

II

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Contents

II-1	Introduction	9
II-2	Annotated Features	11
II-3	Sequences	13
II-4	Alignments	18

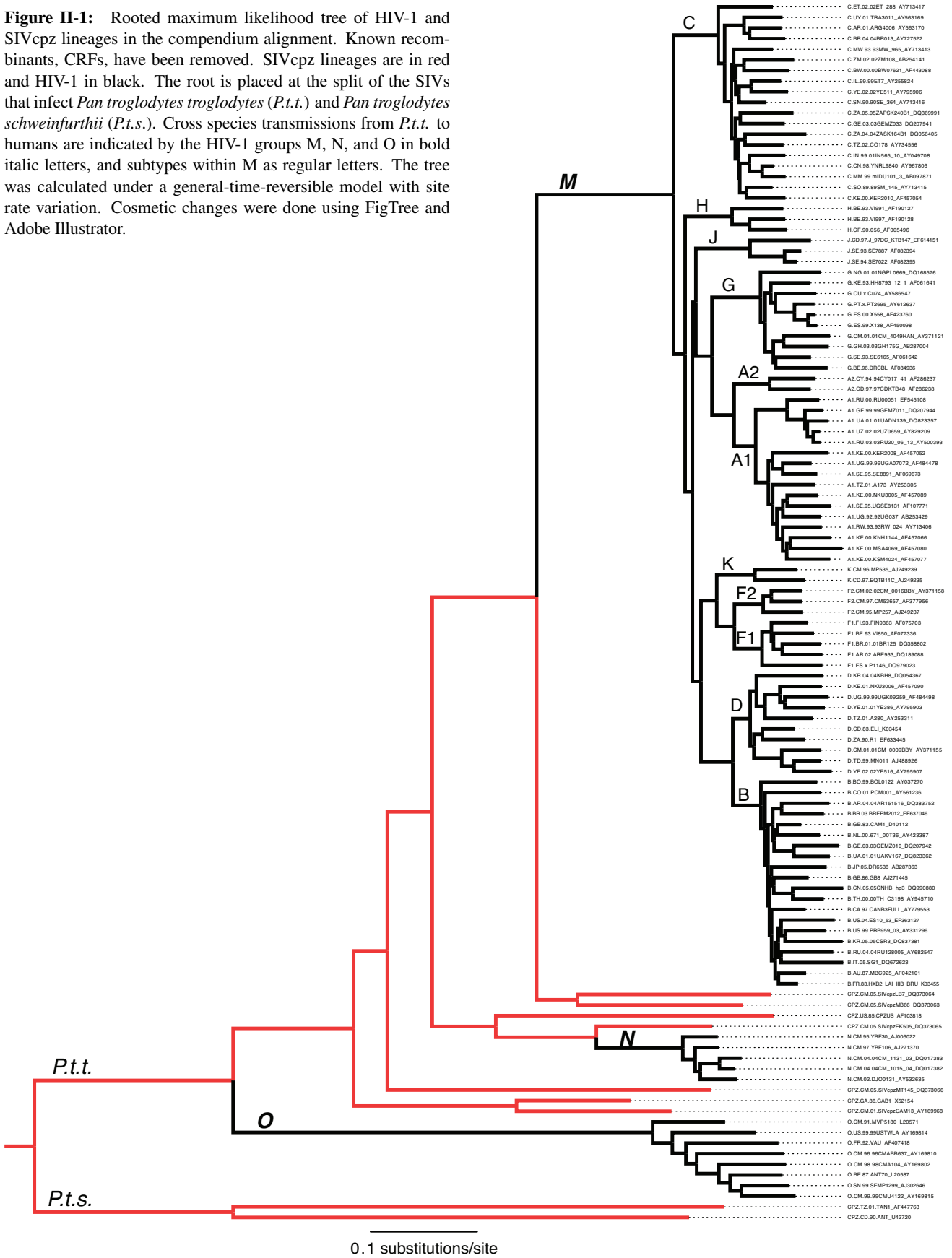
II-1 Introduction

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 as well as removing known duplicates and close clone sequences from the same isolates or patients, thereby creating a non-redundant set. Some effort was also put into representing geographic dispersal and sampling times of each subtype, with an emphasis on more recent samples. This year we have included more sequences from the more important subtypes, only one representative for each CRF (except more from CRF01 and CRF02), and group N and O, and CPZ sequences. Within the limited space in the compendium, this selection is intended to show the worldwide variation of HIV-1 subtypes and CRFs. For URF s, of which there is a growing number, however, this alignment contains none, while the web-version of the 2007 alignments contain them all.

The HXB2 sequence was chosen as master sequence in this alignment. This is also the HIV Database genome coordinate standard sequence. 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. Figure II-1 shows a maximum likelihood tree based on the alignment with known recombinants removed.

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 Chapter V.

Figure II-1: Rooted maximum likelihood tree of HIV-1 and SIVcpz lineages in the compendium alignment. Known recombinants, CRFs, have been removed. SIVcpz lineages are in red and HIV-1 in black. The root is placed at the split of the SIVs that infect *Pan troglodytes troglodytes* (*P.t.t.*) and *Pan troglodytes schweinfurthii* (*P.t.s.*). Cross species transmissions from *P.t.t.* to humans are indicated by the HIV-1 groups M, N, and O in bold italic letters, and subtypes within M as regular letters. The tree was calculated under a general-time-reversible model with site rate variation. Cosmetic changes were done using FigTree and Adobe Illustrator.



II-2 Annotated Features

Features of HIV-1 annotated in the alignment that follows.

Feature	Location	Page
5' LTR U3 start	1	18
TCF-1 alpha	315-329	20
NF- κ -B-II	350-359	22
NF- κ -B-I	364-373	22
Sp1-III	375-386	22
Sp1-II	388-397	22
Sp1-I	398-408	22
TATA Box	427-431	22
TAR element start	453	24
5' LTR U3 end	455	24
+1 mRNA start site	456	24
5' LTR R repeat begin	456	24
TAR element end	513	24
Poly-A signal	527-532	24
5' LTR R repeat end	551	24
5' LTR U5 start	552	24
Extensive secondary structure	568-605	24
5' LTR U5 end	633	26
Lys tRNA primer binding site	634-653	26
Packaging loops begin	681	26
Packaging loops end	789	28
Gag and Gag-Pol start	790	28
Gag p17 Matrix end	1185	34
Gag p24 Capsid start	1186	34
Gag p24 Capsid end	1881	42
Gag p2 start	1882	42
Gag p2 end	1920	42
Gag-Pol fusion TF protein start	1921	42
Gag p7 nucleocapsid start	1921	42
Gag p7 nucleocapsid end	2085	46
Gag-Pol -1 ribosomal slip site	2085	46
Gag p1 start	2086	46
Gag p1 end	2133	46
Gag p6 start	2134	46
Gag-Pol TF end	2252	48
Pol protease start	2253	48
Gag p6 end	2292	48
Gag end	2292	48
Pol Protease end	2549	52
Pol p66 and p51 RT start	2550	52
p51 end and p66 RT continue	3869	68
Pol p15 RNase H start	3870	68
Pol p66 RT, Pol p15 Rnase H end	4229	72
Pol p31 Integrase start	4230	72
Vif start	5041	82
Pol p31 integrase end	5096	82
Vpr start	5559	88
Vif end	5619	88

Feature	Location	Page
frameshift insert in HXB2	5772	90
Vpr premature end (HXB2 only)	5795	90
Tat exon 1 start	5831	90
Vpr end	5850	92
Rev exon 1 start	5970	92
Tat Rev exon 1 end	6045	94
intron start	6046	94
Vpu start (ACG in HXB2)	6062	94
Env start	6225	96
Vpu end	6310	98
Env signal peptide end	6314	98
Env gp120 start	6315	98
V1 loop start	6615	102
V1 loop end	6691	104
V2 loop start	6696	104
V2 loop end	6811	106
V3 loop start	7110	108
V3 loop end	7217	110
V4 loop start	7377	112
V4 loop end	7477	114
V5 loop start	7602	116
V5 loop end	7636	116
Rev Responsive Element (RRE) region	7710	118
Env gp120 end	7757	118
Env gp41 start	7758	118
RRE end	8061	122
Tat Rev intron end	8378	126
Tat Rev exon 2 start	8379	126
Tat premature stop in HXB2	8424	126
Tat end	8469	128
Rev end (TAA) in some lineages	8605	130
Rev end	8653	130
Env gp41, gp160 end	8795	132
Nef start	8797	132
3' LTR U3 start	9086	136
Nef premature end in HXB2	9168	138
TCF-1 alpha binding	9400-9414	140
Nef end	9417	140
NF- κ -B-II	9435-9444	142
NF- κ -B-I	9449-9458	142
Sp1-III	9462-9471	142
Sp1-II	9473-9482	142
Sp1-I	9483-9493	142
TATA box	9512-9516	142
TAR element start	9538	144
3' LTR U3 end	9540	144
3' LTR repeat start	9541	144
TAR element end	9599	144
Poly-A signal	9612-9617	144
3' LTR R repeat end	9636	144
3' LTR U5 start	9637	144
Extensive secondary structure in this region?	9646	144
3' LTR U5 end	9719	146

II-3 Sequences

Sequences included in the HIV-1/SIVcpz complete genome alignment.

Name	Accession	Country	Author	Reference
B.FR.83.HXB2	K03455	France	Wong-Staal, F	<i>Nature</i> 313 (6000); 277-84 (1985)
A1.GE.99.99GEMZ011	DQ207944	Georgia	Carr, JK	<i>ARHR</i> 22 (5); 470-6 (2006)
A1.KE.00.KER2008	AF457052	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
A1.KE.00.KNH1144	AF457066	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
A1.KE.00.KSM4024	AF457077	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
A1.KE.00.MSA4069	AF457080	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
A1.KE.00.NKU3005	AF457089	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
A1.RU.00.RU00051	EF545108	Russia	Thomson, MM	<i>ARHR</i> 23 (12); 1599-604 (2007)
A1.RU.03.03RU20_06_13	AY500393	Russia	Papuashvili, MN	<i>Infect Genet Evol</i> 5 (1); 45-53 (2005)
A1.RW.93.93RW_024	AY713406	Rwanda	Brown, BK	<i>J Virol</i> 79 (10); 6089-101 (2005)
A1.SE.95.SE8891	AF069673	Sweden	Laukkanen, T	<i>AIDS</i> 13 (14); 1819-26 (1999)
A1.SE.95.UGSE8131	AF107771	Sweden	Laukkanen, T	<i>AIDS</i> 13 (14); 1819-26 (1999)
A1.TZ.01.A173	AY253305	Tanzania	Herbinger, K-H	<i>ARHR</i> 20 (8); 895-901 (2004)
A1.UA.01.01UADN139	DQ823357	Ukraine	Saad, MD	<i>ARHR</i> 22 (8):709-714 (2006)
A1.UG.92.92UG037	AB253429	Uganda	Sakamoto, Y	Unpublished
A1.UG.99.99UGA07072	AF484478	Uganda	Harris, ME	<i>ARHR</i> 18 (17); 1281-90 (2002)
A1.UZ.02.02UZ0659	AY829209	Uzbekistan	Carr, JK	<i>JAIDS</i> 39 (5); 570-5 (2005)
A2.CD.97.97CDKS10	AF286241	D.R.C.	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8); 675-88 (2001)
A2.CD.97.97CDKT848	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)
B.AR.04.04AR151516	DQ383752	Argentina	Carr, JK	<i>Retrovirology</i> 2006 Sep 7;3:59
B.AU.87.MBC925	AF042101	Australia	Deacon, NJ	<i>Science</i> 270 (5238); 988-91 (1995)
B.BO.99.BOL0122	AY037270	Bolivia	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15); F41-7 (2001)
B.BR.03.BREPM2012	EF637046	Brazil	Sa-Filho, D	<i>ARHR</i> 23 (9):1087-1094 (2007)
B.CA.97.CANB3FULL	AY779553	Canada	Wang, B	<i>ARHR</i> 21 (8); 728-33 (2005)
B.CN.05.05CNHB_hp3	DQ990880	China	Tan, J	<i>Chin Med J(Engl)</i> 120 (9); 831-3 (2007)
B.CO.01.PCM001	AY561236	Colombia		<i>Am J Trop Med Hyg</i> 74 (4); 674-7 (2006)
B.GB.83.CAM1	D10112	United Kingdom	McIntosh, AAG	PhD dissertation, University of Cambridge (1989)
B.GB.86.GB8	AJ271445	United Kingdom	Farrar, GH	<i>J Med Virol</i> 34 (2); 104-13 (1991)
B.GE.03.03GEMZ010	DQ207942	Georgia	Carr, JK	<i>ARHR</i> 22 (5); 470-6 (2006)
B.IT.05.SG1	DQ672623	Italy	Calugi, G	<i>J Virol</i> 80 (23); 11892-6 (2006)
B.JP.05.DR6538	AB287363	Japan	Sakamoto, Y	Unpublished
B.KR.05.05CSR3	DQ837381	S. Korea	Cho, Y	Unpublished
B.NL.00.671_00T36	AY423387	Netherlands	Geels, MJ	<i>J Virol</i> 77 (23):12430-12440 (2003)
B.RU.04.04RU128005	AY682547	Russia		<i>ARHR</i> 22 (11); 1192-7 (2006)
B.TH.00.00TH_C3198	AY945710	Thailand	Watanaveeradej, V	<i>ARHR</i> 22 (8); 801-7 (2006)
B.UA.01.01UAKV167	DQ823362	Ukraine	Saad, MD	<i>ARHR</i> 22 (8):709-714 (2006)
B.US.04.ES10_53	EF363127	United States	Blankson, JN	<i>J Virol</i> 81 (5):2508-2518 (2007)
B.US.99.PRB959_03	AY331296	United States	Bernardin, F	<i>J Virol</i> 79 (17); 11523-8 (2005)
C.AR.01.ARG4006	AY563170	Argentina	Aguayo, N	<i>ARHR</i> 20 (9); 1022-5 (2004)
C.BR.04.04BR013	AY727522	Brazil	Sanabani, SS	<i>ARHR</i> 22 (2); 171-6 (2006)
C.BW.00.00BW07621	AF443088	Botswana	Novitsky, VA	<i>J Virol</i> 76 (11); 5435-51 (2002)
C.CN.98.YNRL9840	AY967806	China	Qiu, Z	<i>ARHR</i> 21 (12); 1051-6 (2005)

Name	Accession	Country	Author	Reference
C.ET.02.02ET_288	AY713417	Ethiopia	Brown, BK	<i>J Virol</i> 79 (10); 6089-101 (2005)
C.GE.03.03GEMZ033	DQ207941	Georgia	Carr, JK	<i>ARHR</i> 22 (5); 470-6 (2006)
C.IL.99.99ET7	AY255824	Israel	Harris, ME	<i>ARHR</i> 19 (12); 1125-33 (2003)
C.IN.99.01IN565_10	AY049708	India	Khurana, S	Unpublished
C.KE.00.KER2010	AF457054	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
C.MM.99.mIDU101_3	AB097871	Myanmar	Takebe, Y	<i>AIDS</i> 17 (14); 2077-2087 (2003)
C.MW.93.93MW_965	AY713413	Malawi	Brown, BK	<i>J Virol</i> 79 (10); 6089-101 (2005)
C.SN.90.90SE_364	AY713416	Senegal	Brown, BK	<i>J Virol</i> 79 (10); 6089-101 (2005)
C.SO.89.89SM_145	AY713415	Somalia	Brown, BK	<i>J Virol</i> 79 (10); 6089-101 (2005)
C.TZ.02.CO178	AY734556	Tanzania	Arroyo, MA	<i>AIDS</i> 19 (14);1517-1524 (2005)
C.UY.01.TRA3011	AY563169	Uruguay	Aguayo, N	<i>ARHR</i> 20 (9); 1022-5 (2004)
C.YE.02.02YE511	AY795906	Yemen	Saad, MD	<i>ARHR</i> 21 (7); 644-8 (2005)
C.ZA.04.04ZASK164B1	DQ056405	S. Africa	McKay, AR	<i>J Virol Methods</i> 136 (1-2); 118-25 (2006)
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	DQ369991	S. Africa	McKay, AR	<i>J Virol Methods</i> 136 (1-2); 118-25 (2006)
C.ZM.02.02ZM108	AB254141	Zambia	Tatsumi, M	Unpublished
D.CD.83.ELI	K03454	D.R.C.	Alizon, M	<i>Cell</i> 46 (1); 63-74 (1986)
D.CM.01.01CM_0009BBY	AY371155	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5); 521-30 (2004)
D.KE.01.NKU3006	AF457090	Kenya	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
D.KR.04.04KBH8	DQ054367	S. Korea	Cho, Y	Unpublished
D.TD.99.MN011	AJ488926	Chad	Vidal, N	<i>JAIDS</i> 33 (2); 239-46 (2003)
D.TZ.01.A280	AY253311	Tanzania	Herbinger, K-H	<i>ARHR</i> 20 (8); 895-901 (2004)
D.UG.99.99UGK09259	AF484498	Uganda	Harris, ME	<i>ARHR</i> 18 (17); 1281-90 (2002)
D.YE.01.01YE386	AY795903	Yemen	Saad, MD	<i>ARHR</i> 21 (7); 644-8 (2005)
D.YE.02.02YE516	AY795907	Yemen	Saad, MD	<i>ARHR</i> 21 (7); 644-8 (2005)
D.ZA.90.R1	EF633445	S. Africa	Jacobs, G	<i>ARHR</i> 23 (12); 1575-8 (2007)
F1.AR.02.ARE933	DQ189088	Argentina	Aulicino, PC	<i>ARHR</i> 21 (2);158-164 (2005)
F1.BE.93.VI850	AF077336	Belgium	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1); 95-104 (2000)
F1.BR.01.01BR125	DQ358802	Brazil	Sanabani, S	<i>Infect Genet Evol</i> 6 (5);368-377 (2006)
F1.ES.x.P1146	DQ979023	Spain	Sierra, M	Unpublished
F1.FI.93.FIN9363	AF075703	Finland	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1); 95-104 (2000)
F2.CM.02.02CM_0016BBY	AY371158	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5); 521-30 (2004)
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.CU.x.Cu74	AY586547	Cuba		<i>JAIDS</i> 45 (2); 151-60 (2007)
G.ES.00.X558	AF423760	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5); 536-43 (2002)
G.ES.99.X138	AF450098	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5); 536-43 (2002)
G.GH.03.03GH175G	AB287004	Ghana	Takekawa, N	Unpublished
G.KE.93.HH8793_12_1	AF061641	Kenya	Salminen, MO	<i>ARHR</i> 8 (9); 1733-42 (1992)
G.NG.01.01NGPL0669	DQ168576	Nigeria	Carr, JK	Unpublished
G.PT.x.PT2695	AY612637	Portugal	Esteves, AM	Unpublished
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.CD.97.J_97DC_KTB147	EF614151	D.R.C.	Abecasis, AB	<i>J Virol</i> 81 (16); 8543-51 (2007)
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)

