CD.83.NDK		-A-	-A-A-	-C-	-G-	-G-	-G-	7368
D.CM.01.01CM_4412HAL		-A-	-A-A-	-T-	-A-	-G-	-G-	7053
D.KE.01.NKU3006		-A-	-A-A-	-C-G-	-A-	-G-	-G-	7107
D.TD.99.MN012		-A-	-A-AAA-	-T-A-	-G-	-A-	-G-	7075
D.TZ.01.A280		-A-	-A-A-	-C-	-A-	-G-	-T-	7052
D.UG.94.94UG114		-A-	-A-A-	-C-G-	-C-	-A-	-TG-	7182
D.UG.99.99UGD23550		-A-	-A-A-	-C-G-	-A-	-G-	-GC-	7083
D.UG.99.99UGK09958		-A-	-A-A-	-C-	-A-	-G-	-C-	7023
D.ZA.86.R482		-A-G-	-A-AC-	-C-C-	-A-	-G-	-GA-	7112
F1.BE.93.VI850			-C-	-C-	-G-T-	-GA-	-G-	7141
F1.BR.89.BZ126			-CA-T-		-A-C-	-G-	-AG-	7168
F1.BR.93.93BR020_1		-G-		-C-	-C-	-T-	-G-G-	7168
F1.FI.93.FIN9363		-G-	-G-	-C-	-G-A-	-A-C-	-T-	7160
F1.FR.96.MP411		-G-	-G-	-C-	-C-	-A-A-	-AC-	7031
F2.CM.02.02CM_0016BBY		-C-G-	-A-	-G-	-G-	-A-		7023
F2.CM.95.MP255			-C-	-G-	-G-C-T-			7023
F2.CM.95.MP257				-G-	-A-	-C-	-G-G-	7056
F2.CM.97.CM53657		-A-		-G-	-C-			7035
G.BE.96.DRCBL			-T-	-G-	-A-C-	-A-	-A-	7803
G.CM.01.01CM_4049HAN			-T-	-G-	-G-C-	-A-	-A-	7053
G.ES.99.X138			-T-	-C-G-	-GG-CC-	-A-	-A-	7299
G.FI.93.HH8793_12_1		-G-	-G-	-T-	-G-G-	-G-C-	-A-	7234
G.NG.92.92NG083			-T-	-C-G-	-G-C-	-A-	-G-	7190
G.SE.93.SE6165			-T-	-C-G-	-G-C-	-A-	-T-	7282
H.BE.93.VI991			-A-	-G-	-T-	-G-	-T-	7263
H.BE.93.VI997		-T-		-G-	-T-	-T-	-G-	7178
H.CF.90.056				-G-	-CT-		-G-	7183
J.SE.93.SE7887				-G-	-A-	-T-	-G-	7171
J.SE.94.SE7022				-G-	-A-	-T-	-G-	7178
K.CD.97.EQTB11C		-G-	-A-	-G-		-G-	-A-	7047
K.CM.96.MP535			-A-	-T-	-G-	-T-	-A-	7024
01_AE.TH.00.OUR200I				-A-A-T-	-A-	-G-G-	-A-	7072
01_AE.TH.01.OUR414I				-A-A-T-	-A-	-G-G-	-A-	7057
01_AE.TH.02.OUR769I				-A-A-T-	-A-	-G-G-	-A-	7048
01_AE.TH.90.CM240		-G-		-A-A-T-	-A-	-G-G-	-A-	7417

	Env gp120 end \ / Env gp41 start	RRE Stem I	Stem IIA	Stem IIIB	Stem IIB'	Stem IIC	Stem IIC'	
B.FR.83.HXB2	AGAGAGAAAAAGAGCA...GTGGGA...ATAGGAGCTTTGTTCCTT...GGTTCTTTGGGAGCAGCAGGAAGCACTATGGGCGCAGCCTCAATGACGCTGACGGTACAGGCCAGACAATATTGTCTGG							7864
02_AG.CM.02.02CM.1669LE	G-----GTT-T-----C-G-----G-C-----A-----G-----A-----							7015
02_AG.FR.91.DJ264	-----G-----T-----C-G-----G-C-----T-----A-----G-----A-----							7198
02_AG.NG.-.IBNG	-----G-----T-----C-G-----G-C-----A-----GCGG-----A-----C-----							7370
02_AG.UZ.02.02UZ693	-----C-----C-G-----G-C-----A-----A-----AG-----A-----							7018
03_AB.BY.00.98BY10443	--G---G-----G-----G-----G-----G-----C-----							7818
03_AB.RU.97.KAL153.2	03_AB.RU.97.KAL153.2	-----G-----G-----G-----G-----A-----						7041
03_AB.RU.98.RU9800I	03_AB.RU.98.RU9800I	-----G-----G-----G-----G-----A-----						7179
04_cpx.CY.94.CY032	04_cpx.CY.94.CY032	-----T-----G-----CA-----G-----C-----						7234
04_cpx.GR.91.97PVCH	04_cpx.GR.91.97PVCH	--A---C-----C-----G-----G-----C-----A-----						7963
04_cpx.GR.97.97PVMY	04_cpx.GR.97.97PVMY	-----C-----G-----C-----GGCTT-----G-----A-----G-----T-----						7915
05_DF.BE.-.VI1310	05_DF.BE.-.VI1310	-----A-----G-----A-----C-----A-----C-----AG-----						7270
05_DF.BE.93.VI961	05_DF.BE.93.VI961	--A---G-----G-----C-----A-----G-----G-----						7221
05_DF.ES.99.X492	05_DF.ES.99.X492	--A---G-----C-----G-----G-----G-----G-----						7178
06_cpx.AU.96.BFP90	06_cpx.AU.96.BFP90	G-----T-----C-G-----A-----A-----A-----A-----T-----						7912
06_cpx.EE.-.EE0359	06_cpx.EE.-.EE0359	GA-----G-----T-----C-G-----G-T-----T-----A-----A-----G-----G-----						7523
06_cpx.ML.95.95ML127	06_cpx.ML.95.95ML127	G--A--G-----GTA--T--G--C--G--G--T-----A--A-----T-----						7857
06_cpx.SN.97.97SE1078	06_cpx.SN.97.97SE1078	G-----G-----GTT-T-----C-G-----G-T-----A-----A-----G-----T-----						7902
07_BC.CN.-.CNG1179	07_BC.CN.-.CNG1179	-----G-----T-----G-----G-----A-----T-----GC-----						7066
07_BC.CN.97.97CN001	07_BC.CN.97.97CN001	-----G-----T-----G-----G-----A-----GC-----						7186
07_BC.CN.97.CN54	07_BC.CN.97.CN54	-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----GC-----						7216
07_BC.CN.98.98CN009	07_BC.CN.98.98CN009	-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----GC-----						7186
08_BC.CN.97.97CNGX.6F	08_BC.CN.97.97CNGX.6F	-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----						7043
08_BC.CN.97.97CNGX.7F	08_BC.CN.97.97CNGX.7F	-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----						7037
08_BC.CN.97.97CNGX.9F	08_BC.CN.97.97CNGX.9F	-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----						7025
08_BC.CN.98.98CN006	08_BC.CN.98.98CN006	--G---G-----C-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----						7198
09_cpx.GH.96.96GH2911	09_cpx.GH.96.96GH2911	-----T-----G-----C-----T-----A-----G-----A-----						7036
09_cpx.SN.95.95SN1795	09_cpx.SN.95.95SN1795	-----T-----G-----C-----T-----A-----G-----A-----						7063
09_cpx.SN.95.95SN7808	09_cpx.SN.95.95SN7808	-----T-----G-----C-----T-----A-----G-----A-----						7039
09_cpx.US.99.99DE4057	09_cpx.US.99.99DE4057	-----T-----G-----C-----T-----A-----G-----A-----T-----						7057
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061	10_CD.TZ.96.96TZ.BF061	--A---A-A---C-G-----G-----A-----A-----G-----G-----GC-----G-----						7216
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071	10_CD.TZ.96.96TZ.BF071	--A---A-A---C-G-----G-----A-----G-----G-----GC-----G-----						7249
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110	10_CD.TZ.96.96TZ.BF110	--A---A-A---C-G-----G-----A-----A-----G-----G-----GT-----G-----G-----						7229
11_cpx.CM.02.02CM.2190SA	11_cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----G-----AC-----G-----G-----A-----A-----						7031
11_cpx.CM.96.4496	11_cpx.CM.96.4496	-----G-----T-----G-----G-----A-----A-----						7211
11_cpx.FR.99.MP1298	11_cpx.FR.99.MP1298	-----GTA-----G-----AC-----G-----G-----A-----A-----G-----						7861
11_cpx.GR.-.GR17	11_cpx.GR.-.GR17	-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----A-----						7131
12_BF.AR.97.A32879	12_BF.AR.97.A32879	-----G-----G-----G-----G-----A-----						7433
12_BF.AR.99.ARMA159	12_BF.AR.99.ARMA159	C-----C-----G-----G-----G-----G-----						7829
12_BF.ES.02.X1241	12_BF.ES.02.X1241	-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----						7108
12_BF.UY.99.URTR23	12_BF.UY.99.URTR23	-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----						7862
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	13_cpx.CM.02.02CM.3226MN	CA-----A-----T-----C-----G-----C-----A-----G-----C-----T-----C-----C-----						7095
13_cpx.CM.96.1849	13_cpx.CM.96.1849	CA-----GTA-----T-----C-----G-----C-----TG-----C-----A-----A-----						7289
13_cpx.CM.96.4164	13_cpx.CM.96.4164	CA-----C-----G-----G-----C-----A-----G-----G-----C-----A-----						7256
14_BG.ES.00.X605	14_BG.ES.00.X605	-R-----A-----C-----T-----C-----A-----G-----T-----C-----C-----						7308
14_BG.ES.00.X623	14_BG.ES.00.X623	-A-----A-----C-----A-----G-----T-----C-----C-----						7286
14_BG.ES.99.X397	14_BG.ES.99.X397	-A-----A-----C-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----						7320
14_BG.ES.99.X421	14_BG.ES.99.X421	-A-----A-----C-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----						7299
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	-A-----ACA-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----G-----						7057
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----ACG-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----						7081
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----ACG-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----						7236
15_01B.TH.99.99TH_R2399	15_01B.TH.99.99TH_R2399	-----A-----GCG-----T-----A-----G-----A-----G-----						7261
16_A2D.KR.97.97KR004	16_A2D.KR.97.97KR004	----G-----CA....G-T---CTG-C-----G-G-----G-----						7230
18_cpx.CM.97.CM53379	18_cpx.CM.97.CM53379	G-----T-----C-----G-----C-----A-----G-----G-----A-----T-----						7062
N.CM.-.YBF106	N.CM.-.YBF106	GT-----G-----GCCT-T---C---T---GC---T---TC-T-----G-----A-----A-----C-GAC---A-----						7367
N.CM.02.DJ00131	N.CM.02.DJ00131	GT-----GCCT-T---C---T---GC---T---TC-T-----G-----A-----C-GAC---G---A-----						7288
N.CM.95.YBF30	N.CM.95.YBF30	GT-----TC---GCCT-T---C---T---GC---T---TC-T-----G-----A-----C-GAC---A-----						7412
O.BE.87.ANT70	O.BE.87.ANT70	-T-----A-----T-----G-----ATGC-----A-----T-----G-----TC-----AA-----T-----T-----GG-----CA-----G-----A-----CACACT-----GC-----AAG-----						7918
O.CM.-.96CMABB637	O.CM.-.96CMABB637	-T-----A-----T-----G-----ATGC-----A-----T-----A-----G-----TC-----AA-----T-----T-----GG-----G-----A-----CA-----ACT-----G-----AAG-----						7407
O.CM.91.MVP5180	O.CM.91.MVP5180	-C-----G-----A-----T-----G-----ATGC-----A-----T-----G-----G-----GC-----AA-----T-----T-----GG-----CAG-----G-----A-----CACAGTG-----C-----AAG-----						7935
O.SN.99.SEMP1300	O.SN.99.SEMP1300	CA-----A-----T-----G-----ATGC-----T-----G-----G-----TC-----AA-----T-----T-----GG-----CA-----G-----A-----CACACT-----GA-----AAG-----						7941
CPZ.CD.-.ANT	CPZ.CD.-.ANT	GC-----C-----GC....A-T-----GCTG-C---T-G....TC-TC-CA-T---T-C-T-A-----G-----AG-----C-----A-----GA-T---GY-CCA-----						7296
CPZ.GA.-.CPZGAB	CPZ.GA.-.CPZGAB	-C-----C-----GCCT-C---T---C-----G-----AC-----C-----T-----GG-----G-----A-----C-----C-----G-----GC-----G-----						7901
CPZ.TZ.-.TAN1	CPZ.TZ.-.TAN1	CT---GTC---G---AT....C-----CTG-----T---A---TC-TA-T---T---A---CTG-----G-----AG-----C-----GG-----C-----C-----						7490
CPZ.US.85.CPZUS	CPZ.US.85.CPZUS	-A-----GCCT-C---C---T---AC-----G....TC-T-----A---G-AGT-----C-----C-----A-----						7869
Env gp120/gp41	Q R E K R A . V G . I G A L F L . G F L G A A G S T M G A A S M T L T V Q A R Q L L S G							Env
	Env gp120 end \ / Env gp41 start							

	Stem IIA'	Stem III-IV	Stem III-IV'	Stem V	Stem V'	Stem I'	
B.FR.83.HXB2	TATAGTGCAGCAGCAGAAACAATTTGCTGAGGGGCTATTGAGGGCGCAACAG...CATCTGTGCAACTCACAGTCTGGGGCATCAAGCAGCTCCAGGCAAGAATCCTGGCTGTGGAAAGATACCTAAAGGAT						7991
A1.KE.94.Q23_17	C-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7428
A1.RU.03.03RU20_06_13	C-----A-----A-G-----A-----T-----G-----C-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7462
A1.SE.94.SE7253	C-----A-----A-GT-----A-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----						7186
A1.TZ.01.A173	C-----A-----A-G-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7200
A1.UA.00.98UA0116	C-----A-----A-G-----A-----T-----G-----C-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7978
A1.UG.92.92UG037	C-----A-----A-G-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----						7352
A1.UG.98.98UG57136	C-----A-----A-G-----A-----T-----A-----AG-----G-----T-----A-----T-----G-----G-----G-----						7181
A2.CD.97.97CDKFE4A-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----						5100
A2.CD.97.97CDKS10	C-----A-----A-G-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----C-----G-----C-----A-----						4107
A2.CD.97.97CDKTB48	C-----A-----A-G-----A-----A-----T-----A-----GA-----AGG-----T-----A-----G-----C-----C-----C-----						7301
A2.CY.94.94CY017_41	-----A-----A-G-----CA-----A-----A-----T-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----						7363
A3.SN.01.DDI579	C-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----CA-----A-----A-----T-----A-----G-----A-----A-----						7195
A3.SN.01.DDJ369	-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----AA-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7213
A3.SN.96.DDJ360	C-----A-----A-----G-----C-----A-----T-----CT-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----						7177
B.AR.00.ARMS008	-----A-----C-----A-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----A-----						7243
B.AU.96.MBCD36	-----C-----C-----A-----A-----C-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----T-----						7381
B.CO.01.PCM074	A-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----						7217
B.GA.88.OYI	-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----						7530
B.NL.00.671_00T36	-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----						7552
B.RU.-.04RUI29005	-----A-----Y-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----						7500
B.TH.90.BK132	-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----						7320
B.US.90.WEAU160	-----A-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----CG-----A-----A-----G-----						7998
B.US.98.1058_11	-----A-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----						7180
C.AR.01.ARG4006	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----C-----A-----G-----						7182
C.BR.-.04BR013	A-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----C-----A-----G-----						7482
C.BR.92.BR025-d	G-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----A-----A-----G-----						7328
C.BW.00.00BW07621	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----						7326
C.ET.86.ETH2220	-----A-----A-----G-----AA-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----A-----C-----G-----						7367
C.IN.95.95IN21068	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----						7362
C.IN.99.01IN565_10	-----A-----A-----G-----A-----AA-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----						7368
C.KE.00.KER2010	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----A-----						7180
C.TZ.01.BD9_11	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----A-----						7201
C.UY.01.TRA3011	G-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----A-----G-----A-----A-----						7168
C.ZA.04.SK164B1	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----CA-----A-----G-----T-----A-----G-----A-----A-----						7361
C.ZM.96.96ZM651	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----						7346
D.CD.83.ELI	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7527
D.CD.83.NDK	-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7495
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7180
D.KE.01.NKU3006	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7234
D.TD.99.MN012	-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----						7202
D.TZ.01.A280	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----						7179
D.UG.94.94UG114	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----						7309
D.UG.99.99UGD23550	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----T-----G-----G-----G-----						7210
D.UG.99.99UGK09958	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----T-----G-----G-----G-----						7150
D.ZA.86.R482	---C---A---A---A---C---C---A---A---G---G---T---A---A---G---G---G---C---C---G---G---C---C---						7239
F1.BE.93.VI850	A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7268
F1.BR.89.BZ126	A-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----						7295
F1.BR.93.93BR020_1	A-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----						7295
F1.FI.93.FIN9363	A-----A-----C-----CA-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7287
F1.FR.96.MP411	A-----A-----A-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----T-----A-----						7158
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----C-----						7150
F2.CM.95.MP255	-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----T-----G-----A-----C-----						7150
F2.CM.95.MP257	-----A-----A-----G-----AA-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----T-----G-----G-----C-----						7183
F2.CM.97.CM53657	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----C-----						7162
G.BE.96.DRCBL	C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----C-----						7930
G.CM.01.01CM_4049HAN	C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----T-----						7180
G.ES.99.X138	C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7426
G.FI.93.HH8793_12_1	C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----G-----						7361
G.NG.92.92NG083	C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----T-----G-----A-----A-----						7317
G.SE.93.SE6165	C-----A-----AGG-----C-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----						7409
H.BE.93.VI991	-----A-----A-----G-----A-----AC-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----A-----A-----G-----A-----						7390
H.BE.93.VI997	-----A-----A-----G-----A-----AC-----CA-----A-----G-----G-----TG-----T-----A-----G-----A-----						7305
H.CF.90.056	-----A-----A-----G-----A-----AC-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----						7310
J.SE.93.SE7887	C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----G-----						7298
J.SE.94.SE7022	C-----A-----A-----G-----A-----AN-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----G-----						7305
K.CD.97.EQTB11C	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----AA-----A-----G-----T-----G-----T-----A-----G-----G-----						7174
K.CM.96.MP535	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----						7151
01_AE.TH.00.OUR200I	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7199
01_AE.TH.01.OUR414I	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----						7184
01_AE.TH.02.OUR769I	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7175
01_AE.TH.90.CM240	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7544

	Stem IIA'	Stem III-IV	Stem III-IV'	Stem V	Stem V'	Stem I'	
B.FR.83.HXB2	TATAGTGCAGCAGCAGAAACAATTTGCTGAGGGGCTATTGAGGGCGCAACAG...CATCTGTGTGCAACTCACAGTCTGGGGCATCAAGCAGCTCCAGGCAAGAATCCTGGCTGTGGAAAGATACCTAAAGGAT						7991
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	-----A-----G-----A-----T-----A-----AG-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----G-----						7142
02 AG.FR.91.DJ264	-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----G-----						7325
02 AG.NG.-.IBNG	C-----A-----G-----AA-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----GA-----						7497
02 AG.UZ.02.02UZ693	-----A-----C-----A-----T-----CA-----A-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----G-----						7145
03 AB.BY.00.98BY10443	-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----G-----						7945
03 AB.RU.97.KAL153 2	-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----G-----						7168
03 AB.RU.98.RU98001	-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----G-----						7306
04 cpx.CY.94.CY032	C-----G-----A-----T-----A-----AG-----G-----T-----A-----G-----C-----C-----C-----						7361
04 cpx.GR.91.97PVCH	-----A-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----C-----A-----G-----T-----A-----G-----C-----C-----						8090
04 cpx.GR.97.97PVMY	C-----A-----G-----C-----A-----T-----A-----G-----AG-----G-----G-----T-----A-----T-----G-----C-----C-----G-----						8042
05 DF.BE.-.VI1310	A-----A-----A-----CA-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----C-----C-----						7397
05 DF.BE.93.VI961	A-----A-----A-----CA-----C-----A-----G-----G-----T-----A-----C-----G-----A-----GA-----						7348
05 DF.ES.99.X492	A-----A-----A-----CA-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7305
06 cpx.AU.96.BFP90	C-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----G-----C-----G-----G-----						8039
06 cpx.EE.-.EEO359	C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----GT-----G-----						7650
06 cpx.ML.95.95ML127	C-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----G-----						7984
06 cpx.SN.97.97SE1078	C-----C-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----GT-----						8029
07 BC.CN.-.CNGL179	-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----						7193
07 BC.CN.97.97CN001	-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----						7313
07 BC.CN.97.CN54	-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----						7343
07 BC.CN.98.98CN009	-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----						7313
08 BC.CN.97.97CNGX 6F	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----						7170
08 BC.CN.97.97CNGX 7F	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----						7164
08 BC.CN.97.97CNGX 9F	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----						7152
08 BC.CN.98.98CN006	-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----						7325
09 cpx.GH.96.96GH2911	C-----A-----A-----G-----C-----C-----A-----T-----AA-----G-----T-----A-----G-----G-----						7163
09 cpx.SN.95.95SN1795	-----A-----G-----C-----A-----A-----T-----AA-----G-----T-----A-----G-----G-----						7190
09 cpx.SN.95.95SN7808	C-----A-----G-----C-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----						7166
09 cpx.US.99.99DE4057	-----A-----G-----C-----T-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----AA-----A-----G-----						7184
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----G-----C-----						7343
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----C-----						7376
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----C-----						7356
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	C-----A-----A-----G-----AT-----A-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----G-----G-----						7158
11 cpx.CM.96.4496	-----A-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----R-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----						7338
11 cpx.FR.99.MP1298	C-----A-----A-----G-----A-----C-----A-----C-----A-----G-----T-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-----						7988
11 cpx.GR.-.GR17	C-----A-----A-----A-----A-----C-----TA-----A-----A-----A-----T-----A-----G-----G-----A-----A-----						7258
12 BF.AR.97.A32879	A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----T-----GT-----						7560
12 BF.AR.99.ARMA159	A-----A-----A-----C-----CA-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----G-----						7956
12 BF.ES.02.X1241	A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----G-----GG-----						7235
12 BF.UY.99.URTR23	A-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----G-----						7989
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	C-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----C-----A-----G-----T-----A-----G-----C-----G-----G-----						7222
13 cpx.CM.96.1849	C-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----C-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----						7416
13 cpx.CM.96.4164	C-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----C-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----						7383
14 BG.ES.00.X605	-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----						7435
14 BG.ES.00.X623	-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----						7413
14 BG.ES.99.X397	-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----						7447
14 BG.ES.99.X421	-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----						7426
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----A-----GA-----A-----A-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----						7184
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----A-----GA-----A-----A-----A-----A-----A-----						7208
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	-----A-----GA-----C-----A-----A-----A-----A-----						7363
15 01B.TH.99.99TH_R2399	-----A-----GA-----C-----A-----A-----A-----A-----						7388
16 A2D.KR.97.97KR004	C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----A-----AG-----G-----T-----A-----G-----C-----						7357
18 cpx.CM.97.CM53379	-----A-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----A-----						7189
N.CM.-.YBF106	G-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----A-----GA-----A-----G-----T-----GA-----						7494
N.CM.02.DJ00131	G-----A-----T-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----A-----GT-----A-----G-----T-----A-----G-----						7415
N.CM.95.YBF30	G-----A-----T-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----T-----G-----						7539
O.BE.87.ANT70	-----A-----G-----CC-----A-----A-----AC-----C-----G-----AT-----C-----AGG-----AT-----TR-----A-----T-----GA-----A-----GA-----TC-----CC-----G-----A-----CT-----A-----CC-----TA-----C-----A-----						8045
O.CM.-.96CMABB637	-----A-----G-----CC-----A-----A-----AC-----C-----G-----A-----GT-----C-----AGG-----AT-----T-----A-----T-----T-----GA-----A-----GA-----TC-----CC-----G-----A-----CT-----A-----CC-----TTA-----C-----A-----						7534
O.CM.91.MVP5180	-----A-----G-----CC-----A-----A-----AC-----C-----G-----A-----CT-----C-----AGG-----AT-----T-----A-----T-----T-----GA-----A-----GA-----TC-----CC-----G-----AA-----CT-----A-----CC-----TTA-----C-----A-----						8062
O.SN.99.SEMP1300	-----A-----G-----CC-----A-----A-----AC-----C-----G-----A-----AT-----C-----AGG-----AT-----T-----A-----T-----T-----GA-----A-----GA-----TC-----CC-----G-----A-----CT-----A-----CC-----TAA-----C-----A-----C-----						8068
CPZ.CD.-.ANT	---T-----A-----G-----C-----C-----CAA-----C-----A-----A-----G-----A-----C-----A-----G-----T-----G-----AG-----A-----A-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----AG-----GA-----						7423
CPZ.GA.-.CPZGAB	---T-----A-----A-----T-----C-----T-----AA-----A-----A-----T-----C-----A-----AT-----A-----AG-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----G-----T-----A-----G-----GC-----						8028
CPZ.TZ.-.TAN1	---T-----A-----AC-----A-----CC-----T-----CAGGCCATA-----AAGCG-----ACAA-----CT-----G-----T-----T-----A-----T-----T-----GA-----A-----A-----G-----A-----A-----GA-----C-----						7617
CPZ.US.85.CPZUS	G-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----AT-----T-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----A-----T-----						7996
Env gp41	I V Q Q Q N N L L R A I E A Q Q . H L L Q L T V W G I K Q L Q A R I L A V E R Y L K D						Env

	Stem I'	RRE end -		
B.FR.83.HXB2	CAACAGCTCCTGGGGATTGGGGTGTGCTCTGGAAAACCTCATTTCGCCACTGCTGTGCCTTGGGAATGCT	AGTTGG	AGT	AATAAA
A1.KE.94.Q23_17	-----A--A-----C-----C-----AA--C--CT--			
A1.RU.03.03RU20_06_13	--G-----A--A-----C-----C-----AA--C--CT--			C
A1.SE.94.SE7253	-----A--A-----C-----C-----AA--C--CT--			
A1.TZ.01.A173	-----A--A-----C-----C-----AA--C--T--			
A1.UA.00.98UA0116	--G-----A--A-----C-----C-----AA--C--CT--			
A1.UG.92.92UG037	-----A--A-----C-----C--C-----AA--C--CT--			
A1.UG.98.98UG57136	-----A--A-----C-----C-----AA--C--CT--			
A2.CD.97.97CDKFE4	-----A-----C-----C-----A--C--CT--			G
A2.CD.97.97CDKS10	-----A-----C-----C-----A--C--CT--			A
A2.CD.97.97CDKTB48	-----A--A-----C-----C--G--A--AGA--CT--			G
A2.CY.94.94CY017_41	-----A-----C-----C--G--A--C--CA--			G
A3.SN.01.DDI579	-----A--AC-----G-----C-----AA--C--CT--			A
A3.SN.01.DDJ369	-----A--A-----C-----C-----AA--C--CT--			
A3.SN.96.DDJ360	-----A--AC-----G-----C-----C-----CT--			
B.AR.00.ARMS008	-----A-----G-----C-----A--			
B.AU.96.MBCD36	-----A-----C-----A-----C-----			GTAGTAAGATACAT
B.CO.01.PCM074	-----A-----C-----G-----AA--A--R			G
B.GA.88.OYI	-----A-----G-----A-----			
B.NL.00.671_00T36	-----A--A-----G-----A-----			
B.RU.-.04RU129005	-----A-----C-----AA--A--			
B.TH.90.BK132	-----A-----C-----			
B.US.90.WEAU160	--G-----A-----C-----A-----			G
B.US.98.1058_11	-----A-----C-----			
C.AR.01.ARG4006	-----A--A-----C-----C-----AA--CT--			
C.BR.-.04BR013	-----A-----C-----C-----CT--			
C.BR.92.BR025-d	-----A-----C-----C-----T--			G
C.BW.00.00BW07621	-----A-----C-----C-----C-----C-----			
C.ET.86.ETH2220	-----A-----C-----C-----CT--			G
C.IN.95.95IN21068	-----A-----C-----C-----A--CT--			C-G
C.IN.99.01IN565_10	-----A-----C-----G--C-----A--A--CT--			C
C.KE.00.KER2010	-----A-----C-----G--C-----AA--CT--			
C.TZ.01.BD9_11	-----A-----C-----C-----CT--			G
C.UY.01.TRA3011	-----A-----G-----C-----CT--			
C.ZA.04.SK164B1	-----A--C-----C-----A-----CT--			
C.ZM.96.96ZM651	-----A--AC-----C-----C-----CATC			
D.CD.83.ELI	-----A--A-----A-----AA--C--CT--			G
D.CD.83.NDK	-----A--A-----GG--A-----AA--A--C--CT--			G
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----A--A-----A-----AA--A--C--CT--			G
D.KE.01.NKU3006	-----A--A-----A--C-----AA--C--C-----			
D.TD.99.MN012	-----AA--A--A-----A--G--A-----AA--C--A--CT--			G
D.TZ.01.A280	-----A--A-----A-----A-----CT--			G
D.UG.94.94UG114	-----A--A-----A-----AA--C--CT--			C
D.UG.99.99UGD23550	-----A--A-----G--A-----A-----CT--			C
D.UG.99.99UGK09958	-----A--A-----A-----AA--C--CT--			C
D.ZA.86.R482	--G--G-----AT--CC-----A-----A-----C--CT--			A
F1.BE.93.VI850	-----A-----C-----C-----C-----AA--C--CT--			
F1.BR.89.BZ126	-----A--AC-----C-----C-----AA--C--CT--			
F1.BR.93.93BR020_1	-----A--C-----C-----C-----AA--C--CT--			
F1.FI.93.FIN9363	-----A--C-----A-----C-----AA--C--CT--			
F1.FR.96.MP411	-----A-----C-----C-----C-----AAC--CA--			
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----A-----C-----G--C-----AA--C--T--			
F2.CM.95.MP255	-----A-----A-----C-----AA--A--GC--CT--			
F2.CM.95.MP257	-----A-----C-----C--C--A--A-----CT--			
F2.CM.97.CM53657	-----A-----A-----C-----AA--C--T--			
G.BE.96.DRCBL	-----A-----C-----C-----AA--C--CA--			
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----A-----C-----C-----AA--C--CA--			C
G.ES.99.X138	-----A-----A-----GG--C-----AA--C-----			
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A-----C-----C-----AA--C--C-----			A
G.NG.92.92NG083	-----A-----C-----C-----AA--C--CA--			
G.SE.93.SE6165	-----A-----C-----C-----AA--C--C--T--			
H.BE.93.VI991	-----A-----C-----C-----AA--CT--			
H.BE.93.VI997	-----A-----C-----C-----AA--CT--			C
H.CF.90.056	-----A-----C-----C-----AA--CT--			
J.SE.93.SE7887	-----A-----A-----C-----C-----AA--C-----			
J.SE.94.SE7022	-----A--A-----C-----C-----AA--C-----			
K.CD.97.EQTB11C	-----A--A-----C-----T--C-----AA--C--CT--			C
K.CM.96.MP535	-----A-----A-----C-----C-----AA--C--CT--			C
01_AE.TH.00.OUR200I	--A--T-----A--AC-----C-----AC--C-----CT--			C
01_AE.TH.01.OUR414I	--A--T-----A--AC-----C-----A--C-----CT--			G
01_AE.TH.02.OUR769I	--A--T-----A--AC-----C-----A--C-----CTAC--			C
01_AE.TH.90.CM240	--A--T-----A--AC-----C-----A--C-----CT--			G

7513
7547
7271
7285
8063
7437
7266
5100
4192
7386
7448
7280
7298
7262
7328
7478
7302
7615
7637
7585
7405
8083
7265
7267
7567
7413
7411
7452
7447
7453
7265
7286
7253
7446
7431
7612
7580
7265
7319
7287
7264
7394
7295
7235
7324
7353
7380
7380
7372
7243
7235
7235
7268
7247
8015
7265
7511
7446
7402
7494
7475
7390
7395
7383
7390
7259
7236
7284
7269
7260
7629

	Stem I'	RRE end -		
B.FR.83.HXB2	CAACAGCTCCTGGGGATTGGGGTTGCTCTGGAAAACACTCATTTCACACCCTGCTGTGCCTTGGAAATGCT	AGTTGG	AGT	AATAAA
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	-----A-A-----C-----C-----AA-----C-----T-----			A
02 AG.FR.91.DJ264	-----A-A-----C-----C-----A-----A-----C-----C-----			A
02 AG.NG.-.IBNG	-----A-A-----C-----C-----A-----A-----C-----CT-----C-----			A
02 AG.UZ.02.02UZ693	-----A-A-----C-----C-----AA-----C-----CT-----			A
03 AB.BY.00.98BY10443	-----A-----			A
03 AB.RU.97.KAL153 2	-----A-----			A
03 AB.RU.98.RU9800I	-----A-----			A
04 cpx.CY.94.CY032	-----A-A-----C-----C-----AA-----A-----CT-----			A
04 cpx.GR.91.97PVCH	-----A-A-----C-----T-----C-----AA-----C-----CT-----			A
04 cpx.GR.97.97PVMY	-----A-A-----C-----G-----C-----AAC-----C-----CT-----			A
05 DF.BE.-.VI1310	-----A-C-----CA-----A-----C-----T-----AG-----C-----CT-----			A
05 DF.BE.93.VI961	-----A-C-----C-----C-----C-----AG-----C-----CT-----			A
05 DF.ES.99.X492	-----A-C-----C-----C-----C-----AA-----C-----CT-----			A
06 cpx.AU.96.BFP90	-----A-A-----C-----C-----TC-----AA-----TC-----CA-----			A
06 cpx.EE.-.EE0359	-----A-A-----A-----A-----C-----C-----AA-----C-----AA-----			A
06 cpx.ML.95.95ML127	-----A-A-----C-----C-----C-----AA-----C-----C-----C-----			A
06 cpx.SN.97.97SE1078	-----A-A-----C-----C-----C-----AA-----C-----CAT-----			A
07 BC.CN.-.CNGL179	-----A-----C-----C-----T-----A-----CT-----C-----			A
07 BC.CN.97.97CN001	-----A-----C-----C-----T-----A-----CT-----C-----			A
07 BC.CN.97.CN54	-----A-----C-----C-----T-----A-----CT-----C-----			A
07 BC.CN.98.98CN009	-----A-----C-----C-----T-----A-----CT-----C-----			A
08 BC.CN.97.97CNGX 6F	-----A-----C-----T-----C-----T-----A-----CT-----C-----			A
08 BC.CN.97.97CNGX 7F	-----A-----C-----T-----C-----T-----A-----CT-----C-----			A
08 BC.CN.97.97CNGX 9F	-----A-----C-----T-----C-----T-----A-----CT-----C-----			A
08 BC.CN.98.98CN006	-----A-----C-----C-----T-----A-----CT-----C-----			A
09 cpx.GH.96.96GH2911	-----A-A-----C-----G-----C-----AA-----C-----CT-----			A
09 cpx.SN.95.95SN1795	-----A-A-----C-----G-----C-----AA-----C-----CT-----			A
09 cpx.SN.95.95SN7808	-----A-A-----C-----C-----A-----C-----CT-----			A
09 cpx.US.99.99DE4057	-----A-AC-----C-----G-----C-----AA-----C-----CT-----			A
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A-A-----A-----G-----A-----AA-----C-----CT-----C-----			A
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	-----A-A-----A-----AA-----C-----C-----A-----C-----			A
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	-----A-A-----A-----A-----CT-----C-----			A
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	-----A-A-----A-----C-----T-----C-----CAG-----			A
11 cpx.CM.96.4496	-----A-----C-----AA-----C-----CAA-----			A
11 cpx.FR.99.MP1298	-----A-----C-----AA-----C-----CAT-----C-----			A
11 cpx.GR.-.GR17	-----A-----C-----AA-----C-----T-----			A
12 BF.AR.97.A32879	-----A-AC-----C-----C-----A-----C-----CT-----			A
12 BF.AR.99.ARMA159	-----A-C-----C-----C-----G-----AA-----C-----CT-----			A
12 BF.ES.02.X1241	-----A-C-----C-----C-----AA-----A-----CT-----			A
12 BF.UY.99.URTR23	-----A-----C-----C-----AA-----C-----CT-----			A
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	-----A-A-----A-----C-----AA-----C-----CT-----C-----			A
13 cpx.CM.96.1849	-----A-A-----A-----C-----AA-----C-----CT-----C-----			A
13 cpx.CM.96.4164	-----A-A-----A-----C-----G-----AA-----C-----CT-----C-----			A
14 BG.ES.00.X605	-----A-----			A
14 BG.ES.00.X623	-----AA-----			A
14 BG.ES.99.X397	-----A-----			A
14 BG.ES.99.X421	-----A-----			A
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	-----A-----A-----			A
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	-----A-----A-----			A
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	-----A-----C-----			A
15 01B.TH.99.99TH_R2399	-----A-----C-----			A
16 A2D.KR.97.97KR004	-----A-----C-----C-----CTT-----C-----CT-----			A
18 cpx.CM.97.CM53379	-----A-A-----A-----G-----C-----C-----G-----CA-----			A
N.CM.-.YBF106	-----G-AA-----AA-TC-A-----C-----A-----ACT-A-----TAT-CA-----A-----CY-----			A
N.CM.02.DJ00131	-----G-AA-----AA-TC-A-----C-----A-----ACT-A-----TAT-CA-----A-----C-----TACC-----			A
N.CM.95.YBF30	-----G-AA-----AA-TC-A-----C-----A-----ACA-A-----TAT-CA-----A-----AG-----C-----CC-----			A
O.BE.87.ANT70	-----G-A-----AA-CC-A-----C-----TAAA-----G-AG-C-----TA-----AT-A-----AAAA-----AGA-----CA-----TAGG-----			A
O.CM.-.96CMABB637	-----G-A-----AAACC-C-----C-----TAAR-----GG-A-----TAT-AT-A-----AAAA-----CAGC-----CA-----GGAG-A-----GGA-T-----			A
O.CM.91.MVP5180	-----G-A-G-----AAACC-A-----C-----TAAA-----A-C-----TTA-----AT-A-----AAAA-----CA-A.TCA-----TCAGGA-----A-----T-----T-----			A
O.SN.99.SEMP1300	-----G-A-----AAACC-A-----C-----TAAA-----GG-AG-C-----TA-----AT-A-----AAAA-----CAGG-----CA-----ACA-A-----T-----T-----			A
CPZ.CD.-.ANT	-----A-AT-----A-CC-----TG-----AC-----GG-G-CC-----TCA-----A-G-----AA-TCC-G-----TAAACTTCACGCAAACATGTGCAAAAGAAC-----C-----G-G-T-----			A
CPZ.GA.-.CPZGAB	-----G-A-T-----CC-G-----C-----GGCTG-C-----TTAT-CA-G-----CAAC.TC-----CCTG-G-----GC-T-----			A
CPZ.TZ.-.TAN1	-----A-CC-C-----A-TG-----AAC-----T-GG-G-----TCA-----G-AG-----A-----CCTC-----CC-----GCTGAAGATTCTACAAAGTCAATCAC-----GATGCA-----G-----			A
CPZ.US.85.CPZUS	-----G-A-----A-TC-G-----C-----A-----ACA-----TTAT-CA-----A-----CC-----			A
Env gp41	Q Q L L G I W G C S G K L I C T T A V P W N A S W S . N K			A