Name	Accession	Country	Author	Reference
K.CM.96.MP535	AJ249239	Cameroon	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2); 139-51 (2000)
01_AE.CF.90.90CF11697	AF197340	C.A.R.	Anderson, JP	<i>J Virol</i> 74 (22); 10752-65 (2000)
01_AE.CN.05.FJ051	DQ859178	China	Yan, Y	<i>Chin Med J(Engl)</i> 119 (19); 1622-8 (2006)
01_AE.CN.06.FJ054	DQ859180	China	Yan, Y	<i>Chin Med J(Engl)</i> 119 (19); 1622-8 (2006)
01_AE.HK.x.HK001	DQ234790	Hong Kong	Tsui, SKW	Unpublished
01_AE.JP.93.93JP_NH1	AB052995	Japan	Sato, H	<i>J Virol</i> 75 (12); 5604-13 (2001)
01_AE.TH.01.01TH_R2184	AY945730	Thailand	Watanaveeradej, V	<i>ARHR</i> 22 (8); 801-7 (2006)
01_AE.TH.02.OUR769I	AY358062	Thailand	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 20 (5); 465-75 (2004)
01_AE.TH.90.CM240	U54771	Thailand	Laukkanen, T	<i>J Virol</i> 70 (9); 5935-43 (1996)
01_AE.US.00.00US_MSC1164	AY444804	United States	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 21 (5); 424-9 (2005)
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	AY371141	Cameroon	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5); 521-30 (2004)
02_AG.EC.x.ECU41	AY151001	Ecuador	Carr, JK	<i>ARHR</i> 19 (4); 329-32 (2003)
02_AG.FR.91.DJ264	AF063224	France	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 247 (1); 22-31 (1998)
02_AG.GH.03.GHNJ196	AB231898	Ghana	Tatsumi, M	Unpublished
02_AG.NG.01.PL0710	DQ168577	Nigeria	Carr, JK	Unpublished
02_AG.NG.x.IBNG	L39106	Nigeria	Howard, TM	<i>ARHR</i> 10 (12); 1755-7 (1994)
02_AG.SE.94.SE7812	AF107770	Sweden	Laukkanen, T	Unpublished
02_AG.SN.98.MP1211	AJ251056	Senegal	Toure-Kane, C	<i>ARHR</i> 16 (6); 603-9 (2000)
02_AG.UZ.02.02UZ710	AY829207	Uzbekistan	Carr, JK	<i>JAIDS</i> 39 (5); 570-5 (2005)
03_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	Russia	Liitsola, K	<i>AIDS</i> 12 (14); 1907-19 (1998)
04_cpx.CY.94.CY032	AF049337	Cyprus	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (12); 10234-41 (1998)
05_DF.BE.x.VI1310	AF193253	Belgium	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1); 95-104 (2000)
06_cpx.AU.96.BFP90	AF064699	Australia	Oelrichs, RB	<i>ARHR</i> 14 (16); 1495-500 (1998)
06_cpx.RU.05.04RU001	DQ400856	Russia	Galkin, AN	Unpublished
07_BC.CN.97.CN54	AX149771	China	Shao, Y	Patent: WO 0136614-A 125 25-MAY-2001; Geneart GMBH Gessellschaft fuer angewandte Boitechnologie(DE) ; Shao, Yiming (CN)
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	AY008715	China	Piyasirisilp, S	<i>J Virol</i> 74 (23); 11286-95 (2000)
09_cpx.GH.96.96GH2911	AY093605	Ghana	McCutchan, FE	<i>ARHR</i> 20 (8); 819-26 (2004)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	AF289548	Tanzania	Kouliniska, 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)
12_BF.AR.99.ARMA159	AF385936	Argentina	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15); F41-7 (2001)
13_cpx.CM.96.1849	AF460972	Cameroon	Wilbe, K	<i>ARHR</i> 18 (12);849-856 (2002)
14_BG.DE.01.9196_01	AY882421	Germany	Harris, B	<i>ARHR</i> 21 (7);654-660 (2005)
14_BG.ES.99.X397	AF423756	Spain	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5); 536-43 (2002)
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	AF516184	Thailand	Viputtigul, K	<i>ARHR</i> 18 (16); 1235-7 (2002)
16_A2D.KR.97.97KR004	AF286239	S. Korea	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8); 675-88 (2001)
18_cpx.CU.99.CU76	AY586540	Cuba	Thomson, M	<i>AIDS</i> 19 (11); 1155-63 (2005)
19_cpx.CU.99.CU7	AY894994	Cuba	Casado, G	<i>JAIDS</i> 40 (5); 532-7 (2005)
20_BG.CU.03.CB471	AY900575	Cuba	Perez, L	<i>ARHR</i> 22 (8); 724-33 (2006)
21_A2D.KE.91.KNH1254	AY945737	Kenya	Visawapoka, U	<i>ARHR</i> 22 (7); 695-702 (2006)
23_BG.CU.03.CB118	AY900571	Cuba	Perez, L	<i>ARHR</i> 22 (8); 724-33 (2006)
24_BG.CU.03.CB378	AY900574	Cuba	Perez, L	<i>ARHR</i> 22 (8); 724-33 (2006)
25_cpx.CM.01.101BA	DQ826726	Cameroon	Carr, JK	Unpublished
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	AJ404325	D.R.C.	Vidal, N	<i>ARHR</i> 16 (18); 2059-64 (2000)
28_BF.BR.99.BREPM12609	DQ085873	Brazil	De Sa Filho, DJ	<i>ARHR</i> 22 (1); 1-13 (2006)
29_BF.BR.02.BREPM119	AY771590	Brazil	Sa-Filho, DJ	<i>ARHR</i> 21 (2); 145-51 (2005)
31_BC.BR.02.110PA	EF091932	Brazil	Santos, AF	<i>AIDS</i> 20 (16); 2011-9 (2006)
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	DQ366659	Malaysia	Tee, KK	<i>JAIDS</i> 43 (5);523-529 (2006)

Name	Accession	Country	Author	Reference
34_01B.TH.99.OUR2478P	EF165541	Thailand	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 23 (6):829-833 (2007)
35_AD.AF.05.05AF095	EF158041	Afghanistan	Sanders-Buell, EE	<i>ARHR</i> 23 (6); 834-9 (2007)
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	EF087994	Cameroon	Powell, RL	<i>ARHR</i> 23 (8); 1008-19 (2007)
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	EF116594	Cameroon	Powell, RL	<i>ARHR</i> 23 (7); 923-33 (2007)
42_BF.LU.03.luBF_05_03	EU170155	Luxembourg	Struck, D	Unpublished
N.CM.02.DJO0131	AY532635	Cameroon	Bodelle, P	<i>ARHR</i> 20 (8):902-908 (2004)
N.CM.04.04CM_1015_04	DQ017382	Cameroon	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 22 (1):83-92 (2006)
N.CM.04.04CM_1131_03	DQ017383	Cameroon	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 22 (1):83-92 (2006)
N.CM.95.YBF30	AJ006022	Cameroon	Simon, F	<i>Nat Med</i> 4 (9); 1032-7 (1998)
N.CM.97.YBF106	AJ271370	Cameroon	Ayoubu, A	<i>AIDS</i> 14 (16); 2623-5 (2000)
O.BE.87.ANT70	L20587	Belgium	Vanden Haesevelde, M	<i>J Virol</i> 68 (3); 1586-96 (1994)
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); 979-88 (2003)
O.CM.98.98CMA104	AY169802	Cameroon	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 19 (11); 979-88 (2003)
O.CM.99.99CMU4122	AY169815	Cameroon	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 19 (11); 979-88 (2003)
O.SN.99.SEMP1299	AJ302646	Senegal	Toure-Kane, C	<i>ARHR</i> 17 (12); 1211-6 (2001)
O.US.99.99USTWLA	AY169814	United States	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 19 (11); 979-88 (2003)
O.FR.92.VAU	AF407418	France	Vartanian, JP	<i>J Gen Virol</i> 2002 Apr;83(Pt 4):801-5
CPZ.CD.90.ANT	U42720	D.R.C.	Vanden Haesevelde, MM	<i>Virology</i> 221 (2); 346-50 (1996)
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	AY169968	Cameroon	Nerrienet, E	<i>J Virol</i> 79 (2); 1312-9 (2005)
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	DQ373065	Cameroon	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	DQ373064	Cameroon	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	DQ373063	Cameroon	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	DQ373066	Cameroon	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.GA.88.GAB1	X52154	Gabon	Huet, T	<i>Nature</i> 345 (6273); 356-9 (1990)
CPZ.TZ.01.TAN1	AF447763	Tanzania	Santiago, ML	<i>J Virol</i> 77 (3):2233-2242 (2003)
CPZ.US.85.CPZUS	AF103818	United States	Gao, F	<i>Nature</i> 397 (6718); 436-41 (1999)

	TCF-1 alpha	
B.FR.83.HXB2	.AAGTTAGAAGAAGCC...AACAAAGGAGAGAACCAGCTTGTACACCTGTGAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTTCATCAC...ATGGCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAGAACT	327
A1.GE.99.99GEMZ011	0
A1.KE.00.KER2008	0
A1.KE.00.KNH1144	0
A1.KE.00.KSM4024	0
A1.KE.00.MSA4069	0
A1.KE.00.NKU3005	0
A1.RU.00.RU00051	0
A1.RU.03.03RU20_06_13	0
A1.RW.93.93RW_024	0
A1.SE.95.SE889T	0
A1.SE.95.UGSE8131	0
A1.TZ.01.A173	0
A1.UA.01.01UADN139	0
A1.UG.92.92UG037	.G-AG---G---T---CTGG---AT---C-A---A-AT---AA---TGA---A---ACA---AG---A---A---G---CGAGTA---AA-AA---A---TT-A---AG---	327
A1.UG.99.99UGA07072	0
A1.UZ.02.02UZ0659	0
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	0
A2.CY.94.94CY017_41	0
B.AR.04.04AR151516	.A---G---TG---A---A---G---G---C-C---A-G---	327
B.AU.87.MBC925	0
B.BO.99.BO10122	0
B.BR.03.BREP2012	0
B.CA.97.CANB3FULL	0
B.CN.05.05CNHB_hp3	.C-G---G-T---C---T---A-A---AA---CA---A---C-GAT---A---A---C-C---AAA---T---T---A---AG---	327
B.CO.01.PCM001	0
B.GB.83.CAM1	.C-C---G---T---A---G---A---A---G---A---A---A---AC-AT---A---A---C-AC---T---A---AG---	328
B.GB.86.GB8	.G-G---A-G---TG---A-T-T---A---A---G---A-G---A---A---AC-AT---A---A---C-A-C---T---A---AG---	326
B.GE.03.03GEMZ010	0
B.IT.05.SG1	0
B.JP.05.DR6538	.C-G---G---G---T---T---TGG-AGGG-AGTTTAAA-G-GA---CAAC---A-G---A-G---AC---G-A---CTAGCAAG---CGGAGTACTG-AAGA-CTGCTGA-ATCCAG-G-A---	126
B.KR.05.05CSR3	0
B.NL.00.671_00T36	.A---A---G-T---CTG-A---A-T-C---C-C---A-A---A---G---A-G-T---A---AT---A---A---C-T---G-A---C-AA---T---A---AG---	328
B.RU.04.04RU128005	0
B.TH.00.00TH_C3198	0
B.UA.01.01UAKV167	0
B.US.04.ES10_53	.G---G---G---A---A---A---G---A---A---C---A---C-C-GC---G---A---	327
B.US.99.PRB959_03	0
C.AR.01.ARG4006	0
C.BR.04.04BR013	0
C.BW.00.00BW07621	0
C.CN.98.YNRL9840	0
C.ET.02.02ET_288	0
C.GE.03.03GEMZ033	0
C.IL.99.99ET7	0
C.IN.99.01INS565_10	0
C.KE.00.KER2010	0
C.MM.99.mIDU101_3	0
C.MW.93.93MW_965	0
C.SN.90.90SE_364	0
C.SO.89.89SMT_145	0
C.TZ.02.CO178	0
C.UY.01.TRA3011	0
C.YE.02.02YE511	0
C.ZA.04.04ZASK164B1	0
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	.G-AG---A---GTG---G---A-T-T---C---C---A-A---TGAAC-C---A---A---A---T-T---CGCAGA---C---A---T-A---AG---	327
C.ZM.02.02ZM108	0
D.CD.83.ELI	0
D.CM.01.01CM_0009BBY	0
D.KE.01.NKU3006	0
D.KR.04.04KBH8	.G-G---G---TG---A-T-C---A---A---A-G---C---C-A---A---A---AAA---G-A-T---A---AT---TT-A---AG---	284
D.TD.99.MN011	0
D.TZ.01.A280	0
D.UG.99.99UGK09259	0
D.YE.01.01YE386	0
D.YE.02.02YE516	0
D.ZA.90.R1	0
F1.AR.02.ARE933	0
F1.BE.93.VI850	0
F1.BR.01.01BR125	0
F1.ES.x.P1146	0
F1.FI.93.FIN9363	0
F2.CM.02.02CM_0016BBY	0
F2.CM.95.MP257	0
F2.CM.97.CM53657	.G-G---G---T---A---TC-A---CA-CT---A---G---GAA-C---C-G-T---AA---TA---CGGAGA---A---A---AG---	289
G.BE.96.DRCBL	0
G.CM.01.01CM_4049HAN	0
G.CU.x.Cu74	0
G.ES.00.X558	0
G.ES.99.X138	0
G.GH.03.03GH175G	.G-G---G---T---C-A---TC-C---CA-CT---A---A-G---TGAA-C-A---C-G-TA---A---TA---CGGAGA-T---C-T---A---	327
G.KE.93.HH8793_12_1	0
G.NG.01.01NGPLD669	.G-G---G---T---A---T-A---CA-CT---A---G---TG-A-C-AG-G---C-G-TA---A---TA---CGGAGA---A---A-T-T-A---AG---	243
G.PX.P2695	0
G.SE.93.SE6165	0
H.BE.93.VI991	0
H.BE.93.VI997	0
H.CF.90.056	0
J.CD.97.J_97DC_KTB147	0
J.SE.93.SE7887	0
J.SE.94.SE7022	0
K.CD.97.EQTB11C	0
K.CM.96.MP535	0

	TCF-1 alpha	
B.FR.83.HXB2	.AAGTTAGAAGAAGCC...AACAAAGGAGAGAACCACCGCTTGTACACCTGTGAGCCTCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTTCATCAC...ATGCCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAGAACT	327
01_AE.CF.90.90CF11697	.G-AG---G---A-----AT--A-G--A-T--C-----CA---AA---G-A---TGAA-A-----C-GAT---A-----TTC-----CGAAGA-----A-----G-A-----A-AG---	264
01_AE.CN.05.F1051	.G-AGC---G-A---C-----A--G-T--C-----CA---AA---G-A---TGAA-CG-----C-GAT---A-----TTC-----CGAA-A-----A-----AAA-T-C-AC--T--AT--AG---	327
01_AE.CN.06.F1054	AG-CG---G-GAA---C-----A-----TT-C-----R--CA-A---A-----CC-A-G--GAA-AG-----C-GAT-G--A-----G-C-----TGC-----CGAAGA-----G-A-----G-A-----AT--AG---	333
01_AE.HK.x.HK001	.G-AG---G-G-A-----A-----A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---	0
01_AE.JP.93.93JP_NH1	.G-AG---G-G-A-----A-----A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---	327
01_AE.TH.01.01TH_R2184	.G-AG---G-G-A-----A-----A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---	0
01_AE.TH.02.OUR7691	.G-AG---G-G-A-----A-----A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---	0
01_AE.TH.90.CM240	.G-AG---G-G-A-----A-----A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---	0
01_AE.US.00.00US_MSC1164	.G-AG---G-G-A-----A-----A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---	0
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	.G-AG---G-G-A-----A-----A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---	0
02_AG.EC.x.EC1041	.G-AG---G-G-A-----A-----A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---	0
02_AG.FR.91.DJ264	.G-AG---G-G-A-----A-----A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---	0
02_AG.GH.03.GHNJ196	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	327
02_AG.NG.01.PL0710	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
02_AG.NG.x.IBNG	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
02_AG.SE.94.SE7812	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
02_AG.SN.98.MP1211	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
02_AG.UZ.02.02UZ710	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
03_AB.RU.97.KAL153_2	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
04_cpx.CY.94.CY032	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
05_DFBE.x.VII310	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
06_cpx.AU.96.BFP90	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	327
06_cpx.RU.05.04RU001	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
07_BC.CN.97.CN54	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
09_cpx.GH.96.96GH2911	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
11_cpx.GR.x.GR17	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
12_BF.AR.99.ARMA159	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	327
13_cpx.CM.96.1849	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
14_BG.DE.01.9196_01	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
14_BG.ES.99.X397	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
16_A2D.KR.97.97KR004	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
18_cpx.CU.99.CU76	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
19_cpx.CU.99.CU7	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
20_BG.CU.03.CB471	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
21_A2D.KE.91.KNH1254	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
23_BG.CU.03.CB118	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
24_BG.CU.03.CB378	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
25_cpx.CM.01.101BA	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
28_BF.BR.99.BREPM12609	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
29_BF.BR.02.BREPM119	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
31_BC.BR.02.110PA	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
34_01B.TH.99.OUR2478P	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
35_AD.AF.05.05AF095	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
42_BFLU.03.luBF_05_03	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
N.CM.02.DJO0131	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
N.CM.04.04CM_1015_04	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
N.CM.04.04CM_1131_03	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
N.CM.95.YBF30	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
N.CM.97.YBF106	.G-G---G-----TG-----A-GT--A-----CA-CT--A-----TGAA-C-----AC-G-TC--A-----G---CACA-----CA-AA-----TT-A--AG---	0
O.BE.87.ANT70	.G-GC---AG-CTAGGAG-T-C-T-T-----GGG-T-ATC-CC-G--T--A-CAT-TGCC-----T-T-A--TA-AC-T-A--A-AC-GAT-----A-----T-ATCT-----GCAACACC--T--G-T--TATGATAACT--C-A--CT--C-----GG	331
O.CM.91.MVP5180	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	331
O.CM.96.96CMABB637	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	0
O.CM.98.98CMA104	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	0
O.CM.99.99CMU4122	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	0
O.SN.99.SEMP1299	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	0
O.US.99.99USTWLA	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	331
O.FR.92.VAU	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	0
CPZ.CD.90.ANT	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	0
CPZ.CM.01.SIVcpzCAMS13	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	0
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	0
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	0
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	0
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	.G-GC---GAG-CTGGGT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC-----T-A-CTT-TAAT-----GCT-G--TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA-----T-ATCAT--GC-AACA--T--A---TGC-AAA--C-A--CT--CCC--G	0
CPZ.GA.88.GAB1	.C-G---C-----TG-----T--A-T--C-----G--T--CA-AT-T-A-----G--A--TGA--C-A--G--C--G-TC--C-C-----A-G-G-C--AAGA--T--T--A--A-AA-----A--AG---	327
CPZ.TZ.01.TAN1	.C-G---C-----TG-----T--A-T--C-----G--T--CA-AT-T-A-----G--A--TGA--C-A--G--C--G-TC--C-C-----A-G-G-C--AAGA--T--T--A--A-AA-----A--AG---	0
CPZ.US.85.CPZUS	.G-AG---GCGG---T-----C-A--TAC--C-G-----CA--T--A-----A--TGAAC-TG-C-----C--ATC--CA-----CTGAA--G--TCGGAGA-----GA--TAA-----A-----CG---	327

	TCF-1 alpha	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA Box	
B.FR.83.HXB2	GCTGACAT	CGAGCTTGCTACAA	GGACTTTCC	GCTGGGACTTTCCA	GGGAGCGTGGCTGGGCGGACTGGGGAGTGGCGAGCC	CTCAGATCTGCATATAA	431	
01_AE.CF.90.90CF11697	-----G-----	.A-AG-T-ACCA	-----C-G-----	.G-----T-TT-----	AGT-----T-A-----	-----G-A-----	368	
01_AE.CN.05.F1051	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----A-----	.G-----T-----	G-AGT-----TT-----	-----G-A-----	431	
01_AE.CN.06.F1054	-----A-----	T-AGC-T-ACT	-----C-G-----	.T-----C-G-----	GC-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	437	
01_AE.HK.x.HK001	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
01_AE.JP.93.93JP_NH1	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
01_AE.TH.01.01TH_R2184	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
01_AE.TH.02.OUR7691	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
01_AE.TH.90.CM240	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
01_AE.US.00.00US_MSC1164	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
02_AG.EC.x.EC041	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
02_AG.FR.91.D1264	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
02_AG.GH.03.GHNJ196	-T---C-----	.A-AG---GAC---	.GGACTTTCTGCCTG	.T---TG---A-AGT---	-----T-A-----	-----G-----	445	
02_AG.NG.01.PL0710	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
02_AG.NG.x.IBNG	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
02_AG.SE.94.SE7812	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
02_AG.SN.98.MP1211	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
02_AG.UZ.02.02UZ710	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
04_cpx.CY.94.CY032	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
05_DFBE.x.VII1310	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
06_cpx.AU.96.BFF90	-----A-----	.GGCTGCTGACAAA-AG-T-ATG	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	443	
06_cpx.RU.05.04RU001	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	64	
07_BC.CN.97.CN54	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
11_cpx.GR.x.GR17	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
12_BF.AR.99.ARMA159	-AGACTGC.TGACACAGAGACTGCTGACAC	.A--AGAAT--A-G	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	451	
13_cpx.CM.96.1849	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
14_BG.DE.01.9196_01	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
14_BG.ES.99.X397	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
16_A2D.KR.97.97KR004	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
18_cpx.CU.99.CU76	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
19_cpx.CU.99.CU7	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
20_BG.CU.03.CB471	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
21_A2D.KE.91.KNH1254	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
23_BG.CU.03.CB118	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
24_BG.CU.03.CB378	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
25_cpx.CM.01.101BA	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
28_BF.BR.99.BREPM12609	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
29_BF.BR.02.BREPM119	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
31_BC.BR.02.110PA	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
34_01B.TH.99.OUR2478P	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
35_AD.AF.05.05AF095	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
42_BFLU.03.luBF_05_03	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
N.CM.02.DJO0131	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
N.CM.04.04CM_1015_04	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
N.CM.04.04CM_1131_03	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
N.CM.95.YBF30	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
N.CM.97.YBF106	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
O.BE.87.ANT70	A--A-A-A	CTGCTGACCTGA	-A---GAC-CTGTG	A-----AGCAAAGACTGCTGACTGCTG	T-G-AG-GACAGG	TT-----T-A-----	AG	466
O.CM.91.MVP5180	AA	-----GA-CTGC	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	439	
O.CM.96.96CMA104	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
O.CM.98.98CMA104	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
O.CM.99.99CMA104	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
O.SN.99.SEMP1299	A--A-A-C	TGCTGACCT	.GA--A---GAC-CTGCG	A-----AGCAGAGACTGCTGACAC-GC	GT-TG--A-G-A-AG	TT-----T-A-----	G	466
O.US.99.99USTWLA	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
O.FR.92.VAU	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
CPZ.CD.90.ANT	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
CPZ.GA.88.GAB1	-ACTTT-G.ACTGGCGCATGGCCAC	.AAGAAC	-GACTCTGCG	A-----A-----	GGG-A--T-GTCGGGA	Gt---T-----TTTG-CCT-AG--C	451	
CPZ.TZ.01.TAN1	-----A-----	.A-AG-T-ACTA	-----C-G-----	.G-----T-----	G-AGT-----T-A-----	-----G-A-----	431	
CPZ.US.85.CPZUS	-A-G-TG	.TAACCGCGCAGGCGCAATA-AAC	-GACT-A	.GGACTTTCTAAG	.AA---G-----A-G-GTG-T-A	-A--A--C-----TTTTA-C-----A-GA	458	

	+1 mRNA start site TAR element start 5' LTR U3 end_5' LTR R repeat begin	TAR element end_	Poly-A signal	5' LTR R repeat end_5' LTR U5 start	Extensive secondary structure	
B.FR.83.HXB2	GCAGCTGCTTTTGCCTGACTGGGTCTCTGGTTAGACAGATCTGAGCTGGGAGCTCTGGCTAACT...	AGGGAACCCACTGCTTAA	GCCTCAATA	AAGCTTGCCCTGAGTGCTTCAAGTAGTGTGTGCCCTGCTGTTGTGACTCTG...		583
A1.GE.99.99GEMZ011						0
A1.KE.00.KER2008						0
A1.KE.00.KNH1144						0
A1.KE.00.KSM4024						0
A1.KE.00.MSA4069						0
A1.KE.00.NKU3005						0
A1.RU.00.RU00051						0
A1.RU.03.03RW_20_06_13						0
A1.RW.93.93RW_024						69
A1.SE.95.SE8891						0
A1.SE.95.UGSE8131						0
A1.TZ.01.A173						0
A1.UA.01.01UADN139						0
A1.UG.92.92UG037						583
A1.UG.99.99UGA07072						0
A1.UZ.02.02UZ0659						0
A2.CD.97.97CDKS10						0
A2.CD.97.97CDKTB48						0
A2.CY.94.94CY017_41						0
B.AR.04.04AR151516						0
B.AU.87.MBC025						584
B.BO.99.BOI0122						0
B.BR.03.BREP2012						0
B.CA.97.CANB3FULL						0
B.CN.05.05CNHB_hp3						582
B.CO.01.PCM001						0
B.GB.83.CAM1						585
B.GB.86.GB8						581
B.GE.03.03GEMZ010						0
B.IT.05.SG1						382
B.JP.05.DR6538						585
B.KR.05.05CSR3						608
B.NL.00.671_00T36						105
B.RU.04.04RU128005						69
B.TH.00.00TH_C3198						0
B.UA.01.01UAKV167						0
B.US.04.ES10_53						583
B.US.99.PR959_03						0
C.AR.01.ARG4006						44
C.BR.04.04BR013						0
C.BW.00.00BW07621						0
C.CN.98.YNRL9840						0
C.ET.02.02ET_288						0
C.GE.03.03GEMZ033						0
C.IL.99.99ET7						0
C.IN.99.01INS565_10						0
C.KE.00.KER2010						0
C.MM.99.mIDU101_3						0
C.MW.93.93MW_965						0
C.SN.90.90SE_364						0
C.SO.89.89SM_145						0
C.TZ.02.CO178						0
C.UY.01.TRA3011						0
C.YE.02.02YE511						0
C.ZA.04.04ZASK164B1						17
C.ZA.05.05ZAPSK240B1						107
C.ZM.02.02ZM108						583
D.CD.83.ELI						129
D.CM.01.01CM_0009BBY						0
D.KE.01.NKU3006						0
D.KR.04.04KBH8						540
D.TD.99.MN011						0
D.TZ.01.A280						0
D.UG.99.99UGK09259						0
D.YE.01.01YE386						0
D.YE.02.02YE516						0
D.ZA.90.R1						0
F1.AR.02.ARE933						0
F1.BE.93.VI850						0
F1.BR.01.01BR125						39
F1.ES.x.P1146						0
F1.FI.93.FIN9363						0
F2.CM.02.02CM_0016BBY						0
F2.CM.95.MP257						0
F2.CM.97.CM53657						0
G.BE.96.DRCBL						549
G.CM.01.01CM_4049HAN						0
G.CU.x.Cu74						177
G.ES.00.X558						13
G.ES.99.X138						13
G.GH.03.03GH175G						606
G.KE.93.HH8793_12_1						0
G.NG.01.01NGPLD669						0
G.PF.x.PF2695						513
G.SE.93.SE6165						0
H.BE.93.VI991						0
H.BE.93.VI997						0
H.CF.90.056						0
J.CD.97.J_97DC_KTB147						0
J.SE.93.SE7887						0
J.SE.94.SE7022						0
K.CD.97.EQTB11C						0
K.CM.96.MP535						0

	Extensive secondary structure	5' LTR U5 end	Lys tRNA primer binding site	Packaging loops begin	
B.FR.83.HXB2		GTAA . CTAGAGATCCCTCAGACCCCTTTTAGTCAGTGTG	GAAATCTCTAGCAGTGGCCCGAACAGGG	ACCTGAAA	GCGAAAGGAAA
A1.GE.99.99GEMZ011					CCAGAGGAG
A1.KE.00.KER2008					CTCTCTCGA.CGCAGG
A1.KE.00.KNH1144					ACTCGCTT.GCTGA
A1.KE.00.KSM4024					
A1.KE.00.MSA4069					
A1.KE.00.NKU3005					
A1.RU.00.RU00051					
A1.RU.03.03RU20_06_13					
A1.RW.93.93RW_024					
A1.SE.95.SE889T					
A1.SE.95.UGSE8131					
A1.TZ.01.A173					
A1.UA.01.01UADN139					
A1.UG.99.99UGA07072					
A1.UZ.02.02UZ0659					
A2.CD.97.97CDKS10					
A2.CD.97.97CDKTB48					
A2.CY.94.94CY017_41					
B.AR.04.04AR151516					
B.AU.87.MBC925					
B.BO.99.BOL0122					
B.BR.03.BREPM2012					
B.CA.97.CANB3FULL					
B.CN.05.05CNHB_hp3					
B.CO.01.PCM001					
B.GB.83.CAM1					
B.GB.86.GB8					
B.GE.03.03GEMZ010					
B.IT.05.SG1					
B.JP.05.DR6538					
B.KR.05.05CSR3					
B.LI.00.67.LI_00T36					
B.RU.04.04RU128005					
B.TH.00.00TH_C3198					
B.UA.01.01UAKV167					
B.US.04.ES10_53					
B.US.99.PRB959_03					
C.AR.01.ARG4006					
C.BR.04.04BR013					
C.BW.00.00BW07621					
C.CN.98.YNRL9840					
C.ET.02.02ET_288					
C.GE.03.03GEMZ033					
C.IL.99.99ET7					
C.IN.99.01INS565_10					
C.KE.00.KER2010					
C.MM.99.mIDU101_3					
C.MW.93.93MW_965					
C.SN.90.90SE_364					
C.SO.89.89SM_145					
C.TZ.02.CO178					
C.UY.01.TRA3011					
C.YE.02.02YE511					
C.ZA.04.04ZASK164B1					
C.ZA.05.05ZAPSK240B1					
C.ZM.02.02ZM108					
D.CD.83.ELI					
D.CM.01.01CM_0009BBY					
D.KE.01.NKU3006					
D.KR.04.04KBH8					
D.TD.99.MN011					
D.TZ.01.A280					
D.UG.99.99UGK09259					
D.YE.01.01YE386					
D.YE.02.02YE516					
D.ZA.90.R1					
F1.AR.02.ARE933					
F1.BE.93.V1850					
F1.BR.01.01BR125					
F1.ES.x.P1146					
F1.FL.93.FIN9363					
F2.CM.02.02CM_0016BBY					
F2.CM.95.MP257					
F2.CM.97.CM53657					
G.BE.96.DRCBL					
G.CM.01.01CM_4049HAN					
G.CU.x.C174					
G.ES.00.X558					
G.ES.99.X138					
G.GH.03.03GH175G					
G.KE.93.HH8793_12_1					
G.NG.01.01NGPL0669					
G.PX.P12695					
G.SE.93.SE6165					
H.BE.93.V1991					
H.BE.93.V1997					
H.CF.90.056					
J.CD.97.J_97DC_KTB147					
J.SE.93.SE7887					
J.SE.94.SE7022					
K.CD.97.EQTB11C					
K.CM.96.MP535					

709
0
0
0
0
0
13
191
0
0
107
0
731
0
0
55
77
0
710
103
707
0
711
708
0
508
711
734
228
195
0
709
0
170
84
0
0
89
0
87
0
0
0
143
142
709
255
0
666
0
0
0
53
21
60
166
13
53
0
0
695
0
323
159
159
752
112
0
659
113
87
28
56
29
29
29
0
0

	Extensive secondary structure	5' LTR U5 end	Lys tRNA primer binding site	Packaging loops begin	
B.FR.83.HXB2	GTAA . CTAGAGATCCCTCAGACCCCTTTAGTCAGTGTG	GAAATCTCTAGCAGTGGCGCCCGAACAGGG	ACCTGAAA	GCGAAAGGGAAA	CCAGAGGAG
01_AE.CF.90.90CF11697	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
01_AE.CN.05.FJ051	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
01_AE.CN.06.FJ054	..-AC-GC-M-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
01_AE.HK.x.HK001	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
01_AE.JP93.93JP.NH1	..-AC-C-A-T-AA-A	..-T	..-T	..-T	..-T
01_AE.TH.01.01TH.R2184	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
01_AE.TH.02.OUR7691	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
01_AE.TH.90.CM240	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
01_AE.US.00.00US_MSC1164	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
02_AG.EC.x.EC141	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
02_AG.FR.91.DJ264	..-AA	..-GA	..-G-A	..-G	..-G
02_AG.GH.03.GHNJ196	..-AA	..-TTG	..-A	..-G	..-G
02_AG.NG.01.PL0710	..-AA	..-TTG	..-A	..-G	..-G
02_AG.NG.x.IBNG	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
02_AG.SE.94.SE7812	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
02_AG.SN.98.MP1211	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
02_AG.UZ.02.02UZ710	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
03_AB.RU.97.KAL153_2	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
04_cpx.CY.94.CY032	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
05_DF.BE.x.VI1310	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
06_cpx.AU.96.BFP90	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
06_cpx.RU.05.04RU001	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
07_BC.CN.97.CN54	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
09_cpx.GH.96.96GH29PI	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
11_cpx.GR.x.GR17	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
12_BF.AR.99.ARMA159	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
13_cpx.CM.96.1849	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
14_BG.DE.01.9196_01	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
14_BG.ES.99.X397	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
16_A2D.KR.97.97KR004	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
18_cpx.CU.99.CU76	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
19_cpx.CU.99.CU7	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
20_BG.CU.03.CB471	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
21_A2D.KE.91.KNH1254	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
23_BG.CU.03.CB118	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
24_BG.CU.03.CB378	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
25_cpx.CM.01.101BA	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
28_BF.BR.99.BREPM12609	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
29_BF.BR.02.BREPM119	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
31_BC.BR.02.110PA	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
34_01B.TH.99.OUR2478P	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
35_AD.AF.05.05AF095	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	..-AC-C-A-T-A-A	..-T	..-T	..-T	..-T
42_BFLU.03.luBF_05_03	..-AY	..-C	..-Y	..-TAG	..-AACC - AG-AG
N.CM.02.DJO0131	..-C	..-ACC-GGAC-T-A	..-A	..-T	..-ACGAAAGTAGAA
N.CM.04.04CM_1015_04	..-C	..-AC-GG-C-T-A-A	..-A	..-T	..-ACGAAAGTAGAA
N.CM.04.04CM_1131_03	..-C	..-A-C-GGAC-T-A-A	..-A	..-T	..-ACGAAAGTAGAA
N.CM.95.YBF30	..-C	..-A-C-A-T-A-A	..-A	..-T	..-ACGAAAGTAGAA
N.CM.97.YBF106	..-C	..-TTACCA-A-T-A-A	..-S	..-T	..-ACGAAAGTAGAA
O.BE.87.ANT70	..-GT	..-T-AC-A-T-AAGCA	..-A	..-T	..-GTGAAAGTGAAA
O.CM.91.MVP5180	..-GT	..-T-AC-A-T-AAGCA	..-A	..-T	..-GTGAAAGTGAAA
O.CM.96.96CMAABB637	..-T	..-T-ACG-AGACTGAA-CA	..-A	..-T	..-AAAGTGAAA
O.CM.98.98CMA104	..-G	..-T-ACG-AGACTGAA-CA	..-A	..-T	..-GAGAAAGTGAAA
O.CM.99.99CMU4122	..-T	..-T-ACG-AGAYTGAG-CA	..-A	..-T	..-AGGAAAGTGAAA
O.SN.99.SEMP1299	..-T	..-T-ACG-A-T-A-GCA	..-A	..-T	..-GAGAAAGTGAAA
O.US.99.99USTWLA	..-GT	..-G-ACG-AGCCTGAA-CA	..-A	..-T	..-AG-A-AAAA-CTC
O.FR.92.VAU	..-GT	..-T-AC-A-T-AAGCAG	..-A	..-T	..-CGAAAAGTGAAA
CPZ.CD.90.ANT	..-T	..-TAAAA-TA-GTCCA	..-A	..-T	..-GGGACTTGAGGAG
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	..-T	..-TAAAA-TA-GTCCA	..-A	..-T	..-GCGAAAGTAGAA
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	..-T	..-TAA-CTA-T-A-AA	..-A	..-T	..-GTGAAAGTAA
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	..-T	..-A-T-G-T-T-C-C-G	..-A	..-T	..-ACGAAAGTAGAA
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	..-T	..-TAAC-G-T-T-C-G-C	..-C	..-T	..-ACGAAAGTAGAA
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	..-T	..-A-A-C-ATA-TGA-AG	..-A	..-T	..-GTGAAAGTAGAA
CPZ.GA.88.GAB1	..-T	..-TAAAA-TA-GTCCA	..-A	..-T	..-G-TGAAAGTAA
CPZ.TZ.01.TAN1	..-C-GGGG	..-TTTG-AGT-G-TAA-A	..-C	..-T	..-G-AGCAGGGAA
CPZ.US.85.CPZUS	..-T	..-A-TC-A-AAGTAG	..-T	..-T	..-ACGAAAGTAGAA