HIV-1/SIVcpz complete genomes

B.FR.83.HXB2	CTCTG...GAACAGATTTGGAATCAC.....ACGACCTGGATGGAGTGGGACAGAGAAAATTAACAATTACACAAGCTTAATACACTCCTTAATTGAAGAATCGCAAAAACGCAAGAAAAGAATGAACA	8197
A1.KE.94.Q23_17	-----TG---A---CA-----T-----C-C-A---T-A-----CAAC---T-TAGAC-----G-----G-----A	7634
A1.RU.03.03RU20_06_13	--A---AGTG---A---G-A-----T-----C-C-A---AG---G---T-----GR-A---T-TGATC-----A-----G-----G-----A	7668
A1.SE.94.SE7253	--A---A-TG-A-A---G-AG-----T-----C-AC-A---G---G---G---GAAA---T-TAAAC-----G-----G-----G-----A	7392
A1.TZ.01.A173	-C-AT---TG-C-A---A-----T-----C-C-A---T-A---G---G---CAGC---T-TAATC-----A-G-----G-----G-----A	7406
A1.UA.00.98UA0116	--A---AGTG---A---GG-A---T-----T-----C-A---G---G---T-----A-A---T-TGATC-----G-----G-----G-----A	8184
A1.UG.92.92UG037	---A---TG-A-A---G-AA---T-----T-----C-C-A---T-A---G-----T-AA---T-TGAGC-----G-T-----G---G-----A	7558
A1.UG.98.98UG57136	-C-A---A-TG---A---GGCA-----T-----C-C---T-A-----G-----CAGA---T-TAG-C-----A-G-----G-----A	7387
A2.CD.97.97CDKFE4	-----G-----G-----CA-----T-----T-C-A---T-----G-----ATA---T-AATC-C-----G-----G-----A	5100
A2.CD.97.97CDKS10	--TAC---GG-----CA-----T-----T-C-A---T-----G-----G-----ATA---T-AATC-C-----G-----G-----A	4313
A2.CD.97.97CDKTB48	--A---G-----G-----AA-----T-----T-C-A---T-AG---G-C---GA-A---T-TATGC-C---G-----G-----G-----A	7507
A2.CY.94.94CY017_41	--A---TG-----G-CA-----T-----T-C-A---T-A-----G-----A-A---T-TAGG---C-----G-----G-----G-----A	7569
A3.SN.01.DDI579	--A---GG-A-A---GG-A-T-----T-----C-C-A---T-A-----G-----GA-A---T-TAGTC-----A-G-----G-----G-----A	7401
A3.SN.01.DDJ369	--TAT---AGTG-A-A---G-A-T-----T-----C-C-A---T-A-----G-----GA-A---T-TAATC-----G-----G-----G-----A	7419
A3.SN.96.DDJ360	--A---A-TG-A-A---G-GA-T-----T-----C-AC-A---T-A-----G-----GA-A---T-TAATC-----G-----G-----G-----A	7383
B.AR.00.ARMS008	--G-----TT-C-C---GAA-----T-----C-----G---AG-----GA-CAC---T-CT---C---A-T---G---A---G---A-----A	7449
B.AU.96.MBCD36	--A---G-----GGGA-----T-----C---A-A---G---CG---C---AA-AC---T---C-----G---A---G---C-----A	7599
B.CO.01.PCM074	--A---TACA---G-CA-----T-----C---T-----A-AC---T-TATG---C-----T---A-----G---A---G---R---A-----A	7423
B.GA.88.OYI	-----A-TG-----G-A---T-----C---A---G---CA---T---A-----G---A---G-----A-----A-----A	7736
B.NL.00.671_00T36	--A---T-----G-GA-----T-----C---G---G---T---A-TC-----C---G---A---A-----A-----A-----A	7758
B.RU.-.04RU129005	--M---A-TR-----G-A-T-----T---TAA-----G---C---GA---T---A-----A-----G-----A-----A-----A	7706
B.TH.90.BK132	-----TG-----A-----T-----C-A---A---G---G---T---A-----A-----A-----A-----A-----T	7526
B.US.90.WEAU160	--A---TT-C-----A-----T-----T---A---G-----G---T---AA-----G---A-----A-----A-----G-----A	8204
B.US.98.1058_11	--AG---AGTG-----A-----T-----C-A---A---C-T-----A-----T---A-----G-----T---A-----A-----A-----A	7386
C.AR.01.ARG4006	--A---TA-T-----G-A-----T---A-----C---T-----T-----GA-AC---T---AGG-GC-----G---GC-A-----A	7388
C.BR.-.04BR013	AAA---GCT---G-A-----T---C-----T---G---T---G---AC---T---ATG-GC-----G---G-----A-----A-----A	7688
C.BR.92.BR025-d	AA---GG-T-----A-----T---C-----T---GT-----A-AC---T---AGG-GC-----C-----G---A-----A-----A	7534
C.BW.00.00BW07621	GAA---G-G-T---GT---A-----T---C---T---A-AC---T---AGG-GC---A-C---T---G---C---A---A-----A	7532
C.ET.86.ETH2220	AA---GG---G-A-----T---C---T---GT---T---GA-A---T---AAT-GC---TC-----G---C---A-----A	7573
C.IN.95.95IN21068	AA---A-G---G-A-----T---C---T---A-AC---T---AGG-GC-----G---G-----G---G---A-----A	7568
C.IN.99.01IN565_10	AA---AC-G-T---C---G-CA-----T---C---A---T---GT-----GA-A---T---AGG-GC-----C-----G---G---A-----A	7574
C.KE.00.KER2010	AA---AC-G-T---C---A-----CT---T-A---T---GA-AC---T---AGG-C-----G-G---G---GA-----A	7386
C.TZ.01.BD9_11	G-A---TG-T---C-GA-----T---C---G-A---GT-----G---GAT-GC-----G---G---GA-----A	7407
C.UY.01.TRA3011	GAA---GG-T-----A-----CT---C---T---A---GT-----AC---T---AGGC-GC-----C---G---G---A-----A	7374
C.ZA.04.SK164B1	AA---CT-T---GG-A-----T---A---C---T---GA-A---T---A-A-GC-----G---G---G---A-----A	7567
C.ZM.96.96ZM651	AAA---AC-G-T---G-A-----T---C---T---GT-----A-AC---T---AGG-GC---G-C---G-G---G---GC-A-----A	7552
D.CD.83.ELI	AA---A-TG-----G-CA-----T---TAG-----G-----G---C-----A-----A-----A	7733
D.CD.83.NDK	AA---TG-----C-GA-----T---A---G---G---G---T---AG-----G---T-----A-----A-----A	7701
D.CM.01.01CM_4412HAL	AA---TG-T---C-GA-----T---C-A---G---G-G---T---G-TG---T---AG-----T---A-----A-----A	7386
D.KE.01.NKU3006	AA---GGT-T---G-GA-----T---A---G---G---G---T---AA---C-----T---A-----A-----A	7440
D.TD.99.MN012	AA---TG-T---C-GA-----T---A---C-A-AA---A-A---G---T---T---AG-----A-----G-A-----A	7408
D.TZ.01.A280	CT-A---TG-C---A-----T---T---A---C---A---G---G---T---AG---T---AG-----GT-----A-----A	7385
D.UG.94.94UG114	G-A---TG-A-----A-----T---A---G---G---T---GAG---G---T---AG---C---T---T---G---A-----A	7515
D.UG.99.99UGD23550	AA---A-GG---G-A-----T---A---AG---G---T---TG---T---AA---C---G---T---A-----A-----A	7416
D.UG.99.99UGK09958	AA---G-----A-----T---A---G---G---T---C---T---AG---C---T---A-----C---A-----A	7356
D.ZA.86.R482	AA---ACTG-----C-GA-----TT---G-C---A---G---G---AC---T---T---AA---T---G-----G-T-----A	7445
F1.BE.93.VI850	AA---G-----A-----T---A---AG---G---G---T---A-A---T---AAA-G-----G---A-----G-----A	7474
F1.BR.89.BZ126	AA---GG---G-GA-----T---A---AG---G---G---T---TA-GAG---T---AGG-----C---A---G-----G-----A	7501
F1.BR.93.93BR020_1	T---GG---GGGA-----T---A---A---GG---G---T---AAGA---T---AGG-----C---G-----G-----A	7501
F1.FI.93.FIN9363	A---TG-----A-----T---C---A---A---G---G---T---AAAC---T---ATG-----A---G---G---CG-----A	7493
F1.FR.96.MP411	AT---TG-----CA-----T---A---A---G---G---T---A-AC---T---AGG-----A---G---A-----G-----A	7364
F2.CM.02.02CM_0016BBY	AA---G-A-----GGAA-----T---G---C---A---A---G---CG-T---GA-AC---T---AGA---A---G---GG-----G-----A	7356
F2.CM.95.MP255	TAT---TG-C---G-CA-T-----T---C---A---A---G---G---AAAC---T---AG-----TG---G---G-----A	7356
F2.CM.95.MP257	AA---TG-A-----GGAA-----T---A---A---A---AG---G---GG---GA-AC---T---AGA-----AGTG-A---T---G-----A	7389
F2.CM.97.CM53657	AA---A-TG-A-----G-GA-----T---C---A---A---A---G---C-GT---G-A-C---T---AAA---A---TG-A-----G-----A	7368
G.BE.96.DRCBL	TAT---A-TG-----G-GA-----T---T---A---A---A---G---G---TA-CAC---T---AG-C-G---C-----T---G-----A	8136
G.CM.01.01CM_4049HAN	T-T---TG-A-----A-----T---T---A---A---A---G---T---CAACA---T---AA-C---AT---G-G---G-----A	7386
G.ES.99.X138	TAT---A-TG-A-----G-A-----CT---A---G-AC-A---A---G---C---G---T---CAACA---T---AA-C---C-----G-----A	7632
G.FI.93.HH8793_12_1	TAT---A-TG-C---G-A-----T---T---AC-A---A---G---G---CAACA---T---AG-C---G-----A-----G-----A	7567
G.NG.92.92NG083	TAT---A-TG-----G-A-----T---T---C-A-A---A---G---C---CAACAC---T---AG-C-G-----G-----A	7523
G.SE.93.SE6165	TAT---A-TG-A-----G-A-----T---T---A-A---A---G---C---TA-CA---T---AG-C-C---A---G-----G-----A	7615
H.BE.93.VI991	---TG-A-----G-CA-----T---T---A---C---GATGA---T---AGA-GC---TC-----G-----G-----A	7596
H.BE.93.VI997	---CTG-A-----G-CA-----T---T---C---G---GAGG---T---AGA-GC---CTC-----C-----G---C-----A	7511
H.CF.90.056	AA---AGTG-A-C---G-CA-----T---T---A---T-A-C---G---GAGGA---T---AGG-GC---TC-----C-----G-----A	7516
J.SE.93.SE7887	TAT---GG-C-----G-GA-----T---AC-A---A---G---G---AA---T---AGTC-----G-A-----G-----T-----A	7504
J.SE.94.SE7022	TAT---GG-C-----G-GA-----T---AC-A---A---G---G---AA---T---AGTC-----G-A-----G-----CT-----A	7511
K.CD.97.EQT811C	AA---AGTG-----G-GA-----T---T---C---A---AG---G---GT---C-T---AC---T---TAGG-----G-----T---A---G-----A	7380
K.CM.96.MP535	TG-----G-----CA-----T---T---A---A---G---G---T---GA-AC---T---TAAG-----A---C-----G-----A	7357
01_AE.TH.00.OUR200I	T-T---G-A-----CA-----T---A---A---A---G---G---A-CA---T-TGAT---C-AC-----G-G---G---T---A-----A	7405
01_AE.TH.01.OUR4141	TAT---G-----CA-----T---A---A---A---G---G---CA---T-TG-GA---C-AC-----GG-----G-C-GA-----A	7390
01_AE.TH.02.OUR769I	TAT---TG-----CA-----T---A---A---A---G---G---CA---T-TGAGA---C-AC-----G-----G-C-G-----A	7381
01_AE.TH.90.CM240	T-T---G-----CA-----T---A---A---A---G---G---A-CA---T-TGAGA---C-AC-----G-----A-G-C-G-----A	7750

B.FR.83.HXB2 CTCTG...GAACAGATTGGGAATCAC...ACGACCTGGATGGAGTGGGACAGAGAAATTAACAATTACACAAGCTTAATACACTCTTAAATGAAGAATCGCAAAACCAGCAAGAAAAGAATGAACA 8197

02 AG.CM.02.02CM.1669LE --TAT...A-TG-C-A--G-CA-T...-T--A--C-C-A--T-AG--G--GT-- -A--T-TGAGC-----G--A--G----- 7348

02 AG.FR.91.DJ264 --TAT...A-TG-C-A--G-A-- -T--C-C-A--T-A--G--G--GA-A--T-TAATC-----G--G--G-----A 7531

02 AG.NG.-.IBNG --T...A-TG-C-A--G-A-- -T--AC-A--G-A--G--G--GA-A--T-TAATC-----G--G--G----- 7703

02_AG.UZ.02.02UZ693 --A...-TG-T-A--C-AA-T...-T--C-AC-A--T--G--G--GA-C--T-TGGGC--C--G-----G--G----- 7351

03 AB.BY.00.98BY10443 ----A...-TG-C-----A-- -T-----A-----T-----G-T--T--A-T--A-----G--A----- 8151

03 AB.RU.97.KAL153 2 ----A...-TG-----A-- -T-----A-----T-----G-T--T--AAT--A-----G--A----- 7374

03 AB.RU.98.RU9800I ----A...-TA-----A-- -T-----A-----T-----G-T--T--AAT--A-----G--A----- 7512

04 cpx.CY.94.CY032 --TAT...A-TG-T-A--G-CA-T...-T-----T-C-A--T-A--G--G--CAAA--T-TGGG--C--A--G--G--G-- 7567

04 cpx.GR.91.97PVCH --TAT...A-TG-T-A--GGCA-T...-T-----C-C-A--T-A--G--G--CAAA--T-TTGAG--C--G--G--G--G-- 8296

04 cpx.GR.97.97PVMY --TAT...A-A-A--G-CA-T...-T-----C-C-A--T-A--G--G--GAAA--T-T-TGA--GC--G--G--G--G-- 8248

05 DF.BE.-.V11310 --GA...-GGG-----G-CA-- -T-----T-----A-A--G--G--T--AC--T--AGG-----C-G--G-T--G-- 7603

05 DF.BE.93.VI961 --A...-GG-----G-AA-- -T-----C--A--A--G--GG-C-G--TT--A-AC--T--AGG-----C--G--G--G--A 7554

05_DF.ES.99.X492 --TAT...-T-----G-AA-- -T-----A-AG--GG--GG-C-G--TT--A-AA--T--AGG-----C--G--G--G--C--T 7511

06 cpx.AU.96.BFP90 --TAT...-TG-A-----GG-A-- -T-----A-A--T-G-----CAACA--T-----C-----CT-----CT--G-- 8245

06 cpx.EE.-.EEO359 --T-T...-G-A-----A-- -T-----A-A--A-G-----CA-AC--T--A--C-----T--G--G--G--A 7856

06 cpx.ML.95.95ML127 --TAT...A-TG-A-----G-A-- -T-----A-A--T-G-----CAACA--T--AGC--C-----T--G--G--G-- 8190

06 cpx.SN.97.97SE1078 --TAC...AGTG-A-----G-A-- -T-----A-A--T-G-----CAACA--T--AA-C-----A--T--G----- 8235

07 BC.CN.-.CNGL179 ----AA...A-G-----G-A-- -T-----C-A--T-A-----G-----A-AC--T--AGG--GC-----C-----G--G--A 7399

07 BC.CN.97.97CN001 ----AA...A-G-----G-A-- -T-----C-A--T-A-----GT-----A-AC--T--AGG--GC-----G--G--A 7519

07 BC.CN.97.CN54 ----AA...A-G-----G-A-- -T-----C-A--T-A-----GT-----A-AC-G--T--AGG--GC-----G--G--A 7549

07 BC.CN.98.98CN009 ----AA...-G-G-----G-A-- -T-----C-A--T-A-----GT-----A-AC--T--AGG--GC-----G--G--A 7519

08 BC.CN.97.97CNGX_6F ----AA...C-G-----G-A-- -T-----C--T-AG--GT-----A-AC--T--AGG--GC-----C-----G--GA--A 7376

08 BC.CN.97.97CNGX_7F ----AA...C-G-----G-A-- -T-----C--T-AG--GT-----A-AC--T--AGG--GC-----C-----G--GA--A 7370

08 BC.CN.97.97CNGX_9F ----AA...C-G-----G-A-- -T-----C--T-AG--GT-----A-AC--T--AGG--GC-----C-----G--GA--A 7358

08 BC.CN.98.98CN006 ----AA...C-G-----G-A-- -T-----C--T-AG--GT-----A-AC--T--AGG--C-----C-----G--GA--A 7531

09 cpx.GH.96.96GH2911 --AA...C-TG-A-A--G-GA-T...-T-----C--A--T--G-----GT-----CAAC-G--T-TAGG--A--G--T--G-- 7369

09 cpx.SN.95.95SN1795 --AA...C-GG-A-A--G-CA-T...-T-----C-A-A--T--G-----GT-----CAAC--A--G--T--G--G-- 7396

09 cpx.SN.95.95SN7808 --AA...C-TG-A-A--G-A-T...-T-----C-A--T--C-T-----CAGA--T-TAGAC--A--G--G--G--G-- 7372

09 cpx.US.99.99DE4057 --AA...C-G-A-A--G-A-T...-T-----C-A--T--G-----GT-----CAGA--T-TAAC--A--GA--G--G--A 7390

10 CD.TZ.96.96TZ_BF061 ----A...-GGG-A-----G-A-- -T-----A--G--G-----G-T-C-C--T--AA-----T----- 7549

10 CD.TZ.96.96TZ_BF071 --T-A...-TGC-----A-- -T-----A--G--G-----G--T--T--AG-----G-----A 7579

10_CD.TZ.96.96TZ_BF110 ----A...-GG-----A-- -T-----A-AG--G-----G-T--T--AG-----C----- 7562

11 cpx.CM.02.02CM.2190SA --A-A...-TG-C-C--GGAA...-T-----T-AC-A--A--G--G-----T--CAAC--T--A--C-GC-----G--G-- 7364

11 cpx.CM.96.4496 --TAT...-TG-T-----CA-- -T-----A-A--A--G-----G-----CAAC--T--A--C-GC-----R--R--G-- 7544

11 cpx.FR.99.MP1298 --ATAT...A-TG-----A-- -T-----AC-A--T--G-----CAAC--T--A--C-C-----G-C-----G-- 8197

11 cpx.GR.-.GR17 --TAT...A-TG-----G-GA--GAGAAC--T--T--AA-A--A--G--G-----CAAC--T--A--C-G-----A--G-- 7470

12 BF.AR.97.A32879 ----A...-GGC-----A-- -T-----A--G--G-----G--T--ATGA--T--AGG-----G-GA--G--G-- 7766

12 BF.AR.99.ARMA159 --A...-GG-A-----A-- -T-----C--A-A--G--G-----T--CATGC--T--AGG-----T--G--G-- 8162

12 BF.ES.02.X1241 --TAT...-GA-----GGGA...-T-----C--A-A--C-G-----T--ATGA--T--AGG-----G-G--G-- 7441

12_BF.UY.99.URTR23 --A...-TG-----GA-- -T-----A-AG--G--T-----T--ATGA--T--AGG-----G--G--G-- 8195

13 cpx.CM.02.02CM.3226MN --A...AGTG-A-A--G-A-- -T-----CG-C-A--T-A--G--GT--G--T--TA-AC--T-TAGGC-----G--G-- 7428

13 cpx.CM.96.1849 --A...AGTG-A-A--G-A-- -T-----C-C-A--T-A--G--G-----GAAA-G--T-TAGGC--C-----G--G-- 7622

13 cpx.CM.96.4164 --A...AGTG-A-A--G-A-- -T-----C-C-A--T-A--G--G--C-G-----A-AC--T-TAGGC-----G--G-- 7589

14 BG.ES.00.X605 ----A...-TG-C-----A-- -T-----A--G--G-----T--A--G-----G--G--G-- 7641

14 BG.ES.00.X623 ----A...A-TG-A-----A-- -T-----T--A--G-----G-----C--A--G-----R--G-- 7619

14 BG.ES.99.X397 ----A...-GG-C-----A-- -T-----C--A-A--G--G-----GA--T--A--G-----C--A--G-----G-- 7653

14_BG.ES.99.X421 ----A...-TG-C-----A-- -T-----T--A--C-----G-----G-----C--A--G-----G-- 7632

15 01B.TH.02.02TH_OUR1331 --AT...-CTG-----CA-- -T-----T--C-----A--G-----G-----ATGA--T--A--G-----C--G--A--T 7390

15 01B.TH.02.02TH_OUR1332 --C...A-TG-----CA-- -T-----T--A--A--G-----G-----AGA--T--A--C-GC-----C--G--A--G--TT 7414

15 01B.TH.99.99TH_MU2079 --A...A-TG-----G-A-- -T-----T--A--A--G-----G-----AAGA--T--A--C-----C--G--A--G-- 7569

15 01B.TH.99.99TH_R2399 --A...A-TG-----G-A-T...-T-----T--A--T--A--G-----GC-----AGA--T--A--G-----G--A--T 7594

16_A2D.KR.97.97KR004 --C-A...-TG-C-----CA-- -T-----T--C-A--G-----G-----G--AC--TT--AGGC--C-----A--G--G--A 7563

18 cpx.CM.97.CM53379 --T-T...A-TG-----G-A-T...-T-----T--C-A--G-A-----G-----GAAA--T-TAATC-----G--G-- 7395

N.CM.-.YBF106 --CTAT...-TACA--C--RG-A-T...CTC-----CAAC--A--TC-GA--G-A-GG--C--TT--G-TG-C--TTTTGATC--T--A--GC--G-A--G-A--A--A--C-CA--GA 7703

N.CM.02.DJ00131 --TAT...-TACA--C--GG-A-T...TTA-----CA-C-A--T--GA--G-A-GA--C--TT--G-TG-C--TTTTGAGC--T--A--RA--GG--A--G-A--A--GA-C-CA--GA 7624

N.CM.95.YBF30 --TAT...-TACA--C-----A-T...TTA-----CAAC--A--TGAGA--G-A-GA--C--TT--G-TG-C--TTTTGGAC--T--A--C--GG--A--G-A--A--GA-C-CA--GA 7748

O.BE.87.ANT70 ..AAC...-AGC-----G-CAC...TTA--A--CA--A--TC-GC--G--A--G--CATA-GCTC--ACC--T-TGAGGA--AC--A--GG--A--GTA-----G--C-A--GA 8245

O.CM.-.96CMABB637 ..G...-GTCA-----G-AG...CTA--A--CA--C--TCA-C-G--AG--GTA-GCTC--A--C--T-TGAAGA--AC--A--GG--A--G--G--A--G--C-A--GA 7737

O.CM.91.MVP5180 ..GAT...-CAGT-----G-CA...CTT--A--CA--C--A--CA--C--A--GTA-GCTC--A--T--T-TGATGA--AC--C--G--A--G--G--A--G--G--T--A 8271

O.SN.99.SEMP1300 --GATTTA--TACA-----GGAA-T...CTA--A--CA--A--TCAGC--G--A--G--CATA-GCGC--ACC--T-TGATGA--AC--A--GG--A--GTA-----G--C-C--GA 8280

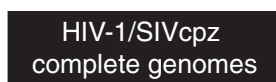
CPZ.CD.-.ANT CPZ.GA.-.CPZGAB ..A-A...C--TGT-----G-AA-T...-T--A--CA--A-----TT-G-AC-G--CA--G-ACAG--T-TAATA-CT-AC--AT-G-A--TG-G-A--G--G--A--A--A 7656

CPZ.TZ.-.TAN1 --CACA...-TG-C-----GGGA-T...CTA--A--CA--C--A--T-A--TT-G-GTCT--C-----G-GAA--TTTTGGTC--GT--A--G--G--A--TCA--A--G--A--AG 8237

CPZ.US.85.CPZUS --TACTAT--CTGT--A--CA-T...TT--T--CA--A--TC--TT-G-AG-A--C-CT--G-AACC--T--C--G-T--A--GA--G--A--CA--A--G--G--A--CA-- 7853

CTAT...-TGCT-----GGCA-T...CTA--T--CAA--A-----A--G-A-GA--C--TT--G-TACT--TTTTAGTC--T--A--C--G-A--G-A--GA--T-CA-----A 8205

Env gp41 S L E Q I W N H . . . T T W M E W D R E I N N Y T S L I H S L I E E S Q N Q Q E K N E Q Env



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	AGAATTATTGGAATTAGATAAAATGGGCAAGTTTGTGGAATGGTTTAAACATAACAATTTGGCTGTGGTATATAAAAATTATTATAATGATAGTAGGAGGCTTGGTAGGTTAAGAATAGTTTTGCTGTA	8327
A1.KE.94.Q23_17	G-----G-G-C-G-----A-C-----G-----G-----T-----A-----T-----A-----AA--A-----G	7764
A1.RU.03.03RU20_06_13	--T-----C-G-C-G-----G-----GY-----G-----T-----T-A-----A-----T-----A-----A-----AA--A-----K-----G	7798
A1.SE.94.SE7253	--C--C--C--G-C-G-----A-C-----G-G-----A-----A-----T-----A-----AA--A-----A-----G	7522
A1.TZ.01.A173	--G-----C-G-C-G-----C-----G-T-----T-----GGA-----T-----AA--A-----A-----A-----G	7536
A1.UA.00.98UA0116	--T-----C-----C-G-----G-----G-----T-----T-----T-A-----A-----T-----A-----AA--A-----A-----G	8314
A1.UG.92.92UG037	--C--C--G-G-C-G-----C-----G-----T-----A-----T-----A-----A-----T-----C-AA--A-----G	7688
A1.UG.98.98UG57136	--C-----C--G-----A-C-----G-----T-----C-----A-----T-----A-----AA--A-----G	7517
A2.CD.97.97CDKFE4	5100
A2.CD.97.97CDKS10	--C--C--C-----G-----C-----G-A-----A-----A-----A-----A-----G--A--	4443
A2.CD.97.97CDKTB48	--C-----C-----A-----G-----GA-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A--	7637
A2.CY.94.94CY017_41	--C-----C-----GA-----G-----C-----TT--C-C-----G-A-----T-----A-----A-----A-----A--	7699
A3.SN.01.DDI579	--C-----C-G-C-----C-----G-----G-----T-----G-----T-A-----A-----T-----G-----AA--A-----G	7531
A3.SN.01.DDJ369	--C-----C-G-C-G-----C-A-----G-----T-----A-----C-----G-A-----T-----G-----AA--A-----A-----A--	7549
A3.SN.96.DDJ360	--C-----C-G-C-----A-C-----G-----T-----A-----T-A-----A-----T-----G-----AA--A-----A-----G	7513
B.AR.00.ARMS008	--C-----T-----G-----A-----C-----T-T--C-----A-----A-----C-----A-----A-----	7579
B.AU.96.MBCD36	--C-----G-C-C-----T-----G-----C-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----	7729
B.CO.01.PCM074	-----A-----G-C-G-----G-----C-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----	7553
B.GA.88.OYI	-----G-----G-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----	7866
B.NL.00.671_00T36	-----C-----G-C-----G-----G-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----AT-----	7888
B.RU.-.04RU129005	-----C-----G-----G-----G-----A-----M-----C-----G-----A-----A-----	7836
B.TH.90.BK132	--T--C--C-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	7656
B.US.90.WEAU160	--C-----G-----G-----C-----G-----T-----C-----A-C-----A-----A-----A-----A-----	8334
B.US.98.1058_11	--C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----	7516
C.AR.01.ARG4006	--T-----A-C-----G-C-G-----CA--A-C-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----G	7518
C.BR.-.04BR013	G-T-----A-C-----G-C-G-----CA--A-C-----G-----G-----T-----A-----T-----A-----C-----A-----G	7818
C.BR.92.BR025-d	G-C-----A-C-----G-C-G-----CA--A-C-----C-----GG-----A-----A-----A-----A-----G	7664
C.BW.00.00BW07621	G-T-----C-A-C-----G-C-GT--AA--A-C-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----A-----G	7662
C.ET.86.ETH2220	--T--C--A-C-----G-C-----A--A-C-----A-----A-----G-----TG--A-----A-----A-----G	7703
C.IN.95.95IN21068	G-T-----A-CT--G-C-GT--AA--A-C-A-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G	7698
C.IN.99.01IN565_10	--T-----A-----G-C-GT--AA--A-C-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----G	7704
C.KE.00.KER2010	--T-----A-C-----G-C-GT--AAC-A--A-----G-----GG-----A-----T-A-----A-----A-----G	7516
C.TZ.01.BD9_11	--G--C--A-C-----G-C-GT--AA--A-C-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----G	7537
C.UY.01.TRA3011	G-T-----A-C-----G-----G-----CA--A-C-----C-----G-T-----G-----A-----A-----A-----A-----G	7504
C.ZA.04.SK164B1	--T-----A-C-----G-C-GT--AAC-A-----G-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-G--G	7697
C.ZM.96.96ZM651	--T-----A-C-----G-C-GT--AAC-A-C-----G-----A-----A-----T-----A-----AA-----G-----A-----G	7682
D.CD.83.ELI	-----G-----G-C-G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G	7863
D.CD.83.NDK	-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----A-----A-----G	7831
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----A-----G-C-G-----G-----T-T--C-----G-A-----C-----AA-----A-----A-----G	7516
D.KE.01.NKU3006	--C-T--C-----G-C-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G	7570
D.TD.99.MN012	G-G--A-----G-C-G-----G-----GT-----G-A-----C-----AA--A-----A-----A-----G	7538
D.TZ.01.A280	-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G	7515
D.UG.94.94UG114	-----C-----A-----G-C-C-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G	7645
D.UG.99.99UGD23550	-A-C-----C-----G-CG-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----G	7546
D.UG.99.99UGK09958	--C--AC--G-C-C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G	7486
D.ZA.86.R482	--C-----G-C-G-----C-----G-----A-----GC-----G-----A-----T-----C-C-C-----T-----C-C-----T-----T-----G	7575
F1.BE.93.VI850	-----C-----C-----C-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----C-----C-----G	7604
F1.BR.89.BZ126	-----C-----G-C-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----G	7631
F1.BR.93.93BR020_1	-----A-C-----G-C-----C-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----G	7631
F1.FI.93.FIN9363	-----G-----G-C-G-----AT-----C-----G-----G-T-----C-----T-A-----A-----A-----C-----G	7623
F1.FR.96.MP411	-----C-----G-C-----C-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----AA-----C-----C-----G	7494
F2.CM.02.02CM_0016BBY	G-C-----C-----G-C-G-----AC--C-----G-----CT-----C-----T-----C-----G-A-----C-----G-----A-----A-----G	7486
F2.CM.95.MP255	G-----C-----C-----AC--C-----G-----TCT-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----G	7486
F2.CM.95.MP257	G-C-----C-----G-C-G-----AC--A-C-----G-----TCT-----GA-----T-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----G	7519
F2.CM.97.CM53657	G-C-----C-----G-C-----AC--A-C-----G-----CT-----C-----T-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----G	7498
G.BE.96.DRCBL	--C-----C-----G-CC-G-----C-----G-----G-----CT-----C-----A-----G-A-----TG-----AA-----G	8266
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----C-----G-C-G-----AC--C-----G-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----AA-----G	7516
G.ES.99.X138	--C-----C-----G-C-----G-----G-T-----T--C-C-----A-----A-----A-----T-----T-----AA-----G	7762
G.FI.93.HH8793_12_1	--C-----A-C-----G-C-T-----C-----G-----T-----A-----A-----A-----T-----TC-AA--A-----A-----A-----G	7697
G.NG.92.92NG083	--C-----C-----G-C-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----T-----T-----AA-----G	7653
G.SE.93.SE6165	--C-----CC-G-CC-G-----GG-----GA-----A-----A-----T-----T-----AA-----G	7745
H.BE.93.VI991	--C-----A-C-----G-C-----A-C-A-----GT-----G-----G-----A-----TA-AA--C-----G	7726
H.BE.93.VI997	--T-----A-C-----G-C-----AC-----G-----G-----C-----A-----A-----CT--A-----G-----A-----G	7641
H.CF.90.056	G-C-----A-C-----G-C-----C-----C-----G-----T-----C-----A-----A-----T-----AA-----A-----A-----G	7646
J.SE.93.SE7887	--C-----C-----G-C-G-----A--A-----T-----C-----C-----C-----A-----A-----T-----AA-----A-----G	7634
J.SE.94.SE7022	G-C-----C-----G-C-G-----A--A-----T-----C-----C-----C-----A-----A-----T-----AA-----A-----G	7641
K.CD.97.EQTB11C	--C-----C-----G-C-G-----G-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G	7510
K.CM.96.MP535	--T-----C-----G-C-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----G	7487
01_AE.TH.00.OUR200I	--G-----A-----G-----C-----C-----G-----G-----A-----T-----T-----AA-----A-----G	7535
01_AE.TH.01.OUR414I	--T--G--A--C-----G-----C-----G-----A-----A-----T-----A-----AA-----A-----G	7520
01_AE.TH.02.OUR769I	G-T--G--A--G-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----T-----G-----T-----AA-----G	7511
01_AE.TH.90.CM240	G-T--G--A-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----A-----T-----AA-----A-----G	7880

B. FR. 83. HXB2 AGAATTATTGGAATTAGATAAAATGGGCAAGTTTGTGGAATGGTTTAAACATAACAAATTGGCTGTGGTATATAAAAATTATTCATAATGATAGTAGGAGGCTTGGTAGGTTTAAAGAATAGTTTTGCTGTA 8327

02 AG. CM. 02. 02CM. 1669LE ---C---C---G---C---G---A---C---G---A---T---A---T---A---T---A---G 7478

02 AG. FR. 91. DJ264 ---C---C---G---C---G---A---C---G---A---T---A---T---A---T---A---G 7661

02 AG. NG. -. IBNG ---C---G---C---G---C---G---A---C---G---A---T---A---T---A---T---A---G 7833

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 ---C---G---C---G---A---A---C---G---T---T---A---A---T---A---T---A---G 7481