B.FR.83.HXB2
 Gag
 01_AE.CF.90.90CF11697
 01_AE.CN.05.F1051
 01_AE.CN.06.F1054
 01_AE.HK.x.HK001
 01_AE.JP93.93JP_NH1
 01_AE.TH.01.01TH_R2184
 01_AE.TH.02.OUR7691
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.US.00.00US_MSC1164
 02_AG.CM.02.02CM_4082STN
 02_AG.EC.x.ECU41
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.GH.03.GHNJ196
 02_AG.NG.01.PL0710
 02_AG.NG.x.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 02_AG.SN.98.MP1211
 02_AG.UZ.02.02UZ710
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 04_cpx.CY.94.CY032
 05_DF.BE.x.VII310
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.RU.05.04RU001
 07_BC.CN.97.CNS4
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 11_cpx.GR.x.GR17
 12_BF.AR.99.ARMA159
 13_cpx.CM.96.1849
 14_BG.DE.01.9196_01
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 16_A2D.KR.97.97KR004
 18_cpx.CU.99.CU76
 19_cpx.CU.99.CU7
 20_BG.CU.03.CB471
 21_A2D.KE.91.KNH1254
 23_BG.CU.03.CB118
 24_BG.CU.03.CB378
 25_cpx.CM.01.101BA
 27_cpx.CD.97.97CDKTB49
 28_BFBR.99.BREPM12609
 29_BFBR.02.BREPM119
 31_BC.BR.02.110PA
 33_01B.MY.05.05MYKL007_1
 34_01B.TH.99.OUR2478P
 35_AD.AF.05.05AF095
 36_cpx.CM.00.00CMNYU830
 37_cpx.CM.00.00CMNYU926
 42_BFLU.03.luBF_05_03
 N.CM.02.DJO0131
 N.CM.04.04CM_1015_04
 N.CM.04.04CM_1131_03
 N.CM.95.YBF30
 N.CM.97.YBF106
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.91.MVP5180
 O.CM.96.96CMABB637
 O.CM.98.98CMA104
 O.CM.99.99CMU4122
 O.SN.99.SEMP1299
 O.US.99.99USTWLA
 O.FR.92.VAU
 CPZ.CD.90.ANT
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
 CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
 CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
 CPZ.GA.88.GAB1
 CPZ.TZ.01.TANI
 CPZ.US.85.CPZUS

Accession	Sequence	Reference	Position
A.....	GCGCGCACGGCAAGAGGC..GAGGGGCGGCGACTGGTGGTACG..CCAAAA.....ATTTTGACTAGCGGAGGCTAGAAG.....GAGAGAGATGGGTGCGAGAGCGTCAAGTATTACCGGGGAGAAATTAGATCGAT	835	
			M G A R A S V L S G G E L D R
G.....	T-T-A-.....GA-A.....T.....T-C.....		T-A-.....GC- 790
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 851
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 857
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 212
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 852
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-C-.....GC- 40
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 40
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 400
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....AA- 40
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 40
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....TC- 0
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....TC- 858
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....TC- 40
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 375
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 222
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 47
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 40
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 67
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 201
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 211
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GA- 863
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GA- 487
C.....	TGAA-T-A-T.....GA-A.....TTA.....TA.....		A-A-.....AA- 212
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....AA- 42
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 46
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 214
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 152
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 855
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....AA- 213
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 361
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 285
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 243
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 202
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....AA- 152
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 61
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 284
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 40
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 284
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....TC- 284
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 40
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 46
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-G-A-.....A- 204
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....A- 15
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-C-A-.....ACT- 290
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 220
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....A- 40
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 40
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....GC- 40
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-A-.....A- 364
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-G-CA-.....A- 305
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-G-CA-.....AA- 307
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-G-CA-.....AA- 306
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-G-CA-.....A- 393
G.....	T-A-A-.....GA-A.....		T-G-CA-.....A- 394
G.....	T-A-C-CT.....GA-A-GAA-TCACA-AG-GTGAGT.....A-TG-G-T-C-CCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTTAGGG.....GA-T-G-G-CA-AA-CA-.....GC- 887		T-G-G-CA-AA-CA-.....GC- 862
G.....	T-A-C-CT.....GA-A-GAA-TCACAAGAG-GTGAGT.....AA-TG-G-T-C-CCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTTAGGG.....GA-T-G-G-CA-A-TA-.....GC- 313		T-G-G-CA-A-TA-.....GC- 318
G.....	T-A-C-CT.....GAGA-AACT-ACAA-AG-GTG-GT.....AAA-TG-G-T-C-CCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTTAGGG.....GA-T-G-CA-A-CA-.....GC- 317		T-G-CA-A-CA-.....GC- 317
G.....	T-A-C-CT.....GAGA-AACT-ACAGAAG-GTG-GT.....AA-TG-G-T-C-CCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTTAGGG.....GA-C-G-AA-CA-CA-.....GC- 889		T-G-CA-A-CA-.....GC- 309
G.....	T-A-C-CT.....GAGA-AACT-ACGA-AA-GTG-GT.....AA-TG-G-T-C-CCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTTAGGG.....AGA-A-T-G-CA-AA-A-.....GC- 395		T-G-CA-AA-A-.....GC- 199
G.....	T-A-C-CT.....GA-A-GAA-TCACAAGAG-GTGAGT.....A-TG-G-T-C-CCTAGGGGAAGGGCGAAGTCTTAGGG.....GA-T-G-G-CA-AGA-GC-.....GC- 397		T-G-G-CA-AGA-GC-.....GC- 374
G.....	T-A-AA.....A-AG-CG-AG.....TTCAATT.T.TG-TGT-GCTA-T-AGC-ATCCTAGGGGAAGTCTTAGGG.....C-GA-A-G-G-T-T-G-G-CA-A-GA-.....GC- 381		T-G-G-CA-A-GA-.....GC- 384
G.....	T-A-AA.....A-AG-CG-AG.....A.....A.....		T-G-G-CA-A-.....GC- 384
G.....	T-A-AA.....A-AG-CG-AG.....A.....A.....		T-G-G-CA-A-.....GC- 404
G.....	T-A-AA.....A-AG-CG-AG.....A.....A.....		T-G-G-CA-A-.....GC- 872
G.....	T-A-AA.....A-AG-CG-AG.....A.....A.....		T-G-G-CA-ATA-GC-.....GC- 398
G.....	T-A-AA.....A-AG-CG-AG.....A.....A.....		T-G-G-CA-CG-.....GC- 877

B.FR.83.HXB2
Gag
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP.NH1
01_AE.TH.01.01TH.R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.V11310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREP12609
29_BF.BR.02.BREP1119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMA104
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMA1122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAMA13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Table of HIV-1/SIVcpz Complete Genomes alignments. Columns include sequence coordinates (1-1194) and nucleotide bases (A, C, G, T). Rows correspond to the sample identifiers listed on the left.

B.FR.83.HXB2
Gag

Gag p17 Matrix end Gag p24 Capsid start

		GACACAGGACACAGCAATCAG			GTCAGCCAAATACCTATATGTCAGAAATCCAGGGGCAAATGGTACATCAGGCCATATCACCTAGAACCTTTAAATGCATGGGTAAGTAGTGAAGAGAAGG	1276			
		D T G H S N Q			V S Q N Y P I V Q N I Q G Q M V H Q A I V S P R T L N A W V K V V E E K				
01_AE.CF.90.90CF11697	-G-	AG -A- GCA -A-			-A- TGCA -A-	C -T-	G-	A-	1231
01_AE.CN.05.F1051	-G-	AG -GCA -A-			-A- TTCA -A-	C -TT-	G-	A-	1292
01_AE.CN.06.F1034	-G-	AG -GCA -A-			-A- TGCA -A-	T -TT-	G-	A-	1298
01_AE.HK.x.HK001	-G-	AG -A- GCA -A-			-A- TGCA -A -A-	A -T -TT-	C -G-	A-	653
01_AE.JP93.93JP_NH1	-G-	AG -GCA -A-			-A- TGCA -A -A-	AC -C -TT-	G-	A-	1293
01_AE.TH.01.01TH_R2184	-G-	AG -GCA -A-			-A- TGCA -A-	C -T-	G-	A-	481
01_AE.TH.02.OUR7691	-G-	AG -GCACA -A-			-A- TGCA -A-	C -TG-	G-	A-	481
01_AE.TH.90.CM240	-G-	AG -GCA -A-			-A- TGCA -A-	C -TT-	G-	A-	841
01_AE.US.00.00US_MSC1164	-G-	AG -GGCA -A-			-A- TGCA -A-	C -C -TG-	G-	A-	481
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	-C-	AG -AG -A-	AG		-A- TGCA -A-	AG -G-	G-	A-	472
02_AG.EC.x.ECU41	-C-	AG -AG -A-	AG	C-	-A- TGCA -A-	T -G-	G-	A-	378
02_AG.FR.91.DJ264	-C-	AG -AG -A-	AG		-A- TGCA -A-	AC -C -G-	G-	A-	631
02_AG.GH.03.GHNJ196	-C-	AG -AG -A-	AG	C	AGTAAGAGTC	A -T -G-	G-	A-	1308
02_AG.NG.01.PL0710	-C-	AG -AG -A-	AG		-A- TGCA -A-	T -G-	G-	A-	466
02_AG.NG.x.IBNG	-C-	AG -AG -A-	AG		-A- TGCA -A-	AC -T -G-	G-	A-	807
02_AG.SE.94.SE7812	-C-G-	AG -AG -A-	AGT		-A- TGCA -A-	AC -T -C-	G-	A-	654
02_AG.SN.98.MP1211	-C-	AG -AG -A-	AG	T-	-A- TGCA -A -G-	T -G-	G-	A-	479
02_AG.UZ.02.02UZ710	-C-	AG -AG -A-	AG		-A- TGCA -A -A-	T -G-	G-	A-	472
03_AB.RU.97.KAL153_2	-G-	AG -GCA -A-		T-	C -A- TGCA -A-	AC -C -T -G-	G-	A-	508
04_cpx.CY.94.CY032	-C-G-	GGT -GCA -T-			-A- TGCA -A-	AG -T -G-	G-	A-	642
05_DF.BE.x.VII310	-G-G-	GA -GC -A-	C-	T-	-A-	C -C -G-	C -G-	A-	655
06_cpx.AU.96.BFP90	-C-	A -G -A -T-	C-	T-	C -A- TGCA -A-	G -AC -T-	G-	A-	1301
06_cpx.RU.05.04RU001	-C-	A -G -A -T-	C-	T-	CG -A- TGCA -A-	T -A -A -A-	G-	A-	928
07_BC.CN.97.CN54	-CA-AG-	AGGCTGA -GGGA -	T-	T-	A -TC -A -A-	C -C -C-	G-	A-	644
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-CA-A-AA-	GCTGAAG -GA -	T-	T-	A -TC -A -A-	C -C -C-	G-	A-	474
09_cpx.GH.96.96GH2911	A -A -A -A -GCA -		T-	A -GCA -	TGCA -A -G-	C -C -C-	R -G-	A-	487
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	A -A -A -GC -		T-	A -TT -A -A-	C -C -T -A -	G -G -G-	G-	A-	655
11_cpx.GR.x.GR17	-T -A -A -CA -		T-	A -TGCA -A -	C -C -G-	C -G -G-	G-	A-	587
12_BF.AR.99.ARMA159	-A -G -A -TC -		T -G-	A -TC -T -A -	C -C -TT -	C -C -G-	C -G -G-	A-	1284
13_cpx.CM.96.1849	A -TGA -A -C -A -		T-	T -TGCA -A -	G -C -T -	G -G -G-	G-	A-	654
14_BG.DE.01.9196_01	-GA -A -T -A -GC -A -		C-	A -GC -A -A-	TGCA -A -A-	T -C -C-	G-	A-	799
14_BG.ES.99.X397	-GA -A -A -GC -A -		C-	A -GC -A -A-	TGCA -A -A-	T -C -C-	G-	A-	723
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-G-	AG -GCACA -A-		T-	A -TGCA -A -	C -TG -G-	G -G -G-	A -A -	684
16_A2D.KR.97.97KR004	-CAG-T-	ACACAG -A -GCAGC -	G -T-	C -A -TGCA -A -	AC -T -AA -T -	G -G -G-	C -C -A -	A -	637
18_cpx.CU.99.CU76	-C-G-	AG -GC -A-		C -A -TGCA -A -		G -G -G -C -	C -A -A -	593	
19_cpx.CU.99.CU7	-A -GA -GC -C -		T-	C -GC -G -		C -G -G -C -G -	A -A -	502	
20_BG.CU.03.CB471	-GTGA -A -GC -A -			TGCA -A -	CCAA -G -C -	T -G -G -	A -A -	725	
21_A2D.KE.91.KNH1254	-AAGA -GC -		C-	A -TGCA -A -A -TG -	C -A -T -	G -C -G -	C -G -	A -	484
23_BG.CU.03.CB118	-GTGA -T -GGC -A -			TGCA -A -A -	CCA -C -	G -G -G -	A -A -	725	
24_BG.CU.03.CB378	-GTGA -A -GC -A -			TGCA -A -	CCAA -C -	A -G -G -	A -A -	725	
25_cpx.CM.01.101BA	-AGT -GCAGCCAG -		C-	TGCA -A -		T -TC -C -	A -A -	484	
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	-AG -AT -A -GC -A -		T-	T -A -TGCA -A -		C -A -A -	C -G -	A -	487
28_BFBR.99.BREPM12609	-G -A -GC -A -			C -		C -G -	G -GA -	A -	645
29_BFBR.02.BREPM119	-G -A -T -GC -		G-			AC -G -	G -G -	A -G -	453
31_BC.BR.02.110PA	-AG -CTG -AAGGAA -		T-	T -A -TC -A -C -		C -G -G -	G -G -A -G -	A -	725
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	-G -AG -A -GCA -A -			A -TGCA -A -		T -TT -	G -G -G -	A -	661
34_01B.TH.99.OUR2478P	-G -AG -G -RGCA -A -			A -TGCA -A -A -		C -TG -	G -C -G -	A -	481
35_AD.AF.05.05AF095	-T -GCA -A -		A -G -	A -TGCA -A -		C -T -G -	G -C -G -	A -A -	478
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	-G -AG -GCACA -			C -A -TGCA -A -		TT -	G -G -G -	A -	481
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	-G -AG -TGCA -A -		A -	A -TGCA -A -		T -T -G -	C -G -G -	A -	475
42_BFLU.03.luBF_05_03	-A -C -			A -C -			G -G -	A -	805
N.CM.02.DJO0131	CCCAGAAGCA -GGG -CGGCAGCAGC -G -TAACAAT -		A -TAGG -T -C -C -TGCT -A -A -A -	C -GC -GA -C -		T -G -A -G -	A -G -	761	
N.CM.04.04CM_1015_04	TCCAGAAGCA -GGG -CGGCAGCAGC -G -TAACAAT -		A -TAGG -C -T -C -C -TGCT -A -A -A -	TC -GC -GA -C -		T -G -A -G -	A -G -	754	
N.CM.04.04CM_1131_03	TCCAGAAGCA -GGG -CGGCAGCAGC -G -TAACAAT -		A -TAGG -T -C -T -TGCT -A -A -A -	C -GC -GA -C -		T -G -A -G -	A -G -	753	
N.CM.95.YBF30	A -GCA -GGG -CGGCAGC -G -TAGCAAT -		A -TAGG -T -C -C -CTGCT -A -A -	C -GC -GA -C -		T -G -A -G -	A -G -	840	
N.CM.97.YBF106	A -GCA -GG -CGGCAGC -G -CAGCAGT -		A -TAGG -T -C -C -TGCT -A -A -	C -GC -GA -C -		T -G -A -G -	A -G -	841	
O.BE.87.ANT70	A -A -CGCA -GC -G -		CGG -T -	ATCA -TCGG -A -		C -C -C -G -	G -C -C -A -A -	1322	
O.CM.91.MVP5180	A -A -A -C -CT -GC -G -		ACA -T -	AACA -TGCA -A -		A -C -C -C -G -	G -C -C -A -	1297	
O.CM.96.96CMABB637	T -A -AGA -AACA -TCA -G -		AGA -AGCA -	G -A -		C -C -C -C -G -	G -C -C -A -	745	
O.CM.98.98CMA104	TAAG -AGACAC -AG -GCA -GG -		ACGG -T -	G -A -A -TGCC -A -A -		C -C -C -C -G -	G -C -C -A -	753	
O.CM.99.99CMU4122	TAAG -AGACAC -AGYGA -GG -		ACGG -T -	A -A -CA -TGCA -A -A -	G -	C -C -C -C -G -	G -C -C -A -A -	752	
O.SN.99.SEMPI299	R -AGACAC -AR -CA -G -		ACGG -T -	ACA -TGCA -A -		T -C -C -C -G -	G -C -C -A -	1324	
O.US.99.99USTWLA	R -AGACAC -AR -CA -G -		ACA -T -	ACA -TCGG -R -A -GCT -		C -C -C -C -G -	G -C -C -A -	741	
O.FR.92.VAU	A -A -ACAC -AG -TCA -G -		ACAG -T -	G -GCA -TGCA -A -		A -C -C -C -C -	C -C -A -A -A -	830	
CPZ.CD.90.ANT	AGGCATGCTTCTGGCGTG -T -CTGTTAA -CAAACAGTGTGTGTCAGGCATCTTAGTGGC -		AAG -GAG -	C -CA -AGT -G -TGCA -A -	AAT -GCAAGG -	C -AC -GA -A -	C -C -C -	GTGT -AA	688
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	CAGACAGGGC -CT -GT -CTTC -TCTGGC -		ACT -TGGG -	A -TGCT -A -G -	ACTC -	C -C -C -	G -G -	A -	853
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	AGGGCCAGGC -CAG -CCTG -A -G -		A -TAGG -C -	T -C -G -A -A -TGCT -A -		C -GC -G -	C -C -T -	G -G -	824
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	GGCAAGGGACA -TGACA -T -		GT -AG -C -	ACA -TGCA -A -	GCC -	C -C -C -	C -C -G -	A -	822
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66	CGACGGT -ACT -GCACT -		ACGG -T -	ACA -TGCT -A -	G -	AC -C -C -	C -C -G -	A -	819
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-A -CAG -TG -A -		ACACCATCA -CT -	GGC -C -T -	G -A -GA -GCT -	A -GT -ACG -A -TC -A -	C -C -C -	C -A -	815
CPZ.GA.88.GAB1	AGGGGAGCCAGTCA -CGCT -TGCCTCTGCTGGC -		A -T -TGG -	CC -C -A -A -TGCT -A -	G -G -	C -C -C -G -	G -G -G -	A -	1337
CPZ.TZ.01.TANI	AGAGGAAACA -TGC -CCTAGTG -ACAGGAAACACAGGGAGAGCAACAGAGACACCTAGT -		GG -TAG -CTA -	AG -GA -AACTG -TGCA -	AGTTGCAAGG -	C -T -T -	C -C -G -	A -A -	908
CPZ.US.85.CPZUS	ACAGGAGGCAAGTGCCA -TA -TT -		GT -AGC -	AG -A -A -GCT -	A -G -	A -G -T -C -	C -CG -	A -	1324

B.FR.83.HXB2

- Agag
A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.KHI144
A1.KE.00.KSM4024
A1.KE.00.MSA4069
A1.KE.00.NKU3005
A1.RU.00.RU00051
A1.RU.03.03RU_020_06_13
A1.RW.93.93RW_024
A1.SE.95.SE8891
A1.SE.95.UGSE8131
A1.TZ.01.A173
A1.UA.01.01UADN139
A1.UG.92.92UG037
A1.UG.99.99UGA07072
A1.UZ.02.02UZ0659
A2.CD.97.97CDKS10
A2.CD.97.97CDKTB48
A2.CY.94.94CY017_41
B.AR.04.04AR151516
B.AU.87.87MBC25
B.BO.99.99BOL0122
B.BR.03.03BREPM2012
B.CA.97.97CANB3FULL
B.CN.05.05CNHB_hp3
B.CO.01.01PCM001
B.GB.83.CAM1
B.GB.86.GB8
B.GE.03.03GEMZ010
B.IT.05.SG1
B.JP.05.05DR6538
B.KR.05.05CSR3
B.NL.00.671_00T36
B.RU.04.04RU128005
B.TH.00.00TH_C3198
B.UA.01.01UAKV167
B.US.04.ES10_53
B.US.99.99PRB9503
C.AR.01.01ARG4006
C.BR.04.04BR013
C.BW.00.00BW07621
C.CN.98.98YNRL9840
C.ET.02.02ET_288
C.GE.03.03GEMZ033
C.GI.99.99GIT7
C.IN.99.01IN565_10
C.KE.00.KER2010
C.MM.99.mIDU101_3
C.MW.93.93MW_965
C.SN.90.90SE_364
C.SO.89.89SMI_145
C.TZ.02.C0178
C.UY.01.01TRA3011
C.YE.02.02YE511
C.ZA.04.04ZASK164B1
C.ZA.05.05ZAPSK240B1
C.ZM.02.02ZM108
D.CD.83.ELI
D.CM.01.01CM_0009BBY
D.KE.01.01NKU3006
D.KR.04.04KBBH8
D.TD.99.MN011
D.TZ.01.A280
D.UG.99.99UGK09259
D.YE.01.01YE386
D.YE.02.02YE516
D.ZA.90.R1
F1.AR.02.02ARE933
F1.BE.93.VI850
F1.BR.01.01BR125
F1.ES.x.P1146
F1.FI.93.FIN9363
F2.CM.02.02CM_0016BBY
F2.CM.95.MP257
F2.CM.97.CM53657
G.BE.96.DRCBL
G.CM.01.01CM_4049HAN
G.CU.x.Cu74
G.ES.00.XS58
G.ES.99.X138
G.GH.03.03GH175G
G.KE.93.HH18793_12_1
G.NG.01.01NGPL0669
G.PT.x.PT2695
G.SE.93.SE6165
H.BE.93.V1991
H.BE.93.V1997
H.CF.90.056
J.CD.97.J_97DC_KTB147
J.SE.93.SE7887
J.SE.94.SE7022
K.CD.97.EQTB11C
K.CM.96.MP535

Genomic alignment table with columns for sequence positions and nucleotide bases (A, C, G, T). The table contains multiple rows of alignment data for various HIV-1/SIVcpz strains, showing their divergence from the B.FR.83.HXB2 reference sequence.

Reference sequence for B.FR.83.HXB2:
CTTTCCAGCCGAGAAGTATACCCATGTTTTTCAGCATTATCAGAAGGAGCCACCCCAAGATTAAACACCATGCTAAACACAGTGGGGGGACATCAAGCAGCCATGCAAAATGTTAAAGAGACCATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGATAGAGTGCATCCAGTGCAT
AGAGTGCATCCAGTGCAT

B.FR.83.HXB2
Gag

01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.02UR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.VI1310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CNS4
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH29F1
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BFBR.99.BREPM12609
29_BFBR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.99TH2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMABB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAML13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Genomic alignment table with columns for amino acid positions (A-FSPEVITPMPFSA LSEGA T P Q D L N T M 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) and corresponding nucleotide sequences for each HIV-1/SIVcpz strain.

B.FR.83.HXB2
Gag
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.VI1310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMA104
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMA122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAMA13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Sequence alignment table with columns for amino acid positions (A, G, P, I, A, P, G, Q, M, R, E, P, R, G, S, D, I, A, G, T, T, S, T, L, Q, E, Q, I, G, W, M, T) and nucleotide positions (N, N, P, P, I, P, V, G, E, I, Y, K, R, W, I, L, G, L, N, K). Rows correspond to the accession numbers listed on the left.

Table showing HIV-1/SIVcpz alignments. Columns include sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2), sequence alignments (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 N W M T E T L L V Q N A N P), and a reference sequence (AATAGTAAAGATGTATAGCCCTACCAGCACTTGGACATAAGACAAGGACCAAAGGAAACCCTT...).

Gag p24 Capsid end Gag p2 start

Gag p2 end Gag p7 nucleocapsid start

Gag-Pol fusion TF protein start

Strain	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	ATTGTAAAGACTTTTTAAAGCACTGGGACGCGGCTACACTAGAAGAAATGATGACAGCATGTCCAGGAGTAGGAGGACCCGGCCATAAGGCAAGAGTTTGCTGGAAGCAATGAGCCAAAGTAAACAATTCAC	1291
A1.GE.99.99GEMZ011GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.KE.00.KER2008GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.KE.00.KNH1144GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.KE.00.KSM4024GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.KE.00.MSA4069GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.KE.00.NKU3005GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.RU.00.RU00051GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.RU.03.03RU_20_06_13GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.RW.93.93RW_024GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.SE.95.SE8891GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.SE.95.UGSE8131GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.TZ.01.A173GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.UA.01.01UADN139GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.UG.92.92UG037GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.UG.99.99UGA07072GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A1.UZ.02.02UZ0659GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A2.CD.97.97CDKS10GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A2.CD.97.97CDKTB48GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
A2.CY.94.94CY017_41GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.AR.04.04AR151516GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.AU.87.MB525GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.BO.99.BOL0122GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.BR.03.BREP2012GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.CA.97.CANB3FULLGCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.CN.05.05CNHB_hp3GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.CO.01.PCM001GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.GB.83.CAM1GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.GB.86.GB8GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.GE.03.03GEMZ010GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.IT.05.SG1GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.JP.05.DR6538GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.KR.05.05KSR3GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.NL.00.671_00T36GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.RU.04.04RU128005GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.TH.00.00TH_C3198GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.UA.01.01UAKV167GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.US.04.ES10_53GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
B.US.99.PRB959_03GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.AR.01.ARG4006GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.BR.04.04BR013GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.BW.00.00BW07621GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.CN.98.YNRL9840GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.ET.02.02ET_288GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.GE.03.03GEMZ033GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.IL_99.99ET7GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.IN.99.01INS565_10GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.KE.00.KER2010GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.MM.99.mIDU101_3GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.MW.93.93MW_965GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.SN.90.90SE_364GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.SO.89.89SM_145GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.TZ.02.CO178GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.UY.01.TRA3011GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.YE.02.02YE511GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.ZA.04.04ZASK164B1GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.ZA.05.05ZAPS240B1GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
C.ZM.02.02ZM108GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
D.CD.83.ELIGCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
D.CM.01.01CM_0009BBYGCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
D.KE.01.NKU3006GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
D.KR.04.04KBH8GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
D.TD.99.MN011GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
D.TZ.01.A280GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
D.UG.99.99UGK09259GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
D.YE.01.01YE386GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
D.YE.02.02YE516GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
D.ZA.90.R1GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
F1.AR.02.ARE933GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
F1.BE.93.V1850GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
F1.BR.01.01BR125GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
F1.ES.x.P1146GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
F1.FI.93.FIN9363GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
F2.CM.02.02CM_0016BBYGCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
F2.CM.95.MP257GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
F2.CM.97.CM53657GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
G.BE.96.DRCBLGCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
G.CM.01.01CM_4049HANGCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
G.CU.x.Cu74GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
G.ES.00.XS58GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
G.ES.99.X138GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
G.GH.03.03GH175GGCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
G.KE.93.HF18793_12_1GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
G.NG.01.01NGPL0669GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
G.PT.x.PT2695GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
G.SE.93.SE6165GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
H.BE.93.V1991GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
H.BE.93.V1997GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
H.CF.90.056GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
J.CD.97.J_97DC_KTB147GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
J.SE.93.SE7887GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
J.SE.94.SE7022GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
K.CD.97.EQTB11CGCTACCATAATGATGCAGAGA	1929
K.CM.96.MP535GCTACCATAATGATGCAGAGA	1929

B.FR.83.HXB2
Gag
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP.NH1
01_AE.TH.01.01TH.R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US.MSC1164
02_AG.CM.02.02CM.4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.VI1310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CNS4
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96GTZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BFBR.99.BREPM12609
29_BFBR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.AN170
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMABB637
O.CM.98.98CMA104
O.SM.99.99CMU4122
O.US.99.YBUSTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Sequence alignment table with columns for amino acid positions (D, C, K, T, I, L, K, A, L, G, P, A, A, T, L, E, E, M, M, T, A, C, Q, V, G, V, G, P, G, H, K, A, R, V, L, A, E, A, M, S, Q, V, T, N, S, A, T, I, M, M, Q, R) and corresponding nucleotide sequences for various HIV strains.

Gag p24 Capsid end Gag p2 start

Gag-Pol fusion TF protein start
Gag p2 end Gag p7 nucleocapsid start

Alignments

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Accession	Sequence	Reference
B.FR.83.HXB2	GGCAATTTTAGG...AACCAAAGAAAGATTGTTAAAGTGTTCGAAAGAGGGCCACACAGCCAGAAATTCAGGGCCCTAGGAAAAAGGGCTGTGGAAATGTGAAAGGAGGACACCAAAATGAAAGATTGTACT.....GAGAGACAGCCTAA	2084
Gag	G N F R N Q R K I V 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 Q A N	
A1.GE.99.99GEMZ011	A-T...GG-C-GA-A-C-T	1268
A1.KE.00.KER2008	A-T...GG-G-A-GA-A-C-T	1283
A1.KE.00.KHI144	C-A...GG-G-A-GA-A-C-T	1289
A1.KE.00.KSM4024	GG-G-A-G-A-TCT	1280
A1.KE.00.MSA4069	GG-G-G-A-A-C-T	1283
A1.KE.00.NKU3005	GG-G-A-G-A-A-C-T	1283
A1.RU.00.RU00051	GGCC-CG-A-GA-A-Y-C	1385
A1.RU.03.03R020_06_13	GG-C-A-GA-A-A-TCT	1381
A1.RW.93.93RW_024	A-T-G...GG-G-A-GA-A-C-T	1286
A1.SE.95.SE8891	A...GG-G-A-GA-A-C-T	1283
A1.SE.95.UGSE8131	GG-G-A-A-A-T-A	1474
A1.TZ.01.A173	T...GG-G-A-GA-A-T-C	1283
A1.UA.01.01UADN139	A-T...GG-C-A-GA-A-C-T	1283
A1.UG.92.92UG037	GG-G-A-G-A-A-TCT	2097
A1.UG.99.99UGA07072	C...GG-G-A-G-A-A-C-T	1283
A1.UZ.02.02UZ0659	A-T...GG-C-A-GA-A-C-T	1283
A2.CD.97.97CDKS10	GGT-A-GA-A-C	0
A2.CD.97.97CDKTB48	GGT-A-GA-A-C	1443
A2.CY.94.94CY017_41	GGT-A-GA-A-C	1441
B.AR.04.04AR151516	T...C-A-G-T	1291
B.AL.87.MBC925	T...C-A-G-T	1089
B.BO.99.BOL0122	A...T-TAC-A-C-A	1301
B.BR.03.BREPM2012	CC...C	1497
B.CA.97.CANB3FULL	CC...CC	1364
B.CN.05.05CNHB_hp3	C...C	2083
B.CO.01.PCM001	A-A...ACC	1289
B.GB.83.CAM1	G...C	2086
B.GB.86.GB8	G...C	2086
B.GE.03.03GEMZ010	N...N	1289
B.IT.05.SG1	A...A	1886
B.IP.05.DR6538	A...GG	2088
B.KR.05.05KSR3	CA-A...GG-G-A-G-A-C	1619
B.NL.00.671_00T36	CA-A...Y-G-A-G-G	1575
B.RU.04.04RU128005	T...T	1298
B.TH.00.00TH_C3198	T...T	1289
B.UA.01.01UAKV167	T...T	1289
B.US.04.ES10_53	T...T	2093
B.US.99.FRB950_03	T...T	1304
C.AR.01.ARG4006	AA...AA	1280
C.BR.04.04BR013	AA...AA	1536
C.BW.00.00BW07621	AA...AA	1449
C.CN.98.YNRL9840	A-T...AA	1280
C.ET.02.02ET_288	A-T...AA	1280
C.GE.03.03GEMZ033	C-AA...C-AA	1277
C.HL.99.99ET7	AAT...AA	1277
C.IN.99.01IN565_10	A...AA	1477
C.KE.00.KER2010	A...AA	1277
C.MM.99.mIDU101_3	A...AA	1447
C.MW.93.93MW_965	A...AA	1280
C.SN.90.90SE_364	AA...AA	1277
C.SO.89.89SCL_145	A...AA	1283
C.TZ.02.C0178	A...AA	1277
C.UY.01.TRA3011	A...AA	1268
C.YE.02.02YE511	AA...AA	1277
C.ZA.04.04ZASK164B1	A...C-AA	1510
C.ZA.05.05ZASP5240B1	A...C-AA	1510
C.ZM.02.02ZM108	AA...AA	2080
D.CD.83.ELI	A...GG	1633
D.CM.01.01CM_0009BBY	GG-A...GG	1280
D.KE.01.NKU3006	GG-A...GG	1292
D.KR.04.04KBH8	A...GG	2046
D.TD.99.MN011	T...A	1305
D.TZ.01.A280	T...A	1282
D.UG.99.99UGK09259	T...A	1292
D.YE.01.01YE386	A...GG	1286
D.YE.02.02YE516	A...GG	1292
D.ZA.90.R1	A...GG	1433
F1.AR.02.ARE933	A...GG	1378
F1.BE.93.VI850	A-T...A	1421
F1.BR.01.01BR125	A-T...A	1529
F1.ES.x.P1146	A-T...A	1367
F1.FI.93.FIN9363	A-T...A	1413
F2.CM.02.02CM_0016BBY	A...C-A	1274
F2.CM.95.MP257	A...C-A	1293
F2.CM.97.CM53657	A...C-A	1274
G.BE.96.DRCBL	A...C-A	2051
G.CM.01.01CM_4049HAN	A...GG	1789
G.CLU.x.Cu74	A...GG	1700
G.ES.00.X558	A...GG	1528
G.ES.99.X138	A...GG	1531
G.GH.03.03GHI75G	A...GG	2124
G.KE.93.HH18793_12_1	A...C-A	1489
G.NG.01.01NGPL0669	A...GG	1292
G.PT.x.PT2695	A...GG	2029
G.SE.93.SE6165	A...GG	1490
H.BE.93.V1991	C...A	1479
H.BE.93.V1997	C...A	1414
H.CF.90.056	C...A	1434
J.CD.97.J_97DC_KTB147	T...T	1285
J.SE.93.SE7887	T...T	1404
J.SE.94.SE7022	T...T	1405
K.CD.97.EQTB11C	C...A	1280
K.CM.96.MP535	C...A	1280

B.FR.83.HXB2
Gag
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP.NH1
01_AE.TH.01.01TH.R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM.240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.V11310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CNS4
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMAAB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 4 columns: Accession ID, Nucleotide sequence (GAGCAATTTTAGG...), and Position (2033-2138). The table lists various HIV-1/SIVcpz Complete Genomes and their corresponding nucleotide sequences at specific positions.