03 AB. BY. 00. 98BY10443 ---C---C---G---C---G---A---C---G---A---T---A---T---A---T---A---G 8281

03 AB. RU. 97. KAL153 2 ---A---C---G---C---G---A---C---G---A---T---A---T---A---T---A---G 7504

03 AB. RU. 98. RU9800I ---C---C---G---C---G---A---C---G---A---T---A---T---A---T---A---G 7642

04 cpx. CY. 94. CY032 ---C---CC---G---C---G---CC---G---A---A---A---T---A---T---A---C---G 7697

04 cpx. GR. 91. 97PVCH ---C---CC---T---C---G---G---A---C---C---G---T---C---A---A---T---A---G 8426

04 cpx. GR. 97. 97PVMY ---C---CC---G---C---G---A---C---G---G---T---C---A---A---T---A---G 8378

05 DF. BE. -. VI1310 ---TC---CC---G---C---G---CC---G---A---A---A---T---A---C---A---G 7733

05 DF. BE. 93. VI961 ---C---C---G---C---G---C---G---G---T---G---A---A---C---A---G 7684

05 DF. ES. 99. X492 ---C---G---C---G---C---G---G---G---T---C---A---A---C---A---G 7641

06 cpx. AU. 96. BFP90 ---C---C---G---C---G---A---C---TC---G---C---T---A---C---A---T---AA---G 8375

06 cpx. EE. -. EEO359 ---C---A---C---G---C---G---A---C---G---T---C---G---A---T---AA---G 7986

06 cpx. ML. 95. 95ML127 ---CC---C---G---C---G---G---G---T---C---A---C---G---A---TG---A---G 8320

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 ---C---G---C---G---C---G---G---G---T---C---A---C---A---T---AA---G 8365

07 BC. CN. -. CNGL179 ---TC---A---C---G---C---GT---AA---A---C---A---G---G---A---A---A---A---C---G 7529

07 BC. CN. 97. 97CN001 ---TC---A---C---G---C---GT---AA---A---C---A---G---G---A---A---A---A---G 7649

07 BC. CN. 97. CN54 ---TC---A---C---G---C---GT---AA---A---C---A---G---G---A---A---A---A---G 7679

07 BC. CN. 98. 98CN009 ---TC---A---C---G---C---GT---AA---A---C---A---G---G---A---A---A---A---G 7649

08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F ---T---A---C---G---C---GT---AA---A---C---A---G---G---A---A---A---A---G 7506

08 BC. CN. 97. 97CNGX_7F ---T---A---C---G---C---GT---AA---A---C---A---G---G---A---A---A---A---G 7500

08 BC. CN. 97. 97CNGX_9F ---T---A---C---G---C---GT---AA---A---C---A---G---G---A---A---G---G---G 7488

08 BC. CN. 98. 98CN006 ---T---A---C---G---C---GT---AA---A---C---A---G---G---A---A---A---A---G 7661

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 ---C---C---G---C---G---C---GC---G---G---G---GA---A---A---AA---A---G 7499

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 ---C---C---G---C---G---C---GT---C---G---G---GA---A---A---AA---A---G 7526

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 ---C---C---G---C---G---C---GT---C---G---G---GA---A---A---AA---A---G 7502

09 cpx. US. 99. 99DE4057 ---C---C---G---C---G---C---GT---C---G---G---T---GA---A---A---AA---A---G 7520

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061 ---C---C---G---G---A---G---G---C---A---A---AA---A---G---G---G 7679

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071 ---C---C---G---G---A---G---G---C---G---A---A---AA---A---G---G---G 7709

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110 ---C---C---G---G---A---G---G---A---A---A---AA---A---G---G---G 7692

11 cpx. CM. 02. 02CM. 2190SA ---C---C---C---G---G---C---C---G---G---T---G---A---A---T---A---AA---A---G 7494

11 cpx. CM. 96. 4496 ---T---C---G---C---G---C---G---G---T---G---A---A---T---A---AA---A---G 7674

11 cpx. FR. 99. MP1298 ---TC---C---C---G---C---G---G---T---G---C---A---T---T---G---A---A---G 8327

11 cpx. GR. -. GR17 ---C---A---C---G---C---C---C---G---T---A---A---G---A---T---AA---A---G 7600

12 BF. AR. 97. A32879 T-----A---G---C---C---C---G---G---T---C---T---C---G---A---A---C---G 7896

12 BF. AR. 99. ARMA159 ---C---C---G---C---C---C---G---G---T---A---G---A---A---C---G 8292

12 BF. ES. 02. X1241 ---A---C---G---C---C---G---G---T---T---A---G---A---C---G 7571

12 BF. UY. 99. URTR23 ---G---C---G---C---C---C---G---T---T---C---A---A---C---G 8325

13 cpx. CM. 02. 02CM. 3226MN ---C---G---C---G---CC---G---A---C---T---T---A---G---A---T---A---A---T---AA---T---G 7558

13 cpx. CM. 96. 1849 ---C---C---G---C---G---CC---G---GT---T---A---A---T---A---T---AA---G 7752

13 cpx. CM. 96. 4164 ---C---C---G---C---G---CC---G---A---C---C---T---T---C---A---T---AA---G 7719

14 BG. ES. 00. X605 ---C---GG---G---G---G---G---G---A---T---A---A---T---AA---R---G 7771

14 BG. ES. 00. X623 ---G---G---A---G---G---G---A---T---A---T---AA---G 7749

14 BG. ES. 99. X397 ---G---G---G---G---G---A---T---A---T---AA---G 7783

14 BG. ES. 99. X421 ---G---G---G---G---G---A---T---A---T---AA---G 7762

15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1331 ---G---G---G---G---G---T---C---A---A---A---A---G 7520

15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1332 ---G---G---G---G---G---T---C---A---A---A---A---G 7544

15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079 ---A---C---G---G---G---G---C---A---A---A---A---G 7699

15 01B. TH. 99. 99TH_R2399 ---G---G---G---G---G---G---A---T---A---T---AA---A---G 7724

16 A2D. KR. 97. 97KR004 ---C---C---C---C---C---C---G---T---C---A---A---A---A---A---G---A---G 7693

18 cpx. CM. 97. CM53379 G---C---C---G---G---C---A---G---CG---T---G---C---A---T---AA---G 7525

N. CM. -. YBF106 ---C---C---C---G---C---C---C---G---T---T---A---C---A---GCT---G---C---A---TA---CA---TA---AAG---AA--- 7833

N. CM. 02. DJ00131 ---TC---C---C---G---C---G---C---C---GT---C---C---GA---GCT---G---C---A---TA---CA---CA---AAG---TAA--- 7754

N. CM. 95. YBF30 ---TC---C---C---G---C---G---AC---C---GC---GGT---T---A---C---GA---GCT---C---A---T---CA---CA---AAG---ATA--- 7878

O. BE. 87. ANT70 ---A---G---GC---G---G---G---CTC---A---T---C---G---T---A---T---A---GCA---C---CAC---A---GG---G---G---TA---CA---GATA--- 8375

O. CM. -. 96CMABB637 ---AGG---C---G---G---G---CTC---C---T---G---C---G---T---A---T---A---GCT---C---CAC---AA---G---G---T---CA---G---TAA--- 7867

O. CM. 91. MVP5180 ---C---G---GC---G---G---G---CTC---C---T---G---G---T---A---T---A---GCT---C---G---CAC---AA---A---G---TA---A---GATA--- 8401

O. SN. 99. SEMP1300 ---A---G---GC---G---G---G---TTC---A---T---C---C---GG---T---A---T---A---GCA---C---G---CAC---AA---GG---G---T---A---GATA--- 8410

CPZ. CD. -. ANT G-----AT---C---C---AGCTCA---A---G---G---C---A---A---A---T---T---CTA---T---AC---TT---GC---TAT--- 7786

CPZ. GA. -. CPZGAB G---CC---G---G---C---C---C---G---G---T---A---T---A---T---GC---AA---CA---G---TA---A---GA---A---T 8367

CPZ. TZ. -. TAN1 ---G---G---A---G---C---AGC---C---T---G---G---T---C---A---AC---GCT---C---C---A---A---AC---T---TC---CA---GTT---A--- 7983

CPZ. US. 85. CPZUS ---TC---C---C---G---C---T---C---A---C---G---T---T---C---C---A---TT---AG---C---A---A---AA---C---T---AGG---TGA--- 8335

Env gp41 E L L E L D K W A S L W N W F N I T N W L W Y I K L F I M I V G G L V G L R I V F A V Env

	Tat Rev intron end \ / Tat Rev exon 2 start	Tat Premature stop in HXB2 \	
B.FR.83.HXB2	CTTCTATAGTGAATAGAGTTAGGCAGGGATATTCACCATTATCGTTTCAGACCCACCTCCAACC.....CCGAGGGGA...CCCACAGGCCCGAAGGAATAGAAGAAGAGGTGGAGAGAGAGACA		8448
A1.KE.94.Q23_17	-----G-A-A-----C-----T-G-A-----TAC-----A-----A-----T-----T-----A-----C-----A-----CA-G--		7885
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----A-----A-----CC-----C-----C-G-A-G-----TTAC-----CA-----GA-----A-----G-A-----CA-----CA-G--		7919
A1.SE.94.SE7253	T-----G-TA-A-----C-----T-G-A-----TAC-----GA-----A-----T-----T-----AG-A-----C-----CA-G--		7643
A1.TZ.01.A173	-----A-A-----C-----T-G-A-----TAC-----A-----A-----AT-----T-----G-A-----C-----CA-G--		7657
A1.UA.00.98UA0116	-----A-A-----CCG-----C-----C-G-A-G-----TTAC-----GCA-----AGA-----A-----G-A-----CA-----CA--		8435
A1.UG.92.92UG037	-----G-A-A-----C-----CC-----TAC-----G-A-----A-----T-----T-----G-A-----C-----CA-----CA--		7809
A1.UG.98.98UG57136	-----A-A-----C-----C-G-----C-----TTAC-----GT-----A-----T-----T-----G-A-----C-----CA-----CA--		7638
A2.CD.97.97CDKFE4		5100
A2.CD.97.97CDKS10	A-----G-----C-----T-G-A-----T-----CTAC-----A-----AGA-----T-----T-----A-----G-A-----C-----G-----CA-----CA--		4564
A2.CD.97.97CDKTB48	A-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----T-----CTAC-----A-----AGA-----T-----T-----G-----A-----C-----CA-----G--		7758
A2.CY.94.94CY017_41	A--A--G-----A-----C-----TG-G-A-----T-----CTAC-----G-----AGA-----T-----T-----AG-----CC-----G-----CA-----G--		7820
A3.SN.01.DDI579	-----A-A-----T-----C-----TC-C-----TTAC-----A-----C-----A-----C-----CA-----CA--		7652
A3.SN.01.DDJ369	-----A-A-----A-----C-----TC-G-A-----TTC-----G-----AG-----T-----AG-----C-----CA-----CA--		7670
A3.SN.96.DDJ360	-----A-A-----A-----T-----C-----TC-C-----TAC-----A-----AG-----T-----T-----G-----A-----C-----CA-----CA--		7634
B.AR.00.ARMS008	-----A-----C-----A-----G-T-----T-----C-----C-----C-----7700		7700
B.AU.96.MBCD36	-----A-----T-----C-----G-----T-----T-----C-----C-----C-----7850		7850
B.CO.01.PCM074	-----A-----A-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----G-----T-----C-----C-----7674		7674
B.GA.88.OYI	-----A-----C-----C-----G-----G-----T-----A-----C-----C-----7987		7987
B.NL.00.671_00T36	-----A-----C-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----C-----8009		8009
B.RU.-.04RU129005	-----C-----G-----C-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----CR-----7957		7957
B.TH.90.BK132	-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----C-----7777		7777
B.US.90.WEAU160	-----C-----A-----G-----C-----G-----A-----G-----G-----C-----C-----8455		8455
B.US.98.1058_11	-----A-----A-----C-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----7637		7637
C.AR.01.ARG4006	--A-----C-----C-----G-----A-----TTA-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----C-----CA-----7639		7639
C.BR.-.04BR013	--C-----C-----C-----G-----A-----TTAC-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----CA-----7939		7939
C.BR.92.BR025-d	--C-----A-----C-----C-----G-----TTAC-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----CA-----7785		7785
C.BW.00.00BW07621	--A-----A-----C-----C-----T-----A-----TTAC-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----CA-----7783		7783
C.ET.86.ETH2220	-----C-----TTA-----CA-----T-----G-----C-----CA-----G--		7824
C.IN.95.95IN21068	A-C-----C-----T-----G-----TTAC-----G-----A-----CG-----T-----G-----A-----C-----CA-----7819		7819
C.IN.99.01IN565_10	A-----A-----C-----T-----G-----T-----TTAC-----G-----A-----C-----T-----AG-----C-----CA-----7825		7825
C.KE.00.KER2010	T-C-----C-----T-----G-----TTAC-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----CA-----7637		7637
C.TZ.01.BD9_11	-----A-----C-----T-----G-----TTAC-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----CA-----7658		7658
C.UY.01.TRA3011	--C-----A-----C-----T-----G-----A-----TTAC-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----CA-----7625		7625
C.ZA.04.SK164B1	--C-----A-----C-----T-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----AG-----C-----CA-----7818		7818
C.ZM.96.96ZM651	--C-----C-----T-----G-----TTA-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----CA-----7803		7803
D.CD.83.ELI	-----T-----A-----C-----TC-G-----T-----G-----C-----C-----G-----7984		7984
D.CD.83.NDK	-----G-----A-----C-----TC-G-----A-----T-----GT-----A-----C-----G-----7952		7952
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----G-----A-----GG-----C-----TC-G-----C-----T-----G-----C-----CA-----7637		7637
D.KE.01.NKU3006	T-----T-----A-----C-----TC-G-----T-----G-----C-----CA-----G--		7691
D.TD.99.MN012	--C-----G-----A-----C-----TC-G-----A-----G-----T-----G-----C-----G-----7659		7659
D.TZ.01.A280	T-----T-----A-----C-----TC-G-----G-----T-----G-----T-----G-----A-----A-----CA-----G--		7636
D.UG.94.94UG114	--G-----A-----C-----TC-G-----A-----G-----T-----G-----G-----A-----7766		7766
D.UG.99.99UGD23550	--T-----A-----C-----TC-G-----TTA-----G-----AG-----C-----G-----CA-----G--		7667
D.UG.99.99UGK09958	--G-----A-----C-----TC-----C-----TTT-----G-----C-----C-----CA-----G--		7607
D.ZA.86.R482	--G-----T-----AT-----C-----C-----TC-G-----C-----C-----C-----CA-----G--		7636
F1.BE.93.VI850	-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----TTA-----G-----C-----G-----CA-----G--		7725
F1.BR.89.BZ126	-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----TA-----G-----A-----C-----G-----CA-----G--		7752
F1.BR.93.93BR020_1	-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----TA-----G-----A-----C-----G-----CA-----G--		7752
F1.FI.93.FIN9363	-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----TTA-----G-----C-----A-----CA-----G--		7744
F1.FR.96.MP411	-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----TTA-----G-----C-----G-----CA-----G--		7615
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----A-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----TTA-----G-----G-----C-----CA-----7607		7607
F2.CM.95.MP255	-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----TTA-----A-----G-----C-----CC-----7607		7607
F2.CM.95.MP257	-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----TTA-----A-----T-----A-----G-----C-----CA-----7640		7640
F2.CM.97.CM53657	--G-----G-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----TTAC-----G-----G-----A-----AC-----G-----CA-----7619		7619
G.BE.96.DRCBL	--A-----A-----C-----C-----T-----C-----TT-----ACCA-----A-----A-----C-----C-----G-----CA-----8387		8387
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----A-----GA-----C-----T-----G-----A-----C-----TTAC-----ACCA-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----CA-----7637		7637
G.ES.99.X138	-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----C-----TTAC-----ACCA-----A-----A-----G-----A-----C-----A-----CA-----7883		7883
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----T-----C-----TTAC-----ACCA-----A-----A-----A-----C-----CA-----7818		7818
G.NG.92.92NG083	-----A-----A-----C-----T-----G-----C-----TTAC-----ATCA-----A-----C-----A-----T-----G-----AA-----CC-----G-----CA-----7774		7774
G.SE.93.SE6165	-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----TTAC-----ACCA-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----G--		7866
H.BE.93.VI991	-----A-----C-----TC-G-----T-----A-----TTA-----G-----A-----A-----C-----AG-----A-----C-----CA-----7847		7847
H.BE.93.VI997	-----AGG-----C-----T-----G-----T-----TTA-----G-----A-----C-----C-----C-----CA-----7762		7762
H.CF.90.056	-----A-----C-----T-----G-----T-----TTG-----G-----A-----AC-----C-----G-----C-----CA-----7767		7767
J.SE.93.SE7887	--G-----A-----C-----T-----G-----A-----TTA-----A-----A-----A-----C-----A-----G-----G-----C-----CA-----G--		7755
J.SE.94.SE7022	--G-----A-----C-----T-----G-----A-----TTA-----T-----A-----A-----C-----A-----G-----G-----C-----CA-----G--		7762
K.CD.97.EQTB11C	-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----C-----TTAC-----G-----C-----G-----CA-----7631		7631
K.CM.96.MP535	-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----TTA-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----CA-----7608		7608
01_AE.TH.00.OUR200I	-----C-----C-----T-----G-----T-----C-----CTAC-----ATCAT-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----7656		7656
01_AE.TH.01.OUR414I	-----A-----C-----T-----G-----T-----C-----C-----ATCAT-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----G--		7641
01_AE.TH.02.OUR769I	-----C-----T-----G-----T-----C-----T-----CTTC-----ATCAT-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----7632		7632
01_AE.TH.90.CM240	-----A-----C-----T-----G-----T-----C-----CTTC-----ATCAT-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----G--		8001

Tat Rev intron end \ / Tat Rev exon 2 start Tat Premature stop in HXB2 \

```

B.FR.83.HXB2 CTTTCTATAGTGAATAGAGTTAGGCAGGGATATTCACCATTATCGTTTCAGACCCACCTCCCAACC...CCGAGGGGA...CCCACAGGCCCGAAGGAATAGAAGAAGGTGGAGAGAGAGACA 8448
02 AG.CM.02.02CM 1669LE -----A-A-----C-----T-G-----C-----TTAC--ATCA-.....A---A-----A---C-----G-----C---CA----- 7599
02 AG.FR.91.DJ264 ---A-G-A-A-G-----C-----T-----A-C-----TTAC--ACCA-.....A---A-----A---C-----G-----C---CA----- 7782
02 AG.NG.--IBNG ---A-----A-A-----C-----T-G-----C-----TTAC--ACCA-.....A---A-----A---A-----C-----G-----C---CA----- 7954
02 AG.UZ.02.02UZ693 -----A-A-----C-----T-G-T-C-----TTAC--ACCG-.....A---A-----A---A-----C-----G-----C---CA----- 7602
03 AB.BY.00.98BY10443 -----C-----G-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----A----- 8402
03 AB.RU.97.KAL153 2 -----G-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----A----- 7625
03 AB.RU.98.RU9800I -----G-----A-----G-----A-----A-----A----- 7763
04 cpx.CY.94.CY032 -----A-----C-----T-G-T-G-----TTA-----A...ACC-AAC-----T-GA-----G-----C-----C---CA----- 7821
04 cpx.GR.91.97PVCH -----C-----T-G-T-----TTA-----A...AAC-A-----GA-----C-----C---CA----- 8547
04 cpx.GR.97.97PVMY -----A-G-----C-----T-G-T-CG-----TTA-----A...ACA-A-C-----C-----G-GC-----C---CA----- 8502
05 DF.BE.--VI1310 -----C-----A-----C-----TC-G-A-----C-T-----G-----A-----C-----G-----C---CA----- 7854
05 DF.BE.93.VI961 -----G-----A-----A-----C-----TC-G-A-C-----T-----GG-----A-----A-----C-----G-----C---CA----- 7805
05 DF.ES.99.X492 -----A-----A-----C-----C-----A-A-----T-----A...ACC-----CAA-----C-----C---CA-----G--- 7768
06 cpx.AU.96.BFP90 A-----C-----C-----T-G-G-----G-----TTA-----A...-A-C-----G-A-----G-A-----C-----G-----C---CA-----G--- 8496
06 cpx.EE.--EEO359 -----C-----C-----A-----TG-G-A-G-----GTA-----A...-A-C-----G-A-----G-A-----C-----G-----C---CA----- 8107
06 cpx.ML.95.95ML127 T-----C-----C-----T-G-G-----G-----TTA-----A...-A-C-----G...G-----G-A-----C-----G-----C---CA----- 8441
06 cpx.SN.97.97SE1078 -----CT---C-G-----C-----TC-G-----G-----TTA-----A...T-AGC-----GT-----G-A-----C-----G-G-----C---CA----- 8486
07 BC.CN.--CNGL179 ---C-----C-----T-G-----G-----TTAC--G-A-.....-AG-----T-G-A-----C-----A-----CA----- 7650
07 BC.CN.97.97CN001 ---C-----A-----C-----T-G-----G-----TTAC--G-A-.....-AG-----T-G-A-----C-----A-----CA----- 7770
07 BC.CN.97.CN54 ---C-----A-----C-----T-G-----G-----TTAC--G-A-.....-AG-----T-G-A-----C-----A-----CA----- 7800
07 BC.CN.98.98CN009 ---C-----C-----T-G-----G-----TTAC--G-A-.....-AG-----T-G-A-----C-----A-----CA----- 7770
08 BC.CN.97.97CNGX 6F -----C-----T-G-----T-----TTAC--G-A-.....-AG-----A-G-----T-G-A-----C-----A-----CA----- 7627
08 BC.CN.97.97CNGX 7F -----G-----A-----C-----T-G-----G-----TTAC--G-A-.....-AG-----A-G-----T-G-A-----C-----A-----CA----- 7621
08 BC.CN.97.97CNGX 9F -----C-----T-G-----T-----TTAC--G-A-.....-AG-----A-G-----T-G-A-----C-----A-----CA----- 7609
08 BC.CN.98.98CN006 ---C-----T-----T-----TTAC--A-.....-AG-----A-G-----T-G-A-----C-----A-----CA----- 7782
09 cpx.GH.96.96GH2911 -----G-----A-----C-----T-G-A-C-----TTAC--A-----A-----C-----G-----C---CA----- 7620
09 cpx.SN.95.95SN1795 -----G-----A-----C-----C-----T-G-C-----TTA-----A-----A-----C-----G-----C---CA----- 7647
09 cpx.SN.95.95SN7808 -----G-----A-----C-----T-G-A-C-----TTA-----A-----A-----C-----G-----C---CA----- 7623
09 cpx.US.99.99DE4057 -----A-----A-----C-----T-G-A-C-----TTA-----A-----A-----C-----C-----C---CA----- 7641
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061 -----T-----A-----C-----TC-G-----G-C-----T-----G-----G-----C-----G-----G----- 7800
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071 -----T-----A-----G-----TC-G-----C-----T-----G-----G-----C-----C-----G----- 7830
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110 -----G-----CA-----C-----TC-G-----C-----T-----T-----G-----G-----C-----C-----G----- 7813
11 cpx.CM.02.02CM 2190SA -----A-A-----TG-----C-----C-G-C-----TTA-----A...AAC-A-A-----G-----C-----G-----CA----- 7615
11 cpx.CM.96.4496 -----A-----TG-----C-----C-G-A-G-----TTAC--A...AC-A-A-----G-----C-----G-A-----CA-----G--- 7795
11 cpx.FR.99.MP1298 -----A-----TG-----C-----G-A-----TTAC--A...A-A-A-----A-----G-----C-----G-A-----CA----- 8448
11 cpx.GR.--GR17 -----A-----TG-----C-----T-G-C-----G-----TTAC--G...A-CA-A-----G-----CCA-----G-----CA-----G--- 7721
12 BF.AR.97.A32879 -----A-----A-----C-----T-G-A-A-----A-----G-----A-----C-----G-----C---CA-----G--- 8017
12 BF.AR.99.ARMA159 -----A-----A-----C-----T-G-A-A-----TA-----G-----A-----C-----G-----C---CA-----G--- 8413
12 BF.ES.02.X1241 -----A-----A-----C-----T-G-----C-----TA-----G-----A-----C-----G-----C---CA-----G--- 7692
12 BF.UY.99.URTR23 -----A-----A-----C-----TG-G-A-----TA-----G-----A-----A-----G-----A-----C-----C---CA-----G--- 8446
13 cpx.CM.02.02CM 3226MN -----A-G-----C-----TG-G-A-----TTAC--A-C...CAGAG-----A...-A-----A-----C-----CA----- 7682
13 cpx.CM.96.1849 -----A-----A-----T-----G-----C-----T-----G-----A-----TTAC--ATC...AA-----A-----A-----C-----G-----CA----- 7873
13 cpx.CM.96.4164 A---G---A---A---G---C---T---G---A---TTAC--GC...A---A---A---A---A---C---G---A---C---G---CA---G--- 7840
14 BG.ES.00.X605 -----A-A-----A-----C-----G-A-C-----TTAC--ACCA-.....A---A-----R---G-----C-----CA----- 7892
14 BG.ES.00.X623 -----A-A-----A-----C-----G-A-C-----TTAC--ACCA-.....A---A-----G-----C-----R-----CA----- 7870
14 BG.ES.99.X397 -----A-A-----A-----C-----G-A-C-----TTAC--ACCA-.....A---A-----G-A-----C-----CA----- 7904
14 BG.ES.99.X421 -----A-A-----A-----C-----G-A-C-----TTAC--ACCA-.....A---A-----A-----A-----C-----CA----- 7883
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331 ---C-----A-----C-----T-G-T-----C-----CTTC--ATCAG...A-----A-----A-----C-----C---G--- 7641
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332 -----A-----C-----TG-G-T-C-----T-----CTTC--ATCAG...A-----A-----A-----G-----C-----C---CA-----G--- 7665
15 01B.TH.99.99TH_MU2079 -----C-----T-G-TC-----C-----CTA--ATCAG...A-----A-----G-----A-----A-----C-----G-----C---CA-----G--- 7820
15 01B.TH.99.99TH_R2399 -----A-----C-----T-G-T-C-----C-----CTA--ATCAG...A-----A-----A-----A-----C-----C---CA-----G--- 7845
16 A2D.KR.97.97KR004 A---G---G---G---C---G---C---TG---A---T---CT-C---G---...AGA---AT...A---G---A---C---G---C---CA---G--- 7814
18 cpx.CM.97.CM53379 --AG---C---A---GA---T---G---T---C---TTAC---A---A---AAC---...A---A---A---C---C---G---C---CA---G--- 7646
N.CM.--YBF106 A-AA---A-AGCA---T---CC-C---G---TTA---G---A...GCAG-C---...A---A---A---C---G---C---T---G---CA--- 7957
N.CM.02.DJ00131 A-AA---A-AGCA---T---CC-C---G---TTA---AACAACAA---C---...A---A---A---C---G---C---T---G---CA--- 7881
N.CM.95.YBF30 A-AA---A-AGCA---T---CC-C---G---TTA---A...G---A---A---A---C---G---C---T---G---CA--- 7999
O.BE.87.ANT70 ---AA-----A-ACA-----CA---CC-C---A---T---C-AA-ATCA...AAGA-A...G-A-GA-C---A-G-A---C---G---G---AGA-G--- 8496
O.CM.--96CMABB637 ---AA-C-----G-ACA-----CA---CC-C---A---T---A-AA-AGCA...AAC-A...G-A-A-C---A-G---C---G---G---AGCA-G--- 7988
O.CM.91.MVP5180 ---AA-C-----G-ACA-----CA---CC-C---G---T---CTG-----CA...G-CA-A...G-A-A-C---A-G-A---C---G---G---AG--- 8522
O.SN.99.SEMP1300 ---AA-C-----GA-ACA-----T---CA---CC-C---A---C---AC-ATCA...CAA-AAAC---A...G-AC-AGC---A-G---C---G---G---A--- 8534
CPZ.CD.--ANT G--AG-TGCT-A-GA-AG-----CAT--TC-G-A-----T---CTAC--A-A-.....-A-CA-AT...-A-GCA---A---A---AG-----AGA-A----- 7907
CPZ.GA.--CPZGAB T-C--AG--C-GG-----C---TC-C---G-----TTA-----GT-----A-----A...AA-GA---T-G-A---C---C---G---C---CA----- 8488
CPZ.TZ.--TAN1 G--AA-G---T--GCA-----T---A---CC--TT-CA---T---CTAC--A-G-G...GA-CA-AT...-A-ACA---A-G---C---C---G---G---GC----- 8104
CPZ.US.85.CPZUS T---AC-----AGCA-A-----T---T---CC-C---A-----TTT-----A...A-TC---A...-A-----A-----C-----GC-C---A-A-C----- 8456
Env gp41 L S I V N R V R Q G Y S P L S F Q T H L P T . . P R G . P D R P E G I E E E G G E R D Env
Tat exon 2 P T S Q P . . R G D . P T G P K E * K K K V E R E T Tat
Rev exon 2 N P P P N . . P E G . T R Q A R R N R R R R W R E R Q Rev
Tat Rev intron end \ / Tat Rev exon 2 start Tat Premature stop in HXB2 /

```

Tat ends most strains \

B.FR.83.HXB2	GAGACAGATCCATTGCGATTAGTGAACGGATCCTTGGCACTTATCTGGGACGATCTGGGAGCCTGTGCCTCTTCAGCTACCACCGCTTGAGAGACTTACTCTTGATTGTAACG.....AGGATTGT	8569
A1.KE.94.Q23_17	---G-----G-----G-----T--A--GCT-----C--A-----CA-----CTG-----C-----	8006
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----A-----G-----T--A--GC-----A-----T-----T-----A-----CA--Y---C-G-----C-----	8040
A1.SE.94.SE7253	---G-----G-----G-----T--A--GC-----A-----T-----C-----CA-----CC-----C-----	7764
A1.TZ.01.A173	-----G-----G-----T--A--GC-----C-----C-----TG-----C-----C-----	7778
A1.UA.00.98UA0116	-----G-----G-----T--A--GC-----G--A-----CA--C---C-G-----C-----	8556
A1.UG.92.92UG037	---G---G--A--C---G--G--T--A--GC-----C-----A-----A-----CA-----C-G-----C-----	7930
A1.UG.98.98UG57136	-----G-----G-----T--A--GC-----C-----A-----T-----A-----CA--A---C-G-----C-----	7759
A2.CD.97.97CDKFE4	-----G-----G-----T--G--GC-----C--A-----A-----T--GCA-----G-----C-----	5100
A2.CD.97.97CDKS10	---AC---G-----G-----T--A--GC-----C--A-----A-----T--GCA-----C-G-----C-----	4685
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----G-----T--A--GC-----C--A-----A-----T--GCA-----C-G-----C-----	7879
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----G--T--C---GC-----C--A-----T-----T-----T--GCA--A---C-G-----C-----	7941
A3.SN.01.DDI579	-----G---C---G---T--A-----A-----T-----T-----CAC-----C-G-----C-----	7773
A3.SN.01.DDJ369	-----A-----G-----T--A--GC--A--C--A-----T-----G-----CACA-----C-G-----C-----	7791
A3.SN.96.DDJ360	-----G-----G--C--T--A-----G-----C--A-----C--G-----T-----T-----CAC-----C-G-----C-----	7755
B.AR.00.ARMS008	-----GG-----CT--TA--C---C-----C--A--A-----A-----A-----C-G-----C-----	7821
B.AU.96.MBCD36	-----C-----AA-----T--T--C--A--C-----C--A--A-----A-----CT-----A-----C-G-----C-----	7971
B.CO.01.PCM074	-----C-----AA-----T--T--C--A--C-----C--A--A-----A-----G--A-----G--A-----	7795
B.GA.88.OYI	-----GGAA-----G--T--T--A-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----	8108
B.NL.00.671_00T36	---G---GGG--C---T--T--A--A--C---T--C-----T-----C-----GT-----	8130
B.RU.-.04RU129005	-----CR--AC---G--T--T--A--GA-----T--C-----AC--GA-----C-----	8078
B.TH.90.BK132	---C---GGA--C---G--T--T--A--A--T---T--C-----A-----A-----TC-----C-----	7898
B.US.90.WEAU160	-----GGAA-----G--T--T--AA-----T--C--A-----CT-----TC-----C--A-----	8576
B.US.98.1058_11	-----GGA--C---G--T--T--A--A--C---T-----A-----T-----CT-----A-----A-----G-----C--C-----	7758
C.AR.01.ARG4006	A-----G-----G-----T--AT--GC-----C--A-----G--AA-----A--A--A---C-G-----AGCG--C	7760
C.BR.-.04BR013	-----G-----T--AC--GC-----C--A-----A-----T-----A-----A--A--A---C-G-----GCA-----	8060
C.BR.92.BR025-d	-----G-----T--A--GCG-----C--A--A---C-G-----T-----A-----A--A--A---C-G-----AGCG--	7906
C.BW.00.00BW07621	-----G-----G-----T--A--GT-----C-----T-----A-----CA--A--G--C-G-----AGCG--	7904
C.ET.86.ETH2220	-----A--C---G-----T--A--A--T--T-----C-----T-----T-----A-----C--G-----CA-----	7945
C.IN.95.95IN21068	A-----G-----T--A--T-----C-----A-----A-----CA--A--AG--G--C--G-----AG--GC--	7940
C.IN.99.01IN565_10	A-----TG-----T--A--GC-----C-----T-----T-----A-----CA--A--AG--GAC--G-----AGGA--	7946
C.KE.00.KER2010	A---G---G-----T--A--G--GC-----C-----T-----T-----A-----GCA--A-----G-----G--G--	7758
C.TZ.01.BD9_11	AC--G---G--G---G-----T--A--GC-----C-----T-----T-----T-----AA-----CA--A-----G-----GGG--	7779
C.UY.01.TRA3011	-----G-----G-----T--AC--GC-----C-----C-----T-----T-----A-----A--A--A---C--GT-----AGCG--	7746
C.ZA.04.SK164B1	A-----G-----G-----G-----T--A--G-----A--C-----A-----A-----CA--A-----C--GG-----AGCA--C	7939
C.ZM.96.96ZM651	A---G---G---G---G-----G-----T--A--GC-----C--A-----A-----A-----CA--A--G--GAC--G-----AGCG--	7924
D.CD.83.ELI	-----G--GA---GC-----T--C-----C-----C-----A-----A-----A-----A-----C--GT-----	8105
D.CD.83.NDK	-----G-----G-----TA--T-----T-----C--A--A-----A-----C--A--A---C--G-----	8073
D.CM.01.01CM_4412HAL	---G---G---G---G-----T--CA-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----C--G-----	7758
D.KE.01.NKU3006	---G---G---G---G-----TA--CA-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----C-----	7812
D.TD.99.MN012	---A---G---G---G-----T--CA-----A-----A-----A-----A-----A-----C--GT-----C-----	7780
D.TZ.01.A280	---G---G---G---G-----T--CA-----A-----A-----G--A-----A-----A-----CC--A-----C-----	7757
D.UG.94.94UG114	---G---G---G---G-----TA--CA-----T--A--A-----T-----T-----A-----A-----A-----C--G-----	7887
D.UG.99.99UGD23550	---G---G---G---G-----T--CC-----C--A--A-----C--A--A-----A-----A-----A-----C-----	7788
D.UG.99.99UGK09958	---G---G---G---G-----T--CA-----C-----CT--A--A-----AA-----A-----A--A--CA---C--G-----	7728
D.ZA.86.R482	---A--A---GA--CG---T--CC-----C-----CT--A--A-----G-----G-----C-----C-----C--G-----	7757
F1.BE.93.VI850	A-----G--G--C---C-----T--A--T--GC-----A-----A-----G--A-----CA--A--A---C--G-----	7846
F1.BR.89.BZ126	AC--G---G--G--C---T--AC--T--G-----C--A--A-----G--A-----A--A--A--A--C--G-----	7873
F1.BR.93.93BR020_1	A-----G--GA-----C-----T--A--T--GC-----C-----A-----G--A-----CA--A--A---C--G-----	7873
F1.FI.93.FIN9363	A-----G--G-----T--A--T--G-----CT--A--A-----G--A-----CA--A--A---C--G-----	7865
F1.FR.96.MP411	---A---G---G---G---T--T--G--G-----C--A--A-----G--A-----CA--A--A---C--G--A-----C-----	7736
F2.CM.02.02CM_0016BBY	A-----G--GA-----G-----T--A--GC-----C--A-----G--A-----CA--A-----C--G-----CA--	7728
F2.CM.95.MP255	A-----GA-----G-----T--AC--C-----C--A-----TCT-----G--A-----A--A-----C-----	7728
F2.CM.95.MP257	A-----CA-----G-----T--A--GC-----CT--CA-----G-----T-----A-----CA--A--A---C--G-----	7761
F2.CM.97.CM53657	A--AC---G--CA---G-----T--A--GC-----CT--CA-----G--A-----CA--A--A---C--G-----C-----	7740
G.BE.96.DRCBL	-----G-----T--A--GC-----C--A-----CA-----CA-----C--G-----CG--	8508
G.CM.01.01CM_4049HAN	A--A---A---A---G-----G-----T--A--GC-----C--A-----T-----T-----A-----GTG-----C--G-----CA--C	7758
G.ES.99.X138	A-----A-----G-----T--A--G--GCG-----C--A-----T-----C-----CA-----C-----CA--	8004
G.FI.93.HH8793_12_1	A-----G-----G-----T--A--T--GC-----C-----CA-----A-----C--G-----CG--	7939
G.NG.92.92NG083	-----C-----G-----T--A--G--GC-----C-----T-----T-----G-----G-----C--G--A-----CG--	7895
G.SE.93.SE6165	---G---AG--G---G-----T--AC--G-----C-----C-----CCA-----G-----CA-----	7987
H.BE.93.VI991	-----G-----G-----G-----T--C--G-----G-----C-----A-----G-----G-----C-----C-----	7968
H.BE.93.VI997	---G---G---G---G---T--AC--GA--G-----C--C-----CA-----G--T-----C-----TA-----C-----	7883
H.CF.90.056	---G---G---G---G---T--AC--G--G-----C--C-----CA-----G--T-----A-----GT-----C-----	7888
J.SE.93.SE7887	---AC---G---G---T--C--A--T--GC-----C-----A-----T-----T-----A-----CG-----C--G-----C-----	7876
J.SE.94.SE7022	---AC---G---G---T--A--T--GC-----C-----A-----T-----T-----A-----CG-----C--G-----C-----	7883
K.CD.97.EQTB11C	A-----G--GA-----C--G--G--T--A--T--GC-----A-----A-----G--A-----G--A-----CG-----C-----	7752
K.CM.96.MP535	A--A---AG---G---G---T--A--G--GC-----A-----A-----G--AA-----A-----A-----A-----G-----CC-----	7729
01_AE.TH.00.OUR200I	-----G--G--C---C--G---T---AGT--G--G-----A-----A-----G-----C-----C--GT-----C-----	7777
01_AE.TH.01.OUR414I	---TG--G---G---T--CT--G--G-----C--C-----A-----A-----CA-----C--G-----C-----	7762
01_AE.TH.02.OUR769I	-----G--G---G---T--A--G--GC-----C-----A-----C-----G-----C-----C-----	7753
01_AE.TH.90.CM240	-----AG--G---G---T--A--GC-----A-----A-----G-----AC-----C--G-----CG--	8122