	Gag p7 start	Gag p1 end	Gag p6 start			
B.FR.83.HXB2	TTTTTTAGGGAAGACTGCCCTTCTACA...	GGGAAGGCCAGGGAATTTCTTCAGAGCAGACCAGCCAAACAGC...	CCCACCAGAAGA...	GAGCTTCAGGCTGGGGT...		2189
Gag Pol	F L R E D L A F L Q K G R P G N F L Q S R P E P T A	G K A R E F S S E Q T R A N S	P P R E E L Q W G			
01_AE.CF.90.CCF11697	---A-T---CT-A---G---	---G---A---C---T---	---T---C---	---A-A---GGGAAATGA---		2138
01_AE.CN.05.FJ051	---A-T---A---	---G---A---C---	---T---C---	---A-A---GGGAAATGA---		2199
01_AE.CN.06.FJ054	---A-T---A---	---G---A---C---	---T---C---	---A-AT---GGG-ATG---C-A---CGGGGC---		2214
01_AE.HK.x.HK001	---A-T---C-A---	---G---A---C---	---T---C---	---A-A---G---AG---		1551
01_AE.JP93.93IP.NH1	---A-T---A---	---G---A---C---	---T---C---	---A-A---GGG-ATG---A---		2197
01_AE.TH.01.01.TH.R2184	---C-T---A---	---G---A---C---A---	---T---C---	---A-A---GGG-ATG---A---		1388
01_AE.TH.02.OUR.7591	---A-T---A---	---G---A---C---	---T---C---	---A-A---GGG-ATG---A---		1388
01_AE.TH.90.CM240	---A-T---A---	---G---A---C---	---T---C---	---A-A---GGG-ATG---A---AGAGATAACGGGGG---		1762
01_AE.US.00.00US_MSC1164	---A-T---C---	---G---A---C---	---T---C---	---A-A---GGG-ATG---A---		1394
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	---A-A-T---A---	---G---A---C---	---T---C---	---A-A---GGG-ATG---A---		1379
02_AG.EC.x.ECU41	---A-T---AG---	---G---A---CC---G-A---	---T---C---	---G---AATA---A---		1285
02_AG.FR.91.DJ264	---A-T---AG---	---G---A---C-A---G-A---	---T---C---	---G---ATG---A---		1538
02_AG.GH.03.GHNJ196	---A-T---A---	---G---A---C---	---T---C---	---G---ATG---A---		2215
02_AG.NG.01.PI0710	---A-T---AG---	---G---A---C---	---T---C---	---A-CGG-ATG---A---		1373
02_AG.NG.x.IBNC9	---A-T---AG---	---G---A---C---	---T---C---	---G---ATG---A---		1714
02_AG.SE.94.SE7812	---A-T---AG---	---G---A---C---	---T---C---	---G---ATG---A---		1561
02_AG.SN.98.MP1211	---A-T---AG---	---G---A---C---	---T---C---	---G---ATG---A---		1386
02_AG.UZ.02.02UZ710	---A-T---AG---	---G---A---C---	---T---C---	---G-C---A-GGG-ATG---A---		1379
03_AB.RU.97.KAL153_2	---GA-T---AG---	---A-G---A---C---	---T---	---C---A-A---TG-ATG---A---		1415
04_cpx.CY.94.CY032	---GA-G---AG---	---A-G---A---A-G---	---G-C-CG---	---AT---AGA-AGGAAA---A---		1558
05_DF.BE.x.VII310	---AG-T---C---	---G---C-C-C---	---G---CT---	---T---A---		1571
06_cpx.AU.96.BFP90	---A---A---	---G---A---G---	---CAT---	---G-T-TC---A-A---		2211
06_cpx.RU.05.04RU001	---A---C---	---G---C---A-G---	---T-C---	---TC-A---A---		1844
07_BC.CN.97.CN54	---A---C---	---G---A---	---G---	---T---A---		1551
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	---AT-T---C---	---G---C-C---	---G---	---T---A---		1378
09_cpx.GH.96.96GH2911	---A-T---A---	---A-G---C-CY---	---R-C---	---TG-ATGA---A---		1394
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	---A-T---A---	---A---C---	---T---	---G-T---A---		1571
11_cpx.GR.x.GR17	---A-T---AG---	---G---C-A---	---C---	---G-TC---A---		1494
12_BF.AR.99.ARMA159	---A-T---A---	---G---C-A---C-A---G---	---G-C---	---TG-TC---A-A---		2194
13_cpx.CM.96.1849	---A---A---	---A-G---GA---	---C---	---G-TC---A-A---		1603
14_BG.DE.01.9196_01	---A-T---A---	---G---C-A-G---	---C-C---	---G-TC---A-A---		1709
14_BG.ES.99.X397	---A-T---A---	---G---C-A-G-T---	---C-C---	---GG-TC---A-A---		1633
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	---GAC-T---A---	---A---C---	---C---	---A-GGG-ATG---A---		1588
16_A2D.KR.97.97KR004	---A-T---C-G---	---C-G---C---A-A---	---C---	---GA-TG-AATG---A---		1552
18_cpx.CU.99.CU76	---A-T---A---	---G---C---AA-G---	---CG---	---GG-TC---A-A---		1500
19_cpx.CU.99.CU7	---A-T---C---	---G---A-C---	---G---	---G-T---A---		1418
20_BG.CU.03.CB471	---AT-T---C---	---G---C---A-G-T---	---T-C---	---G-TC---A-A---		1641
21_A2D.KE.91.KNH1254	---G-T---C---	---G---G---C---	---C---	---G-T---A---		1400
23_BG.CU.03.CB118	---AC-T---C---	---C---C-C-A-G-T---	---T-C---	---G-A-TC---A-A---		1644
24_BG.CU.03.CB378	---AC-T---C---	---G---A-C-C-C-A-G-T---	---T-C---	---GA---A---		1626
25_cpx.CM.01.101BA	---T---AG---	---A-G---A-C---A-G---	---T-C---	---G---T---A-A---		1400
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	---A-T---A---	---G---C---C---	---C---	---TC---A---		1403
28_BF.BR.99.BREPM12609	---A-T---C---	---G---C-A---C-A-G---	---G-C---	---TC---A-A---		1555
29_BF.BR.02.BREPM119	---A-T---C---	---G---C-A---C-A-G---	---C---	---T---A-A---		1363
31_BC.BR.02.110PA	---A-T---C---	---G---R---C-C---	---CG---	---TC---A---		1632
33_01B.MY.05.05MYK1007_1	---C---C---	---G---G---C-C-A-C---	---G---	---T---A---		1568
34_01B.TH.99.OUR2478P	---AT-T---A---	---G---G---C-C---	---G---	---T---A---		1391
35_AD.AF.05.05AF095	---A-T---G---	---G---A---C---	---C---	---G---T---A---		1385
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	---A-T---AG---	---G---A---C---	---C---	---A---TG-ATA---A---		1394
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	---GA-T---AG---	---A-G---A---C---G---	---C---	---GA-GTGAAA---A---		1385
42_BFLU.03.luBF_05_03	---A---G---C-A---C-C---A-G---	---C---A-G---GGC-AGAGCCAAACAGC---	---G-C---	---TG-TC---A-A---		1727
N.CM.02.DJO0131	---A---GG---T---C---T---	---A-G-A---C---C-CC---CA-C-A---ACAAGG-A---AGCCACAGC---	---G---CT---	---AT-ATG---CA---AGGAGAG---		1695
N.CM.04.04CM_1015_04	---A---GG---T---C---T---	---A-G-A---C---C-CC---C---G---ACAAGG-A---AGCCACAGC---	---G---CT---	---T-ATG---CA---AGGAGGGAGCACACA---		1694
N.CM.04.04CM_1131_03	---A---GG---T---C---T---	---A-G-A---C---C-CC---C---A---ACAAGG-A---AGCCACAGC---	---G---CT---	---T-ATG---CA---AGGAGAGGAGCACACA---		1693
N.CM.95.YBF30	---A---GG---T---C---T---	---A-G-A---A---C-CC---C---A---ACAAGG-A---AGCCACAGC---	---G---CT---	---T-ATG---TC---A---AGGAGAGGAGCACACA---		1783
N.CM.97.YBF106	---A---GG---T---C---T---	---A-G-A---A---C-CC---C---A---ACAAGG-G---AGCCACAGC---	---G---CT---	---T-ATG---CA---AGGAGAGGAGCACACA---		1781
O.BE.87.ANT70	---C---ATA---C---GGGGGG---CACG---	---C---A-G-G---ACC-G---C---	---T---CCCCACC---		2232	
O.CM.91.MVP5180	---C---TA---C---GGGGGG---CACG---	---C---A-G-G---AACA-GTGTCC---	---T---CCCCACC---		2207	
O.CM.96.96CMAB637	---C---G-TA---C---GGGAGG---CACG---	---C---A-G-A---AGCA-GTGTCC---	---T---CCCCACC---		1655	
O.CM.98.98CMA104	---C---ATA---C---GGGGGG---CACG---	---C---A-G---AACA-GTGTCC---	---T---CCCCTCC---		1663	
O.CM.99.99CML4122	---C---ATA---C---GGGGGG---CACG---	---C---A-GCA---ACA-GTGTCC---	---T---CTCCCTCC---		1662	
O.SN.99.SEMP1299	---C---ATA---C---GGGGGG---CACG---	---C---A-GCG---ACA-GTGTCC---	---T---CCCCACC---		2231	
O.US.99.99USTWLA	---C---TA---C---GGGGGG---CAG---	---C---A-G---AGCA-ATGCCCTC---	---T---CCCCACC---		1660	
O.FR.92.VAU	---AA---ATAT---C---GAGAGG---CACG---	---C---A-G-G---GAACA-GTGTCC---	---T---CCCCACC---		1740	
CPZ.CD.90.ANT	---ACCGACC---CA-G---GGTGGGG---T-C---A---	---C---G-G---AGGAGGA---TAGTGGAGC---AACAGC---	---T---CAT---	---T---ATCA-GAG-A-CACAA---		1640
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	---GG---CG-G---C-G---	---C---C-G-A---GA---	---T---CAT---	---T---ATG---ACCAA-AGAA---		1775
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	---G---CT---C---A-G---	---A---C-CC---CA-C-A---AG-AA-GAGC---AACAGC---	---T---AT---	---T---ATG---A-CA---AGGAGAGAGCACACA---		1764
CPZ.CM.05.SIVcpzL37	---AC---C---C---	---A---C---C---	---T---AT---	---TG---T---CA---CCAAAACAC---		1642
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	---AC---AG---	---C---AG---	---T---AT---	---G---TCA---AGGAGAACCTGC---		1738
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	---A-A-AT---C---GGGG---	---G---C-A-G-G---AG---GAAG---A---	---T---TATG---	---ATC---G-A-T-CA---A---		1734
CPZ.GA.88.GAB1	---AGGT---CG-G---C-G---	---C---C-G-G---A---A---G---	---T---GAT---	---T-ATG---ACCA-AGGA---		2259
CPZ.TZ.01.TANI	---ACG-ACC---C-TG---GGGG---	---T-C---A---C-G-G---A---C---	---GAGA---	---G---AGGCTCA-GAGCA---		1827
CPZ.US.85.CPZUS	---ACAT---T-C-A-CGTG---	---A-CG---GG-TCA---GAGA-CAGG---A-TTC-TG---AAAC-GGAAGGAGCCACAGC---	---T---AT---	---GAT---G---A-CAA-A---		2255

B.FR.83.HXB2
Gag
Pol
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.FJ051
01_AE.CN.06.FJ054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.01TH_7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PI0710
02_AG.NG.x.IBN09
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.VII310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREP12609
29_BF.BR.02.BREP119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYK1007_1
34_01B.TH.99.09MYR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJ0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMAAB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMA1122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzL37
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 3 columns: Accession ID, Nucleotide sequence, and Position. The sequence is aligned to a reference HIV-1/SIVcpz genome. Key features like 'Gag-Pol TF end', 'Pol protease start', 'Gag end', and 'Gag p6 end' are indicated above the sequence. The table contains 100 rows of sequence data.

Pol Protease end_Pol p66 and p51 RT start

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	ATTGGAAGAAATCTGTGACTCAGATTGGTTCACCTTTAAATTTCCACATTAGCCCTATTGAGACTGTACCCAGTAAAATTAAGCCAGGAATGGATGCCCAAAGTTAAACAATGGCCATTGACAGAGAAAAATAAAGCATTAGTAGAAATTTGTACA.....GA	2668
01_AE.CF.90.CF11697C-A-.....T-.....C-A-A-T-.....C-.....C-.....A-G-.....A-.....T-.....AC-.....A-.....	2617
01_AE.CN.05.F1051C-CA-.....T-.....A-C-T-.....C-.....C-.....G-.....G-.....G-.....A-.....T-.....AC-.....A-.....	2678
01_AE.CN.06.F1054C-CA-.....C-.....C-T-.....C-.....C-.....C-.....G-.....G-.....G-.....G-.....T-.....AC-.....AG-.....	2693
01_AE.HK.x.HK001GC-A-.....C-.....C-T-.....C-.....C-A-C-T-.....C-.....A-.....G-.....G-.....G-.....A-.....T-.....AC-.....A-.....	2630
01_AE.JP.93.93JP_NH1C-A-.....C-.....T-.....C-.....C-A-.....T-.....C-.....A-.....C-.....A-.....G-.....G-.....G-.....A-.....T-.....AC-.....AG-.....	2670
01_AE.TH.01.01TH_R2184C-A-.....T-.....T-.....C-.....A-.....T-.....C-.....C-.....C-.....A-.....GG-.....G-.....G-.....A-.....T-.....AC-.....A-.....	1867
01_AE.TH.02.OUR7691C-A-.....T-.....T-.....C-.....A-.....T-.....C-.....C-.....A-.....GG-.....G-.....G-.....G-.....T-.....AC-.....A-.....	1867
01_AE.TH.90.CM240C-A-.....T-.....T-.....C-.....A-.....T-.....C-.....C-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....T-.....AC-.....A-.....	2192
01_AE.US.00.00US_MSC1164C-A-.....T-.....T-.....C-.....C-.....A-.....T-.....C-.....C-.....GA-.....A-.....G-.....G-.....G-.....T-.....AC-.....A-.....	1873
02_AG.CM.02.02CM_4082STNC-A-.....C-.....T-.....A-.....T-.....T-.....G-.....G-.....G-.....G-.....A-.....T-.....T-.....C-.....	1867
02_AG.EC.x.ECU41C-A-.....T-.....G-.....A-.....T-.....A-.....C-.....G-.....G-.....G-.....C-.....G-.....C-.....AC-.....	1764
02_AG.FR.91.DJ264C-A-.....T-.....G-.....A-.....T-.....A-.....C-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....C-.....AC-.....C-.....C-.....G-.....	2017
02_AG.GH.03.GHNJ196G-A-.....C-.....C-.....T-.....A-.....T-.....A-.....A-.....G-.....T-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....C-.....G-.....	2697
02_AG.NG.01.PL0710C-A-.....C-.....T-.....C-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....A-.....G-.....AC-.....TG-.....	1852
02_AG.NG.x.IBNGC-A-.....T-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....	2193
02_AG.SE.94.SE7812C-G-A-.....T-.....A-.....T-.....A-.....C-.....G-.....C-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....C-.....	2040
02_AG.SN.98.MP1211A-A-T-.....A-.....T-.....C-.....A-.....T-.....A-.....G-.....T-.....AA-.....G-.....G-.....T-.....GCAT-.....AC-.....C-.....G-.....	1865
02_AG.UZ.02.02UZ710GC-A-.....A-.....T-.....A-.....T-.....A-.....T-.....A-.....AA-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....C-.....	1858
03_AB.RU.97.KAL153_2C-CA-.....C-.....T-.....A-.....A-.....T-.....A-.....C-.....C-.....A-.....G-.....G-.....A-.....G-.....AC-.....C-.....AG-.....	1894
04_cpx.CY.94.CY032C-CA-.....C-.....T-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....C-.....AC-.....G-.....A-.....	2034
05_DF.BE.x.VII310T-.....C-.....C-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....A-.....A-.....AC-.....	2050
06_cpx.AU.96.BFP90C-CA-.....C-.....T-.....A-.....T-.....A-.....C-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....A-.....	2696
06_cpx.RU.05.04RU001C-CA-.....C-.....T-.....C-.....A-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....	2323
07_BC.CN.97.CN54C-CA-.....C-.....T-.....A-.....C-.....T-.....C-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....GAT-.....	2030
08_BC.CN.97.97CNGX_6FA-.....C-.....C-.....A-.....AC-.....A-.....C-.....T-.....C-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....C-.....GAT-.....	1848
09_cpx.GH.96.96GH2911C-G-CA-.....A-.....T-.....A-.....T-.....A-.....A-.....A-.....G-.....A-.....C-.....G-.....AC-.....G-.....	1870
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061G-.....T-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....C-.....AC-.....A-.....	2047
11_cpx.GR.x.GR17CA-.....C-.....C-.....T-.....A-.....T-.....G-.....C-.....A-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....C-.....	1970
12_BF.AR.99.ARMA159C-.....C-.....T-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....A-.....	2673
13_cpx.CM.96.1849A-.....T-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....C-.....A-.....	2073
14_BG.DE.01.9196_01G-A-.....T-.....T-.....A-.....T-.....A-.....T-.....T-.....G-.....G-.....AC-.....	2185
14_BG.ES.99.X397G-A-.....A-.....T-.....A-.....T-.....A-.....T-.....T-.....G-.....G-.....AC-.....C-.....	2109
15_01B.TH.99.99TH_MU2079C-A-.....AC-.....T-.....C-.....A-.....T-.....A-.....A-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....A-.....	2067
16_A2D.KR.97.97KR004A-.....GT-.....AC-.....G-.....T-.....A-.....A-.....T-.....A-.....C-.....C-.....AC-.....A-.....	2031
18_cpx.CU.99.CU76A-.....T-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....A-.....	1973
19_cpx.CU.99.CU7T-.....C-.....C-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....	1894
20_BG.CU.03.CB471C-G-A-.....A-.....T-.....C-.....A-.....T-.....C-.....A-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....	2108
21_A2D.KE.91.KNH1254C-.....T-.....C-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....	1873
23_BG.CU.03.CB118G-A-.....T-.....C-.....A-.....T-.....C-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....	2111
24_BG.CU.03.CB378C-G-A-.....T-.....C-.....A-.....T-.....C-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....	2093
25_cpx.CM.01.101BAG-.....A-.....A-.....T-.....G-.....C-.....A-.....T-.....A-.....A-.....G-.....G-.....AC-.....C-.....AT-.....	1876
27_cpx.CD.97.97CDKTB49G-.....T-.....A-.....A-.....C-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....C-.....G-.....AC-.....	1876
28_BFBR.99.BREPM12609CA-.....T-.....T-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....C-.....G-.....AC-.....	2034
29_BFBR.02.BREPM119A-.....T-.....T-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....C-.....G-.....AC-.....	1842
31_BC.BR.02.110PAG-CA-.....C-.....A-.....AC-.....A-.....T-.....C-.....A-.....G-.....G-.....G-.....C-.....AC-.....C-.....GAT-.....	2102
33_01B.MY.05.05MYKL007_1C-A-.....T-.....A-.....T-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AC-.....	2047
34_01B.TH.99.OUR2478PA-.....A-.....C-.....T-.....A-.....T-.....A-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....C-.....G-.....	1870
35_AD.AF.05.05AF095G-A-.....C-.....T-.....C-.....A-.....T-.....A-.....T-.....GG-.....G-.....G-.....AC-.....	1861
36_cpx.CM.00.00CMNYU830GC-A-.....T-.....T-.....A-.....T-.....A-.....GC-.....G-.....A-.....G-.....G-.....C-.....AC-.....G-.....	1873
37_cpx.CM.00.00CMNYU926C-A-.....T-.....A-.....C-.....T-.....A-.....C-.....TC-.....G-.....G-.....G-.....T-.....G-.....AC-.....C-.....AT-.....	1858
42_BFLU.03.luBF_05_03C-.....C-.....C-.....T-.....A-.....G-.....G-.....G-.....G-.....AA-.....A-.....	2206
N.CM.02.DJO0131A-.....CT-.....T-.....A-.....A-.....C-.....T-.....A-.....A-.....T-.....A-.....A-.....G-.....G-.....A-.....T-.....C-.....G-.....G-.....AG-.....C-.....G-.....	2174
N.CM.04.04CM_1015_04A-.....CT-.....T-.....A-.....A-.....C-.....CC-.....A-.....A-.....T-.....A-.....A-.....G-.....A-.....T-.....C-.....G-.....G-.....AG-.....	2173
N.CM.04.04CM_1131_03A-.....CT-.....T-.....A-.....A-.....C-.....T-.....C-.....AT-.....A-.....T-.....A-.....A-.....G-.....A-.....T-.....C-.....G-.....G-.....AG-.....	2172
N.CM.95.YBF30A-.....T-.....A-.....C-.....T-.....A-.....T-.....A-.....A-.....G-.....A-.....T-.....AC-.....G-.....G-.....AG-.....	2262
N.CM.97.YBF106A-.....CT-.....T-.....A-.....A-.....C-.....T-.....A-.....A-.....G-.....A-.....G-.....GG-.....A-.....T-.....C-.....G-.....G-.....AG-.....	2260
O.BE.87.ANT70A-A-.....AGGAT-A-.....T-.....AC-.....C-.....C-.....T-.....A-.....C-.....A-.....CCC-A-.....G-.....C-.....A-.....A-.....CC-AT-TA-.....G-.....C-.....GAC-.....C-.....A-.....CAG-.....	2723
O.CM.91.MVP5180G-CA-.....A-.....AGGAT-A-.....A-.....T-.....AC-.....C-.....T-.....A-.....T-.....C-.....A-.....CCC-A-.....G-.....GC-.....A-.....A-.....A-.....CC-AT-TAG-.....G-.....G-.....C-.....ACT-.....C-.....A-.....CA-.....	2698
O.CM.96.96CMA637G-A-.....A-.....AGGAC-C-.....AC-.....C-.....T-.....A-.....C-.....A-.....CCC-A-.....G-.....GC-.....A-.....A-.....T-.....A-.....G-.....CC-AT-TAG-.....G-.....C-.....AC-.....C-.....A-.....CAG-.....	2152
O.CM.98.98CMA104CA-.....A-.....AGGAT-A-.....AC-.....C-.....T-.....A-.....T-.....C-.....A-.....CCC-A-.....G-.....GC-.....A-.....A-.....A-.....CC-AT-TA-.....G-.....C-.....GAC-.....C-.....A-.....CAG-.....	2154
O.CM.99.99CMU4122A-.....A-.....AGGAT-A-.....C-.....T-.....AC-.....C-.....T-.....A-.....C-.....A-.....CCC-A-.....G-.....RC-.....G-.....A-.....A-.....A-.....CC-AT-TA-.....G-.....C-.....GAC-.....C-.....A-.....CAG-.....	2153
O.SN.99.SEM1299CA-.....A-.....AGGAT-G-.....AC-.....C-.....T-.....A-.....T-.....C-.....A-.....CCC-A-.....G-.....C-.....A-.....A-.....A-.....CC-AT-TA-.....G-.....C-.....GAC-.....C-.....A-.....CAG-.....	2151
O.US.99.99USTWLAA-.....A-.....AGGAT-A-.....G-.....T-.....AC-.....G-.....Y-.....C-.....T-.....A-.....C-.....AACCC-.....A-.....GC-.....A-.....A-.....A-.....CC-AT-TAG-.....G-.....C-.....ACT-.....C-.....A-.....CAG-.....	2151
O.FR.92.VAUC-A-.....A-.....AGGAT-A-.....T-.....AC-.....C-.....T-.....A-.....C-.....A-.....AACCC-.....A-.....GC-.....A-.....A-.....A-.....CC-AT-CAG-.....G-.....G-.....CC-GAC-.....A-.....A-.....	2234
CPZ.CD.90.ANTA-T-.....G-T-.....ATG-.....TTT-.....A-.....G-.....T-.....TAAAG-.....A-.....A-.....G-.....C-.....T-.....AGA-.....A-.....G-.....A-.....G-.....GC-CT-A-.....G-.....G-.....G-.....CC-AA-.....GAT-.....A-.....	2107
CPZ.CM.01.SIVcpzCAME13G-A-.....T-.....A-.....A-.....A-.....G-.....T-.....AC-.....GGTA-.....A-.....T-.....T-.....A-.....A-.....C-.....C-.....G-.....A-.....G-.....C-.....G-.....A-.....A-.....G-.....T-.....AT-.....C-.....T-.....C-.....GAC-.....A-.....CAG-.....	2248
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505T-TC-.....A-.....A-.....T-.....C-.....A-.....T-.....A-.....CA-.....G-.....G-.....A-.....T-.....G-.....G-.....A-.....G-.....T-.....G-.....C-.....AC-.....	2240
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7A-.....G-CA-.....T-.....A-.....A-.....A-.....T-.....C-.....T-.....T-.....A-.....A-.....C-.....GT-.....G-.....A-.....G-.....G-.....A-.....G-.....T-.....A-.....G-.....T-.....AC-.....C-.....	2223
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66A-.....G-.....A-.....T-.....A-.....A-.....T-.....C-.....T-.....A-.....T-.....A-.....A-.....GT-.....G-.....G-.....C-.....A-.....TA-.....G-.....G-.....C-.....GAC-.....C-.....A-.....CAG-.....	2214
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145A-.....G-CC-.....A-.....AA-AT-.....A-.....G-.....T-.....C-.....A-.....T-.....A-.....A-.....C-.....A-.....AA-.....GTTTC-.....G-.....C-.....G-.....A-.....G-.....TC-.....T-.....A-.....G-.....G-.....ACT-.....A-.....A-.....	2210
CPZ.GA.88.GAB1A-.....T-.....A-.....AT-.....G-.....T-.....C-.....GTG-.....C-.....A-.....TT-.....A-.....A-.....C-.....G-.....A-.....G-.....G-.....G-.....A-.....G-.....C-.....AT-.....C-.....T-.....C-.....CA-.....	2729
CPZ.TZ.01.TANIA-.....T-.....A-.....T-.....AG-AT-.....A-.....A-.....T-.....C-.....T-.....A-.....A-.....GTA-.....AA-.....C-.....AGA-.....G-.....G-.....A-.....G-.....G-.....CC-CT-CA-.....G-.....TG-.....G-.....AC-.....A-.....AG-.....AC-.....	2312
CPZ.US.85.CPZUSC-G-.....A-.....T-.....A-.....A-.....A-.....T-.....T-.....C-.....T-.....A-.....A-.....G-.....A-.....G-.....A-.....G-.....T-.....G-.....A-.....G-.....C-.....G-.....AC-.....CCA-.....	2728