Tat ends most strains \

B.FR.83.HXB2 GAGACAGATCCATTGCGATTAGTGAACGGATCCTTGGCACTTATCTGGGACGATCTGCGGAGCCTGTGCCTCTTCAGCTACCACCGCTTGAGAGACTTACTCTTGATTGTAACG.....AGGATTGT 8569

02 AG.CM.02.02CM 1669LE --A-----G-G-----G-----T--A--T--GC-----A-----TG-----G-----C--- 7720

02 AG.FR.91.DJ264 A-----G-G-----C-G-----T--A--A-----GC-----TG-----C-GT-----GC--- 7903

02 AG.NG.-.IBNG A-----G-G-----G-----T--A--A-----GC-----A-----A-----C-G-----C--- 8075

02 AG.UZ.02.02UZ693 -----G-G-----G-T--A--T--G-G-----C--A-----A-----TGC-----C-G-----C-C 7723

03 AB.BY.00.98BY10443 -----C-----T--A-----C--A-----G--T-----A-----C-G-----C--- 8523

03 AB.RU.97.KAL153_2 -----C-----A--T--A-----C--A-----T-----T-----A-----C-G-----C--- 7746

03 AB.RU.98.RU9800I -----C-----C--T--A-----C--A-----A-----T-----A-----C-G-----C--- 7884

04 cpx.CY.94.CY032 --AG-----C-----T--C-----C-----A-----G--A-----A-----A-----G-----C--- 7942

04 cpx.GR.91.97PVCH --AG-----G--T--C-----C-----A-----A-----A-----A-----C-G-----C--- 8668

04 cpx.GR.97.97PVMY --AT-GA-----T--C-G--G-----C-----A-----G--AA-----A-----A-----G-----A-C--- 8623

05 DF.BE.-.VI1310 ---G-----A-----G-----C-T--CA-----A-----A-----A-----AC---A-----GT----- 7975

05 DF.BE.93.VI961 -----G-----G--C-----TG-C-A-----C--A-----A-----A-----A-----C-G----- 7926

05 DF.ES.99.X492 -----AG-----GC--G--G-TA-C-A-----C--A-----A-----A-----A-----C-G-----AG--- 7889

06 cpx.AU.96.BFP90 --AC-----G-----G-----G--T--A-----GC-----T-----A-----CGG-----C-G-----C--- 8617

06 cpx.EE.-.EEO359 ACAC--C--G-----C-----T--A-----C-----A-----TA-----CGG-----G-----C--- 8228

06 cpx.ML.95.95MLL127 --AC-----G-----T--A-----GC-----C--A-----T-----A-----CG-----C-G-----C--- 8562

06 cpx.SN.97.97SE1078 --AC-----G-----T--A--T--GC-----A-----A-----G-----TA-----CG-----CT-----C--- 8607

07 BC.CN.-.CNGL179 A-----T--A--G--GC-----A-----A-----A-----A-----CA--A--AG-G-C-G-A.....AG-G-- 7771

07 BC.CN.97.97CN001 -----T--A--G--GC-----C-----A-----A-----G--G-----CA--A--AG-G-C-G-----AG-G-- 7891

07 BC.CN.97.CN54 -G-----T--A--G--GC-----C-----A-----A-----G-----CA--A--AG-G-C-G-----G-G-- 7921

07 BC.CN.98.98CN009 A-----T--A--G--GC-----A-----A-----A-----A-----CA--A--AG-G-C-G-----AG-G-- 7891

08 BC.CN.97.97CNGX_6F A-AC--C-----T--A--G--GC-----C--A-----A-----T-----T-----CA--A--AC-GAC-G-----AGGG-- 7748

08 BC.CN.97.97CNGX_7F A-AC-----C--A-----T--A--GA--GC-----C--A-----A-----T-----T-----CA--A--AC-GAC-G-----AGGG-- 7742

08 BC.CN.97.97CNGX_9F A-AC-----T--C--A--GC-----C--A-----A-----T-----T-----CA--A--AC-GAC-G-----AGGG-- 7730

08 BC.CN.98.98CN006 A-A-----C-----T--A-----GC-----C-----A-----A-----T-----T-----CA--A--AC-GAC-G-----AGGG-- 7903

09 cpx.GH.96.96GH2911 A--T-----A-----G-----T--C--G--GC-----C--A-----A-----A-----CA--A--A--C-G-----C--- 7741

09 cpx.SN.95.95SN1795 A-----G-----G-----T--A-----GC-----CT--A--A-----A-----A-----CA-----C-G-----C--- 7768

09 cpx.SN.95.95SN7808 A-----G-G-----T--A-----GC-----CT--A--A-----A-----A-----CA-----C-G-----C--- 7744

09 cpx.US.99.99DE4057 A-----G-----T--A-----GC-----C--A-----A-----T-----T-----CA--A-----C-G-----C--- 7762

10 CD.TZ.96.96TZ_BF061 ---G-----G--G-----T--A--G-----C--A-----A-----A-----A-----A-----C-----C--- 7921

10 CD.TZ.96.96TZ_BF071 -----G-----G-----T--CT--GA--G-----C--A-----A-----A-----A-----A-----C-----C--- 7951

10 CD.TZ.96.96TZ_BF110 ---G-----G-----G-----TA-CA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C--- 7934

11 cpx.CM.02.02CM 2190SA --AC-----G-----C-----T--A--T--GC-----C--A-----A-----G--T-----G-----C-G----- 7736

11 cpx.CM.96.4496 --AC-----G-----C-G-----T--A-----A-----A-----A-----A-----CR-----C-G----- 7916

11 cpx.FR.99.MP1298 --AG-----G-----C-----T--A-----GC-----A-----A-----T--T-G-CT-----A-----CA--C--C-G-----A--- 8569

11 cpx.GR.-.GR17 --AC--C-----C-G-----T--A-----GC-----A-----A-----CT-----AA-----CA-----G----- 7842

12 BF.AR.97.A32879 A-----G-G-----TA--A-----A--C--A-----A-----A-----A-----A-----A----- 8138

12 BF.AR.99.ARMA159 A--T-----G-G-----TA--A-----C--A-----A-----T-----T-----G----- 8534

12 BF.ES.02.X1241 A-----G-G-----TA--A-----C--A-----A--A--T--T-----C----- 7813

12 BF.UY.99.URTR23 A-----G-G-----T--AT--C-----C--A-----A-----A-----A-----A-----A----- 8567

13 cpx.CM.02.02CM 3226MN -----G-----T--A-----GC-----CA--A-----C-----C-----C--- 7803

13 cpx.CM.96.1849 -----G--C--G-----T--A-----GC-----CA-----C-----C-----C--- 7994

13 cpx.CM.96.4164 -----C-G-----T--A--GA--GC-----C-----A-----T-----CA-----C-----C--- 7961

14 BG.ES.00.X605 A-----R--G--T--A--G--GCG-----A-----T-----T-----CA--A--C-G-----CA-- 8013

14 BG.ES.00.X623 AC-----G-G-----G-----T--A-----GCT-----CM-----A-----T-----CA--G--C-G-----CA-- 7991

14 BG.ES.99.X397 A-----G-----G-----T--A--G--GCG-----A-----A-----T-----T-----CA--A--C-----CA-- 8025

14 BG.ES.99.X421 A-----A-----G--G--T--A--G--GCG-----A-----A-----C-----T-----CA--A--C-G-----CA-- 8004

15 01B.TH.02.02TH_OUR1331 -----G-G--C-----G-----T--A--T--CT-----A-----A-----AG-----G-----C--- 7762

15 01B.TH.02.02TH_OUR1332 -----G-G-----G-----T--A--A--T-----C-----A-----A-----CT-----A-----AG-----G-----C--- 7786

15 01B.TH.99.99TH_MU2079 --A--G-----G-GA-----G-----T--A--C--GC-----A-----A-----G--C-----C-----C--- 7941

15 01B.TH.99.99TH_R2399 -----G-G--C-----T--T--T--GC-----A-----A-----CA-----C-G-----C-----C--- 7966

16 A2D.KR.97.97KR004 -----G-G-----G-----T--A--G--G-----A--C--A-----T--GCA--C--C-G-----C-----C--- 7935

18 cpx.CM.97.CM53379 ---G-----TG-GA-----G-----T--A-----GC-----CG-----A-----G-----C-G-----A-C--- 7767

N.CM.-.YBF106 ---G-----G-G-----G-----T-----G-----G--C--CA--A-----TGA-----CT-----GC-----C-----CA--G--- 8078

N.CM.02.DJO0131 ---G-----G-GA-----C-G-----T--A-----G-----G-CT-CA--A-----TGA-----CT-----C-----C-----CC-GCA--- 8002

N.CM.95.YBF30 ---G-----G-G-----G-----T--CA--T-----G-----G--C--C-----TGA-----CT-----C-----C-----AC-G-G--- 8120

O.BE.87.ANT70 -GCC--G-GG--A-CC-CGCC-C-A--G--T-----GT--G-ACACG--C--CA--A-CAA-AATAT--G-GG-CT-----T-----CA-----GCA-CAGGGA-CCA-----A-G-GA 8617

O.CM.-.96CMABB637 -GC--G-GG-GA-CC-GCA-C-A--G--T-----CA--GT--G-ACACA--CA--CGA-AAT--T-G-GG--T-----G--T-----CAG--GCA-CAGGGA-CCG-----ACG-GAC 8109

O.CM.91.MVP5180 -GCC--AG-GG-CAGCC--GCCACCA--T-----CA--AGT--G-ACACG--CA--CAA-AAT--T-G-GG-CT-----T-----CA-----A--A-CAGGGA-CCG-----C-GA 8643

O.SN.99.SEMP1300 -GCT--G--A-CC-CGCC-C-A--T-----C-----GT--G-ACACG--C--CA--CAA-AAT--T-G-GG-----T-----CA-----GCA-CAGGGA-CCA-----C-G-GA 8655

CPZ.CD.-.ANT -GAT--G-GG-GGGCC--GCA-C--G--T-----C-----CT--G-----TG--C-----AC-----A-AAT--AG-GG--T-----GAT--GC--AC--GT-----ACC-T..... 8017

CPZ.GA.-.CPZGAB --AG-----AG-GA-----G-A--G--G-----C-----C--A-----G-GA--T-GG-----GA-----C-AG-----GC--GC-A-----GTG-AGACAACTC-A--CGT- 8618

CPZ.TZ.-.TAN1 ACAT--G-GG-CG-CC-CGCCAGCA--T-----CAGTA-CG-----G--C--CA--A--CCT-A--GG-TA-----GAC-----TCA--A-----CA--G-----CC-CTG-----TC-GCC- 8225

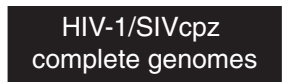
CPZ.US.85.CPZUS AC-T-----A-CGA-----C-G-----A-----G-----A-----T-----A-----CCTGA-----CT-----A-----GAG-----A--A--C-G-G-----CA- 8577

Env gp41 R D R S I R L V N G S L A L I W D D L R S L C L F S Y H R L R D L L L I V T.....R I V Env

Tat exon 2 E T D P F D * Tat

frame3 R Q I H S I S E R I L G T Y L G R S A E P V P L Q L P P L E R L T L D C N.....E D C Rev

Tat ends most strains /



HIV-1/SIVcpz
complete genomes

/ Rev CAA Gln -> TAA stop in groups N, O and subtypes C, CRF07, CRF08

B.FR.83.HXB2	GGAACTTCTGGGACGC.....AGGGGGTGGGAAGCCCTCAAATATTGG.....TGGAACTCTCTACAGTATTGG.....AGTCAG...	8639
A1.KE.94.Q23_17	-----A...AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-A---G---CT.....GTCA-----G---G-----	8097
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-G---G---CT.....G-----T---GGGA-----G-----	8131
A1.SE.94.SE7253	-----A...AGCAGTCTCAAGGGGTTGAGACT-----G---G---CCT.....G---C---T---T-----G-----	7855
A1.TZ.01.A173	-----A...AACAGTCTCAAGGGGTTGAGACT-----G-G---G---CT.....G-----GTT-----G-A-----	7869
A1.UA.00.98UA0116	-----AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-G---G---CT.....G-----T---GGGA---C-----G-----	8647
A1.UG.92.92UG037	-----C---A...AGCAGTCTCAAGGGGTTGAGACT-----GA---G---CT.....G-----GTT-----G---G-----	8021
A1.UG.98.98UG57136	-----G-A...AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G---G---G---CT.....G-----T---TCA-----G-----	7850
A2.CD.97.97CDKFE4	-----A...AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-G-----T.....G---C---T---T-----G---G-----	5100
A2.CD.97.97CDKS10	-----A...AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-G-----T.....G---C---T---T-----G---G-----	4776
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G---A...AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G---G---C---CT.....G---G---T---GGTA-----G-----	7970
A2.CY.94.94CY017_41	-----A...TGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----GT---GA---CT.....T---GTTA---C-----G---G-----	8032
A3.SN.01.DDI579	-----AG...AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----GT---T---CT.....G---T---G---TA-----G---GAG-----	7831
A3.SN.01.DDJ369	-----A...AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----G-G---TC---CT.....G---T---GTTA-----G---AG-----	7882
A3.SN.96.DDJ360	-----AG...AGCAGTCTCAAGGGGCTGAGACT-----GT---T---CT.....G---T---GTTA-----G---GAG-----	7813
B.AR.00.ARMS008	-----C-----A-----A-----A-----CT.....G-----G-----	7891
B.AU.96.MBCD36	-----C-----A-----A-----A-----CT.....G-----G-----	8041
B.CO.01.PCM074	-----A-----A-----G-----A-----GAT-----C-----G-----A-----	7865
B.GA.88.OYI	-----T-----G-----C-----G-----A-----	8178
B.NL.00.671_00T36	-----T-----G-----C-----G-----A-----	8200
B.RU.-.04RUI29005	-----G-----G-----A-----	8148
B.TH.90.BK132	-----T-----T-----G-----C-----	7968
B.US.90.WEAU160	-----T-----T-----G-----C-----	8646
B.US.98.1058_11	-----GAT-----G-----	7828
C.AR.01.ARG4006	-----G-----C-----AT---T---TA.....G-A-GC---TG-G-----G---TA-----	7830
C.BR.-.04BR013	-----AGCAGCCTCAGGGGACTCCAG-----GAT---T---G---TA.....G-A-GC---TG-G---A-----G---TA-----	8151
C.BR.92.BR025-d	-----AGCAGCCTCAGGGGAATACAG---A---AT---T---G---T.....G-AGG---TG-G-----G---TA-----	7997
C.BW.00.00BW07621	-----AGCAGCCTCAGGGGACTCCAG---A---AT---T---CT.....G-A-T---TG-G-----G---TA-----	7995
C.ET.86.ETH2220	-----AGCAGTCTCAAGGGACTACAG-----A---T---CT.....G-A-GC---TG-G-----G---T-----	8036
C.IN.95.95IN21068	-----CGCAGTCTCAGGGGACTACAG-----T---CT.....G-A-G---TG-----G---T-----	8031
C.IN.99.01IN565_10	-----AGCCTTCTCAGGGGACTACAG---AT---T---CT.....G-A-G---TG-----G---TT-----	8037
C.KE.00.KER2010	-----AGCAGTCTCAGGGGACTACAG-A---T---G---CT.....G-A---TGTG-G-----G-----	7849
C.TZ.01.BD9_11	-----AGCAGTCTCAGGGGACTACAG-C---T---G---CT.....G-A-G---TG-G-----G---T-----	7870
C.UY.01.TRA3011	-----AGCAGCCTCAGGGGACTACAG-----AT---T---G---TA.....G---GC---TG-G---A-----G---TA-----	7837
C.ZA.04.SK164B1	-----AGCAGTCTCAGGGGACTACAG-CA---C---T---G---CT.....G-A-GC---TG-G-----G---T-----	8030
C.ZM.96.96ZM651	-----G-----A-----AGCAGTCTCAAGGGGACTACAG-----T---G---CT.....G-A-G---TG-G-----G---T-----	8015
D.CD.83.ELI	A-----CAT-----CT.....C-----G-----	8175
D.CD.83.NDK	-----CCT-----C-----G-----	8143
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----A-----CT.....G---GA-----	7828
D.KE.01.NKU3006	-----A---G---C---T.....G---A-----	7882
D.TD.99.MN012	-----CT-----CT.....G-----	7850
D.TZ.01.A280	-----G-----A-----A---G---CT.....C---G---A-----	7827
D.UG.94.94UG114	-----A-----CT.....G-----	7957
D.UG.99.99UGD23550	-----A---T---CT.....C---G---A---C-----	7858
D.UG.99.99UGK09958	-----A---G---C---T.....T-----	7798
D.ZA.86.R482	-----G---CT.....G-----	7827
F1.BE.93.VI850	-----C.....AGGGGCTGAGG-----T---CT.....G-----ACG-G-----	7916
F1.BR.89.BZ126	-----A-C.....AGGGGCTGAGG-----CT---CT.....G-----ACG-T-----	7943
F1.BR.93.93BR020_1	-----C.....AGGGGCTGAAG-----T---CT.....G-----AC-----	7943
F1.FI.93.FIN9363	-----C.....AGGGGACTGAGG-----CT.....G---CA---A-----	7935
F1.FR.96.MP411	-----C.....AGGGGACTAACC-----A---CTA.....C---GC-----	7806
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----AGGGGACTGAAAG-----T---CT.....G-----GCT-----	7798
F2.CM.95.MP255	-----C.....AGGGGAGTGAAG-----CT.....G-----ACG---C-----	7798
F2.CM.95.MP257	-----C.....AAGGGACTGAAA-----T---CT.....G-----GCG-----	7831
F2.CM.97.CM53657	-----A-C.....AAGGGACTAATA-----AT---CT.....G-----GCG-----	7810
G.BE.96.DRCBL	-----AACAGTCTCAAGGGGACTGAGATT-----T-----T---GTT-----GC---G-----	8599
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----A...AGCAGCCTCAAGGGGACTGAGACT-----G---G---K.....G---G---T---C-----G-----	7849
G.ES.99.X138	R-----YT-----A...AGGAGKCTGAAGGGGACTGAACT-----T---G---K.....G---G---T---A-----G-----	8095
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A...AACAGTCTCAAGGGGACTGAGACT-----G---G---T.....T---GTT-----G---G-----	8030
G.NG.92.92NG083	-----AGCAGCCTCAAGGGGACTGAGACT-----G---G---C---T.....C-----GTT-----G---G-----	7986
G.SE.93.SE6165	-----AGCAGCCTCAAGGGGACTGAGACT-----GT---T---T.....T---GTT-----G---CAG-----	8078
H.BE.93.VI991	-----GGGAGA-----CT---CT.....G-----G-T-----G-A-----	8038
H.BE.93.VI997	-----GGGAGA---AA---G---CCT.....T-----G-A-----	7953
H.CF.90.056	-----GGGAGA---A---CTC.....T---A---C-----G-A-----	7958
J.SE.93.SE7887	-----G-AC-----T-----GAT-----CT.....GT---C---TG---TG-----G-G-----	7946
J.SE.94.SE7022	-----G-AC-----T-----GAT-----CT.....GT---C---TG---TG-----G-G-----	7953
K.CD.97.EQTB11C	-----C.....A-GG-A.....CTGAAGG---A-T-----CCT.....C---GA---T-----G-----	7822
K.CM.96.MP535	-----A-GG-A.....CTGAGGG---T-----CT.....C---TG-----G-----	7799
01_AE.TH.00.OUR200I	-----A...AGCAGTCTCAAGGGGACTGAGAC---T-----G---CT.....G-----T---GTTA-----G-----	7868
01_AE.TH.01.OUR414I	-----A...AGCAGTCTCAAGGGGACTGAGAC---G---CT.....G-----T---GTCA-----G-A-----	7853
01_AE.TH.02.OUR769I	-----A...AGCAGTCTCAAGGGGACTGAGAC---AG---CT.....G-----T---GGTA-----G-C-----	7844
01_AE.TH.90.CM240	-----A...AGCAGTCTCAAGGGGACTGAGAC---G---CT.....G-----T---GTTA-----G-C-----	8213

/ Rev CAA Gln -> TAA stop in groups N, O and subtypes C, CRF07, CRF08

B.FR.83.HXB2	GGAACTTCTGGGACGC.....AGGGGGTGGGAAGCCCTCAAATATTGG.....TGGAACTCTCTACAGTATTGG.....AGTCAG...	8639
02 AG. CM. 02.02CM 1669LE	-----A...AGCAGTCTCAAGGGACTGAGACTA-----CT.....G---CAGT---TCA-C---.....G-A-----	7811
02 AG. FR. 91.DJ264	-----A...AGCAGTCTCAAGGGACTGAGACT---T-----CT.....G-----T---GACA-C---.....G-G-----	7994
02 AG. NG. --IBNG	-----A...AACTGTCTCAAGGGACTGAGACT-----G-----CT.....G-----TA---TCA---C---.....GT-----	8166
02 AG. UZ. 02.02UZ693	---G-----AA...AGCAGTCTCAAGGGACTGCGACT-----T-----CT.....G-----T---ACC-C---.....G-----	7814
03 AB. BY. 00.98BY10443	-----A-----T-----T-----	8593
03 AB. RU. 97.KAL153 2	-----T-----T-----	7816
03 AB. RU. 98.RU9800I	-----T-----T-----	7954
04 cpx. CY. 94.CY032	-----G.....ATA-----G---CT-----CT---G-T-----G-A-----	8012
04 cpx. GR. 91.97PVCH	-----GA-A-----G---CT-----C---G-T-----G-A-----	8738
04 cpx. GR. 97.97PVMY	-----GATA-----G-A---G---CCT-----C---G-T-----G-A-----	8693
05 DF. BE. --VI1310	-----CT-----GC---CG--A-----G-----	8045
05 DF. BE. 93.VI961	-----CT-----G-----	7996
05 DF. ES. 99.X492	-----G-----CT-----	7959
06 cpx. AU. 96.BFP90	---A-----AT-----CT-----G---C--GA--TGT-----G-A-----	8687
06 cpx. EE. --EEO359	---AC---A-A-----GAT-----CCT-----AA--C--GG-GTGT-----G-A-----	8298
06 cpx. ML. 95.95MML127	---G-AC---A-----GAT-----CCT-----G---GC--GG-GTG-----G-A-----	8632
06 cpx. SN. 97.97SE1078	---AC---A-----GAT-----CCT-----G---C--GG-GTGT-----G-A-----	8677
07 BC. CN. --CNGL179	-----AACAGTCTCAGGGGACTACAG-A-----T-----CT.....G-A-G---TG-G---C---.....G-----	7862
07 BC. CN. 97.97CN001	-----AACAGTCTCAGGGGACTACAG--A-----T-----CT.....G-A-G---TG-G---C---.....G-----	7982
07 BC. CN. 97.CN54	-----AATAGTCTCAGGGGACTACAG--A-----T-----CT.....G-A-G---TG-G---C---.....G-----	8012
07 BC. CN. 98.98CN009	-----AACAGTCTCAGGGGACTACAG--A-----T-----CT.....G-A-G---TG-G---C---.....G-----	7982
08 BC. CN. 97.97CNGX 6F	-----AACAGCCTCAGGGGACTACAG-----T-----CT.....G-A-G---TG-G-----G---T-----	7839
08 BC. CN. 97.97CNGX 7F	-----AACAGCCTCAGGGGACTACAG-----T-----CT.....G-A-G---TG-G-----G---T-----	7833
08 BC. CN. 97.97CNGX 9F	-----AACAGCCTCAGGGGACTACAG-----T-----CT.....G-A-G---TG-G-----G---T-----	7821
08 BC. CN. 98.98CN006	-----AACAGCCTCAGGGGACTACAG-A-----T-----CT.....G-A-G---TG-G-----G-G-TA-----	7994
09 cpx. GH. 96.96GH2911	---A---A-----T---C-GAT-----CT.....G-----TGCG--A-----G-----	7811
09 cpx. SN. 95.95SN1795	---A---A-----T---C-GAT-----CT.....GA---TGC-----G-----	7838
09 cpx. SN. 95.95SN7808	---A---A-----T---C-GAT-----CT.....G-----TGCG--A-----G-----	7814
09 cpx. US. 99.99DE4057	---A---T-----T---C-GAT-----CT.....G---C-TG---A-----G-----	7832
10 CD. TZ. 96.96TZ BF061	-----T---G--A-----CT-----T-----	7991
10 CD. TZ. 96.96TZ BF071	-----AA-----CT-----G--A-----TC-----	8021
10 CD. TZ. 96.96TZ BF110	-----AA-----CT-----C---GA-A-----T-----	8004
11 cpx. CM. 02.02CM 2190SA	-----A...AGCAGTCTCAAGGGACTGAGAC-----G-----CT.....G-----TT-GATA-----	7827
11 cpx. CM. 96.4496	---GAC---A-----GATT-----YCT-----G-----AGC-----G-C-A-----	7986
11 cpx. FR. 99.MP1298	---GAC---A-----ATT-----CT-CT-----G-----T---T-----G-C-A-----	8639
11 cpx. GR. --GR17	---AC-----GAGT-----CCT-----G-----AGC---C-----G-C-A-----	7912
12 BF. AR. 97.A32879	---GC-----C-----T-----G--A-----	8208
12 BF. AR. 99.ARMAL59	-----T-----G-----	8604
12 BF. ES. 02.X1241	-----T-----G-----	7883
12 BF. UY. 99.URTR23	-----A---AT-----	8637
13 cpx. CM. 02.02CM 3226MN	-----AGCAGCCTCAGGGGACTGAGACT-----G---T---CT-----A---GGTA-----G-----	7894
13 cpx. CM. 96.1849	---A---AGCAGTCTCAAGGGACTGAGACT-----G---G---CCT-----GGTA-----G---G-----	8085
13 cpx. CM. 96.4164	---AG---AGCAGTCTCAAGGGACTGCGACT-----G---G---CT-----GTTA-----G---G-----	8052
14 BG. ES. 00.X605	---CT---AGCAGTCTCAAGGGACTGAGACT-----G---G---CT-----T---GTTA-----G---G-----	8104
14 BG. ES. 00.X623	---CT---AGCAGTCTCAGGGGACTGAGACT-----G---G---CT-----T---GTT-----G---G-----	8082
14 BG. ES. 99.X397	---CT---AGCAGTCTCAAGGGACTGAGACT-----G---G---CT-----T---GTTA-----G-----	8116
14 BG. ES. 99.X421	---GT---AGCAGTCTCAAGGGACTGAGACT-----G---G---G---CT-----T---GTTA-----G---G-----	8095
15 01B.TH.02.02TH OUR1331	-----AGCAGTCTCACAAGGGACTGAGACT-----G---CT-----G-----T---GATA-----C-----	7853
15 01B.TH.02.02TH OUR1332	-----AGCAGTCTCACAAGGGACTGAGACT-----G---CT-----G-----T---GTTA-----G-A-----	7877
15 01B.TH.99.99TH MU2079	-----AGCAGTCTCAAGGGACTGAGACT-----G---CT-----G-----T---GTT-----G-C-----	8032
15 01B.TH.99.99TH R2399	---GA-C---A---AGCAGTCTCAAGGGACTGAGAC-----TT-----CCT-----G---C---T---G-TA-----G-----	8057
16 A2D.KR.97.97KR004	-----A...AGCAGCCTCAAGGGACTGAGACT-----G-----CT-----C---T---GTT-----G---G-----	8026
18 cpx. CM. 97.CM53379	-----A...AGCAGTCTCAAGGGACTGAGACT-----G---T---C---CT-----CTAT--G-TA-----G-A-A-----	7858
N. CM. --YBF106	---GA-C---CAGAGTCTCAGCAGGGGACTGCAACTACT-AAT---CT-AGA-T-CGC-T-----GGAA-AA-GCA-----G-AA-A-----	8169
N. CM. 02.DJ00131	---G--C---G...AGCCTCATCAGGGGACTGCAACTACT-AAT---CT-AGA-C-CGC-T-----GGAA-AA-GCA-----G-AA-A-----	8093
N. CM. 95.YBF30	---C---CAGAGTCTCAGCAGGGGACTGCAACTACT-AAT---CT-AGA-C-C-C-T-----GGAA-AA-TGCA-----G-AA-A-----	8211
O. BE. 87.ANT70	CAGCTA---A-G-TT...GGACTGTGGATCCTAGGGCAG-A-ATAATTA-T-TTTG-G-AT---T...GCAGC-G-AAC---A-C-----CTA--A-----	8708
O. CM. --96CMABB637	CAGTTAC-----TT...GGACTGGAGATCCTAGGGCAG---ACAATT---TTG-G-C-AACA...G-AGC-G-GR---A-C-----CTA--A-----	8200
O. CM. 91.MVP5180	C---CTAC-----TG...GGACTGTGGATCCTGGGACAA-A-ACAATT---TTGT-G-CT--T...G-AGC-G-AA-G-A-----CTA--A-----	8734
O. SN. 99.SEMP1300	CAGC-A-----TT...GGACTGTGGATCCTGGGACAG-A-ATAATTAGT---TTG-G-AT---C...ATAGC-G-AA---A-C-----CTA--A-----	8746
CPZ. CD. --ANT	-----C---T---C---C---CCTCTGCAGA...ATTACT-TC-GA--GTGCA-CC--CT-GAGAACAACTCAGCACCCTCTG-ACA	8098
CPZ. GA. --CPZGAB	---G--A---AAT-TT...CACAGCCTCAGACTGCTAC-----GAGA--GTGCTGCT---G--GGAA-TA-T-A-----G-AA-----	8700
CPZ. TZ. --TAN1	---C--GCA---AA...CAGGGGATAATCAGCTTGGCACACA-CCT---TAA-AGTGC-A-AACTATCATAGTAGGAGTT-GA-AGA-CATTG-G---AGCAGT...AATACTTA-GCT... 8337	8337
CPZ. US. 85.CPZUS	AC-A-C-----AG...AACATCAACAAGGGACTGCAACT-TT-AAT---CT-AGAGC-CGC---C...GGGG-AA-CGCT-C---GCAAGT-----	8668

Env gp41
Rev

E L L G R R G W E A L K Y W W N L L Q Y W S Q
G T S G T Q G V G S P Q I L V E N S P T V L E S

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	Rev end \ GAACATAAGAATAGTGTCTGTAGCTTGTCTCAATGCCACAGCCATAGCAGTAGCTGAGGGGACAGATAGGGTTATAGAAGTAGTACAAGGAGCTTGTAGAGCTATTCCGCCACATACCTAGAAGAATAAGAC	8769
A1.KE.94.Q23_17	-----A-T-----A-ATC-AG-TG-A-T-A-----GCT-----A-C--A-AT-G-----C-T-----GT-----C----	8227
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----G-----A-C-ATC-AA-AG-A-T-A-----AG-T-----R-----C-----TA-----G-----C-----	8261
A1.SE.94.SE7253	-----ACT-----A--T--TG-A-C-A-----GCT-----G-----T-A--A-AT-G-----T-A-----T-----	7985
A1.TZ.01.A173	-----A-G-----A-AT--TG-A-T-A-----GCT-----A-G--A-AT-----TA-A-----C-----	7999
A1.UA.00.98UA0116	-----G-----A-ATC-A-AG-A-T-A-----G-T-----A-G--A-TT-----TA-----G-----C-----	8777
A1.UG.92.92UG037	-----A-T-----A-AT--TG-A-T-A-----GCT-----AC--A-GCT-G-----T-A-----C--G-----	8151
A1.UG.98.98UG57136	-----A-T-----A-A-C-T-TG-A-T-A-----T-----T-----G--A-G--A-CT-----T-----C-----	7980
A2.CD.97.97CDKFE4	-----T-G-A-----A--T-A-A--T-----A-----T-----A-G--A-----C-----T-A-----C-----	5100
A2.CD.97.97CDKS10	-----T-G--C-----A--A--TG-A-T-AG-----T-----A-G--A-----C-----C--A-----C-----	4906
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----A-----AT-TG-A-T-T-AG-----T-----T-----A-GG--A-----TC-----T-A-----C-----	8100
A2.CY.94.94CY017_41	-----A-GC-----A-CTCT-----T-----T-----A--T-----T-----T-----A-G--A--G-----C--T--T-----G-C-----	8162
A3.SN.01.DDI579	-----A-----A-TCT--TG-C-T-T-A--A-----G-G-T-----G--A--G-----C--T-----T-----T-----	7961
A3.SN.01.DDJ369	-----A-GC-----A-TCT-----T-----T-----A--T-----T-----T-----G--A--G-----C--T-----C-----	8012
A3.SN.96.DDJ360	-----G-----A-----T-----T-----T-----T-----A-A-----G--A-CT-G-----T-----T-----G-----	7943
B.AR.00.ARMS008	-----GC--G-----A--T-----TATG--A-T-AG-----A--T-----A--T-----Y--A-AT-T-----C--AT--T-----	8021
B.AU.96.MBCD36	-----G-GG-----TCA-----T-----T-----T-----C-----C-----AC-A--A--T-----C--T-----T-----	8171
B.CO.01.PCM074	-----G--R-----A-----T-----T-----T-----A-----YY--A--G-T-A-AT-T-----TT-----C-----	7995
B.GA.88.OYI	-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----A--G--A--A-----T-A-----T-----C-----C-----	8308
B.NL.00.671_00T36	-----G-----A-----TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----C-AT--GGA-AT--CT-TA-----	8330
B.RU.-.04RU129005	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8278
B.TH.90.BK132	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8098
B.US.90.WEAU160	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8776
B.US.98.1058_11	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	7958
C.AR.01.ARG4006	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	7960
C.BR.-.04BR013	-----GT--A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8281
C.BR.92.BR025-d	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8127
C.BW.00.00BW07621	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8125
C.ET.86.ETH2220	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8166
C.IN.95.95IN21068	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8161
C.IN.99.01IN565_10	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8167
C.KE.00.KER2010	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	7979
C.TZ.01.BD9_11	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8000
C.UY.01.TRA3011	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	7967
C.ZA.04.SK164B1	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8160
C.ZM.96.96ZM651	-----G-----A-G-----A--TC--TG-A-T-A-----A-A-----A-----A-----T-A--G-----C-T-AG-----	8145
D.CD.83.ELI	-----G-G--C-----AG--T-TG--T-A-----A-----A-----A-----A-----C--G--TTA--G--C-----	8305
D.CD.83.NDK	-----G-G--C-----AG--T-TG--T-A-----A-----A-----A-----A-----C--G--TTA--G--C-----	8273
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----G-----G-----C--A--A--T--CA--A-----A-----A-----A-----A-----G--G--T--T--C-----	7958
D.KE.01.NKU3006	-----G-----G-----C--A--A--T--CA--A-----A-----A-----A-----A-----G--G--T--T--C-----	8012
D.TD.99.MN012	-----G-----G-----C--A--A--T--CA--A-----A-----A-----A-----A-----G--G--T--T--C-----	7980
D.TZ.01.A280	-----G-----G-----C--A--A--T--CA--A-----A-----A-----A-----A-----G--G--T--T--C-----	7957
D.UG.94.94UG114	-----G-----G-----C--A--A--T--CA--A-----A-----A-----A-----A-----G--G--T--T--C-----	8087
D.UG.99.99UGD23550	-----G-----G-----C--A--A--T--CA--A-----A-----A-----A-----A-----G--G--T--T--C-----	7988
D.UG.99.99UGK09958	-----G-----G-----C--A--A--T--CA--A-----A-----A-----A-----A-----G--G--T--T--C-----	7928
D.ZA.86.R482	-----G-----G-----C--A--A--T--CA--A-----A-----A-----A-----A-----G--G--T--T--C-----	7957
F1.BE.93.VI850	-----A-C--C--T-T--A-----A--T-----A-----A-----AA--TT-G--A--G-----G--T-A-----	8046
F1.BR.89.BZ126	-----A-C--C--T-T--A-----A--T-----A-----A-----AA--TT-G--A--G-----G--T-A-----	8073
F1.BR.93.93BR020_1	-----A-C--C--T-T--A-----A--T-----A-----A-----AA--TT-G--A--G-----G--T-A-----	8073
F1.FI.93.FIN9363	-----A-C--C--T-T--A-----A--T-----A-----A-----AA--TT-G--A--G-----G--T-A-----	8065
F1.FR.96.MP411	-----A-C--C--T-T--A-----A--T-----A-----A-----AA--TT-G--A--G-----G--T-A-----	7936
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----G-A-T-----A--TC--T--CA--A-----A--TG-----A-----A--C--A-TC-G--A--G-----T-----	7928
F2.CM.95.MP255	-----G-A-T-----A--TC--T--CA--A-----A--TG-----A-----A--C--A-TC-G--A--G-----T-----	7928
F2.CM.95.MP257	-----G-A-T-----A--TC--T--CA--A-----A--TG-----A-----A--C--A-TC-G--A--G-----T-----	7961
F2.CM.97.CM53657	-----G-A-T-----A--TC--T--CA--A-----A--TG-----A-----A--C--A-TC-G--A--G-----T-----	7940
G.BE.96.DRCBL	-----A-----A-AT--TG--A-A-T--A-----A-CT-----C--A--G-----G--T-A-----	8729
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----A-----A-AT--TG--A-A-T--A-----A-CT-----C--A--G-----G--T-A-----	7979
G.ES.99.X138	-----A-----A-AT--TG--A-A-T--A-----A-CT-----C--A--G-----G--T-A-----	8225
G.FI.93.HH8793_12_1	-----A-----A-AT--TG--A-A-T--A-----A-CT-----C--A--G-----G--T-A-----	8160
G.NG.92.92NG083	-----A-----A-AT--TG--A-A-T--A-----A-CT-----C--A--G-----G--T-A-----	8116
G.SE.93.SE6165	-----A-----A-AT--TG--A-A-T--A-----A-CT-----C--A--G-----G--T-A-----	8208
H.BE.93.VI991	-----G-----A--T--A--T--A--T--A-----T-----A-----A-----C--A--G-----G-----C-T-----	8168
H.BE.93.VI997	-----G-----A--T--A--T--A--T--A-----T-----A-----A-----C--A--G-----G-----C-T-----	8083
H.CF.90.056	-----G-----A--T--A--T--A--T--A-----T-----A-----A-----C--A--G-----G-----C-T-----	8088
J.SE.93.SE7887	-----A-----A--T--A--T--A--T--A-----T-----A-----A-----C--A--G-----G-----C-T-----	8076
J.SE.94.SE7022	-----A-----A--T--A--T--A--T--A-----T-----A-----A-----C--A--G-----G-----C-T-----	8083
K.CD.97.EQTB11C	-----GA-----CA--A--T--A--T--A-----A-----A-----AA--C--GA--T-CA--T-----T-A-TT-----	7952
K.CM.96.MP535	-----GA-----CA--A--T--A--T--A-----A-----A-----AA--C--GA--T-CA--T-----T-A-TT-----	7929
01_AE.TH.00.OUR200I	-----A-C-----A-CTCT--TG--TG--A-----G-G-T-----C--A--G-----C--T-----T-----	7998
01_AE.TH.01.OUR414I	-----A-C-----A-CTCT--TG--TG--A-----G-G-T-----C--A--G-----C--T-----T-----	7983
01_AE.TH.02.OUR769I	-----GA-T-----A-TCT--T-TG--T-T-A-----G-G-T-----C--A--G-----C--T-----T-----	7974
01_AE.TH.90.CM240	-----A-T-----A-TCT--T-TG--T-T-A-----G-G-T-----C--A--G-----C--T-----T-----	8343

Rev end \

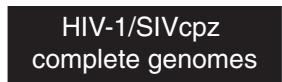
B. FR. 83. HXB2
 02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE
 02 AG. FR. 91. DJ264
 02 AG. NG. -. IBNG
 02 AG. UZ. 02. 02UZ693
 03 AB. BY. 00. 98BY10443
 03 AB. RU. 97. KAL153 2
 03 AB. RU. 98. RU98001
 04 cpx. CY. 94. CY032
 04 cpx. GR. 91. 97PVCH
 04 cpx. GR. 97. 97PVMY
 05 DF. BE. -. VI1310
 05 DF. BE. 93. VI961
 05 DF. ES. 99. X492
 06 cpx. AU. 96. BFP90
 06 cpx. EE. -. EEO359
 06 cpx. ML. 95. 95ML127
 06 cpx. SN. 97. 97SE1078
 07 BC. CN. -. CNGL179
 07 BC. CN. 97. 97CN001
 07 BC. CN. 97. CN54
 07 BC. CN. 98. 98CN009
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F
 08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F
 08 BC. CN. 98. 98CN006
 09 cpx. GH. 96. 96GH2911
 09 cpx. SN. 95. 95SN1795
 09 cpx. SN. 95. 95SN7808
 09 cpx. US. 99. 99DE4057
 10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061
 10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071
 10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110
 11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA
 11 cpx. CM. 96. 4496
 11 cpx. FR. 99. MP1298
 11 cpx. GR. -. GR17
 12 BF. AR. 97. A32879
 12 BF. AR. 99. ARMA159
 12 BF. ES. 02. X1241
 12 BF. UY. 99. URTR23
 13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN
 13 cpx. CM. 96. 1849
 13 cpx. CM. 96. 4164
 14 BG. ES. 00. X605
 14 BG. ES. 00. X623
 14 BG. ES. 99. X397
 14 BG. ES. 99. X421
 15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1331
 15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1332
 15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079
 15 01B. TH. 99. 99TH_R2399
 16 A2D. KR. 97. 97KR004
 18 cpx. CM. 97. CM53379
 N. CM. -. YBF106
 N. CM. 02. DJ00131
 N. CM. 95. YBF30
 O. BE. 87. ANT70
 O. CM. -. 96CMAAB637
 O. CM. 91. MVP5180
 O. SN. 99. SEMP1300
 CPZ. CD. -. ANT
 CPZ. GA. -. CPZGAB
 CPZ. TZ. -. TAN1
 CPZ. US. 85. CPZUS

GAACATAAGAATAGTGTCTGTTAGCTTGTCTCAATGCCACAGCCATAGCAGTAGCTGAGGGGACAGATAGGGTTATAGAAGTAGTACAAGGAGCTTGTAGAGCTATTCGCCACATACCTAGAAGAATAAGAC

8769
7941
8124
8296
7944
8723
7946
8084
8142
8868
8823
8175
8126
8089
8817
8428
8762
8807
7992
8112
8142
8112
7969
7963
7951
8124
7941
7968
7944
7962
8121
8151
8134
7957
8116
8769
8042
8338
8734
8013
8767
8024
8215
8182
8234
8212
8246
8225
7983
8007
8162
8187
8156
7988
8299
8223
8341
8838
8330
8864
8876
8228
8830
8467
8798

Env gp41
Rev

E L K N S A V S L L N A T A I A V A E G T D R V I E V V Q G A C R A I R H I P R R I R
 G T K E *
 Rev end /



	Env gp41, gp160 end \	/ Nef start	
B.FR.83.HXB2	AGGGCTTGGAAAGGATTTTG...CTATAA	GATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGATTGGATGGCTACTGTA	AGGGAAAGAATG...AGA...CGA... 8862
A1.KE.94.Q23_17	-----A-----GC-----	C-----G-----CA-AG-G-----GAGA-T-----T...	8320
A1.RU.03.03RU20_06_13	-A--GYA--A-GC--A...-A--	C--G--A--A-GC-----CC-AG-G-----CAG-T-----A...G--	8354
A1.SE.94.SE7253	-----T-----GA-GC-----	T-----A-----CA-AG-G-----G-GAG-C-----GC-A-----AG...	8078
A1.TZ.01.A173	-----A-----GC-----	T-----G-----CA-AG-G-----GAGA-T-----A-----	8092
A1.UA.00.98UA0116	-----GCA-----GC-----A-----	C-----G-----A-----CA-AG-G-----CAGA-T-----T-A-----	8870
A1.UG.92.92UG037	-----C-----GC--A-----	C-----AA-----G-----T-CA-AG-G-----GAG-T-----A-----	8244
A1.UG.98.98UG57136	-A--A--A--GC-----	C-----G-----C-CA-AG-G-----GAG-T-----G-A-----A...	8073
A2.CD.97.97CDKFE4	-----C-----AGC--A-----	A-----GAA-----CCA-AG-G-----G-A-T-----G-----A-----A--ACTC	5100
A2.CD.97.97CDKS10	-----C-C-----GCG--A-----	A-----G-----A-CCA-AG-G-----GAGA-T-----	5003
A2.CD.97.97CDKTB48	-----A-----GC--A-----	A-----G-----G-CA-ACCA-----G-A-T-----G-----A-----	8193
A2.CY.94.94CY017_41	-----A-----GC-----	A-----G-----G-CA-ACCA-----G-A-T-----G-----A-----	8255
A3.SN.01.DDI579	-----A-----GC-----	C-----C-----ACAAGAG-----A-AG-T-----T-----A-----	8054
A3.SN.01.DDJ369	-----A-----GC-----	C-----C-----G-G-----G-GAAA-T-----AA-----	8099
A3.SN.96.DDJ360	-----A-----GC-----	C-----C-----CC-AGCG-----GAG-T-----T-G-----A-----	8036
B.AR.00.ARMS008	---T--A--GC-----G-----	CT-...AA-G-----GA-A--T-----T-G-----	8111
B.AU.96.MBCD36	---C--A--T--GC-----	AG-----G-----AG-A--A--A-G-A-C-G-A--GGT-G-----	8258
B.CO.01.PCM074	---A--A--GC-----	A-----A-----C-----CC-----AG-A-----	8088
B.GA.88.OYI	---A--A--GC-----	T-----A-----AG-----A-----AG-----	8401
B.NL.00.671_00T36	---A--A--A-----	A-----A-----CA-AG-G-GG-----G-G-G-----CA-----	8423
B.RU.-.04RU129005	---C-----	A-----A-----CA-AG-R-GG-----G-----A-----	8371
B.TH.90.BK132	---GC-----	A-----A-----TG-----G-----A-----	8185
B.US.90.WEAU160	---A--GC-----	---TA-----C-----GT-G-----G-A-----A-----	8869
B.US.98.1058_11	---A--GC-----	---C-----A-TG-G-----C-----AA-----A-----	8051
C.AR.01.ARG4006	---T--T--GCAGC-----A-----	A-----GAA-----T-G-----G-----	8044
C.BR.-.04BR013	---T--T--GCAGC-----A-----	A-----GAA-----A-----T-----CCCAG-G-----T-G-A-----A-----	8374
C.BR.92.BR025-d	---T--T--GCAGC-----A-----	A-----GAA-----A-----T-----ACAG-G-----C-----G-A-----A-----	8220
C.BW.00.00BW07621	---A--T--T--GCAGC-----A-----	A-----G-----C-----A-AG-----G-----A-----A-----	8218
C.ET.86.ETH2220	---C-----GCAGC-----A-----	A-----G-----C-AT-----T-----CCAG-A-----G-A-----A-----	8259
C.IN.95.95IN21068	---T--T--GCAGC-----A-----	A-----G-----T-C-CA-AG-----GA-A-----A-G-----	8254
C.IN.99.01IN565_10	---T--T--GCAGC-----A-----	A-----G-----GC-C-----G-A-----A-----	8254
C.KE.00.KER2010	---C--T--GCAGC-----A-----	C-----A-----C-----CA-AG-----G-----	8072
C.TZ.01.BD9_11	---T--T--GCAGC-----A-----	A-----G-----T-C-----G-----A-----A-----	8087
C.UY.01.TRA3011	---T--T--GCAGC-----A-----	A-----GAA-----A-----T-----CCAG-G-----GA-A-----A-----A-----	8060
C.ZA.04.SK164B1	---T--T--GCAGC-----A-----	A-----G-----C-----CA-AG-----G-A-----A-----C-----	8253
C.ZM.96.96ZM651	---T--T--CAGC-----A-----	A-----G-----C-----A-AG-----G-----A-G-----A-----	8238
D.CD.83.ELI	---A--A--TC--A--T-----	A-----A-----A-----A-AG-G-----G-A-----A-----A-----	8398
D.CD.83.NDK	---C-----	A-----A-----A-----T-AG-----G-A-----A-----AA-----	8366
D.CM.01.01CM_4412HAL	-A--T--C--GC-----G-----	A-----A-----A-----CA-AG-C-----G-A-----A-----A-----	8051
D.KE.01.NKU3006	---T--C--GC-----G-----	A-----A-----A-----A-A-----G-A-----A-----A-----	8105
D.TD.99.MN012	---T--C--GC-----G-----	A-----A-----A-----G-----A-AG-C-----G-A-----A-----G-----	8073
D.TZ.01.A280	---GC--A-----	A-----A-----A-----A-AG-----G-A-----A-----AA-----	8050
D.UG.94.94UG114	---GC--A-----	A-----A-----A-----A-AG-G-----G-----A-----A-----	8180
D.UG.99.99UGD23550	---A--GC--A-----G-----	A-----A-----A-----A-AG-G-----G-----A-----A-----	8081
D.UG.99.99UGK09958	---T--T--A-----	.AT-----T-----T-AG-----G-----A-----C-----	8022
D.ZA.86.R482	---T--T--A-----	A-----A-----A-----A-AG-----G-A-----A-----	8050
F1.BE.93.VI850	---GCA--GC-----G-----	A-----G-----C-----A-AG-----G-----G-----A-----	8139
F1.BR.89.BZ126	---C-----GC-----G-----	A-----C-----CA-AG-----G-A-----A-----	8166
F1.BR.93.93BR020_1	---A--AG--A--GC-----A-----	A-----A-----A-----A-AG-----G-A-----G-----	8166
F1.FI.93.FIN9363	---A--AG--A--GC-----A-----	A-----A-----A-----A-AG-----G-A-----G-----	8158
F1.FR.96.MP411	---A--A--G-----	A-----T-----A-----A-AG-----G-A-----A-----A-G-----	8029
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---T--C--GC-----	A-----A-----A-----A-AG-----A-AG-----A-----A-----	8021
F2.CM.95.MP255	---TGCT--T-----	A-----A-----A-----A-AG-----A-----	8018
F2.CM.95.MP257	---TC--T--AGC-----	A-----A-----A-----A-AG-----G-A-----A-----	8051
F2.CM.97.CM53657	---TGCA--GC-----	A-----A-----A-----AAAAG-----A-----A-----	8033
G.BE.96.DRCBL	---A--A--AGC-----	A-----AAA-----G-AA--AGC-----CGAG-----C-A-----A-----	8822
G.CM.01.01CM_4049HAN	-A--A--A--AGC-----	A-----A-----A-----CA-AG-----AGA-----A-----A-----A-----	8072
G.ES.99.X138	-R--A--A--A-----	C-----G-----T-----TCCA-AG-----G-----GAKA-----A-----A-----	8318
G.FI.93.HH8793_12_1	-A--A--A--AGC-----	A-----A-----A-----A-----A-----G-G-----A-----A-----	8244
G.NG.92.92NG083	-A--A--A--AGC-----	A-----G-----A-----CA-AG-----CAGA-----A-----A-----	8209
G.SE.93.SE6165	-A--A--A--AGC-----	A-----A-----A-----CA-AG-----CGAG-----A-----A-----AAC-----	8301
H.BE.93.VI991	---T--T--GC-----	CA-----A-----A-----G-T-----A-A-G-----G-----A-----A-----	8262
H.BE.93.VI997	---C--T--GC-----	CA-----A-----A-----A-----A-AG-----G-----G-----A-----G-----	8177
H.CF.90.056	---T--T--A-GC-----	TA-----A-----A-----GA--GG--G--T-----A-----G-----	8182
J.SE.93.SE7887	---T--A--AGC-----	A-----A-----A-----GAA-----A-----CAG-----G-----	8157
J.SE.94.SE7022	---T--A--AGC-----	A-----A-----A-----GAA-----A-----CAG-----C-----G-----	8164
K.CD.97.EQTB11C	---T--T--AC--A-----	A-----A-----A-----A-AG-----T-----AA-----	8045
K.CM.96.MP535	---TC--C--AGC-----A-----	A-----A-----A-----A-AG-----G-A-----	8022
01_AE.TH.00.OUR200I	---A--A--GC-----CTG-C-----	C-----A-----A-----CA-AG-G-----CAG-C-----A-----G-----A-----	8094
01_AE.TH.01.OUR414I	---A--A--GC-----	A-----A-----C-----CA-AG-G-----CAG-C-----A-----AG-----AA-----	8074
01_AE.TH.02.OUR769I	-A--A--A--GC-----	.AC-----A-----G-----CA-AG-G-----CAAAA-----A-----G-----A-----	8068
01_AE.TH.90.CM240	---A--A--C-----	C-----AA-T-----CA-AG-G-----CAG-C-----A-----A-----AG-----A-----	8436

	Env gp41, gp160 end \	/ Nef start	
B.FR.83.HXB2	AGGGCTTGGAAAGGATTTTG...CTATAA	GATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGATTGGATGGCTACTGTA	AGGGAAGAATG...AGA...CGA... 8862
02 AG.CM.02.02CM.1669LE	---C-A---GC---	C-----C-CA-AG-G-----CAG-T---	A...G...A... 8034
02 AG.FR.91.DJ264	-A-TC-C---GC---	C-----C-CT-AG-G-----AG-T---	A...T...AG... 8217
02 AG.NG.-.IBNG	---C---GC---	C-----C-CA-AG-G-----AG-T-T-A---	A...A... 8389
02 AG.UZ.02.02UZ693	---C---GC---	C-----C-CA-AG-G-----CGG-T---	CAT...A... 8037
03 AB.BY.00.98BY10443	---GCA---A-GC---	C---G---A-----CA-AG-G-----CAG-T---	A... 8816
03 AB.RU.97.KAL153_2	---GCA---A-GC---	C---G---A-----CA-AG-G-----CAG-T---	A... 8039
03 AB.RU.98.RU9800I	---GCA---A-GC---	C---G---A-----CA-AG-G-----CAGA-T---	A...C... 8177
04 cpx.CY.94.CY032	---C-T---AGC---	A---A---A-----CA-AG-----GAGA---	G...G... 8236
04 cpx.GR.91.97PVCH	---T---AAGC---	A---A---T-A-----CT-AG-G-----G-GA---	G...G... 8961
04 cpx.GR.97.97PVMY	---C-T---AGC---	AA---AAAT---A-----AG-G---	G...G... 8905
05 DF.BE.-.VI1310	---A---GC---	A-----A-AG-----G-A---	A...C... 8268
05 DF.BE.93.VI961	---A---AGC---	A-----A-GA-AG-----G-A---	A... 8219
05 DF.ES.99.X492	---A---AGC---	A-----AC-A-AG-----T-GAA---	A... 8182
06 cpx.AU.96.BFP90	-A-A-T---AGC---	A---AAA---A-----T-CAG---	G... 8898
06 cpx.EE.-.EEO359	-A-A-T---AGC---	A---A---A-----CA-AG-A-T---GAGA---	T-A... 8521
06 cpx.ML.95.95ML127	-A-A-T---AGC---	A---AA---A-----CA-AG-G---CAG---	A...A... 8855
06 cpx.SN.97.97SE1078	-A-A-T---AGC---	A---A---A-----C-CA-AG-G---AG---	A... 8900
07 BC.CN.-.CNGL179	---T---GCAGC---	A---G---A---G-----CA-AG-----G-A---	G...G... 8082
07 BC.CN.97.97CN001	---T---GCAGC---	A---G---G-----CA-AG-----G-A---	G...A... 8205
07 BC.CN.97.CN54	---T---GCAGC---	A---G---G-----CA-AG-----G-A---	G...A... 8235
07 BC.CN.98.98CN009	---T---GCAGC---	A---G---G-----CA-AG-----GA-A---	G... 8202
08 BC.CN.97.97CNGX_6F	---T---GCAGC---	A---G---A-----CA-AG-G---G-A---	A...A... 8062
08 BC.CN.97.97CNGX_7F	---T---GCAGC---	A---G---A-----CA-AG-----G-A---	A...A... 8056
08 BC.CN.97.97CNGX_9F	---T---GCAGC---	A---G---A-----CA-AG-----G-A---	A...A... 8044
08 BC.CN.98.98CN006	---T---GCAGC---	A---G---A-----CA-AG-----G-A---	A...A... 8217
09 cpx.GH.96.96GH2911	---T---GC---	C-----RCA-AG-G-----GAGA-T---	A...A... 8034
09 cpx.SN.95.95SN1795	---C---AGC---	C-----G-AAA-AG-A-----GAGA-T---	A...A... 8061
09 cpx.SN.95.95SN7808	---C---GC---	C-----A-AG-G-----GAGA-T---	A...A... 8037
09 cpx.US.99.99DE4057	---A---GC---	C-----A-AGA-GCG-----AGAGA-T---	A...A... 8055
10 CD.TZ.96.96TZ_BF061	---G---GC---A...	A---A---A-----A-AG-----CAG---	A...A... 8214
10 CD.TZ.96.96TZ_BF071	---GC---GC---C...	A---A---A-----A-AG-----G-A---	A...A... 8244
10 CD.TZ.96.96TZ_BF110	---T---A---AGC---A...	A---A---A-----T-CTG-----G-G---	CA...G...A-G... 8227
11 cpx.CM.02.02CM.2190SA	---T---C---GC---	C-----C-C-CA-A-A-----CAAA-T---	A... 8050
11 cpx.CM.96.4496	-A-T-T---TAGC---	C-----A-C-----CA-AG-G---GAGA-T---	A...T-A...-C... 8209
11 cpx.FR.99.MP1298	---C---GC---	GGGCTTGGCTATAAC---A---G-CA-AG-G---GAGA-T---	T-A...-C... 8876
11 cpx.GR.-.GR17	---T---GC---	C-----A-T-----CA-AG-G---GAGA-T---	T-A...-C... 8135
12 BF.AR.97.A32879	---A---GC---	A-----A-AG-----G-A---	G... 8431
12 BF.AR.99.ARMA159	---A---GC---	A-----C-A-AG-----GAGA---	T... 8827
12 BF.ES.02.X1241	---C---G...	A---AAT-----A---G---	G... 8094
12 BF.UY.99.URTR23	---GC---	A-----GAAA---	A... 8857
13 cpx.CM.02.02CM.3226MN	-A---C---GC---A...-A...	C---G---A---C---CA-AG-G---AGAGA---	A...G...AA... 8117
13 cpx.CM.96.1849	---C---GC---A...-A...	C---C---CACAG-G---AG---	A... 8302
13 cpx.CM.96.4164	-A---C---GC---A...-A...	C---C---CA-AG-G---AG-A---	A...G...A... 8275
14 BG.ES.00.X605	-A---C---AGC-C-T...T...	C---G---T---TCCA-AG-A---G---GAG---	A...A... 8327
14 BG.ES.00.X623	-A---C---AGC---	C---G---C---TCCA-AG---G---GAGA---	A... 8305
14 BG.ES.99.X397	-A---T---AGC-C-T...T...	C---G---G---G---G-CGAG---	A... 8327
14 BG.ES.99.X421	-A---C---AGC-C-T...T...	C---G---T---TCCA-AG-A---T---GAG---	A... 8318
15 01B.TH.02.02TH_OUR1331	---A---T---	C---A---A---CA-AG-G---CAGA-C---	A...-G... 8076
15 01B.TH.02.02TH_OUR1332	---A---AGCC---	C---A---C---CA-AG-G---T---CAGA-C---	A...-AG... 8100
15 01B.TH.99.99TH_MU2079	---T---C---GC---	C---AA-----CAG-C---	A...A...-AG... 8243
15 01B.TH.99.99TH_R2399	---A---GC---	C---A---C---CACAG-G---CAG-C---	C...T-A...-AG... 8280
16 A2D.KR.97.97KR004	---A-G-AGC---A...	A---G---A---CT-ACCA-----G-A-T---	G... 8249
18 cpx.CM.97.CM53379	---GCC---AGC---	A---G-----C-AG-A---CGAGA-T---	A...A... 8081
N.CM.-.YBF106	---C-A---AGCAC-T...T...	A---AAAA-TT---G-C---CC-AG-A---AGAAA-C---	A...A...GA-A... 8395
N.CM.02.DJ00131	---C-A---AGCAC-T...	A---AAAA-TT---G-C---CA-AG-A---AGAAA-C---	A...AGACAA... 8322
N.CM.95.YBF30	-A---C-A---AGCAC---	A---AAAG-TT---G-C---CC-AG-A---AGAAA-C---	A...A... 8434
O.BE.87.ANT70	---A---A-G---A...T-G...	C---AAA-GCA-T-AG---G---AAT-TGAG---	G-AG-A...-A... 8931
O.CM.-.96CMABB637	---C---C-CTGC---A...T-G...	C---GAATGCA---AGT---AC-AAT-TGCA---	T-AG-A...-A-T... 8423
O.CM.91.MVP5180	-A---TGCA---A-C-A...G-G...	C---GAATGCA---AGC---C-AAT-TGCA---	T-AGAA...-A-T... 8957
O.SN.99.SEMP1300	---A---AGC---A...T-G...	C---AAA-GTA-T-GGT---GA---AAT-T-AG---	T-AG-A-C...-A... 8969
CPZ.CD.-.ANT	-A-G-----TTGCA---A...AAT...	AC-----TCTGCA---T---TC-AG...	GT-GGA-C...-AC-GC---T...G... 8313
CPZ.GA.-.CPZGAB	-A-G-----AGC---A...-T---GCACTG...CATTAA	AAAC---A---T-----C-G-A---	GAG-C...AAG---A...-G... 8935
CPZ.TZ.-.TAN1	---TC---CTAGCC---A...AAT...	A---AAA---TA...	T-TGG-A...GGG-CC.C-A-GCC-CGAAGATCTT... 8548
CPZ.US.85.CPZUS	-A---C-A-G-A-GC---A...T...	AA-----CA-AG-A---	AGAA-C...AA-C---T...-A... 8889
Env/Nef	Q_G_L_E_R_I_L_*	M_G_K_W_S_K_S_S_V_I_G_W_P_T_V_R_E_R_M...R...R...Nef	
	Env gp41, gp160 end /	\ Nef start	

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2GCTGAGCCAGCA.....GCAGATAGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGAGCAATCACAAGTAGCAATACAGCAGCTAC	8948
A1.KE.94.Q23_17--CCCT.....CCAG-A-A-----T---A---T-A-T-----G-----AG-----ATA-A	8400
A1.RU.03.03RU20_06_13GCTC--CT.....AKAG-A-A--C-T---A---TT---T-G-----G---C-T-----A	8443
A1.SE.94.SE7253A--CTTG-----AGAG-A-A-----T---A---TT-A-----T-----G-----C-T-----TA-A	8158
A1.TZ.01.A173A--CCCT-----T-AGAG-A-A-----T---A---T-A-T-----G-----AC-----ATA-A	8172
A1.UA.00.98UA0116GCTC--CT-----AGAG-A-A--C-T---A---TT---T-G-----G-----C-T-----8959	
A1.UG.92.92UG037ACTCCTACAGCAGCAAGGGAAAGAACAAGACAA--CCCTA-----A-AG-A-A-----T---A---TT-A-T-----G-----C-----TA-A	8357
A1.UG.98.98UG57136A--CCT-----A-AG-A-A-----T---A---TT-A-T-----T-C-----C-----ATA-A	8153
A2.CD.97.97CDKFE4CTCCAGCAGCAGAAAGAGTAGGGGCAACAAGACAAA--CCC-----AG-A-A-----TG-----TT-AACT-C-----G-----T-G-T-----CTA	5100
A2.CD.97.97CDKS10ACTCCTCCAGCAGCAGAAGGAGTAAGACAAA--CCT--T-----AG-A-A-----TG-----TT-A-CC-G-----G-----C-T-----A	5124
A2.CD.97.97CDKTB48ACTCCTCCACAGCACAAGAACAAGCA--TGTCT-----CCAG-A-A-----TG-----TT-A-CT-CT-----G-----C-T-----8309	
A2.CY.94.94CY017_41ACTCCTCCACAGCACAAGAACAAGCA--TGTCT-----CCAG-A-A-----TG-----TT-A-CT-CT-----G-----C-T-----8371	
A3.SN.01.DDI579ACTCCCC-AAACA-----AG-A-A-----T---A---TT-AAGT-----G-A-----CT-----CAAG-	8140
A3.SN.01.DDJ369ACTCCTCCAGCAGCACA-----A-AG-A-A-----T---A---T-CA-T-G-A-----GAA-----GAA-----A-A	8191
A3.SN.96.DDJ360ACTCCTC-AAACA-----A-AG-A-A-----T---A---TT-A-T-T-----G-----CT-----CAAG-	8122
B.AR.00.ARMS008ACAGAGCCAAGAAGACAA-A-----G-----T---CA---T-----G-----8215	
B.AU.96.MBCD36ACTAGGCCAACAGAGAAAGGAGA-----GG--A-----T---A-----G-----T---G-----8260	
B.CO.01.PCM074GCTGAGCTACAGCCAC-----AG-----T-----T-----8198	
B.GA.88.OYIGCTGAGCTACAGCCAC-----CG-----C-T-----T-----A---A-----8502	
B.NL.00.671_00T36GCT-AGCCA-G-----WG-----M-CR-Y-----C-----K-----AA--	8503
B.RU.-.04RU129005ACTAAGCCA-----G-A-----A-----T---C-----AG-A-----8460	
B.TH.90.BK132GCCGCACCAGCAA-----AG-----G-----C-----C-----8280	
B.US.90.WEAU160GCTCCTCTGGTGTAGGAGACAGMAGGAGACAA-A--CT---T-----GG-A-A--C---T---A---T-A-T-G-T---G---T-G---C-T-C---C-T-C-A	8949
B.US.98.1058_11GCTCCTCTGGTGTAGGAGACAGMAGGAGACAA-A--CT---T-----GG-A-A--C---T---A---T-A-T-G-T---G---T-G---C-T-C---C-T-C-A	8149
C.AR.01.ARG4006GG-A-A--C---T---A---T-A-T-G-T---G---T-G---C-T-C---C-T-C-A-----8163	
C.BR.-.04BR013GG-A-A--C---T---A---T-A-T-G---G---C-G---C---C---C---C---A-----8460	
C.BR.92.BR025-dGG-A-A--C---G---A---TCA-T---T-C-G---C-G---C---GC---C-T---C-A-----8303	
C.BW.00.00BW07621A---T-----GG-A-A-----G---A---T-A-T-G---G---T---C---C---GC-CA-C---8304	
C.ET.86.ETH2220A---CT-----GG-A-A-----G---A---T-A-C---T---G---C-T---C---C---C---C---A-----8345	
C.IN.95.95IN21068A-----GG-A-A-----G---A---T-A-T-G-T---C-T-C---C---ACA-C---8340	
C.IN.99.01IN565_10GCTGAGCCAGCA--A-A-----A---A---A-----G---A---T-A-T-----C---C---ACA-CG-----8343	
C.KE.00.KER2010G---GG-A-A-----G---A---T-A-T---T---C-T-C---C---C---T-G-C-A-----8158	
C.TZ.01.BD9_11AG-A-----T---C-A---T-A-T---A---C-T---AC---GC---CA-C-A-----8173	
C.UY.01.TRA3011A---T-----GG-A-A--C---G---A---T-A-T---T---G---C-G---C---C---C---T---C-A-----8146	
C.ZA.04.SK164B1GG-A-A-----A---T-A-T-----G---C-A---C---C---C---C-CCAG-A-----8339	
C.ZM.96.96ZM651A-----GG-A-A-----G---A---T-A-T---T---C-T---C---C---AGTA-C---8324	
D.CD.83.ELIA---A-T-----G---A---T-----G-----AG-----8484	
D.CD.83.NDKA---T-----G---A---T-----G-----AG-----8452	
D.CM.01.01CM_4412HALA---T-----G---A---C---T---G---G-----C-----A-----8137	
D.KE.01.NKU3006AT-T-----AG-----T---G---G---G---G-----CAG-----8191	
D.TD.99.MN012A---T-----G---A---T---T---G---G---G---T-----T-CA-A-----8159	
D.TZ.01.A280A---T-----CG-----T---G---G---G---T-----T-----CAC-----8136	
D.UG.94.94UG114A-----AG-----C-G-----G---G---G---C---CAG-----8266	
D.UG.99.99UGD23550A---T-----AG-----T---G---G-----G-----T-----CA-----8167	
D.UG.99.99UGK09958A---T-----AG-----C-T---G---T---C---G---G-----T-----CAG-----8108	
D.ZA.86.R482A---A-T-----G-----T---A-----G-----AG-----8136	
F1.BE.93.VI850A--CCCTA-----AG-----TG-----T-A-C-G-GG-----T---C-----TAG-A-----8225	
F1.BR.89.BZ126GCCCCCTCCAGCAGCAGAARGGGAGGA--A-CT-----AG-----TR---A---T-A-G-AGG-G---T---C-R---TAG---A-----8279	
F1.BR.93.93BR020_1ACCCTCCAA--CCCT-----GG-----TG---A---T-A-G-GG-G---T---C-----TAG---A-----8261	
F1.FI.93.FIN9363CCCC--CCAG-----AG-----TG---A---T-A-G-GG-G---T---C-----T-G-----8247	
F1.FR.96.MP411A--CCCT-----AG-----TG---A---T-A-T-GG-GA-G---G-T---C-----T-----8115	
F2.CM.02.02CM_0016BBYA--CCCTGT-----AG-----AAG-TG---A---T-A-T-----G---T---C-----T-GG-----8107	
F2.CM.95.MP255A--C-----AG-----GAA-TG---A---T-A-C-----G---T---C-----CAGG--A--8095	
F2.CM.95.MP257A-C-----AG---A-----TG---A---T-A-T---G---G---T---AC-----T-GG-----8128	
F2.CM.97.CM53657A-C-----T---G-----CA--CCAG-----TG---A---T-A-T-----G---T---C---C-G---TAGG-A-----8119	
G.BE.96.DRCBLCACCTCG-----AG-A-A-----T---A---TT-A-T-GG-----C-----A-----GC-----8908	
G.CM.01.01CM_4049HANACCCTTATA-CAG--A-GAAGAAGCA-----CAG-A-A-----T---A---TT-A-T-GG-----C-----G-CAG-CAATAA-C-----8128	
G.ES.99.X138R--CCCT-----TAG-A-R-----T---A---TT-A-CT-GG-----T---C-----C-A-----8404	
G.FI.93.HH8793_12_1ACCCCAATAAGACAAA--CCCA-----AG-A-A-----T---A---TT-A-CT-GG-----C-----A-C-A-----8345	
G.NG.92.92NG083A--CCTGT-----AG-A-A-----T---A---TT-A-CT-GG-----C-----A-C-A-----8295	
G.SE.93.SE6165A--CCCTA-----AG-A-A-----T---A---TT-A-T-GG-----C-----C-A-----8387	
H.BE.93.VI991A-----AG---A-----TG---A---TT-A-T-G-G-----G-----TC-AT--C-T---T---A-----8348	
H.BE.93.VI997C-----G---A-----T-----T---T---G-GA-G-G-----TC-AT-----8263	
H.CF.90.056A---T-----AG---A-----TG-----TT---T---G-GC-G-G-----T---AT-----8268	
J.SE.93.SE7887GCTC-C-CT-----G-A-----TG---A---TT---CT-G---G-----C-----8246	
J.SE.94.SE7022GCTGCTC--CT-----G-A-----TG---A---TT---CT-G---G-----C-----8256	
K.CD.97.EQTB11CA-ACCT-----G-----T---A-----T-----G---G-----T---TTC-A-----8131	
K.CM.96.MP535GCACGACCAGCAGCAGACAGGGTGGGAA--AC-A-----CG-----T---A-----CT-G---G---G-----C-----TT--CAC-A-----8135	
01_AE.TH.00.OUR200IA--CCTA-----A---AG-A-A-----T---A---T-A-T-----G-A-----CT---ATG-A-----8174	
01_AE.TH.01.OUR4141A--CCT-----AG-A-A-----T---A---T-A-T-----G-A-----T---ATG-A-----8154	
01_AE.TH.02.OUR769IA--CCT-----AG-A-A-----T---A---T-A-T-----G-A---GT---T---ATG-A-----8148	
01_AE.TH.90.CM240A--CCT-----A---AG-A-A-----T---A---T-A-T-----A-----T---ATAGA-----8516	