B.FR.83.HXB2

Pol

01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.VII310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CNS4
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMA637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Sequence alignment table with columns for amino acid positions (M, E, K, E, G, K, I, S, K, I, G, P, E, N, P, Y, N, T, P, V, F, A, I, K, K, K, D, S, T, K, W, R, K, L, V, D, F, R, E, L, N, K, R, T, Q, D, F, W, E, V, Q, L, G, I, P, H) and corresponding nucleotide sequences for various HIV-1/SIVcpz strains.

B.FR.83.HXB2
Pol

01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.V11310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMA104
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMPI299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAMA13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 30 columns (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, P, S, I, N, N, E, T, P, G, I, R, Y, Q, Y, N, V, L, P, Q, G, W) and 300 rows of sequence data. Each row represents a different HIV-1/SIVcpz complete genome accession.

2957
3018
3033
2370
3010
2207
2207
2582
2213
2207
2104
2357
3037
2192
2583
2380
2205
2198
2234
2374
2390
3036
2663
2370
2188
2210
2387
2310
3013
2413
2525
2449
2407
2371
2313
2234
2448
2213
2451
2433
2216
2216
2374
2182
2442
2387
2210
2201
2213
2198
2546
2514
2513
2512
2602
2600
3063
3038
2492
2494
2493
3062
2491
2574
2447
2588
2580
2563
2554
2550
3069
2652
3068

B.FR.83.HXB2

Pol

01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP.NH1
01_AE.TH.01.01TH.R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.V11310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CNS4
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BFBR.99.BREPM12609
29_BFBR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMABB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAML13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

GAGGTGGGGACTTACCACACCCAGACAAAACATCAGAAAAGAACCTCCATTCCTTGGATGGGTTATGAATCCATCTGATAAATGGACAGTACAGCCTATAGTCTGCCAGAAAAGACAGCTGGACTGTCAATGACATACAGAAGTTAGTGGGGAAATGAATTGGG 3348

Table with 20 columns (R, W, G, L, T, T, P, D, K, K, H, Q, 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, K, L, N, W) and rows corresponding to the sequence identifiers on the left. Each cell contains a single character (A, C, G, T) or a dash (-).

B.FR.83.HXB2
Pol

A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.HH1144
A1.KE.00.KSM4024
A1.KE.00.MSA4069
A1.KE.00.NKU3005
A1.RU.00.RU00051
A1.RU.03.03RW_020_06_13
A1.RW.93.93RW_024
A1.SE.95.SE8891
A1.SE.95.UGSE8131
A1.TZ.01.A173
A1.UA.01.01UADN139
A1.UG.92.92UG037
A1.UG.99.99UGA07072
A1.UZ.02.02UZ0659
A2.CD.97.97CDKS10
A2.CD.97.97CDKTB48
A2.CY.94.94CY017_41
B.AR.04.04AR151516
B.AU.87.MBC925
B.BO.99.BOL0122
B.BR.03.BREPM2012
B.CA.97.CANB3FULL
B.CN.05.05CNHB_hp3
B.CO.01.PCM001
B.GB.83.CAM1
B.GB.86.GB8
B.GE.03.03GEMZ010
B.IT.05.SG1
B.JP.05.DR6538
B.KR.05.05CSR3
B.NL.00.671_00T36
B.RU.04.04RU128005
B.TH.00.00TH_C3198
B.UA.01.01UAKV167
B.US.04.ES10_53
B.US.99.FRB955_03
C.AR.01.ARG4006
C.BR.04.04BR013
C.BW.00.00BW07621
C.CN.98.YNRL9840
C.ET.02.02ET_288
C.GE.03.03GEMZ033
C.IL.99.99ET7
C.IN.99.01INS565_10
C.KE.00.KER2010
C.MM.99.mIDU101_3
C.MW.93.93MW_965
C.SN.90.90SE_364
C.SO.89.89SM145
C.TZ.02.CO178
C.UY.01.TRA3011
C.YE.02.02YE511
C.ZA.04.04ZASK164B1
C.ZA.05.05ZAPSK240B1
C.ZM.02.02ZM108
D.CD.83.ELI
D.CM.01.01CM_0009BBY
D.KE.01.NKU3006
D.KR.04.04KBBH8
D.TD.99.MN011
D.TZ.01.A280
D.UG.99.99UGK09259
D.YE.01.01YE386
D.YE.02.02YE516
D.ZA.90.R1
F1.AR.02.ARE933
F1.BE.93.VI850
F1.BR.01.01BR125
F1.ES.x.P1146
F1.FI.93.FIN9363
F2.CM.02.02CM_0016BBY
F2.CM.95.MP257
F2.CM.97.CM53657
G.BE.96.DRCBL
G.CM.01.01CM_4049HAN
G.CU.x.Cu74
G.ES.00.X558
G.ES.99.X138
G.GH.03.03GH175G
G.KE.93.HH18793_12_1
G.NG.01.01NGPL0669
G.PT.x.PT2695
G.SE.93.SE6165
H.BE.93.V1991
H.BE.93.V1997
H.CF.90.056
J.CD.97.J_97DC_KTB147
J.SE.93.SE7887
J.SE.94.SE7022
K.CD.97.EQTB11C
K.CM.96.MP535

Sequence alignment table showing HIV-1/SIVcpz Complete Genomes. The table consists of 100 rows, each representing a different isolate. The first column contains the isolate name. The second column contains the sequence alignment, where dashes represent gaps and letters (A, C, G, T) represent nucleotides. The third column contains the reference sequence: CAAGTCAGATTTACCCAGGGATTAAGTAAGGCAATATTGTAAGCTCTTGAAGGAAACAAAGCACTAACAGAAAGTAATCACTAACAGAAAGCAGAGCTAGAACGGCAGAAAAACAGAGATTCTAAAAGAACAGTACATGGAGTGTATTATGACCCATCAAAA 3518. The fourth column contains the alignment score, ranging from 2702 to 2865.

B.FR.83.HXB2
Pol

01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PI0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.VII310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CNS4
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH291F1
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMABB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMPI299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAML13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

CAAGTCAGATTTACCCAGGGATTAAGTAAGGCAATTTATGAACTCCTTAGAGGAACCAAAGCACTAACAGAAAGTAATACCTACTAACAGAAAGCAGAGCTAGAACGGCAGAAAAAGAGATTCTAAAAGAACAGTACATGGAGTGTATTATGACCCATCAAAA 3518
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 N R E I L K E P V H G V Y Y D P S K
-----A-----TG-----A-----AA-----C-----G-----G-----T-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----3467
-----A-----TG-----G-----A-----A-----GC-----G-----T-----C-----AG-----T-----T-----CA-----G-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----C-----ACC-----T-----G-----A-----A-----3528
-----A-----TG-----G-----GA-----A-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----T-----CA-----G-----G-----T-----G-----AT-----G-----G-----G-----ACC-----T-----G-----A-----A-----3548
-----A-----TG-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----T-----CA-----G-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----ACC-----T-----G-----A-----A-----2880
-----A-----TG-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----T-----CA-----G-----G-----T-----G-----AT-----G-----G-----G-----ACC-----T-----G-----A-----A-----3520
-----A-----TG-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----T-----CA-----G-----G-----T-----G-----AT-----G-----G-----G-----ACC-----T-----G-----A-----A-----2717
-----A-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----G-----T-----CA-----G-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----ACC-----T-----G-----A-----A-----2717
-----A-----TG-----G-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----T-----CA-----G-----G-----T-----G-----AT-----G-----G-----G-----ACC-----T-----G-----G-----A-----A-----3042
-----A-----TG-----A-----G-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----TA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----2723
-----A-----TG-----A-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----TA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----GA-----2717
02_AG.EC.x.ECU41 -----TG-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----TA-----GG-----AT-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----T-----G-----A-----T-----A-----2614
02_AG.FR.91.DJ264 -----TTG-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----C-----G-----G-----T-----TA-----G-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----2867
02_AG.GH.03.GHNJ196 -----G-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----TA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----G-----3547
02_AG.NG.01.PI0710 -----TG-----A-----C-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----C-----G-----G-----T-----CA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----2702
02_AG.NG.x.IBNG -----TG-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----C-----G-----G-----T-----CA-----G-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----3043
02_AG.SE.94.SE7812 -----A-----GTCAG-----TG-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----TA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----2890
02_AG.SN.98.MP1211 -----T-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----TA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----2715
02_AG.UZ.02.02UZ710 -----TG-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----TA-----G-----GA-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----2708
03_AB.RU.97.KAL153_2 -----TG-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----G-----G-----T-----CA-----G-----G-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----2744
04_cpx.CY.94.CY032 -----T-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----T-----C-----CA-----G-----G-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----CA-----2884
05_DF.BE.x.VII310 -----T-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----T-----C-----CA-----G-----G-----T-----T-----A-----G-----G-----G-----G-----2900
06_cpx.AU.96.BFP90 -----T-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----T-----CA-----G-----G-----T-----C-----A-----T-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----C-----3546
06_cpx.RU.05.04RU001 -----A-----T-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----CA-----G-----G-----T-----C-----A-----T-----G-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----C-----3173
07_BC.CN.97.CNS4 -----T-----T-----A-----A-----C-----T-----G-----GG-----G-----G-----T-----CA-----G-----G-----T-----T-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----2880
08_BC.CN.97.97CNGX_6F -----TG-----A-----A-----C-----T-----G-----GG-----G-----G-----T-----CA-----G-----G-----T-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----CA-----2698
09_cpx.GH.96.96GH291F1 -----TG-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----G-----TA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----G-----T-----G-----G-----A-----2720
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061 -----G-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----T-----T-----CA-----G-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----G-----2897
11_cpx.GR.x.GR17 -----TG-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----GG-----G-----G-----T-----CA-----G-----G-----T-----C-----AT-----G-----GT-----G-----T-----G-----A-----2820
12_BF.AR.99.ARMA159 -----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----CA-----G-----T-----G-----T-----AC-----AT-----T-----G-----G-----A-----T-----T-----C-----GAG-----3523
13_cpx.CM.96.1849 -----A-----C-----T-----A-----A-----A-----C-----G-----GG-----G-----G-----T-----CA-----G-----T-----G-----T-----AC-----AT-----T-----G-----G-----A-----T-----T-----C-----GAG-----2923
14_BG.DE.01.9196_01 -----C-----T-----R-----AA-----C-----A-----G-----G-----G-----CA-----G-----T-----C-----AT-----G-----GT-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----3035
14_BG.ES.99.X397 -----C-----T-----R-----AA-----C-----A-----G-----G-----T-----CA-----G-----T-----C-----AT-----G-----GT-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----2959
15_01B.TH.99.99TH_MU2079 -----A-----TG-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----G-----CA-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----CC-----T-----G-----CA-----2917
16_A2D.KR.97.97KR004 -----TG-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----G-----CA-----G-----G-----TA-----AT-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----G-----A-----C-----2881
18_cpx.CU.99.CU76 -----A-----T-----A-----A-----GC-----A-----A-----G-----G-----G-----CA-----G-----G-----T-----T-----AT-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----G-----A-----C-----2823
19_cpx.CU.99.CU7 -----C-----T-----A-----A-----A-----GC-----G-----G-----G-----G-----G-----AT-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----A-----C-----2744
20_BG.CU.03.CB471 -----TG-----A-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----C-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----2958
21_A2D.KE.91.KNH1254 -----C-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----AT-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----2723
23_BG.CU.03.CB118 -----T-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----T-----C-----AT-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----2961
24_BG.CU.03.CB378 -----T-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----T-----AC-----G-----G-----A-----G-----A-----2943
25_cpx.CM.01.101BA -----T-----A-----A-----A-----GG-----A-----TA-----G-----G-----T-----C-----AT-----G-----T-----G-----G-----A-----C-----T-----G-----C-----2726
27_cpx.CD.97.97CDKTB49 -----T-----A-----A-----C-----G-----GG-----G-----CA-----G-----T-----C-----AT-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----2726
28_BF.BR.99.BREPM12609 -----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----2884
29_BF.BR.02.BREPM119 -----A-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----A-----2692
31_BC.BR.02.110PA -----A-----A-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----CA-----G-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----2952
33_01B.MY.05.05MYKL007_1 -----A-----TG-----G-----AA-----C-----G-----C-----AG-----G-----T-----CA-----G-----G-----T-----R-----AT-----T-----G-----G-----A-----ACC-----T-----G-----A-----T-----2897
34_01B.TH.99.OUR2478P -----A-----TG-----G-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----T-----CA-----G-----G-----T-----R-----AT-----T-----G-----G-----A-----ACC-----T-----G-----A-----2720
35_AD.AF.05.05AF095 -----C-----T-----AG-----G-----A-----G-----C-----G-----T-----G-----TA-----G-----G-----T-----R-----AT-----T-----G-----G-----AC-----G-----A-----2711
36_cpx.CM.00.00CMNYU830 -----TG-----A-----GC-----G-----A-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----TA-----T-----GA-----G-----2723
37_cpx.CM.00.00CMNYU926 -----TG-----A-----GC-----G-----G-----T-----C-----G-----T-----GT-----T-----G-----A-----AAG-----TA-----G-----AT-----T-----G-----TTTT-----G-----T-----C-----TA-----T-----GA-----G-----2708
42_BFLU.03.luBF_05_03 -----A-----TG-----G-----A-----AA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----GA-----G-----3056
N.CM.02.DJO0131 -----C-----T-----A-----C-----AA-----GC-----T-----G-----T-----AA-----C-----TT-----G-----G-----CAACT-----T-----A-----AT-----T-----A-----G-----AT-----G-----CC-----C-----C-----GG-----3024
N.CM.04.04CM_1015_04 -----C-----T-----A-----C-----A-----GC-----T-----T-----AA-----C-----G-----TT-----G-----G-----TA-----CT-----T-----AT-----A-----T-----G-----AT-----CC-----C-----C-----GA-----3023
N.CM.04.04CM_1131_03 -----T-----A-----A-----A-----GC-----T-----C-----T-----AA-----C-----G-----TT-----G-----G-----TA-----CT-----T-----GAT-----A-----T-----G-----AT-----CC-----C-----C-----GA-----G-----3022
N.CM.95.YBF30 -----C-----T-----A-----C-----AA-----GC-----T-----T-----AA-----C-----G-----TT-----G-----G-----CAACT-----T-----A-----AT-----A-----G-----A-----AT-----CC-----G-----C-----GG-----3112
N.CM.97.YBF106 -----C-----T-----A-----C-----AA-----GC-----T-----T-----AA-----C-----G-----TT-----G-----G-----CA-----TT-----C-----AT-----A-----G-----A-----AT-----CC-----C-----C-----GG-----3110
O.BE.87.ANT70 -----A-----C-----T-----A-----G-----G-----AG-----G-----GT-----AA-----C-----C-----GT-----T-----G-----TT-----GTAG-----G-----G-----T-----A-----AG-----A-----GGT-----C-----G-----G-----A-----C-----C-----A-----TGAT-----G-----3573
O.CM.91.MVP5180 -----A-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----GT-----AA-----C-----T-----T-----G-----G-----G-----TT-----GTA-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----AG-----G-----C-----G-----A-----CC-----G-----TGAC-----3548
O.CM.96.96CMABB637 -----A-----T-----AG-----A-----G-----AAG-----C-----GT-----AA-----C-----GT-----T-----G-----G-----TT-----GTA-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----GG-----T-----A-----C-----A-----TAAC-----3002
O.CM.98.98CMA104 -----A-----T-----A-----A-----G-----AG-----G-----GT-----AA-----C-----C-----GT-----T-----G-----G-----TT-----GTA-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----GG-----G-----A-----C-----A-----GAT-----3004
O.CM.99.99CMU4122 -----A-----C-----T-----A-----A-----G-----AG-----G-----GT-----AA-----C-----C-----GT-----T-----G-----A-----G-----TT-----GTA-----G-----G-----T-----A-----AG-----G-----A-----GG-----T-----A-----C-----G-----TGAC-----3003
O.SN.99.SEMPI299 -----A-----C-----T-----A-----A-----G-----AAG-----G-----GT-----AA-----C-----CG-----GT-----T-----G-----A-----G-----TT-----GTA-----G-----A-----T-----A-----AG-----G-----A-----AGT-----G-----T-----A-----C-----A-----TGAC-----3572
O.US.99.99USTWLA -----A-----C-----T-----A-----A-----G-----ARG-----G-----GT-----AA-----C-----CG-----GT-----T-----G-----A-----G-----TT-----GTC-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----GA-----G-----G-----T-----A-----C-----A-----TGAC-----3001
O.FR.92.VAU -----C-----C-----T-----AT-----A-----G-----AAG-----G-----GT-----AA-----C-----T-----GT-----T-----G-----GG-----T-----GCA-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----A-----AG-----G-----G-----A-----C-----A-----TGAT-----3084
CPZ.CD.90.ANT -----C-----A-----C-----ACT-----A-----G-----G-----G-----A-----C-----GT-----GAGT-----TAG-----G-----A-----A-----G-----TAGG-----AT-----T-----A-----A-----T-----A-----C-----A-----C-----GC-----GAA-----A-----G-----G-----TAC-----C-----C-----G-----TGGTCT-----2957
CPZ.CM.01.SIVcpzCAML13 -----C-----T-----A-----A-----A-----AA-----G-----G-----C-----T-----AA-----A-----A-----AGGT-----T-----G-----T-----C-----CC-----AT-----T-----A-----A-----A-----AG-----T-----GTAC-----G-----T-----A-----T-----GAT-----G-----3098
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505 -----T-----C-----C-----C-----GA-----AA-----GA-----C-----GG-----T-----G-----GTA-----GAATTC-----G-----CA-----T-----AG-----AT-----GT-----A-----T-----G-----T-----G-----A-----AT-----G-----CC-----A-----A-----GG-----T-----3090
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7 -----T-----A-----A-----C-----C-----GA-----AA-----GA-----C-----GG-----T-----G-----GTA-----GAATTC-----G-----CA-----T-----TAG-----AT-----T-----A-----T-----G-----A-----AT-----A-----C-----G-----C-----A-----GG-----T-----3073
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66 -----T-----A-----T-----A-----C-----G-----A-----G-----C-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----CT-----T-----AC-----AT-----T-----A-----A-----T-----A-----AT-----G-----C-----C-----A-----TGAC-----3574
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145 -----A-----A-----T-----A-----A-----T-----A-----GC-----T-----T-----AA-----G-----G-----G-----G-----GT-----G-----G-----T-----C-----CCC-----T-----A-----T-----CA-----A-----CC-----C-----TGA-----G-----3060
CPZ.GA.88.GAB1 -----A-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----GA-----A-----A-----GAA-----G-----T-----G-----T-----C-----C-----AT-----T-----A-----T-----G-----AG-----GCAC-----G-----A-----C-----T-----GAC-----3579
CPZ.TZ.01.TANI -----C-----A-----T-----AT-----A-----A-----ACT-----AAG-----C-----C-----T-----GA-----GTA-----G-----T-----GCC-----GA-----A-----G-----CAGG-----AT-----GT-----A-----A-----T-----AGC-----AAG-----T-----A-----CA-----C-----TAA-----TT-----3162
CPZ.US.85.CPZUS -----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-----T-----A-----G-----AAG-----T-----A-----G-----C-----GA-----3578