B.FR.83.HXB2 GCTGAGCCAGCA GCAGATAGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCTGGAAAAACATGGAGCAATCACAAGTAGCAATACAGCAGCTAC 8948

02 AG.CM.02.02CM.1669LE ACTCAGTTAGGGAAAAGAATAAGA--AA-CC-- ACAG-A-A- T- TT-A-GT-G- C-T- CT-T- A 8141

02 AG.FR.91.DJ264A-CCCT ACAG-A-A- A- TT-A-T-G- T- AA- 8303

02 AG.NG.-.IBNGA-CCCTA ACAG-A-A- A- TT-A-T-G- C-T- CAA- 8475

02 AG.UZ.02.02UZ693A-CCCC ATAG-A-A- G- A- TT-A-T-G- A- C-T- CAG- 8123

03 AB.BY.00.98BY10443GCTC- CT- AGAG-A-A- C- T- A- TT- T- GT- G- C- T- 8905

03 AB.RU.97.KAL153 2GCTC- CT- G AGAG-A-A- C- T- A- TT- T- GT- G- C- T- A 8128

03 AB.RU.98.RU9800IGCTC- CT- AGAG-A-A- C- T- A- TT- T- GT- G- C- T- C- A 8266

04 cpx.CY.94.CY032 CTCGAGCTGAGCCGAAAGAATGAGGCGAGCTCAA CAG-A-A- TG- A- T- C- G- T- A- 8357

04 cpx.GR.91.97PVCHGCTC- CT- G GCTC- GAGCCAGCTCAA CAG-A-A- TG- A- T- C- G- C- 9071

04 cpx.GR.97.97PVMYGCTC- CT- G GCTC- GAGCCAGCTCGA TAG-A-A- TG- A- T- A- C- T- G- CC- 9012

05 DF.BE.-.VI1310A-CCCT AG- TG- T- A- C- T- GG- G- T- TC- A- T- C- 8354

05 DF.BE.93.VI961ACCCCTCCAGCA A-GAG- AG- T- TG- A- T- A- G- GG- G- T- C- A- C- C- 8317

05 DF.ES.99.X492A-CCCT AG- T- T- A- TT- A- G- GG- G- T- C- A- C- 8268

06 cpx.AU.96.BFP90ACCCACCAA A-AAG- AG- A- A- TG- A- TT- T- G- G- C- A- 8993

06 cpx.EE.-.EE0359A-CCC AG- A- A- TG- A- TT- A- CT- G- G- C- CA- 8607

06 cpx.ML.95.95ML127ACCCCGCAA A-AGG- A-AG- A- T- A- TT- A- T- G- G- C- A- C- A- 8950

06 cpx.SN.97.97SE1078ACCCACCCAGCAGCAGAGAGACAA-CCCA- AG-A-A- G- A- TT- CT- G- G- C- 9010

07 BC.CN.-.CNGL179A- G- T- G- 8168

07 BC.CN.97.97CN001A- G- T- G- 8291

07 BC.CN.97.CN54A- G- T- G- 8321

07 BC.CN.98.98CN009ACT-AGC- G- T- G- G- C- 8291

08 BC.CN.97.97CNGX_6FA- G- T- C- A- 8148

08 BC.CN.97.97CNGX_7FA- G- T- C- A- 8142

08 BC.CN.97.97CNGX_9FA- G- T- C- A- 8130

08 BC.CN.98.98CN006A- G- T- C- 8303

09 cpx.GH.96.96GH2911ACCTCCC-MTCC- AG- G- A- TT- A- GT- GR- G- C- T- C- T- CT- 8123

09 cpx.SN.95.95SN1795AGCCCC AG- T- C- A- TT- CT- G- G- T- C- T- CT- 8147

09 cpx.SN.95.95SN7808A-CCC AG- G- A- A- C- GG- G- T- C- TC- CT- 8123

09 cpx.US.99.99DE4057AGCC-A-CA AG- A- C- A- TT- AGT- GG- G- G- T- C- T- CCAG- A 8144

10 CD.TZ.96.96TZ_BF061A-AGT GG-A-A- G- A- T- A- CT- TT- G- CC- G- C- C- G- GC- A 8300

10 CD.TZ.96.96TZ_BF071ACTGATCCAAGAAGAA AG- G- A- T- G- C- C- CAG- 8345

10 CD.TZ.96.96TZ_BF110A- T AG- G- A- G- T- G- T- C- AT- CAG- 8313

11 cpx.CM.02.02CM.2190SAACTCCTC-AACAAA AG-A-A- AA- TT- A- C- T- CAA- 8142

11 cpx.CM.96.4496ACTCCTC-GRC-A AG-A-A- T- AA- TT- A- TT- G- C- T- CAG- 8301

11 cpx.FR.99.MP1298ACTCGTC-A-T AG-A-A- T- AA- TT- A- G- A- CT- CAG- A 8962

11 cpx.GR.-.GR17ACTCCTC-AACAG AG-A-A- AA- TT- A- G- C- T- AGCCAG- A 8227

12 BF.AR.97.A32879A-CCCT AG- TG- A- T- A- C- GG- G- T- C- TAG- C- A 8517

12 BF.AR.99.ARMA159A-CCCT AG- TG- A- T- A- C- GG- G- T- C- TAG- C- A 8913

12 BF.ES.02.X1241ACCCCTCCAGCAGCAGAAGGAGGGAGAAGAACCTT AG- G- T- AG- T- A- G- GG- G- T- C- C- CAGT- C- A 8210

12 BF.UY.99.URTR23GCCCTCCAGCAGCA-CCCT AG- TG- A- T- A- G- GG- G- T- C- TAG- C- A 8958

13 cpx.CM.02.02CM.3226MNACTCCTCCA--CCT A-ATAG-A-A- T- A- TT- A- T- G- C- T- GTG- G-AA- A 8212

13 cpx.CM.96.1849ACAG-A-A- T- A- TT- A- T- GG- CG- C- T- CTAG- 8373

13 cpx.CM.96.4164ACTCCTCCAACAACAC-CCT ACAG-A-A- T- T- A- TT- A- T- G- C- AT- ATG- 8370

14 BG.ES.00.X605A-CCCT TAG-A-A- T- A- TT- A- CT- G- T- C- C- C- A 8413

14 BG.ES.00.X623ACCCCTCCAGCAGCA-AA-CT CAG-A-A- T- A- TT- A- CT- G- T- C- T- C- A 8406

14 BG.ES.99.X397ACCCCTCCAGTA-ACCC TAG-A-A- T- A- TT- A- CT- G- T- C- C- C- A 8425

14 BG.ES.99.X421A-CCCT TAG-A-A- T- A- TT- A- CT- G- T- C- C- T- C- A 8404

15 01B.TH.02.02TH_OUR1331A-CCCT A-AG- A- T- A- T- A- T- G- A- T- ATG- A 8156

15 01B.TH.02.02TH_OUR1332A-CCCT AG-A-A- T- A- T- A- T- G- A- T- ATG- A 8180

15 01B.TH.99.99TH_MU2079A-CCCT GG-A-A- T- G- A- T- A- C- C- G- A- T- ATG- A 8323

15 01B.TH.99.99TH_R2399A-CCCTG AG-A-A- T- A- T- A- T- G- A- T- ATG- A 8360

16 A2D.KR.97.97KR004ACTCCTCCAGCAGCAGAACGAACCCCTC-A-CAG AG-A-A- T- A- TT- A- CT- C- G- G- T- AT- 8362

18 cpx.CM.97.CM53379ACTC-CCCTT A-AG-A-A- TG- AG- T- A- T- A- C- T- AG- 8170

N.CM.-.YBF106ACTC-A TAG-A-A- TT- A- CT- T- GA- G- C- CA- TAA- A-A 8481

N.CM.02.DJ00131CCTCAC GTAGAGCCA TAG-A-A- T- A- T- A- CC- T- GA- G- CC- CA- TAG-A-C-A 8420

N.CM.95.YBF30CAACGCAAGAACAGCA-TA TAG-A-CA T- A- T- A- CT- T- GA- G- C- TA- A- TAG- AC-A 8535

O.BE.87.ANT70ACTGAACTTCCCTGAGT A-TGC CC-G-A-A- CAGATC-CA-G-AT-A-C-GCTAGA GG-AC- TC-C- TC-TCAA-A 9035

O.CM.-.96CMABB637ACCAGAACCTCCAGAACCTCCCTAATT A-TGT CC-G- A- A-ATC-CA-C-GT-A-C-G-TAGA G-G-AC- T-TC-T- TC-TCAA-A 8536

O.CM.91.MVP5180TCCTCCTCTGATCCTCAAC-A-TGT CC-G-A-A- T-TC-CA-G-GT-A-C-CTAGA G-G-AT- TC-C- TC-TCAA-A 9058

O.SN.99.SEMP1300ACTTCCCTGAGC A-TGT CC-G-A-A- CA-TC-CA-G-AT-A-C-GCTAGA GG-AT- A-TC-C- TC-TCAA-A 9067

CPZ.CD.-.ANTATAC-TGA-A-A ATC GATA-A- GC-CTGTGGAAC-AT- CC-GTAGA G- C-A- CTCCTCT-C-T- GTA-AGA 8402

CPZ.GA.-.CPZGAB-CCAA GG-A-A- A- TT- GAAG A- G- C- T- T- G- C- CC- AG- 9021

CPZ.TZ.-.TAN1C-TAACA-CT CAAGT- GCCT- A- CAG- C- A- CC- G- TA- A- GTC- T-C- A- CCCT- GTA-CT- 8634

CPZ.US.85.CPZUSACTCAGA-AACAG AG-A-A- C- T- TC- A- T- A- C- G- T- T- C- A- C- CAG- A 8981

Nef A E P A A D R V G A A S R D L E K H G A I T S S N T A A T Nef

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	CAATGCTGCTTGTGCTGGCTAGAAGCA CAAGAGGAG GAG GAGGTGGGTTTCCAGTCACACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGGCAGCTGTAGATCTTAGC	9060
A1.KE.94.Q23_17	TC-CC--AG--AC-----G-----G-----C-----C-----T-A-C-----GG-A-A-----C-----G-----G-----C-----	8512
A1.RU.03.03RU20_06_13	T-----A--C-----G-G-G-----A-----A-----A-C-----GG-G-----G-----G-----A-T-----G-----K-C-----C-----	8555
A1.SE.94.SE7253	TC-CC--AG-----G-----A-----A-----C-----GG-A-T-----G-----C-----G-----C-----	8270
A1.TZ.01.A173	TC-CC--AG--T-----G-----T-----T-----C-----GG-A-A-----C-----T-----T-----C-----	8284
A1.UA.00.98UA0116	T-----A--C-----C--G-G-----A-----A-----A-C-----AG-G-----G-----G-----A-T-----G-----T-C-----C-----	9071
A1.UG.92.92UG037	TC-CC--AG--C-T-----G-----G-----G-----A-----A-----A-C-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----CG-----	8469
A1.UG.98.98UG57136	TC-CC--AG--C-----G-G-----C-----C-----T-GG-A-A-----G-----G-----T-T-----C-----	8265
A2.CD.97.97CDKFE4	-----G-----G-----A-----GAG-A-A-C-C-----AG-A-----G-----C-T-----G-----T-T-----C-----	5100
A2.CD.97.97CDKS10	T--C--A-A-C-----G-----G-----A-----GAG-A-A-C-C-----AG-A-----G-----C-T-----G-----T-T-----C-----	5239
A2.CD.97.97CDKTB48	--G--AG--CA-A-----G-----A-----A-----A-C-----CGC-G-A-----G-----G-----G-----C-----G-----C-----	8421
A2.CY.94.94CY017_41	T--C--A--C-----G-G-----G-----A-----AGT-A-A-C-C-----GG-A-----G-----C-T-----G-----GT-T-----C-----	8486
A3.SN.01.DDI579	A-G--AG--CA-----G-----G-----A-----A-----A-C-----G-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----G-----T-----T-----C-----	8252
A3.SN.01.DDJ369	A3.SN.01.DDJ369	8303
A3.SN.96.DDJ360	A-G--AG--CCAT-----G-----G-----T-----C-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----G-----C-----TT-----A-----T-----C-----	8234
B.AR.00.ARMS008	T--C--A-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----A-----	8327
B.AU.96.MBCD36	B.AU.96.MBCD36	8338
B.CO.01.PCM074	B.CO.01.PCM074	8310
B.GA.88.OYI	B.GA.88.OYI	8614
B.NL.00.671_00T36	B.NL.00.671_00T36	8615
B.RU.-.04RU129005	B.RU.-.04RU129005	8575
B.TH.90.BK132	B.TH.90.BK132	8395
B.US.90.WEAU160	B.US.90.WEAU160	9061
B.US.98.1058_11	B.US.98.1058_11	8261
C.AR.01.ARG4006	C.AR.01.ARG4006	8278
C.BR.-.04BR013	C.BR.-.04BR013	8572
C.BR.92.BR025-d	C.BR.92.BR025-d	8418
C.BW.00.00BW07621	C.BW.00.00BW07621	8416
C.ET.86.ETH2220	C.ET.86.ETH2220	8460
C.IN.95.95IN21068	C.IN.95.95IN21068	8431
C.IN.99.01IN565_10	C.IN.99.01IN565_10	8461
C.KE.00.KER2010	C.KE.00.KER2010	8273
C.TZ.01.BD9_11	C.TZ.01.BD9_11	8288
C.UY.01.TRA3011	C.UY.01.TRA3011	8261
C.ZA.04.SK164B1	C.ZA.04.SK164B1	8454
C.ZM.96.96ZM651	C.ZM.96.96ZM651	8436
D.CD.83.ELI	D.CD.83.ELI	8599
D.CD.83.NDK	D.CD.83.NDK	8567
D.CM.01.01CM_4412HAL	D.CM.01.01CM_4412HAL	8249
D.KE.01.NKU3006	D.KE.01.NKU3006	8306
D.TD.99.MN012	D.TD.99.MN012	8271
D.TZ.01.A280	D.TZ.01.A280	8251
D.UG.94.94UG114	D.UG.94.94UG114	8378
D.UG.99.99UGD23550	D.UG.99.99UGD23550	8282
D.UG.99.99UGK09958	D.UG.99.99UGK09958	8220
D.ZA.86.R482	D.ZA.86.R482	8251
F1.BE.93.VI850	F1.BE.93.VI850	8337
F1.BR.89.BZ126	F1.BR.89.BZ126	8391
F1.BR.93.93BR020_1	F1.BR.93.93BR020_1	8373
F1.FI.93.FIN9363	F1.FI.93.FIN9363	8359
F1.FR.96.MP411	F1.FR.96.MP411	8227
F2.CM.02.02CM_0016BBY	F2.CM.02.02CM_0016BBY	8219
F2.CM.95.MP255	F2.CM.95.MP255	8204
F2.CM.95.MP257	F2.CM.95.MP257	8237
F2.CM.97.CM53657	F2.CM.97.CM53657	8231
G.BE.96.DRCBL	G.BE.96.DRCBL	9023
G.CM.01.01CM_4049HAN	G.CM.01.01CM_4049HAN	8237
G.ES.99.X138	G.ES.99.X138	8519
G.FI.93.HH8793_12_1	G.FI.93.HH8793_12_1	8460
G.NG.92.92NG083	G.NG.92.92NG083	8410
G.SE.93.SE6165	G.SE.93.SE6165	8502
H.BE.93.VI991	H.BE.93.VI991	8463
H.BE.93.VI997	H.BE.93.VI997	8378
H.CF.90.056	H.CF.90.056	8383
J.SE.93.SE7887	J.SE.93.SE7887	8358
J.SE.94.SE7022	J.SE.94.SE7022	8368
K.CD.97.EQTB11C	K.CD.97.EQTB11C	8243
K.CM.96.MP535	K.CM.96.MP535	8247
01_AE.TH.00.OUR200I	01_AE.TH.00.OUR200I	8292
01_AE.TH.01.OUR4141	01_AE.TH.01.OUR4141	8272
01_AE.TH.02.OUR769I	01_AE.TH.02.OUR769I	8260
01_AE.TH.90.CM240	01_AE.TH.90.CM240	8628

B. FR. 83. HXB2 CAATGCTGCTTGTGCCTGGCTAGAAGCA. CAAGAGGAG. GAG. GAGGTGGGTTTCCAGTCACACCTCAGGTACCTTTAAGACCAATGACTTACAAGGCAGCTGTAGATCTTAGC 9060

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE T---A-A-AT-----G-----A-----A-C-----GG-G-----C-----T---G---GC-----C--- 8253

02 AG. FR. 91. DJ264 T-----A-----C-----A-C-----AG-A-----G-----T---G---T-C-----CG--- 8415

02 AG. NG. - . IBNG T--CC--A-----G-----T-----A-T-A-C-----GG-A-----G-----T---G---C-----C--- 8587

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 T--C--A-----T-----G-----C-----A-C-----AG-A-----G-----T---G---C-----C--- 8235

03 AB. BY. 00. 98BY10443 T-----A---C-----G-G-G-----A-A-----A-C-----GG-G-----G-G---A-T-----T-C-----C--- 9017

03 AB. RU. 97. KAL153 2 T-----A---C-----G-G-G-----A-A-----A-C-----GG-G-----G-G---A-T-----T-C-----C--- 8240

03 AB. RU. 98. RU9800I -----AC-C-----G-G-G-----A-A-----A-C-----GG-G-----G-G---A-T-----T-C-----C--- 8378

04 cpx. CY. 94. CY032 T--C--ACAAA-----G-----A-----A. GAA-----A-----GG-A-----G-----C-TT--A-G---T-----C--- 8472

04 cpx. GR. 91. 97PVCH T--C--ACAAA-T-----G-----A-----T-----GAG-----A-C-----CC-GA-----TT--A-----CC-----C--- 9186

04 cpx. GR. 97. 97PVMY T--C--ACAAA-----G-----G-A-----A-----GAG-----A-C-----GG-A-----T--A-----CC-----C--- 9127

05 DF. BE. - . VI1310 T--C--A-ATG-----G-----A-----A-----GAG-A-A-C-----A-----A-----T-----C-T 8469

05 DF. BE. 93. VI961 T-----AC-TG-----G-----A-----A-----A-C-----T-G-----T--A-G---T-----C-T 8429

05 DF. ES. 99. X492 T--C--ACGTG-----G-----A-----A-----GAG-A-A-C-----G-----G-----T--A-----C-T 8383

06 cpx. AU. 96. BFP90 A-----C-----G-G-----ACA-----A-----A-C-----G-----G-G-----T--A-T---T-T-----C--- 9105

06 cpx. EE. - . EEO359 A-----C-----CG-----T-----A-C-----G-----G-----C-T--A-GT---T-T-----CG--- 8719

06 cpx. ML. 95. 95ML127 A-----C-----T-G---A-----ACA-----C-----A-C-----G-----C-G-----TT--GT---T-T-----G--- 9062

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 A-----AC-----G---G-----TCA--GATA-T. GAG-----A-C-----G-----G---C-----C-T--A-T-CT-T---G--- 9128

07 BC. CN. - . CNGL179 T---A-A-----G-----A-----A-----G-----G-----G---C----- 8280

07 BC. CN. 97. 97CN001 T---AG-A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 8403

07 BC. CN. 97. CN54 T---AG-A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G----- 8433

07 BC. CN. 98. 98CN009 T---A-A-----G---G-----A-----A-----A-----G-----G-----C----- 8403

08 BC. CN. 97. 97CNGX_6F T-----A-----A-----A-----G-----G-----TT--G---AT-C---C--- 8260

08 BC. CN. 97. 97CNGX_7F T-----A-----A-----A-----G-----G-----TT--G---AT-G---C--- 8254

08 BC. CN. 97. 97CNGX_9F T-----A-----G---A-----A-----G-----G-----TT--G---AT-G---C--- 8242

08 BC. CN. 98. 98CN006 T-----A-----A-----T-----G-----G-----TT--G---AT-T-C---C--- 8415

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 T--CA-AC-----G-G-----G-A-T-----C-A-G-C-----G-C-----T--G---C---C-T 8235

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 T--C--AC-----G-----A-C-----T-----T-A-G-----G-C-----G-----TT--G---T-T-----C--- 8259

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 T--C--AC-----G-----A-A-----A-----A-C-----A-----A-C-----T--G---T-T-----C--- 8235

09 cpx. US. 99. 99DE4057 T--C--AC-----G-----GAG-GA-A-A-----A-C-----G-----TT--G---T-C-----C--- 8259

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061 T-----A-----G---G-----A-C---A-----A. GAA-----A-C-----G-----T-C-----TT--G---AT-C---CG--- 8415

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071 -----C-AC-----CA-----GA. GAT-A-----G-----CT-C---C--- 8460

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110 T--C--AC-----C-----A-A-----C-----GGG-A-A-C-----G-----T-----T--G---AC-C---C--- 8428

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA T---AG-----C-----A-----A-----A-C-----G---A-----C-----T--G---T-T----- 8254

11 cpx. CM. 96. 4496 T-----C-----R-T-----A-C-----GG-G-----G-----T-----CT-T---G--- 8413

11 cpx. FR. 99. MP1298 T-----CA-CA-A-----G-----A-A-----CA. GAG-----A-C-----G---A-A-----T-----T-T-C---G--- 9077

11 cpx. GR. - . GR17 T-----C-----T-----A-----A-----G-A-C-----G---G---C-----T--G---T-T----- 8339

12 BF. AR. 97. A32879 T--C--AC-TG-----G-----A-----A-A-C-----G-----G-----T-----C-T 8629

12 BF. AR. 99. ARMA159 T--C--C-TG-----G---G-----A-----A-A-C-----GG-----TT--G---T-C----- 9025

12 BF. ES. 02. X1241 T--C--AC-TG-----T-----A-A-A-----G---A-----TT--G---T-T-----C--- 8322

12 BF. UY. 99. URTR23 T--C--AC-TG-----G-----A-----A-A-C-----G---C-----T-----G---T-T-----C-T 9070

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN G. -A-C-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T--A-G---T-T-----G--- 8318

13 cpx. CM. 96. 1849 A---AAG-A-AC-T-----A-----A-----G-----A-----A-----T--A-G---T-T-----G--- 8485

13 cpx. CM. 96. 4164 A---AAAG--CA-----C-----T-----G-----A-----A-----T--A-G---T-T-----G--- 8482

14 BG. ES. 00. X605 T--C--A-----G-----A-A-----A-----TCA-----A-C-----G---A-----C-G-----A-T--AGT---T-T-----C--- 8528

14 BG. ES. 00. X623 T--C--AA-----G-----G-A-A-----C-----TCA-----A-C-----G---A-----C-G-----T--A-T---T-T---CR-- 8521

14 BG. ES. 99. X397 T--C--A-----G-----A-A-----C-----TCA-----A-C-----G---A-----C-G-----TT--GT---T-T-----C--- 8540

14 BG. ES. 99. X421 T--C--A-----G-----A-A-----C-----TCA-----A-C-----G---A-----C-G-----TT--GT---T-T-----C--- 8519

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 T-----A-A---T-----GA-----A-----A-----A-C-----GG-G-----C-----T--G---T-T----- 8268

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 T-----AG-----T-----G-----T-----G-A-C-----GG-G-----C-----T--G---T-T----- 8292

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 T-----A-A---T-----GAG-----G-G-----C-----A-C-----GG-A-----C-----TT--A---T-T----- 8435

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 T-----A-A---T-----GAG-----A-----G-A-C-C-----GG-G-----C-----TT--A---T-T----- 8472

16 A2D. KR. 97. 97KR004 -----A-A-----G-----G-----A-----A-----GAG-A-A-C-C-----GG-A-----C-----G---GT-T---C--- 8477

18 cpx. CM. 97. CM53379 T---AG-----C-----G-----G-----A-----A-----A-C-----GG-G-----C-----T--G---T-T---C--- 8282

N. CM. - . YBF106 T--CAAA-GTA-T-----A-A-----S-----A-C-----ACGC-----A-----GC-G---G-----C-T--A-G---T-T---TC- 8593

N. CM. 02. DJ00131 T--C-AA-GTA-T-G-----A-A-----A-----GGG-A-A-C-----ACGC-----A-----A-G---G-----C-T--A-G---T---TC- 8535

N. CM. 95. YBF30 T---AAAG-ATA-T-----A-A-----A-----GAG-A-A-C-----ACGC-----A-----A-----A-C-T--ACAG---T-T---TC- 8650

O. BE. 87. ANT70 -----A-CCT--A-TC-----AGT. CC-A-----A-----A-----A-----AG-----A-G---C-----G-----C-T--A-G---AT-T---C--- 9147

O. CM. - . 96CMABB637 -----A-CCT--ACTC-C-AGC. CC-A-----AGT. GAA-A-A-G-C-----A-G-----A-G---C-----G-----C-T--A-G---AT-T---C---CG- 8651

O. CM. 91. MWP5180 -----A-CCT--A-TC-----CAGC-----CA-A-T-----T-A-C-C-----A-G-----A-G---C-----G-----C-TT--A-----CT-T---C--- 9170

O. SN. 99. SEMP1300 -----A-CCT--A-TC-----AGT. CC-A-T-----A-----C-A-C-C-----A-G-----A-G---C-----G-----C-T--A-G---AT-T---C--- 9179

CPZ. CD. - . ANT A--A-A--TAATCA---ATC---AT. TACA-----A-----G-ACA-C-----T-G-G-----A-C-CA-G-----C-----AG-A---ATT-----C---GTCA 8514

CPZ. GA. - . CPZGAB T--CAAA-CTA-T-----G-A-----ATG-CA-T-----A-----A-A-A-C-----A-G-----A-----T-AAAG-----T-A-----T-T---TCA 9133

CPZ. TZ. - . TAN1 AGCA-A--TG-TA-AA-ACTCT-C-AC. TACT-A-----A-----A-----G---AGCA-----CA-G-----C-----AG-G---CT---AA-----GTCA 8746

CPZ. US. 85. CPZUS ---CCAAA-CTG--A--T---T-AGATGACTA-TC-T-A. AGT. A-A-C-C-T-TCGC-----A-----A-----G---C-----ACA---AT-C---T-AG- 9099

Nef N A A C A W L E A Q E E . E E V G F P V T P Q V P L R P M T Y K A A V D L S Nef

	poly-purine tract ----- / 3' LTR U3 start	Nef premature end in HXB2 \	
B.FR.83.HXB2	CACTTTTAAAGAAAAGGGGGACTGGAAGGGCTAATTCAC'TCCCAAGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCACACACAAGGCTACTTC.CCTGATTAGCAGAACTACACACCAGGGCCA		9189
A1.KE.94.Q23_17	-----A-----T--T-G-T--TAGG-A-----A-----G-----T-----G-----T-----		8641
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----T-----T-----A-G-A-----A-----G-----TA-----G-----T-----T-----C-----		8684
A1.SE.94.SE7253	-----T--T-----T-----AG-----A-----G-----A-----C-G-----T-----A-----		8399
A1.TZ.01.A173	T-----.....-AGG-G-----C-----G-G-----G-----G-----TGT-----		8386
A1.UA.00.98UA0116	-----T-----T-----CT--A-G-A-----A-----G-----T-----T-----G-----T-----T-----C-----		9200
A1.UG.92.92UG037	TT-----T-----T-----A-G-A-----A-----G-----G-----T-----G-----T-----		8598
A1.UG.98.98UG57136	-----T--T-G-T--AGG-G-----A-----G-G-TA-----T-----C-G-----		8394
A2.CD.97.97CDKFE4		5100
A2.CD.97.97CDKS10	-----T--T-----T-----G-A-----C-----G-----A-----		5323
A2.CD.97.97CDKTB48	-----T-----T-----G-----C-----G-----A-----G-----T-----		8550
A2.CY.94.94CY017_41	TT-----T-----T-----G-A-----C-----A-----G-----G-----T-----		8615
A3.SN.01.DDI579	-----T--T-----T-----GCA-G-----C-----G-----G-----G-----T-----G-----		8381
A3.SN.01.DDJ369	-----T--T-----T-----G-----A-----A-----G-----A-----G-----T-----		8432
A3.SN.96.DDJ360	-----T--T-----T-----GCA-G-----C-----G-----G-----T-----G-----T-----G-----		8363
B.AR.00.ARMS008	-----T--AG-AG-----G-----G-----C-G-----		8456
B.AU.96.MBCD36	-----		8398
B.CO.01.PCM074	-----T-----T-----G-A-----T-----T-----G-T-T-----G-A-----		8439
B.GA.88.OYI	-----T-----T-----G-A-----T-----T-----G-T-----T-----G-----		8743
B.NL.00.671_00T36	-----G-T-----T-----A-----G-----G-----G-G-T-----		8744
B.RU.-.04RU129005	-----G-T-----T-----CAG-----G-----A-----Y-----C-----		8704
B.TH.90.BK132	-----T-----T-----CA-----G-----T-----G-----T-----C-----		8524
B.US.90.WEAU160	-----T-----T-----A-----G-----T-----G-----T-----		9189
B.US.98.1058_11	-----T-----T-----GCA-----G-----G-----G-----T-----G-----		8390
C.AR.01.ARG4006	TT-----T-----T-----T-GCA-GA-----C-----T-----G-----TA-----G-A-----A-----		8407
C.BR.-.04BR013	TT-----G-----T-----T-----TA-G-A-----G-----C-----T-----G-----T-----T-----G-A-----A-----		8701
C.BR.92.BR025-d	TT-----G-----T-----T-----TA-G-A-----G-----C-----T-----G-----TA-----T-----G-A-----A-----		8547
C.BW.00.00BW07621	TT-----G-----T-----T-----ACT-A-----G-----G-AT-A-----T-----G-----T-----G-A-----G-A-G-----		8545
C.ET.86.ETH2220	-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-T-----T-----G-----TA-----T-----G-A-----A-----		8589
C.IN.95.95IN21068	TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----G-----G-----T-----G-----T-----G-A-----G-A-----		8560
C.IN.99.01IN565_10	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----T-----A-----G-C-----T-C-----G-A-----A-----		8590
C.KE.00.KER2010	TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----G-----C-----A-----T-A-----G-----TA-----T-----G-A-----G-A-----		8402
C.TZ.01.BD9_11	TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----G-----A-----A-----T-A-----G-T-----T-----G-A-----A-----		8417
C.UY.01.TRA3011	TT-----T-----T-----T-----T-G-A-----G-----C-----T-----G-----TA-----T-----G-A-----A-----		8390
C.ZA.04.SK164B1	TT-----T-----T-----TGG-TA-G-A-----G-----A-----T-----G-----TA-----G-A-----G-A-----		8583
C.ZM.96.96ZM651	TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----G-----A-----T-----G-----T-----C-G-A-----G-A-----		8565
D.CD.83.ELI	-----TGG--A--AG-----G-----T-----G-----A-----AT-----G-----A-----		8728
D.CD.83.NDK	-----TGG--A-G-A-----G-----T-----G-----A-----AT-----C-----G-----G-----		8696
D.CM.01.01CM_4412HAL	-A-----G-----T-----G-----A-----T-----G-----T-----T-----G-----C-----G-----		8378
D.KE.01.NKU3006	-----T-----TGG--A-G-A-----G-----T-----G-----A-----T-----G-----C-----C-----		8435
D.TD.99.MN012	-----G-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----G-----G-----		8400
D.TZ.01.A280	-----T-----T-G-TGG--T-G-----G-----C-----T-----G-----T-----T-----G-----C-----T-----		8380
D.UG.94.94UG114	-----T-----T-G-TGG--CG-A-----G-----T-----T-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----		8507
D.UG.99.99UGD23550	-----T-----T-G-TGG--A-G-A-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----		8411
D.UG.99.99UGK09958	-----TA-----T-----T-----C-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----		8349
D.ZA.86.R482	-----TGG--A--GAG-----C-----T-----G-----A-----C-----G-----		8380
F1.BE.93.VI850	-----T-----T-----A-G-A-----GG-----C-----G-----T-----G-----		8466
F1.BR.89.BZ126	TT-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----T-----G-----T-----		8520
F1.BR.93.93BR020_1	-----T-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----		8502
F1.FI.93.FIN9363	--G--CN-N-----T-----W-----T-----A-G-A-----G-----C-----T-----C-----G-----G-----G-----		8489
F1.FR.96.MP411	-----T-----T-----T-----A-G-A-----A-----A-----T-----G-----T-----T-----G-----C-----		8356
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----T-----T-----CT--AGG-A-----A-----A-----G-----T-----G-----		8348
F2.CM.95.MP255	-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----T-----G-----T-----		8333
F2.CM.95.MP257	-----T-----T-----T-----AGG-A-----A-----T-----T-----G-----G-----		8366
F2.CM.97.CM53657	TT-----T-----T-----T-----A-----G-----A-----G-----		8360
G.BE.96.DRCBL	TT-----T-----G-----T-----A-G-A-----G-----C-----A-----G-----T-----T-----A-----T-----A-----G-----		9152
G.CM.01.01CM_4049HAN	TT-----T-----G-----T-----A-GCA-----C-----A-----G-----T-----T-----A-----T-----A-----C-----G-----TG-----		8366
G.ES.99.X138	TT-----T-----T-----T-----A-GCAG-----C-----C-----G-----TA-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----T-----		8648
G.FI.93.HH8793_12_1	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----C-----C-----CT-----G-----TA-----T-----A-----T-----A-----G-----		8589
G.UG.92.92NG083	TT-----T-----T-----T-----A-G-----C-----A-----G-----TA-----T-----A-----T-----A-----G-----		8539
G.SE.93.SE6165	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----C-----C-----G-----A-----T-----A-----T-----A-----G-----G-----		8631
H.BE.93.VI991	--T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----T-----A-----G-----TA-----G-----T-----C-----G-----T-----		8592
H.BE.93.VI997	-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----C-----T-----A-----G-----TA-----G-----T-----G-----		8507
H.CF.90.056	--T-----T-----T-----T-----A-GCA-----G-----C-----T-----A-----G-----TA-----G-----C-----G-----		8512
J.SE.93.SE7887	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----TC-----TA-----T-----C-----G-----A-----		8487
J.SE.94.SE7022	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----TC-----TA-----T-----C-----G-----A-----		8497
K.CD.97.EQTB11C	TT-----T-----T-----T-----A-G-----G-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----G-----A-----		8372
K.CM.96.MP535	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----A-----A-----G-----T-----T-----T-----T-----G-----A-----		8376
01_AE.TH.00.OUR200I	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----CT-----A-----G-----A-----T-----G-----A-----		8421
01_AE.TH.01.OUR414I	TT-----T-----G-----T-----A-G-A-----G-----C-----CT-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----		8401
01_AE.TH.02.OUR769I	TT-----G-----G-----T-----AGG-A-----G-----T-----A-----G-----TA-----T-----T-----G-----C-----		8389
01_AE.TH.90.CM240	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----CT-----A-----G-----TA-----T-----T-----G-----A-----		8757

Nef premature end in HXB2 \

B. FR. 83. HXB2	CACTTTTTTAAAGAAAAGGGGGGACTGGAAGGGCTAATTCACCTCCCAAAGAAGACAAGATATCCTTGATCTGTGGATCTACCACACACAAGGCTACTTC. CCTGATTAGCAGAACTACACCAGGGCCA	9189
02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE	-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----	8382
02 AG. FR. 91. DJ264	TT-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----	8544
02 AG. NG. -. IBNG	-----T-----T-----T-----A-G-A-----A-----G-----T-----A-----T-----A-----G-----T-----	8716
02 AG. UZ. 02. 02UZ693	-----G-----G-----T-----T-----A-G-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----T-----	8364
03 AB. BY. 00. 98BY10443	-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----A-----G-----T-----C-----G-----T-----T-----C-----	9146
03 AB. RU. 97. KAL153 2	-----T-----T-----T-----A-G-A-----A-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----	8357
03 AB. RU. 98. RU9800I	-----T-----T-----T-----A-G-A-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----G-----T-----C-----	8507
04 cpx. CY. 94. CY032	-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----G-----T-----T-----T-----G-----G-----T-----A-----	8601
04 cpx. GR. 91. 97PVCH	-----T-----T-----T-----A-GCA-----G-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----	9315
04 cpx. GR. 97. 97PVMY	--T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----G-----T-----A-----T-----G-----A-----A-----	9256
05 DF. BE. -. VI1310	-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----T-----G-----A-----T-----C-----G-----	8598
05 DF. BE. 93. VI961	-----T-----T-----TGG--AGG-A-----A-G-----T-----G-----A-----G-----G-----G-----	8558
05 DF. ES. 99. X492	--T-----T-----TGG--G-A-----C-----T-----G-----T-----G-----A-----G-----A-----	8512
06 cpx. AU. 96. BFP90	TT-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----G-----T-----A-----T-----T-----T-----G-----A-----	9234
06 cpx. EE. -. EEO359	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----G-----T-----T-----T-----G-----A-----C-----	8848
06 cpx. ML. 95. 95ML127	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----A-----C-----G-----T-----T-----T-----C-----G-----A-----	9191
06 cpx. SN. 97. 97SE1078	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----G-----T-----T-----T-----G-----A-----	9257
07 BC. CN. -. CNGL179	TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----G-----G-----T-----G-----T-----G-----A-----A-----	8409
07 BC. CN. 97. 97CN001	TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----G-----G-----T-----G-----T-----G-----C-----A-----	8532
07 BC. CN. 97. CN54	TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----G-----G-----T-----G-----T-----G-----C-----A-----	8562
07 BC. CN. 98. 98CN009	TT-----T-----T-----T-----TAGG-A-----G-----G-----T-----G-----T-----G-----C-----A-----	8532
08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F	TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----G-----G-----T-----G-----T-----C-----G-----C-----A-----	8389
08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F	TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----G-----G-----T-----G-----T-----C-----G-----C-----A-----	8383
08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F	TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----G-----G-----T-----G-----T-----C-----G-----C-----A-----	8371
08 BC. CN. 98. 98CN006	TT-----T-----T-----T-----TA-G-A-----G-----G-----T-----G-----T-----G-----C-----G-----A-----	8544
09 cpx. GH. 96. 96GH2911	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----	8364
09 cpx. SN. 95. 95SN1795	TT-----T-----T-----T-----AGG-A-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----	8388
09 cpx. SN. 95. 95SN7808	-----T-----T-----T-----A-G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----	8364
09 cpx. US. 99. 99DE4057	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----A-----G-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----	8388
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061	TT-----T-----T-----T-----T-G-A-----GA--C-----T-----G-----T-----A-----T-----G-----A-----	8544
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071	TT-----T-----T-----T-----TA-G-----C-----C-----T-----G-----A-----T-----T-----G-----A-----	8589
10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110	TT-----T-----T-----T-----A-G-----G-----C-----T-----G-----A-----T-----T-----G-----A-----	8557
11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA	TT-----T-----T-----T-----G-A-----G-----CT-A-----G-----T-----G-----T-----C-----G-----AGG-----	8383
11 cpx. CM. 96. 4496	-----T-----T-----T-----A-G-A-----A-----A-----C-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----	8542
11 cpx. FR. 99. MP1298	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----C-----G-----T-----T-----T-----G-----A-----	9206
11 cpx. GR. -. GR17	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----C-----G-----TC-TA-T-----A-----T-----G-----T-----	8468
12 BF. AR. 97. A32879	-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----	8758
12 BF. AR. 99. ARMA159	-----T-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----	9154
12 BF. ES. 02. X1241	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----	8451
12 BF. UY. 99. URTR23	--T-----T-----G--T-T--AG-G-A-----A-----G-----A-----G-----T-----T-----G-----T-----	9199
13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----C-----G-----T-----T-----T-----G-----A-----	8447
13 cpx. CM. 96. 1849	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----C-----C-----G-----T-----T-----G-----A-----G-----	8614
13 cpx. CM. 96. 4164	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----A-----C-----C-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----	8611
14 BG. ES. 00. X605	TT-----T-----T-----T-----A-GCA-----C-----G-----TA-T-----A-----T-----A-----G-----	8657
14 BG. ES. 00. X623	TT-----T-----T-----T-----T-----GCA-----C-----G-----TA-----A-----T-----A-----G-----	8650
14 BG. ES. 99. X397	TT-----T-----T-----T-----A-GCA-----C-----G-----TA-T-----A-----T-----A-----G-----	8669
14 BG. ES. 99. X421	TT-----T-----T-----T-----A-GCA-----C-----G-----TA-T-----A-----T-----A-----G-----	8648
15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1331	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----CT-A-----G-----T-----TT-----G-----A-----	8397
15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1332	TT-----G-----T-----A-----T-----A-G-----A-----CT-A-----G-----T-----TA-T-----T-----G-----A-----	8421
15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079	TT-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----T-----A-----G-----T-----TA-T-----T-----G-----A-----	8564
15 01B. TH. 99. 99TH_R2399	TT-----C-----T-----T-----T-----A-G-A-----G-----CT-A-----G-----T-----T-----G-----A-----	8601
16 A2D. KR. 97. 97KR004	-----G-----T-----T-----A-G-A-----G-----C-----G-----G-----T-----G-----G-----	8606
18 cpx. CM. 97. CM53379	TT-----T-----T-----T-----AGG-A-----G-----C-----G-----A-----T-----G-----T-----	8411
N. CM. -. YBF106	-----G-----TGG--AG-A-----G-----A-----T-----A-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----G-----	8722
N. CM. 02. DJO0131	TT-----TGG--AG--A-----G-----CG--TT--A-----C-----G-----T-----T-----C-----G-----	8664
N. CM. 95. YBF30	TT-----T-----G-----TGG--AG-A-----G-----T-----A-----C-----C-----G-----T-----AT-C-----C-----G-----T-----	8779
O. BE. 87. ANT70	TT-----A-----T-----T-----T-----T-----A-----GC-----A-----G-----T-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----	9276
O. CM. -. 96CMABB637	TT-----A-----T-----T-----T-----CTGA-----GC-----A-----G-----T-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----	8780
O. CM. 91. MVP5180	TT-----A-----T-----T-----T-----T-----AG--GC-----A-----G-----T-----A-----T-----T-----G-----A-----T-----	9299
O. SN. 99. SEMP1300	TT-----A-----T-----T-----T-----CTGA-----GC-----G-----G-----T-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----	9308
CPZ. CD. -. ANT	TGN-----TN-----T-----NN-A-----TT-A-----GC-----C-----A-----A-----G-----TTA-----C-----G-----AAT-----G-----T-----GA-----A-----	8643
CPZ. GA. -. CPZGAB	-----T-----G-----T-----AGG-----G-----C-----C-----G-----T-----T-----C-----G-----A-----A-----	9262
CPZ. TZ. -. TAN1	TGG--C-----T-----T-----TT-----T-----C-----A-----GC-----CC-----A-----CACC-----G-----TA-----T-----G-----TGT-----T-----A-----C-----G-----C-----T-----A-----	8875
CPZ. US. 85. CPZUS	TT-----T-----G-----T-----T-----AG-----G-----A-----C-----G-----T-----AAT-----T-----C-----G-----T-----C-----G-----T-----	9228

Nef H F L K E K G G L E G L I H S Q R R Q D I L D L W I Y H T Q G Y F P D * Q N Y T P G P Nef

Nef premature end in HXB2 /

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

357

HIV-1/SIVcpz complete genomes

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

B.FR.83.HXB2	.GGGGTCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGTCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGATAAGATAGAAGAG...GCCAATAAAGGAGAGAAC.ACCAGC.TTGTTACACCCCTGTGAGCCTGCATGGGA	9313
A1.KE.94.Q23_17	---AC---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---GA---AT---T---AA---A---A	8765
A1.RU.03.03RU20_06_13	---A---T---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GC---T---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8808
A1.SE.94.SE7253	---T---C---A---A---A---T---T---T---G---AG---GC---T---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8523
A1.TZ.01.A173	---A---G---C---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8510
A1.UA.00.98UA0116	---A---T---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	9324
A1.UG.92.92UG037	---A---T---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8722
A1.UG.98.98UG57136	---AC---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8518
A2.CD.97.97CDKFE4	5100
A2.CD.97.97CDKS10	5323
A2.CD.97.97CDKTB48	---C---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8674
A2.CY.94.94CY017_41	---A---T---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8739
A3.SN.01.DDI579	---ACT---C---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8496
A3.SN.01.DDJ369	---A---T---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8556
A3.SN.96.DDJ360	---ACT---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8487
B.AR.00.ARMS008	---AC---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8580
B.AU.96.MBCD36	8444
B.CO.01.PCM074	---AA---T---TGT---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8563
B.GA.88.OYI	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8867
B.NL.00.671_00T36	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8868
B.RU.-.04RU129005	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8828
B.TH.90.BK132	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8648
B.US.90.WEAU160	---ACT---C---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	9313
B.US.98.1058_11	---AC---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8514
C.AR.01.ARG4006	8531
C.BR.-.04BR013	---C---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8825
C.BR.92.BR025-d	---C---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8671
C.BW.00.00BW075621	---AC---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8669
C.ET.86.ETH2220	---C---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8713
C.IN.95.95IN21068	---C---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8684
C.IN.99.01IN565_10	---C---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8714
C.KE.00.KER2010	---C---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8526
C.TZ.01.BD9_11	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8541
C.UY.01.TRA3011	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8514
C.ZA.04.SK164B1	---GCT---G	8707
C.ZM.96.96ZM651	---GCT---G	8689
D.CD.83.ELI	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8852
D.CD.83.NDK	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8820
D.CM.01.01CM_4412HAL	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8379
D.KE.01.NKU3006	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8559
D.TD.99.MN012	---AC---G---TC---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8524
D.TZ.01.A280	---ACT---C---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8504
D.UG.94.94UG114	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8631
D.UG.99.99UGD23550	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8535
D.UG.99.99UGKO9958	---ACT---C---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8470
D.ZA.86.R482	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8504
F1.BE.93.VI850	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8590
F1.BR.89.BZ126	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8644
F1.BR.93.93BR020_1	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8626
F1.FI.93.FIN9363	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8614
F1.FR.96.MP411	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8480
F2.CM.02.02CM_0016BBY	8349
F2.CM.95.MP255	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8457
F2.CM.95.MP257	---CC---T---G	8490
F2.CM.97.CM53657	---ACT---GTC---G	8484
G.BE.96.DRCBL	---ACT---GTC---G	9276
G.CM.01.01CM_4049HAN	8367
G.ES.99.X138	---ACT---TC---G	8772
G.FI.93.HH8793_12_1	---AC---CT---G	8713
G.IG.92.92IG083	---ACT---CTC---G	8663
G.SE.93.SE6165	---ACT---TC---C---G	8755
H.BE.93.VI991	---AG---C---C---G	8716
H.BE.93.VI997	---AGG---C---C---G	8631
H.CF.90.056	---AG---T---C---G	8636
J.SE.93.SE7887	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8611
J.SE.94.SE7022	---AC---B---C---T---A---A---G---T---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8621
K.CD.97.EQTB11C	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8496
K.CM.96.MP535	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8500
01_AE.TH.00.OUR200I	8422
01_AE.TH.01.OUR414I	8402
01_AE.TH.02.OUR769I	8390
01_AE.TH.90.CM240	---A---T---TG---C---C---T---A---T---T---G---AG---GA---T---C---G---G---A---C---A---R---A---AT---AA---C---A	8881

B. FR. 83. HXB2 .GGGGTCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGTCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGATAAGATAGAAGAG . .GCCAATAAAGGAGAGAAC .ACCAGC .TTGTTACACCTGTGAGCCTGCATGGGA 9313

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE 8383

02 AG. FR. 91. DJ264 8668

02 AG. NG. - . IBNG 8840

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 8488

03 AB. BY. 00. 98BY10443 9270

03 AB. RU. 97. KAL153 2 8478

03 AB. RU. 98. RU98001 8631

04 cpx. CY. 94. CY032 8725

04 cpx. GR. 91. 97PVCH 9439

04 cpx. GR. 97. 97PVMY 9380

05 DF. BE. - . VI1310 8722

05 DF. BE. 93. VI961 8682

05 DF. ES. 99. X492 8633

06 cpx. AU. 96. BFP90 9358

06 cpx. EE. - . EEO359 8972

06 cpx. ML. 95. 95ML127 9315

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 9381

07 BC. CN. - . CNGL179 8533

07 BC. CN. 97. 97CN001 8656

07 BC. CN. 97. CN54 8686

07 BC. CN. 98. 98CN009 8656

08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F 8513

08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F 8507

08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F 8495

08 BC. CN. 98. 98CN006 8668

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 8488

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 8512

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 8488

09 cpx. US. 99. 99DE4057 8389

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF061 8668

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF071 8713

10 CD. TZ. 96. 96TZ BF110 8681

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA 8384

11 cpx. CM. 96. 4496 8666

11 cpx. FR. 99. MP1298 9330

11 cpx. GR. - . GR17 8592

12 BF. AR. 97. A32879 8882

12 BF. AR. 99. ARMA159 9278

12 BF. ES. 02. X1241 8575

12 BF. UY. 99. URTR23 9323

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN 8448

13 cpx. CM. 96. 1849 8738

13 cpx. CM. 96. 4164 8735

14 BG. ES. 00. X605 8781

14 BG. ES. 00. X623 8774

14 BG. ES. 99. X397 8793

14 BG. ES. 99. X421 8772

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1331 8521

15 01B. TH. 02. 02TH OUR1332 8545

15 01B. TH. 99. 99TH MU2079 8688

15 01B. TH. 99. 99TH R2399 8725

16 A2D. KR. 97. 97KR004 8730

18 cpx. CM. 97. CM53379 8535

N. CM. - . YBF106 8846

N. CM. 02. DJ00131 8788

N. CM. 95. YBF30 8903

O. BE. 87. ANT70 9403

O. CM. - . 96CMABB637 8907

O. CM. 91. MVP5180 9426

O. SN. 99. SEMP1300 9435

CPZ. CD. - . ANT 8752

CPZ. GA. - . CPZGAB 9386

CPZ. TZ. - . TAN1 8984

CPZ. US. 85. CPZUS 9352

Nef G V R Y P L T F G W C Y K L V P V E P D K I E E . A N K G E N T S L L H P V S L H G Nef

HIV-1/SIVcpz complete genomes

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	TGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTTCATCAGTGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTC	9411
A1.KE.94.Q23_17	-----TGAA-----A--A-----A-----G--C-AA-A--AGA-----GG-A-----G--	8863
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----TGA--A-A-----AT-----A-----T-W--G--TC-AAMA--AGA-----AG--T--A-----G--	8906
A1.SE.94.SET253	-----TGAA--A--ACA--AG--C-----G--AA-GA--AGA--A--A-----T--A-----AG--	8621
A1.TZ.01.A173	-----TGAT-----ACA--AG--CA-----AAG--G--AA-A--A-A--A-----C-T--A-----AG--	8608
A1.UA.00.98UA0116	-----TGA--A-A-----AT-----A-----T--G--TC-AACA--AGA-----T--A-----AG--	9422
A1.UG.92.92UG037	-----TGA--A--ACA--AG--A-----A--G--CGAGTA--AAA--AA-----TT-A-----AG--	8820
A1.UG.98.98UG57136	-----TGA--A--ACA--ATA--A-----A--G--AA-G--A-A--A-----T--A-----AG--	8616
A2.CD.97.97CDKFE4	5100
A2.CD.97.97CDKS10	5323
A2.CD.97.97CDKTB48	CA--G--T--A-----A-----A-----T--T--G--GC-GAGA--C-A--A-----A-----T--A-----AG--	8772
A2.CY.94.94CY017_41	-A-----T--A-----AGA--GA-----T--AA--G--CGGAGA--AGA-----A-----AG--	8837
A3.SN.01.DDI579	-----TAA--A-----A--AT--C-----T-----G--C-AA-A--ACA--T-----A-----T--A-----AG--	8594
A3.SN.01.DDJ369	-----TA--G--G--AT--A-----T-----G--C-AA-A--A--T--TGC--AA--T-----C--GG--A-----AG--	8654
A3.SN.96.DDJ360	-----TGA--A-----A--AT--C-----T-----G--C-AA-A--A--A--T--A-----T--A-----AG--	8585
B.AR.00.ARMS008	---G-----G--A--AT--A-----G-----A-----AAA-----A-----AG--	8678
B.AU.96.MBCD36	G-CCAATGGA--A-AC-ACAGATTGT-CTGTTG.....	8480
B.CO.01.PCM074	---C--T--T-----A--ATA--A-----G--CA-G--TA-----T--A-----AAGGACT--	8666
B.GA.88.OYI	-----A--A-----T--A-----G--A-----G-----A-----AG--	8965
B.NL.00.671_00T36	-A-----A--A-----T--A-----A-----A--A-----A-----AG--	8966
B.RU.-.04RU129005	-----A--A-----G--TA--A-----A-----A-----A-----AG--	8926
B.TH.90.BK132	-----A-----A--AT--A-----AAA--G--G--A-----AA-----A-----G--	8746
B.US.90.WEAU160	-----AT--A-----A--AT--A-----AAA-----A-----A-----T-----AG--	9411
B.US.98.1058_11	---C-----T-----T--M--C-C-G-----A-----A-----A-----G--	8612
C.AR.01.ARG4006	---G--TT-A--CG-----A--C-----A-----T--T-----CGCAGA--A-----C--A-----T--A-----AG--	8629
C.BR.-.04BR013	---G--TGAAC-CG-----GC--A-----A-----T--T-----CGCAGA--A-----C--A-----T--A-----AG--	8923
C.BR.92.BR025-d	---G--TT-AC-C-----A--C-----A-----T--T-----CG-AGA--A-----C--A-----AG--T--A-----AG--	8769
C.BW.00.00BW07621	-A-----TGATC-C-----A--AT--A-----TA-----CGCAGA--A-----C--A-----A--T--A-----AG--	8767
C.ET.86.ETH2220	---G--TGAA--C-----A--A-----A-----T--A-----CGCAGA--A-----C--A-----T--A-----AG--	8811
C.IN.95.95IN21068	---G--TGACC-C-AC-----A--G--T-----A-----T--AA--CACA--A--AG--C--A-----TT--A-----AAC--AG--	8785
C.IN.99.01IN565_10	-A--G--TGGA--C-----C--AT--A-----A-----A-----CGCA--A--A--C--C--A-----TT--A-----AG--	8812
C.KE.00.KER2010	-A--G--TGAA--C-----A--AG--CA-----T--T-----CACA--A--C--C--AA-----T--A-----AG--T	8624
C.TZ.01.BD9_11	---G--TGAA--C-----C--A--CA-----TA-----CGCAGA--A-----C--A-----T--A-----AG--	8639
C.UY.01.TRA3011	---G--T--AC-C-A-----A--C-----A-----T--T--G--CA-AGA--A-----C--A-----AG--T--A-----AG--	8612
C.ZA.04.SK164B1	---G--TGAAC-C-----A--A--GT-----A-----CGCAGA--TC-----T--AAA-----T--A-----AG--	8805
C.ZM.96.96ZM651	---G--TGATC-C-----A--A-----A-----T--A-----CA--A--A-----A-----T--A-----AG--	8787
D.CD.83.ELI	---G-----C-----A--A-----A--A-----A--A-----G--G--AA-----A-----T--A-----A--	8950
D.CD.83.NDK	---G-----C-----AT-----A--A-----A--A-----C--G--G--AA-----T--A-----AG--	8918
D.CM.01.01CM_4412HAL	8379
D.KE.01.NKU3006	---G-----AT-----A--A--TA--A--C--G--A--AA-----AC--A-----A-----AG--	8657
D.TD.99.MN012	---G--T-----G--T-----A--A--AAA-----A--G--A--AAA--AAG--AA-----T--T-----AG--	8622
D.TZ.01.A280	---G--A-----A-----TA-----A--A--A-----G--A--AA-----AGCT-----A-----AG--	8602
D.UG.94.94UG114	---G--A-----T-----TA-----A--A--A-----G--A--AA--AA-AT-AAA-----A-----AG--	8729
D.UG.99.99UGD23550	---G-----C--AG-----A--A--TA--A--G-----G--A--AA--AA-C-----A-----AG--	8633
D.UG.99.99UGK09958	---G-----A--A-----G--GAT-----A--A--TA--A-----G--A--AA--A-ATAAAA-----T-----AG--	8568
D.ZA.86.R482	-A--G--A-----C-----A--A-----A--A-----A--A-----G--G--AA-----A-ATAAAA-----A-----AG--	8602
F1.BE.93.VI850	---G--TGAA--C-----AC-GAG-----A-----A--G--C-GAGA--A--A--AGA-----T--A-----CAAGACTGAG--	8694
F1.BR.89.BZ126	---G--TGAA--CG-----AC-GAT-----A-----A--G--CGGAGA--A--A--AAA-----T--A-----CAAGCTGAG--	8748
F1.BR.93.93BR020_1	---G--TGAA--C--A-----AC-GA--A--GA-----T--G--C-GAGA--A--A--AGA-----A-----CAAGACTGAG--	8730
F1.FI.93.FIN9363	---G--TGAA--C-----AC-GA--A--A-----G--C-GA--A--A--A--AGA-----T--A-----CGAGACTGAG--T	8718
F1.FR.96.MP411	---G--TGAA--C-----AC-GAGA--GA-----T--T--G-----AGA--A--A--AAA-----T--T--AT-----C--A-----AG--	8578
F2.CM.02.02CM_0016BBY	8349
F2.CM.95.MP255	---G--TGAA--C-----AGA--A-----A-----C-GAGA--A--A--AGA-----TT--A-----C--AG--	8555
F2.CM.95.MP257	---G--TGAC--C--AG-----A--CA-----G--GC-GAGA--TA--A--AGA-----A-----AG--	8588
F2.CM.97.CM53657	---G--GAA--C--G-----A--A-----TC-----CGGAGA--AGA--A-----A-----AG--	8582
G.BE.96.DRCBL	---G--GAA--TG-----C-G-TA-----A-----TA--G--CGGAGA--T--A-----A-----AG--	9374
G.CM.01.01CM_4049HAN	8367
G.ES.99.X138	---G--TG--A--C--AT--G-----C-GATA--AA-----TRA-----CGGAGA--A-----A--T--T--A-----AG--	8870
G.FI.93.HH8793_12_1	---G--GA--C-----C-GATA--A-----TA-----CGGAGA--C--A-----T--AT-----AG--	8811
G.NG.92.92NG083	---G--TGAA--C-----C-G-TA-----A--A--TA-----CGGAGA--C--A-----C--G--TA-----AG--	8761
G.SE.93.SE6165	---G--GAA--C-----C-G-T-----A-----TA-----CGGAGA--A--A-----A-----AG--	8853
H.BE.93.VI991	-A--G--T--A-----AC--AT-----A-----T--A-----C-GAGA--AGA--AA-----T--A-----AG--	8814
H.BE.93.VI997	---G--GAA--G-----C-GAT-----A-----T-----C--CACA--ACA-----AAA-----T--A-----AG--	8729
H.CF.90.056	---G--TGAC--G-----C-GAT-----AA-----T--A-----GACA--T-----TAAA-----A-----AG--	8731
J.SE.93.SE7887	-A--G--TGAA--A-----C-----A-----TC-----CGGAGA--A--A-----A-----TT--A-----AG--	8709
J.SE.94.SE7022	-A--G--TGAA--A-----C--A-----A-----TC-----CGGAGA--A--A-----A-----TT--A-----AG--	8719
K.CD.97.EQTB11C	---G--TGAAC-C-----A--A-----A-----TTC--G--CGAA--A--T--A-----A-----A-----AG--	8594
K.CM.96.MP535	---G--TGAAC-C-----A--A--AT-----A-----TTC--CGAAGA-----A-----C-----A-----AG--	8598
01_AE.TH.00.OUR200I	8422
01_AE.TH.01.OUR414I	8402
01_AE.TH.02.OUR769I	8390
01_AE.TH.90.CM240	-A--G--GAA--A-----C-GAT-----A-----TGC-----CGAA--A-----A--A-----A-----AT-----AG--	8979

|- TCF-1 alpha binding site

B. FR. 83. HXB2 TGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTTCATCACGTGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTC.....AAGAAC 9411

02 AG. CM. 02. 02CM 1669LE 8383

02 AG. FR. 91. DJ264 ---G--GAA--C-----AC-G-TC---A-----TA---G--AGAAGA--A-A-----G-----T--AT.....--AG-- 8766

02 AG. NG. -. IBNG ---G--GAC--T-----C-GATC---A-----TA-A-G---CAGA--ACA--TA-----A-----A-----AG-- 8938

02 AG. UZ. 02. 02UZ693 A--G--GAA--C-----C-GATC---A-----TAAA-G---A-A--T--A--T-----TT-A-----AG-- 8586

03 AB. BY. 00. 98BY10443 A-----TGA--A-A-----AT----A-----T---G--TC-AACA--AGA-----T--A-----AG-- 9368

03 AB. RU. 97. KAL153 2 -----TGA--A-A-----AT----A-----T---G--TC-AACA--AGA-----T--A-----AG-- 8576

03 AB. RU. 98. RU9800I -----TGA--A-A-----AT----A-----T---G--TC-AACA--AGA-----T--A-----AG-- 8729

04 cpx. CY. 94. CY032 ---G--TGAA-----A--A-----A-----T---G--ACA-G---A-----TT-A-----AG-- 8823

04 cpx. GR. 91. 97PVCH ---G--TGAA-----A--A-----A-----T---G--CA-A--A-----T--A-----AG-- 9537

04 cpx. GR. 97. 97PVMY ---G--TGAA-----C--A-----A-----T-TG---ACAGA--A-----T--A-----AG-- 9478

05 DF. BE. -. VI1310 ---G--TGAT--C-----AC-GC---A-----A---G---AAGA--A-A--A-----AGA--A-----T--A-----CAAGACTGAG-- 8826

05 DF. BE. 93. VI961 ---G--TGAA--TG-----A--AG--A-----TC---G---AA-A--A-A-----AGA-GC--A-A-T--A-----CAAGACTGAG-- 8786

05 DF. ES. 99. X492 -A-----TG-A--C-A-----A--A-A-----AAA---AA-G---C-----AA--C--A--A-T--A-----CAAG--CG-- 8734

06 cpx. AU. 96. BFP90 CA--G--TGAA--A-----A-----A-----TC-----AGGAGA--A-A--A-----AAA-----TT-A-----AG-- 9456

06 cpx. EE. -. EEO359 CA--G--TGAA--AG-----AT-----TC-T-G---CGGAGA--A-A--A-----AA-----AG-- 9070

06 cpx. ML. 95. 95ML127 C--G--TGAA--AG-----C--AT-----TC-----CGAAGA--A-A-----C-----C-TT-A-----AG-- 9413

06 cpx. SN. 97. 97SE1078 ---T--A--AR-----AT-----TC---G---CGGAGA--A-A--AR---AW---TT-AY-----AG-- 9479

07 BC. CN. -. CNGL179 ---G--TGAAC-C-----A--A-----A-----T-AA---CACAGA--TG-----C--A--A-----T--A-----AG-- 8631

07 BC. CN. 97. 97CN001 ---G--TGATC-C-----A--A--C-----A-----T-AA---CACAGA--AG-----C--A--A-----TT-A-----AG-- 8754

07 BC. CN. 97. CN54 ---G--TGATC-C-----A--A-----A-----T-AA---CACAGA--AG-----C--A--A-----TT-A-----AG-- 8784

07 BC. CN. 98. 98CN009 ---G--TGAAC-C-----A--A-A-----A-----T-AA---CACAGA--AG-----C--A--A-----TT-A-----AG-- 8754

08 BC. CN. 97. 97CNGX 6F ---G--TGAAC-C-----A--A-----A-----T-AA---CACAGA--AG-----C--A--A-----TT-A-----AG-- 8611

08 BC. CN. 97. 97CNGX 7F ---G--TGAAC-C-----A--A-----A-----T-AA---CACAGA--AG-----C--A--A-----TT-A-----AG-- 8605

08 BC. CN. 97. 97CNGX 9F ---G--TGAAC-C-----A--A-----A-----T-AA---CACAGA--AG-----C--A--A-----TT-A-----AG-- 8593

08 BC. CN. 98. 98CN006 ---G--TGAAC-C-----A--A-----A-----T-AA---CACAGA--AA-----T--A-----TT-A-----AG-- 8766

09 cpx. GH. 96. 96GH2911 ---TCA...-GAG-----C-GAT-----AC-----C-GA-A-YA-A--A-----AAA-----T--A-----AG-- 8583

09 cpx. SN. 95. 95SN1795 -A--G--TT-A--AG-----A-AC-GAT--A-----AC-----C-GA-A--C-A--AA-----AAA-----A-----AG-T 8610

09 cpx. SN. 95. 95SN7808 -A--G--T-A--A-----G-AC-GAT--A-----AC-----C-GA-A--A-A--A-----AA-----T--A-----AG-- 8586

09 cpx. US. 99. 99DE4057 8389

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF061 ---G--TAAAC-TG-----A--T-----A-----AC-----CACA-A--A-A-----C-----A-----T-A-----AG-T 8766

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF071 ---G--TG-AC-CG-----A--ATA--CA-----T-AAA---CACACA--A-----C-----T--A-----A-----AG-- 8811

10 CD. TZ. 96. 96TZ_BF110 ---A--T--A--C-----A--A-----A-----T-AG-----CA-A--A-----C-----A-----T--A-----AG-- 8779

11 cpx. CM. 02. 02CM 2190SA 8384

11 cpx. CM. 96. 4496 -A--G--TGAA--A-----A--AGA--A-----TTC-----CGAAGA--A-A-----R-----T-T--A-----AAAGACT-AG-- 8770

11 cpx. FR. 99. MP1298 ---G--TGAA--AG-----AT-----TC-----CGAA-A--A-A-----C-----T--A-----AG-- 9428

11 cpx. GR. -. GR17 -A--G--TGAA--T-----AGA--A-----TTC-----CGAAGA--A-A-----C-----T--A-----AAAGACT-AG-- 8696

12 BF. AR. 97. A32879 ---G--TGAT--C-----AC-GAT-----A-----G--GC-GAGA--A-A--A-----AGA-----T--A-----CAAGACTGAG-- 8986

12 BF. AR. 99. ARMA159 ---A--TGAA--C-----AC-GATA--A-----A-----G--GC-AAGA--T-A--A-----AAA--A-----GG-AT---AAAGACTGAG-- 9382

12 BF. ES. 02. X1241 ---G--TGAA--C-----C-GA-----A-----AA-----CGGAGA--C-A--A-----AAA--A-----T--A-----AAAGACTGAG-- 8679

12 BF. UY. 99. URTR23 -A--G--TGGA--C-A-----AC-G-TA-----A-----G--C-GAGG--A-A--A-----AGA-----A-----CAAGACTGAG-- 9427

13 cpx. CM. 02. 02CM 3226MN 8448

13 cpx. CM. 96. 1849 -A--G--TG-A--A-----A--AT-----A-----TTC-----CGAA-A--A-A-----A-----T--A-----AG-- 8836

13 cpx. CM. 96. 4164 ---G--TGAA--A-A-----A--AT-----A-----TTC-----CGAAGG--A-----A-----A-----T--A-----AG-- 8833

14 BG. ES. 00. X605 ---G--TG-A--C-AT--G--C-GAGA--AA-----TA-----CGGAGA--A-A-----A-T-T--A-----AG-- 8879

14 BG. ES. 00. X623 ---GGR-TGGA--C-AT--G--C-GAGA--RA-----TA-----CGGAGA--A-A-----K-T--A-----AG-- 8872

14 BG. ES. 99. X397 ---G--TG-A--C-AT--G--C-GATA--A-----TA-----CGGAGA--A-A-----A-T-T--A-----AG-- 8891

14 BG. ES. 99. X421 ---G--TG-A--C-AT--G--C-GAGA--A-----TA-----CGGAGA--A-A-----G-G-A-T-T--A-----AG-- 8870

15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1331 AA--G--GAA--A-----C-GAT-----A-----TC-----CGAA-A--ACA-----A-----A-----AT-----AG-- 8619

15 01B. TH. 02. 02TH_OUR1332 AA--G--TGAA--C-----C-GAT-----A-----TC-T---CGAA--A--A-A-----A-----C--A-----T--AT-----AG-- 8643

15 01B. TH. 99. 99TH_MU2079 ---G--GAA--A-----C-GA-----CA-----TGC-----CGAA--A--A-A-----A-----T-----AT-----AG-- 8786

15 01B. TH. 99. 99TH_R2399 AA-----GA--T-A-----C-GAT-----AA-----TGC-----CGAA--A--A-A-----T-----C--A-----T--AT-----AG-- 8823

16 A2D. KR. 97. 97KR004 -A--G-----T-----A-----GT-----T-T-A--T---C-GGTA-----AAA-----T--A-----AG-- 8828

18 cpx. CM. 97. CM53379 ---G--TGAA-----A-----AT-----A-----TAC--G--AGGA--A--A-A-----A-A-----A-----AG-- 8633

N. CM. -. YBF106 -A---TGATC-C-A-C-----C-G-T-----C-----TC---G--AGAAGA--A--AAA-----C-----C-T--A-----AG-- 8944

N. CM. 02. DJ00131 -A---TGGAC-C-A-----C-GC-----CA-----TC---G--AGAAGA--A--A--AA-----C-----C-TT-A-----AG-- 8886

N. CM. 95. YBF30 CA---TGATC-T-A-----G-T-----C-A-----TC-----AGAAGA--T--A--AA-----TT-A-----AG-- 9001

O. BE. 87. ANT70 -T--A--TA-AC-T-A-----A-AC-GAT-----A-----T--ATCT---GCAACACC--T--T--TATGATAACT--C--A--CT-----CAGAAGGACT--A-- 9511

O. CM. -. 96CMA8637 GT--C--TG-AC-TG-----A-ACCGA-A--CA-----T-CTTCAT---TCGCACC--T--T--TTT-ATAACT--C--A--CT-----AACAAGGACT--A-- 9014

O. CM. 91. MVP5180 CT--G--TG-AC-CG-G--GA-AC--A--A--CA-----T-ATCAT--GC--AACA--TA-A--TGC-AAA--C--A--CT-----CCC--T-- 9526

O. SN. 99. SEMP1300 -T--A--T--AC-C-AG--GA--C-GA-A--CA-----T-ATCA--GCAGCACC--T--T--T-TGATAACC--C--A--CT---T-----CTCAAGGACT--A-- 9542

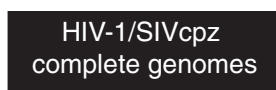
CPZ. CD. -. ANT CPZ. GA. -. CPZGAB AT-GA-----AC-T-A--GA-C--AGA--GAA-----TGCAA-----GATGAGAAGA--A-T--AA-----AAGA--C--T--A-----A-----AGAGACTAAGACTGTAAACAGGCGGATAT--A-- 8878

CPZ. TZ. -. TAN1 CPZ. US. 85. CPZUS ---A--TGA--C-A--G--C--G-TC--C-----A--G--C--AAGA--TA--T-----A--AA-----A-----AAATAAGGACTTCCGGGTGCCATGACT--A-- 9515

CTACC--T--A--TG-----GACTC-GATC--C-----A-----AGAAGG--A--A--A-----AAGAT-----AAATAAGGACTTCCGGGTGCCATGACT--A-- 9109

---A--TGAAC-TG-C-----C--ATC--CA-----CTGAA--G--TCGGAA--AGA--TAA-----A-----CGGAACTGATGGCTGTAAACCGCGCAGCGCAAT--A-- 9482

Nef M D D P E R E V L E W R F D S R L A F H H V A R E L H P E Y F K N Nef



HIV-1/SIVcpz complete genomes

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	TCF-1 alpha binding site - Nef end \ TGCTGAC... ATCGAGC.TT... GCTACAA... NF-kappa-B II GGGACTTTCC... GCTG...	9448
A1.KE.94.Q23_17	CA-AG... T-GACT...	8900
A1.RU.03.03RU020_06_13	CA...C... GAC-TGAAGTT... GCTGACA...-G...	8954
A1.SE.94.SE7253	CA-AG... GAC... A-C...	8658
A1.TZ.01.A173	CA-AG... GAC...	8645
A1.UA.00.98UA0116	CA...C... GAC-TGAAGTT... GCTGACA...-G...	9470
A1.UG.92.92UG037	CA-GAG... GACT...	8857
A1.UG.98.98UG57136	CA-AG... GACT...-G...	8652
A2.CD.97.97CDKFE4		5100
A2.CD.97.97CDKS10		5323
A2.CD.97.97CDKTB48	CA-AG.A... GAC-CAGAAGTT... GCTGACA... A-G...	8823
A2.CY.94.94CY017_41	CA-AG... GACG...	8874
A3.SN.01.DDI579	CA-AG... GAC-CAGAAGTT... GCTGACA...-G...	8646
A3.SN.01.DDJ369	C... GCTG... A-GAC-CAGAAGTT... GCTGACA...-G...	8709
A3.SN.96.DDJ360	CA-AG... GAC...	8622
B.AR.00.ARMS008	T... T...	8714
B.AU.96.MBCD36	GGGACTTTCCATCCGCTG... AAG... GCGCG...	8519
B.CO.01.PCM074	C... T...	8703
B.GA.88.OYI	T... G...	9002
B.NL.00.671_00T36	C-GAG...ACTACAAG... AAAT...GAC-CCGAGCT... TCTACAA...	9028
B.RU.-.04RUI29005	A... C... T...	8963
B.TH.90.BK132	T... T...	8783
B.US.90.WEAU160	T... T... A...	9448
B.US.98.1058_11	A... T... A...	8649
C.AR.01.ARG4006	CA-A...	8655
C.BR.-.04BR013	CA-A...	8949
C.BR.92.BR025-d	T... CA-AG...ACAAA... GACT...GAC-CAG... CT... A...	8818
C.BW.00.00BW07621	CA-A...	8793
C.ET.86.ETH2220	CA-C...	8837
C.IN.95.95IN21068	CG-A...	8811
C.IN.99.01IN565_10	GGTCTTACAAAAGACTGCTGAC... CA-A... T... C...	8859
C.KE.00.KER2010	CA-A... TT...	8650
C.TZ.01.BD9_11	CA-AG.GGACTTTT... GACT...GAC-CAG... AA...	8686
C.UY.01.TRA3011	T... CA-AG...ACAAA... GACT...GAC-CAG... AA... A...	8661
C.ZA.04.SK164B1	CA-A... CA-A... CT...	8832
C.ZM.96.96ZM651	CA-A... CA-A... CT...	8813
D.CD.83.ELI	A... C... T...	8987
D.CD.83.NDK	T... C...	8955
D.CM.01.01CM_4412HAL	C... T...	8379
D.KE.01.NKU3006	ACTGAGTAAAGACTGCTGAC... C-A... T...	8693
D.TD.99.MN012	ACTGAGTAAAGACTGCTGAC... C-A... T...	8680
D.TZ.01.A280	TZ.01.A280... A.C... GAC-CCGAGTTT... TGCTACAA...	8654
D.UG.94.94UG114	C... A.C... T...	8766
D.UG.99.99UGD23550	C... T... T...	8670
D.UG.99.99UGK09958	AACTGCTGACACAAGATTGCTGAC... C... G... T... T...	8628
D.ZA.86.R482	C... T... T...	8639
F1.BE.93.VI850	CA-A... GAC-CAGAAGAA... TCTAAAA... A...	8746
F1.BR.89.BZ126	CA-A... GAC-CAGAAGA... ATCTAAA... A...	8799
F1.BR.93.93BR020_1	CA-A... GAC-CAGAAGA... ATCTAAA... A...	8781
F1.FI.93.FIN9363	CA-A... GAC-CAGAAGA... ATCTAA... A...	8768
F1.FR.96.MP411	CA-A... GAC-CAGAAGA... ATCTAA... A...	8578
F2.CM.02.02CM_0016BBY		8349
F2.CM.95.MP255		8555
F2.CM.95.MP257		8588
F2.CM.97.CM53657	GAAACTGCTGAT... CA-AG.A... T... A... CC...	8627
G.BE.96.DRCBL	CA-AG... GAC-AGGGGACTTTAA... GTTGCTGACAAA... CC...	9434
G.CM.01.01CM_4049HAN		8367
G.ES.99.X138	A.C... GAC-CAGAAGTTG... CTGACAAA... CT...	8921
G.FI.93.HH8793_12_1	CA-AG... GAC-A... G... CT...	8850
G.NG.92.92NG083	CA-AG... GAC-A... CT...	8799
G.SE.93.SE6165	CA-AG... GAC-A... G... A-CT...	8892
H.BE.93.VI991	CA-AG... GAC-CAGAAGAT... TCTATACA...	8866
H.BE.93.VI997	T... CA-AG.A... T-GAC...	8765
H.CF.90.056	CA-AGA... T-GA...	8766
J.SE.93.SE7887	AA-AG... T--GCG...	8746
J.SE.94.SE7022	AA-AG... T--GCG...	8756
K.CD.97.EQTB11C		8594
K.CM.96.MP535		8598
01_AE.TH.00.OUR200I		8422
01_AE.TH.01.OUR414I		8402
01_AE.TH.02.OUR769I		8390
01_AE.TH.90.CM240	AG-AG... T--T... A...	9014

TCF-1 alpha binding site	Nef end \			NF-kappa-B II			
B.FR.83.HXB2	TGCTGAC	ATCGAGC.TT	GCTACAA	GGGACTTTCC	GCTG	9448	
02_AG.CM.02.02CM.1669LE						8383	
02_AG.FR.91.DJ264		-CA--AG	--GAC-A		A	8804	
02_AG.NG.--IBNG			--GAC-		A	8975	
02_AG.UZ.02.02UZ693	--A----	-CA--AG	--GAC-A		A	8624	
03_AB.BY.00.98BY10443		-CA--C	--GACCTGAAGTT	GCTGACA	--G	9416	
03_AB.RU.97.KAL153.2		-CA--C	--GAC-TGAAGTT	GCTGACA	--G	8624	
03_AB.RU.98.RU98001		-CA--C	--GAC-TGAAGTT	GCTGACA	--G	8777	
04_cpx.CY.94.CY032		-CA--AG	--GAC-A	A	--CC	8862	
04_cpx.GR.91.97PVCH				A		9543	
04_cpx.GR.97.97PVMY		-CA--AG	--GAC-A	A	--CC	9517	
05_DF.BE.--VI1310		-CA--AA.C	--GAC-CAGGAAGTGTGACACAGAAGCTTTCTACAA			8894	
05_DF.BE.93.VI961		-CA--	--GAC-CAGAAGTT	TTTTACAA		8836	
05_DF.ES.99.X492		-CA--A	--GAC-CAGAAGAT	TTCTACA		8786	
06_cpx.AU.96.BFP90		AA--G.C	--GAC-AAGAAGTT	TCTAATG		9505	
06_cpx.EE.--EE0359		AA--AG	T--AC			9106	
06_cpx.ML.95.95MLL127		AA--AG	T--ACG			9450	
06_cpx.SN.97.97SE1078	AGCCTCACAAAGACTGCTGAC	AA--AG	T--GAC			9537	
07_BC.CN.--CNGL179		-CA--A			--G	8657	
07_BC.CN.97.97CN001		-CA--A			--G	8780	
07_BC.CN.97.CN54		-CA--A			--G	8810	
07_BC.CN.98.98CN009		-CA--A			--G	8780	
08_BC.CN.97.97CNGX.6F		-CA--A				8636	
08_BC.CN.97.97CNGX.7F		-CA--A				8630	
08_BC.CN.97.97CNGX.9F		-CA--A				8618	
08_BC.CN.98.98CN006		-CA--AG.GGACTTT	TACT--GAC-CAG	AA		8815	
09_cpx.GH.96.96GH2911		-CA--AG--CTAGCAG			AA	8620	
09_cpx.SN.95.95SN1795	ACAA--AGT		T--ACT			8647	
09_cpx.SN.95.95SN7808		-CA--AG--CTAGCAG			A	8623	
09_cpx.US.99.99DE4057						8389	
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061		-CA--A				8792	
10_CD.TZ.96.96TZ.BF071		-CA--A			T	8837	
10_CD.TZ.96.96TZ.BF110		-CA--A			G	8805	
11_cpx.CM.02.02CM.2190SA						8384	
11_cpx.CM.96.4496		-CA--AG	--GAC-			8806	
11_cpx.FR.99.MP1298		-CA--AG	A--GAC			9465	
11_cpx.GR.--GR17		-CA--AG	--GAC-TAAAAGTT	GCTGACA		8748	
12_BF.AR.97.A32879		-CA--A.C	--GAC-CAGAAGA	ATCTGAA		9037	
12_BF.AR.99.ARMA159		-CA--A.C	--GAC-CAGAAGA	ATCTAAA		9433	
12_BF.ES.02.X1241		-CA--A	--GAC-CAGAAGA	ATCTAAA		8730	
12_BF.UY.99.URTR23		-CAC--A.GAGTGTGACTGTGACACAGAGAGT	--GAC-CAGAAGA	ATCTAAA		9499	
13_cpx.CM.02.02CM.3226MN						8448	
13_cpx.CM.96.1849		AA--A--TT			A	8863	
13_cpx.CM.96.4164		AA--A.A.C	C		T	8854	
14_BG.ES.00.X605		-CT-C	--GAC-CAGAAGTTG	CTGACAAG	--CT	8930	
14_BG.ES.00.X623	--M----	-CA-C	--GAC-CAGAAGTTG	CTGACAAG	--CT	8923	
14_BG.ES.99.X397		-C-C	--GAC-CAGAAGTTG	CTGACAAG	--CT	8942	
14_BG.ES.99.X421		-C-C	--GAC-CAGAAGTTG	CTGACAAG	--CT	8921	
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331		AA--AG	T--ACT	A		8655	
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332		AA--AG.A	T--GACT	A		8679	
15_01B.TH.99.99TH_MU2079		AA--AG	T--ACT			8822	
15_01B.TH.99.99TH_R2399		AA--AG	T--ACT	A		8859	
16_A2D.KR.97.97KR004		-CA--AG.C	--GAC-CAGAAGTT	GCTGACA	A-C	8880	
18_cpx.CM.97.CM53379		CAA--AG	--GAC-A	G	--CT	8672	
N.CM.--YBF106		AG-GA--TACACG			CA	8980	
N.CM.02.DJ00131		AG-GA--		TACTAATG	CA	8924	
N.CM.95.YBF30		AG-GA--TA	CT--GAC-AGGGACTT	TATACTTG	CA	9058	
O.BE.87.ANT70		CT--AGA--	--GAC-CT	GT-A	AGCAAAGACT--ACA	9565	
O.CM.--96CMABB637		CT--AGA--	--GAC-CT	GC	AGCGGAGACT--ACA	9068	
O.CM.91.MVP5180	A----	CT-C			AG	ACT--ACA	9559
O.SN.99.SEMP1300	--T----	AT--AGA--	--GAC-CT	GC	AGC	AGAG--CTG	9593
CPZ.CD.--ANT	C		GA-CA		GTG	--TCT	8903
CPZ.GA.--CPZGAB		TCT-C				AA	9539
CPZ.TZ.--TAN1		GA-GA--TT	G-ACT		AAT	GTGG-TG-TTA	9157
CPZ.US.85.CPZUS		TGA-GA--	T--A			AA	9515

Nef
Nef C
end*/

HIV-1/SIVcpz complete genomes

	NF-kappa-B I	SPI-III	SPI-II	SPI-I	TATA box					
B.FR.83.HXB2	GGGACTTTCC	AGGGAGCGGTGGCC	TGG	GCGGGACTGGGGAGTGGC	GAGCCCTCAGATCCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTTCG	9531				
A1.KE.94.Q23_17		AG	T	TT	AGT	C-A	G	C	8984	
A1.RU.03.03RU20_06_13		AG	T	TT	AGT	T-A	G	C	9038	
A1.SE.94.SE7253		AG	T	TT	AGT	T-A	G	C	8742	
A1.TZ.01.A173		AG	T	TT	AGT	T-A	G	C	8729	
A1.UA.00.98UA0116		AG	T	TT	AGT	T-A	G	C	9554	
A1.UG.92.92UG037		AG	T	TT	AGT	T-A	G	C	8941	
A1.UG.98.98UG57136		AG	T	TT	AGT	T-A	CG	C	8736	
A2.CD.97.97CDKFE4									5100	
A2.CD.97.97CDKS10									5323	
A2.CD.97.97CDKTB48		G	T	TG	A	AGT	T-A	G	8905	
A2.CY.94.94CY017_41			T	TG		AGT	T-A	G	8957	
A3.SN.01.DDI579				TT		AGT	C	G	8729	
A3.SN.01.DDJ369		G	G		TT		AGT	T	8789	
A3.SN.96.DDJ360			T	TT		AGT	C	G	8705	
B.AR.00.ARMS008			AG	T			G	C	8798	
B.AU.96.MBCD36	GCCCCGGGTGACTAAGTTCCGGTG		A	A	C		G	C	8625	
B.CO.01.PCM074			AG		C		C	T-A	8787	
B.GA.88.OYI							C	G	9085	
B.NL.00.671_00T36				T		A	A	T	9111	
B.RU.-.04RUI29005			AG				DY	T	9046	
B.TH.90.BK132								G	8866	
B.US.90.WEAU160			G		AT		A	G	9531	
B.US.98.1058_11			G					G	8732	
C.AR.01.ARG4006		ACTG	.GGGCGTTCCA	-G	-A	-T		T-C	-T	8750
C.BR.-.04BR013		ACTG	.GGGCGTTCCA	-A	-T				-C	9043
C.BR.92.BR025-d			G-G		A	A	T		C	8900
C.BW.00.00BW07621		ACTG	.GGGCGTTCCA	-A	-T			A	-C	8888
C.ET.86.ETH2220		ACTG	.GGGCGTTCCA	-A	-G	-T			C	8931
C.IN.95.95IN21068		ACTG	.GGCGTTCCA	-T	-T				C	8904
C.IN.99.01IN565_10		ACTG	.GGCGTTCCA	-T	-T				C	8952
C.KE.00.KER2010		ACTG	.GGGCGTTCCA	-T	-T			A	-C	8745
C.TZ.01.BD9_11		ACTTG	.GGGCGTTACA	-G	-T	TT			C	8781
C.UY.01.TRA3011		ACCG	.GGGCGTTCCA	-A	-GA	-T			CT	8756
C.ZA.04.SK164B1		ACTG	.GGGCGTTCCA	-A	-G	-T			A	8927
C.ZM.96.96ZM651		.ACTGG	.GGTCCA	-T	-T				T-C	8906
D.CD.83.ELI					A			T-A	G	9070
D.CD.83.NDK							T	T-A	G	9038
D.CM.01.01CM_4412HAL										8379
D.KE.01.NKU3006					AC	A	G		ACT	8776
D.TD.99.MN012								C	A	8763
D.TZ.01.A280			G		AA			G		8737
D.UG.94.94UG114					AA	A	G		T-A	8848
D.UG.99.99UGD23550			AG		AA	A	G		T-A	8753
D.UG.99.99UGK09958					AA	A	G		T-A	8710
D.ZA.86.R482										8640
F1.BE.93.VI850					A	G	CG	CCAG	A	8829
F1.BR.89.BZ126					A	G	CG	GCCAG	A	8882
F1.BR.93.93BR020_1					AGA		T	G	C	8864
F1.FI.93.FIN9363						A	G	CG	CCAG	8851
F1.FR.96.MP411									TCA	8578
F2.CM.02.02CM_0016BBY										8349
F2.CM.95.MP255										8555
F2.CM.95.MP257										8588
F2.CM.97.CM53657					A	G	CGT	CCAG	A	8710
G.BE.96.DRCBL		AG			C			A	G	9518
G.CM.01.01CM_4049HAN									T-A	8367
G.ES.99.X138			G		C			A	G	8978
G.FI.93.HH8793_12_1					C	A		A	A	8933
G.UG.92.92UG083		AG	A		C			A	G	8883
G.SE.93.SE6165			G		C			A	AGT	8975
H.BE.93.VI991					T			G	T	8949
H.BE.93.VI997					G			C	T	8848
H.CF.90.056					G			AT		8849
J.SE.93.SE7887					AG			A		8830
J.SE.94.SE7022					AG			T		8840
K.CD.97.EQTB11C										8594
K.CM.96.MP535										8598
01_AE.TH.00.OUR200I										8422
01_AE.TH.01.OUR414I										8402
01_AE.TH.02.OUR769I										8390
01_AE.TH.90.CM240			AG		T		G		AGT	9098

	NF-kappa-B I	SPI-III	SPI-II	SPI-I	TATA box	
B.FR.83.HXB2	GGGACTTTCC	AGGGAGCGTGGCC	TGG	GCGGGACTGGGGAGTGGC	GAGCCCTCAGATCCTGCATATAAGCAGCTGCTTTTTGCG	9531
02_AG.CM.02.02CM_1669LE						8383
02_AG.FR.91.DJ264		G-T-TG	-A-AGT	T-T-A	CG-C-C	8887
02_AG.NG.-.IBNG		G-T-TT	-A-AGT	T-A	C-G-C-C	9058
02_AG.UZ.02.02UZ693		G-T-TT	-A-AGT	T-A	G-C-C	8707
03_AB.BY.00.98BY10443		AG-T-ATT	-AGT	T-A	G-C-C	9500
03_AB.RU.97.KAL153_2		AG-T-TT	-AGT	T-A	G-C-C	8708
03_AB.RU.98.RU9800I		AG-T-TT	-AGT	T-A	G-C-C	8861
04_cpx.CY.94.CY032		AG-C	-A-GT	T-A	G-A-C-C	8946
04_cpx.GR.91.97PVCH						9543
04_cpx.GR.97.97PVMY		AG-C	-A-AGT	T-A	G-C-C	9601
05_DF.BE.-.VI1310		G-A		TGA	G-C	8977
05_DF.BE.93.VI961		S-AA		TCA	G-C	8918
05_DF.ES.99.X492	A	T-A	G	TTA	G-C	8847
06_cpx.AU.96.BFP90		T-T	G	T-A	G-A-C-C	9588
06_cpx.EE.-.EE0359		AG-T	G	-A-A-G	A-C-C	9190
06_cpx.ML.95.95ML127		-G-T-A	G	T-A-A-AC-G	A-C-C	9533
06_cpx.SN.97.97SE1078		AG-Y	G	T-A-A-G	A-C-C	9621
07_BC.CN.-.CNGL179		ACTGG.NGG.CGTTCTA	T-T	-A-A	T.C-C	8753
07_BC.CN.97.97CN001		ACTG.GGGTGTCTA	T-T		T.C-A	8874
07_BC.CN.97.CN54		ACTG.GGGCGTTCTA	T-T		T.C-A	8903
07_BC.CN.98.98CN009		ACTG.GGGCGTTCTA	T-T		T.C-A	8874
08_BC.CN.97.97CNGX_6F		ACCG.GGGCGTTCCA	T-T		T.C-A	8730
08_BC.CN.97.97CNGX_7F		ACCG.GGGCGTTCCA	T-T		T.C-A	8724
08_BC.CN.97.97CNGX_9F		ACCG.GGGCGTTCCA	T-T		T.C-A	8712
08_BC.CN.98.98CN006		ACTG.GGGCGTTCCA	T-T		T.C-A	8909
09_cpx.GH.96.96GH2911		AG-T	GT	T-A	G-C	8704
09_cpx.SN.95.95SN1795		AG-T	GT	T	G-C	8731
09_cpx.SN.95.95SN7808		G-A-G-CG-AACAG	C	T-A	G-C	8705
09_cpx.US.99.99DE4057						8389
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061		AATG.GG.CGTTCCA	A-T	-A-A	T-A-G	8885
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071		ACTG.GGGCGTTCCA	A-T		T-A-C	8931
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110		ACTG.GGGCGTTCCA	G-T		T-A-G	8899
11_cpx.CM.02.02CM_2190SA						8384
11_cpx.CM.96.4496		AG				8819
11_cpx.FR.99.MP1298		AG-T	GT	T-A	G-A-C-C	9549
11_cpx.GR.-.GR17		AG-T	GT	T-T-A	AG-A-C-C	8832
12_BF.AR.97.A32879		-A-G-CG-GTCAG	A-T	TCA	G-C	9120
12_BF.AR.99.ARMA159		-A-G-CG-GCCAG	A-T	TCA	G-C	9516
12_BF.ES.02.X1241		AGA				8745
12_BF.UY.99.URTR23		-A-G-CG-GCCAG	A-T	TCA	G-C	9582
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN						8448
13_cpx.CM.96.1849		-C-T		A	T-A-A	8916
13_cpx.CM.96.4164						8854
14_BG.ES.00.X605		G-C	-A-G	C-A-T	AG	8989
14_BG.ES.00.X623		G-C	-A-G	C-A	AG	8983
14_BG.ES.99.X397		G-C	-A-G	C-A-T		8997
14_BG.ES.99.X421		G-C	-A-G	C-A-T	AG	8980
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331		AG-A-A	G-AGT	T-A	G-A-C	8739
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332		AG-T	G-GT	T-A	G-A-C	8763
15_01B.TH.99.99TH_MU2079		AG-T	G-AGT	A-T-A	G-A-C	8906
15_01B.TH.99.99TH_R2399		AG-T	G-T-AGT	T-A	G-A-C	8943
16_A2D.KR.97.97KR004		G-T	-A-A-AGT	T	G-C	8960
18_cpx.CM.97.CM53379		AG-C	GT	T-A	G-A-C-C	8756
N.CM.-.YBF106	G	-A-T-T-G		TT	G-A-C	9045
N.CM.02.DJO0131		AG				8938
N.CM.95.YBF30		T-TT-G		TT	G-A-C	9130
O.BE.87.ANT70	C	TGCG	A-TG-A-G-A-A-G-G	TTC	T-A-AG	9652
O.CM.-.96CMABB637	C	GGCG	AGCATG-A-G-ATA-A	TTC	T-A-G	9156
O.CM.91.MVP5180	C	TGCG	AGC-TG-A-G-ATA-A-G	TTC	T-A-G	9648
O.SN.99.SEMP1300	ACA	CGGCG	AGT-TG-A-G-A-A-G	TTC	T-A-G	9684
CPZ.CD.-.ANT		ACTATG-A-A-TA	CAGT	TTTC	G-C-G	8988
CPZ.GA.-.CPZGAB		G-AG-T-G-AG	GT	T	G-C	9624
CPZ.TZ.-.TAN1	CTG		G	-A	GTTTG-CGCTGAG	9217
CPZ.US.85.CPZUS		-G	-A-G-T-G-T-A	-A-A	-C-TTTTA-A-GA-A	9597

HIV-1/SIVcpz
complete genomes

	3' LTR U3 end \ / 3' LTR repeat start	Poly-A signal	2° structure region	
B.FR.83.HXB2	CTGTACTGGGTCCTC.TGGTTAG..ACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGC.....TAACTAGGGAACCCACTGCTT.AAGCCTCAATAAAGCTTGCCCTGAG.TGCTTCAAGTAGTGTGTGCC	- - 3'LTR R repeat end\ / 3' LTR U5 start	9649	
	* ^ ^^^			
	TAR element stem bulge loop stem			
1.KE.94.Q23_17	-----T-----	-----G-G-----	-----AGTGTGTG-----	9100
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----T-----	-----G-----	-----T-----	9155
A1.SE.94.SE7253	-----T-----	-----G-A-----		8813
A1.TZ.01.A173	-----T-G-----	-----T-----		8766
A1.UA.00.98UA0116	-----C-----	-----G-----	-----T-----	9671
A1.UG.92.92UG037	T-----T-G-----	-----G-G-----		8999
A1.UG.98.98UG57136	-----G-----CT-----	-----T-----C-----	-----G-----	8807
A2.CD.97.97CDKFE4				5100
A2.CD.97.97CDKS10				5323
A2.CD.97.97CDKTB48	-----C-T-----G-----	-----A-----A-----	-----G-AG-----	8972
A2.CY.94.94CY017_41	A-----T-----G-----	-----A-----C-----	-----G-AG-----A-----	9060
A3.SN.01.DDI579	-----T-----	-----T-----	-----G-A-----	8801
A3.SN.01.DDJ369	-----T-----	-----T-----	-----G-A-----	8861
A3.SN.96.DDJ360	-----T-----	-----T-----A-----	-----G-A-----	8777
B.AR.00.ARMS008		-----A-----	-----G-----	8873
B.AU.96.MBCD36				8669
B.CO.01.PCM074	-----A-----	-----C-----	-----GG-----	8859
B.GA.88.OYI	-----A-C-----	-----C-----		9190
B.NL.00.671_00T36	-----CA-----		-----G-G-----CT-TAGG-T-ACCTAAATACA-TGNNT-TG-TGG	9230
B.RU.-.04RU129005		-----W-----	-----T-----	9160
B.TH.90.BK132		-----A-----		8984
B.US.90.WEAU160			-----G-----	9649
B.US.98.1058_11	-----R-Y-----		-----A-----	8834
C.AR.01.ARG4006	-----T-A-G-----		-----T-----G-----	8822
C.BR.-.04BR013				9050
C.BR.92.BR025-d	-----A-G-----		-----T-G-----	8959
C.BW.00.00BW07621	-----A-G-----		-----T--A-----T-----	9006
C.ET.86.ETH2220	T-----C-----A-G-----		-----T-G-----	9031
C.IN.95.95IN21068	-----A-G-----		-----T-----	9002
C.IN.99.01IN565_10	-----A-G-----		-----T-----T-GAGT.GCT-----	9054
C.KE.00.KER2010	-----A-G-----	-----C-----	-----T-----	8817
C.TZ.01.BD9_11	-----G-----			8819
C.UY.01.TRA3011	-----G-----	-----T-----	-----T-----	8828
C.ZA.04.SK164B1	-----A-G-----		-----CT-G-----	9011
C.ZM.96.96ZM651	T-----A-G-----		-----T-----CT-----	9009
D.CD.83.ELI		-----T-----	-----G-----	9176
D.CD.83.NDK		-----T-----	-----T-----	9143
D.CM.01.01CM_4412HAL				8379
D.KE.01.NKU3006	-----T-----	-----T-----	-----G-----	8848
D.TD.99.MN012		-----A-----	-----G-----G-----A-----	8850
D.TZ.01.A280	-----A-C-----	-----T-----		8775
D.UG.94.94UG114	-----T-----	-----AC-----	-----G-A-----	8952
D.UG.99.99UGD23550	T-----T-----	-----T-----	-----G-----	8825
D.UG.99.99UGK09958	-----G-----T-----	-----TC-----	-----G-----	8782
D.ZA.86.R482				8640
F1.BE.93.VI850	-----A-----	-----T-----G-----	-----G-G-----	8903
F1.BR.89.BZ126	-----A-----	-----T-----C-----	-----G-----	9000
F1.BR.93.93BR020_1	-----A-----	-----T-----C-----	-----G-----T-----	8968
F1.FI.93.FIN9363_1	T-----A-----	-----T-----C-----	-----G--A-----G-----	8925
F1.FR.96.MP411				8578
F2.CM.02.02CM_0016BBY				8349
F2.CM.95.MP255				8555
F2.CM.95.MP257				8588
F2.CM.97.CM53657	-----C-----	-----T-----	-----G-----	8782
G.BE.96.DRCBL	-----T-----	-----T-----	-----G-AG-----	9635
G.CM.01.01CM_4049HAN			-----GAG-CTC-AT--AGC-TG-C-TGA.GTGC-TC-AGTAGTGTGTG-	8367
G.ES.99.X138				8978
G.FI.93.HH8793_12_1	-----G-----T-----G-----	-----T-----C-----	-----G-AG-A-----AG-CTC-AT--AGC-TG-C-TGA.G-GCC--T-C-AGCC.	9047
G.NG.92.92NG083	-----T-----G-----	-----T-----	-----GG-AG-----T-----	8987
G.SE.93.SE6165	-----T-----	-----T-----	-----G-AG-----AG-CTC-AT--AGC-TG-CAAGC.C.	9074
H.BE.93.VI991	T-----G-----	-----A-----	-----G-----G-CATGC.	9056
H.BE.93.VI997	T-----G-----T-----	-----T-----	-----GG-C-A-----G-CATGC.	8955
H.CF.90.056	-----T-----		-----G--A-----T-----	8953
J.SE.93.SE7887	T-----T-----		-----G--GCATGCA--CCG.	8943
J.SE.94.SE7022	T-----T-----		-----G--GCATGCA--CCG.	8953
K.CD.97.EQTB11C				8594
K.CM.96.MP535				8598
01_AE.TH.00.OUR200I				8422
01_AE.TH.01.OUR414I				8402
01_AE.TH.02.OUR769I				8390
01_AE.TH.90.CM240	T-----T-----G-----C-----		-----G-A-----A-----A-----	9203

Extensive secondary structure in this region
see Rizvi, J Virol 67:2681-8(1993)

3' LTR U5 end \

B.FR.83.HXB2	CGTCTG.TTGTGTGACTCTGGT.....AACTAGAG.ATCCCTCAGACCCCTTTTAGTCAGTGTGG.AAAATCTCTAGCA.....	9719
A1.KE.94.Q23_17	-CGTCTG.-TGTGTGACTCT-G.....T-ACTAGAG.AT--CTCAGA--AC-CTAGAC-GTGT.....	9169
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----	9159
A1.SE.94.SE7253	-----	8813
A1.TZ.01.A173	-----	8766
A1.UA.00.98UA0116	-----A-GACTCT-G.....T-ACTAGAG.AT--CTCAGA-TAC-CTAGGCAGTGTA.-----	9740
A1.UG.92.92UG037	-----	8999
A1.UG.98.98UG57136	-----	8807
A2.CD.97.97CDKFE4	-----	5100
A2.CD.97.97CDKS10	-----	5323
A2.CD.97.97CDKTB48	-----	8972
A2.CY.94.94CY017_41	-----	9060
A3.SN.01.DDI579	-----	8801
A3.SN.01.DDJ369	-----	8861
A3.SN.96.DDJ360	-----	8777
B.AR.00.ARMS008	-----	8873
B.AU.96.MBCD36	-----	8669
B.CO.01.PCM074	-----	8859
B.GA.88.OYI	-----	9190
B.NL.00.671_00T36	G-CT-CAAGC-AGT--CAGTTGATCCAGACCAGGT-GAANAG-CCAATGAAG-NGAGAACA-C-GTT--TNC-CCC-A-GAGC--ACATGGGATAGATNACCCGGANAAAGAAGTATTATTGTGGAAG.	9359
B.RU.-.04RU129005	-----	9160
B.TH.90.BK132	-----	8996
B.US.90.WEAU160	-----A-----	9719
B.US.98.1058_11	-----	8834
C.AR.01.ARG4006	-----	8822
C.BR.-.04BR013	-----	9050
C.BR.92.BR025-d	-----	8959
C.BW.00.00BW07621	-----	9047
C.ET.86.ETH2220	-----	9031
C.IN.95.95IN21068	-----	9002
C.IN.99.01IN565_10	-----	9054
C.KE.00.KER2010	-----	8817
C.TZ.01.BD9_11	-----	8819
C.UY.01.TRA3011	-----	8828
C.ZA.04.SK164B1	-----	9011
C.ZM.96.96ZM651	-----	9009
D.CD.83.ELI	-----	9176
D.CD.83.NDK	-----	9143
D.CM.01.01CM_4412HAL	-----	8379
D.KE.01.NKU3006	-----	8848
D.TD.99.MN012	-----	8850
D.TZ.01.A280	-----	8775
D.UG.94.94UG114	-----	8952
D.UG.99.99UGD23550	-----	8825
D.UG.99.99UGK09958	-----	8782
D.ZA.86.R482	-----	8640
F1.BE.93.VI850	-----	8903
F1.BR.89.BZ126	-----	9030
F1.BR.93.93BR020_1	-----	8968
F1.FI.93.FIN9363	-----	8925
F1.FR.96.MP411	-----	8578
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-----	8349
F2.CM.95.MP255	-----	8555
F2.CM.95.MP257	-----	8588
F2.CM.97.CM53657	-----	8782
G.BE.96.DRCBL	-CGTCT.G-TGTGTGACTCT-G.....T-ACTAGA.GAT--CTCAGA--AC-CTAGATAGTGTA.-----	9705
G.CM.01.01CM_4049HAN	-----	8367
G.ES.99.X138	-----	8978
G.FI.93.HH8793_12_1	-----	9047
G.NG.92.92NG083	-----	8987
G.SE.93.SE6165	-----	9074
H.BE.93.VI991	-----	9056
H.BE.93.VI997	-----	8955
H.CF.90.056	-----	8953
J.SE.93.SE7887	-----	8943
J.SE.94.SE7022	-----	8953
K.CD.97.EQTB11C	-----	8594
K.CM.96.MP535	-----	8598
01_AE.TH.00.OUR200I	-----	8422
01_AE.TH.01.OUR414I	-----	8402
01_AE.TH.02.OUR769I	-----	8390
01_AE.TH.90.CM240	-----	9203

Extensive secondary structure in this region
 see Rizvi, *J Virol* 67:2681-8(1993)

3' LTR U5 end \

B.FR.83.HXB2	CGTCTG.TTGTGTGACTCTGGT.....AACTAGAG.ATCCCTCAGACCCCTTTTAGTCAGTGTGG.AAAATCTCTAGCA.....	9719
02_AG.CM.02.02CM_1669LE	8383
02_AG.FR.91.DJ264	8961
02_AG.NG.-.IBNG	-----A-----	9201
02_AG.UZ.02.02UZ693	8779
03_AB.BY.00.98BY10443	-----A-----AC-C--A-G---AA.-----	9687
03_AB.RU.97.KAL153_2	8808
03_AB.RU.98.RU9800I	8961
04_cpx.CY.94.CY032	9050
04_cpx.GR.91.97PVCH	9543
04_cpx.GR.97.97PVMY	9699
05_DF.BE.-.VI1310	9083
05_DF.BE.93.VI961	8990
05_DF.ES.99.X492	8847
06_cpx.AU.96.BFP90	-----AC-C--A-----AA.....	9775
06_cpx.EE.-.EE0359	9262
06_cpx.ML.95.95MLL127	-----ACGC--G-G---AA.....	9719
06_cpx.SN.97.97SE1078	-----G--T-----AC-C--AAG---AA.....	9808
07_BC.CN.-.CNGL179	GAGAGATGGCACGT-AG-CTCAATAAAGCTTGCCCTTGAGT-C-GCGGAGG-TAGAAGGAGAGAGAT-GCAC-K--GCCTCAATAA-	8957
07_BC.CN.97.97CN001	8978
07_BC.CN.97.CN54	9001
07_BC.CN.98.98CN009	8978
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	8802
08_BC.CN.97.97CNGX_7F	8796
08_BC.CN.97.97CNGX_9F	8784
08_BC.CN.98.98CN006	9013
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----AC-C--A-GAG--AA.....GTGGGCCCCGAACAGGGACTTGAAAGCGAAAGTTAATAGGGACT	8934
09_cpx.SN.95.95SN1795	8803
09_cpx.SN.95.95SN7808	8777
09_cpx.US.99.99DE4057	8389
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	8976
10_CD.TZ.96.96TZ_BF071	9023
10_CD.TZ.96.96TZ_BF110	8992
11_cpx.CM.02.02CM_2190SA	8384
11_cpx.CM.96.4496	8819
11_cpx.FR.99.MP1298	-CATCT.G-TGTGTGACTCT-G.....T-ACTAGA.GAT--CTCAGA-----C-----	9736
11_cpx.GR.-.GR17	8935
12_BF.AR.97.A32879	9192
12_BF.AR.99.ARMA159	-A-T-----A-C-----	9704
12_BF.ES.02.X1241	8760
12_BF.UY.99.URTR23	-----TA-----A-----	9770
13_cpx.CM.02.02CM_3226MN	8448
13_cpx.CM.96.1849	8916
13_cpx.CM.96.4164	8854
14_BG.ES.00.X605	8989
14_BG.ES.00.X623	8983
14_BG.ES.99.X397	8997
14_BG.ES.99.X421	8980
15_01B.TH.02.02TH_OUR1331	8842
15_01B.TH.02.02TH_OUR1332	8867
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	8999
15_01B.TH.99.99TH_R2399	9017
16_A2D.KR.97.97KR004	9064
18_cpx.CM.97.CM53379	8828
N.CM.-.YBF106	9045
N.CM.02.DJO0131	8938
N.CM.95.YBF30	9182
O.BE.87.ANT70	9754
O.CM.-.96CMABB637	9225
O.CM.91.MVP5180	-A----C--CA..-C-----TGT-----G-----	9793
O.SN.99.SEMP1300	-A----C--CA..-C-----T-T-----G-----	9829
CPZ.CD.-.ANT	9068
CPZ.GA.-.CPZGAB	TA--A.-CA-AC-----T-----G-----TTAAA---TAGTCAAG-	9811
CPZ.TZ.-.TAN1	9326
CPZ.US.85.CPZUS	TA--C.-CA-----T-----G-----A-TC--A-AAGTAG--	9781

09_cpx.GH.96.96GH2911

CGAAAGCGAAAGTTCCAGAGAAGTTCTCTCGACGCAGGACTCGGCTTGCTGAGGTGCACACAGCAAGAGGCGAGAGCGGCGACTGGTGAGTACGCCATATTTTTT

9039