B.FR.83.HXB2

01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.VII310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CNS4
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMA6637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAME13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 4 columns: Accession ID, Nucleotide sequence (A, C, G, T), and a numerical value. The table lists various HIV-1/SIVcpz sequences and their corresponding values.

Accession	Sequence	Reference	Position
B.FR.83.HXB2	GCATGATTAATGGGGAAG...ACTCCATAAATTAAGTCCCATACAAAAGGAACATGGGAAACATGGTGGACAGAGATTGGCAAGCCACCTGGATTCTGAGTGGGAGTTGTTAATACCCCTCCCTTAGTGA	3850	
A1.GE.99.99GEMZ011G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3034	
A1.KE.00.KER2008G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3049	
A1.KE.00.HI1144G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3055	
A1.KE.00.KSM4024G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3046	
A1.KE.00.MSA4069G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3049	
A1.KE.00.NKU3005G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3049	
A1.RU.00.RU00051G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3151	
A1.RU.03.03R20.06.13G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3077	
A1.RW.93.93RW.024G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3052	
A1.SE.95.SE8891G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3039	
A1.SE.95.UGSE8131G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3222	
A1.TZ.01.A173G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3049	
A1.UA.01.01UADN139G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3049	
A1.UG.92.92UG037G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3866	
A1.UG.99.99UGA07072G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3049	
A1.UZ.02.02UZ0659G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3049	
A2.CD.97.97CDKS10G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	0	
A2.CD.97.97CDKTB48G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3188	
A2.CY.94.94CY017_41G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3207	
B.AR.04.04AR151516G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3072	
B.AU.87.MBC925G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3861	
B.BO.99.BOL0122G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3070	
B.BR.03.BREPM2012G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3275	
B.CA.97.CANB3FULLG.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3139	
B.CN.05.05CNHB_hp3G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3849	
B.CO.01.PCM001G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3055	
B.GB.83.CAM1G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3852	
B.GB.86.GB8G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3870	
B.GE.03.03GEMZ010G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3055	
B.IT.05.SG1G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3652	
B.JP.05.DR6538G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3854	
B.KR.05.05CSR3G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3875	
B.NL.00.671_00T36G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3415	
B.RU.04.04RU128005G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3341	
B.TH.00.00TH_C3198G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3064	
B.UA.01.01UAKV167G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3076	
B.US.04.ES10_53G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3859	
B.US.99.FRB9503G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3070	
C.AR.01.ARG4006G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3034	
C.BR.04.04BR013G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3314	
C.BW.00.00BW07621G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3203	
C.CN.98.YNRL9840G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3034	
C.ET.02.02ET_288G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3052	
C.GE.03.03GEMZ033G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3031	
C.HI.99.99ETG.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3031	
C.IN.99.01IN565_10G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3231	
C.KE.00.KER2010G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3031	
C.MM.99.mIDU101_3G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3201	
C.MW.93.93MW_965G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3037	
C.SN.90.90SE_364G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3049	
C.SO.89.89SNL_145G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3071	
C.TZ.02.C0178G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3031	
C.UY.01.TRA3011G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3022	
C.YE.02.02YE511G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3025	
C.ZA.04.04ZASK164B1G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3264	
C.ZA.05.05ZAPSK240B1G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3254	
C.ZM.02.02ZM108G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3819	
D.CD.83.ELIG.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3396	
D.CM.01.01CM_0009BBYG.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3049	
D.KE.01.NKU3006G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3055	
D.KR.04.04KRBH8G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3809	
D.TD.99.MN011G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3074	
D.TZ.01.A280G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3051	
D.UG.99.99UGK09259G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3055	
D.YE.01.01YE386G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3049	
D.YE.02.02YE516G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3061	
D.ZA.90.R1G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3196	
F1.AR.02.ARE933G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3144	
F1.BE.93.VI850G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3190	
F1.BR.01.01BR125G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3295	
F1.ES.x.P1146G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3127	
F1.FI.93.FIN9363G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3179	
F2.CM.02.02CM_0016BBYG.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3040	
F2.CM.95.MP257G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3059	
F2.CM.97.CM53657G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3040	
G.BE.96.DRCBLG.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3807	
G.CM.01.01CM_4049HANG.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3052	
G.CU.x.Cu74G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3454	
G.ES.00.X558G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3288	
G.ES.99.X138G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3291	
G.GH.03.03GHI75GG.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3890	
G.KE.93.HH18793_12_1G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3250	
G.NG.01.01NGPL0669G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3053	
G.PT.x.PT2695G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3792	
G.SE.93.SE6165G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3247	
H.BE.93.V1991G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3239	
H.BE.93.V1997G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3174	
H.CF.90.056G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3197	
J.CD.97.J_97DC_KTB147G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3044	
J.SE.93.SE7887G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3164	
J.SE.94.SE7022G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3165	
K.CD.97.EQTB11CG.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3046	
K.CM.96.MP535G.....A.....A.....G.....TG.....C.....G.....T.....A.....C.....C.....A.....C.....G.....G.....	3046	

B.FR.83.HXB2

Pol

01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP.NH1
01_AE.TH.01.01TH.R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US.MSC1164
02_AG.CM.02.02CM.4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.VII310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CNS4
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMABB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAML13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

GCATAGTAATATGGGAAAG...ACTCCTAAATTTAAACTGCCCATACAAAAGGAACATGGGAAACATGGTGGACAGAGATTGGCAAGCCACCTGGATTCTCGAGTGGGAGTTTGTAAATACCCTCCCTTAGTGA...
S I V I W G K T P K F K L P I Q K E T W E T W W T E Y W Q A T W I P E W E F V N T P L V K L W Y Q L E K # E P I

p51 end and p66 RT continue_Pol p15 RNase H start

Strain	AGTAGGAGCAGAACTTCTAGTAGATGGGGCAGCTAAACAGGGAGACTAAATTAGGAAAACAGGATATGTTACTAATAGAGGAAGACAAAAGTTGTCCACCTAACTGACACAAACAAATCAGAAAGCTGAGTTACAAGCAATTTATCTAGCTTTGCAGATTTGGGAT	4020
Pol	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 G R Q K V V T L T D T N O K T E L Q A I Y L A L Q D S G	
A1.GE.99.99GEMZ011G.....	3204
A1.KE.00.KER2008	..-C...G...T.....	3219
A1.KE.00.KNH1144	..-C...G...T.....	3215
A1.KE.00.KSM4024	..-C...G...T.....	3216
A1.KE.00.MSA4069	..-C...G...T.....	3219
A1.KE.00.NKU3005	..-C...G...T.....	3219
A1.RU.00.RU00057	..-C...G...T.....	3321
A1.UG.92.92UG037	..-C...G...T.....	3497
A1.RW.93.93RW_024	..-A...G...T...A.....	3222
A1.SE.95.SE8891	..-A...G...T...A.....	3209
A1.SE.95.UGSE8131	..-C...T...G...T...G...T.....	3392
A1.TZ.01.A173	..-A...T...G...T...G...T.....	3219
A1.UA.01.01UADN139	..-A...G...T...G...T.....	3219
A1.UG.99.99UGA0702	..-TC...T...G...T...G...T.....	3219
A1.UZ.02.02UZ0659	..-G...T...G...T...G...T.....	3219
A2.CD.97.97CDKS10TA...A...T.....	137
A2.CD.97.97CDKTB48	..-C...G...T...G...T.....	3358
A2.CY.94.94CY017_41	..-C...G...T...G...T.....	3577
B.AR.04.04AR151516	..-C...G...T...G...T.....	3242
B.AU.87.MBC925	..-A...T...T...T.....	4031
B.BO.99.BOL0122	..-A...T...T...T.....	3240
B.BR.03.BREP2012	..-T...T...T...T.....	3445
B.CA.97.CANB3FULL	..-T...T...T...T.....	3309
B.CN.05.05CNHB_hp3	..-A...T...T...T.....	4019
B.CO.01.PCM001	..-T...T...T...T.....	3285
B.GB.93.CA81	..-A...T...T...T.....	4022
B.GB.86.GB8	..-A...T...T...T.....	4040
B.GE.03.03GEMZ010	..-A...T...T...T.....	3225
B.IT.05.SG1	..-A...T...T...T.....	3822
B.JP.05.DR6538GT.....	4024
B.KR.05.05KSR3	..-T...T...T...T.....	4045
B.NL.00.671_00T36	..-A...T...T...T.....	3585
B.RU.04.04RU128005	..-A...T...T...T.....	3511
B.TH.00.00TH_C3198	..-A...T...T...T.....	3234
B.UA.01.01UAKV167	..-G...T...T...G.....	3246
B.US.04.ES10_53	..-G...T...T...G.....	4029
B.US.99.PRB959_03	..-T...T...T...T.....	3240
C.AR.01.ARG4006	..-AC...T...T...T.....	3204
C.BR.04.04BR013	..-CC...T...T...T.....	3484
C.BW.00.00BW07621	..-G...T...T...T.....	3373
C.CN.98.YNRL9840	..-C...T...T...T.....	3204
C.ET.02.02ET_288	..-C...T...T...T.....	3222
C.GE.03.03GEMZ033	..-C...T...T...T.....	3201
C.IL.99.99ET7	..-C...T...T...T.....	3201
C.IN.99.01IN565_10	..-C...T...T...T.....	3401
C.KE.00.KER2010	..-C...T...T...T.....	3201
C.MM.99.mIDU101_3	..-C...T...T...T.....	3371
C.MW.93.93MW_965	..-C...T...T...T.....	3207
C.SN.90.90SE_364	..-A...T...T...T.....	3189
C.SO.89.89SM_145	..-C...T...T...T.....	3241
C.TZ.02.CO178	..-C...T...T...T.....	3201
C.UY.01.TRA3011	..-G...T...T...T.....	3192
C.YE.02.02YE511	..-G...T...T...T.....	3195
CZA.04.04ZASK164B1	..-GA...C...G...T.....	3434
CZA.05.05ZAPS240B1	..-C...G...T...T.....	3424
C.ZM.02.02ZM108	..-TC...G...T...T.....	3989
D.CD.83.ELI	..-D...C...D...D.....	3566
D.CM.01.01CM_0009BBY	..-A...T...T...T.....	3219
D.KE.01.NKU3006	..-A...T...T...T.....	3225
D.KR.04.04KBH8	..-A...G...T...T.....	3979
D.TD.99.MN011	..-A...G...T...T.....	3244
D.TZ.01.A280	..-A...G...T...T.....	3221
D.UG.99.99UGK09259	..-C...G...T...T.....	3225
D.YE.01.01YE386	..-C...G...T...T.....	3219
D.YE.02.02YE516	..-A...T...T...T.....	3231
D.ZA.90.R1	..-C...G...T...T.....	3366
F1.AR.02.ARE933	..-C...G...T...T.....	3314
F1.BE.93.VI850	..-C...G...T...T.....	3360
F1.BR.01.01BR125	..-C...G...T...T.....	3465
F1.ES.x.P1146	..-A...G...T...T.....	3297
F1.FI.93.FIN9363	..-A...G...T...T.....	3349
F2.CM.02.02CM_0016BBY	..-A...G...T...T.....	3210
F2.CM.95.MP257	..-A...G...T...T.....	3229
F2.CM.97.CM53657	..-T...T...T...T.....	3210
G.BE.96.DRCB1	..-CC...T...T...T.....	3977
G.CM.01.01CM_4049HAN	..-C...G...T...T.....	3622
G.CU.x.Cu74	..-C...G...T...T.....	3624
G.ES.00.X558	..-C...G...T...T.....	3458
G.ES.99.X138	..-C...G...T...T.....	3461
G.GH.03.03GH175G	..-CC...T...T...T.....	4060
G.KE.93.HH8793_12_1	..-CC...T...T...T.....	3320
G.NG.01.01NGPL0669	..-CC...T...T...T.....	3255
G.PT.x.PT2695	..-A...T...T...T.....	3962
G.SE.93.SE6165	..-CC...T...T...T.....	3417
H.BE.93.V1991	..-A...T...T...T.....	3409
H.BE.93.V1997	..-C...G...T...T.....	3344
H.CF.90.056	..-C...G...T...T.....	3367
J.CD.97.J_97DC_KTB147	..-A...G...T...T.....	3214
J.SE.93.SE7887	..-A...G...T...T.....	3334
J.SE.94.SE7022	..-A...G...T...T.....	3335
K.CD.97.EOTB11C	..-C...G...T...T.....	3216
K.CM.96.MP535	..-G...T...T...T.....	3216

p51 end and p66 RT continue_Pol p15 RNase H start

Table with columns for sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2, Pol) and sequence alignments (AGTAGGAGCAGAAACCTTCTAGTAGATGGGGCAGCTAAACAGGGAGACTAAATAGGAAAAGCAGGATATGTTACTAATAGAGGAAGACAAAAGTTGTCCACCTAACTGACACAAAATCAGAAAGACTGAGTTACAAGCAATTTATCTAGCTTTGCAGATTCCGGAT 4020). The table shows multiple rows of sequence alignments with gaps and specific nucleotide changes.

B.FR.83.HXB2
Pol

01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.V11310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMA104
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAML13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 40 columns representing amino acid positions (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, 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) and rows for each HIV-1/SIVcpz strain. Each cell contains a single-letter amino acid code (e.g., C, T, G, A) or a dash (-) indicating a missing or different residue.

4139
4200
4213
3552
4192
3390
3389
3745
3395
3389
3286
3539
4219
3374
3745
3562
3387
3380
3416
3556
3572
4218
3845
3552
3370
3392
3569
3492
4195
3595
3707
3631
3589
3553
3495
3416
3630
3395
3633
3615
3398
3398
3556
3364
3624
3569
3392
3383
3395
3380
3728
3696
3695
3694
3784
3782
4245
4220
3674
3676
3675
4244
3673
3756
3629
3770
3762
3745
3746
3732
4251
3834
4250

B.FR.83.HXB2

Accession	Sequence	Position
Poi	TCGTCAGCTAAAGGAGAACCCATGCATGGACAAGTAGACTGTAGTCCAGGAATATGGCAACTAGATTGTACACATTTAGAAGGAAAAGTTACTCTGGTAGCAGTTCATGTAGCCAGTGGATATATAGAAGCAGAAGTTATTCCAGCAGAAAACAGGGCAGGAAACAGCATA	4525
A1.GE.99.99GEMZ011G.....T.....G.....G.....T.....C.....C.....A.....A.....A.....C.....C.....C.....A.....A.....G.....	3709
A1.KE.00.KER2008A.....G.....T.....G.....G.....G.....T.....C.....C.....A.....A.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....G.....	3724
A1.KE.00.KHI144A.....G.....A.....C.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....A.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....G.....	3730
A1.KE.00.KSM4024G.....G.....A.....C.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....A.....A.....A.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....G.....	3721
A1.KE.00.MSA4069G.....G.....A.....C.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....G.....	3724
A1.KE.00.NKU3005G.....G.....A.....C.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....G.....	3724
A1.RU.00.RU00057A.....G.....T.....A.....C.....G.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....A.....A.....C.....C.....C.....C.....A.....G.....	3826
A1.RU.03.03RW_020_06_13AT.....G.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....A.....A.....C.....C.....C.....C.....A.....G.....	4402
A1.RW.93.93RW_024G.....G.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....T.....A.....C.....C.....C.....C.....A.....G.....	3727
A1.SE.95.SE8891A.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....G.....	3714
A1.SE.95.UGSE8131A.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....G.....	3897
A1.TZ.01.A173A.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....G.....	3724
A1.UA.01.01UADN139A.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....T.....C.....C.....A.....A.....A.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....G.....	3724
A1.UG.92.92UG037A.....G.....G.....G.....G.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....A.....A.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....G.....	4541
A1.UG.99.99UGA07072A.....G.....G.....G.....G.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....A.....A.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....G.....	3724
A1.UZ.02.02UZ0659AT.....G.....T.....G.....G.....G.....T.....C.....C.....A.....A.....A.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....G.....	3724
A2.CD.97.97CDKS10G.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....A.....A.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....G.....	642
A2.CD.97.97CDKTB48G.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....A.....A.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....G.....	3865
A2.CY.94.94CY017_41G.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....C.....C.....C.....A.....A.....A.....C.....G.....T.....C.....C.....A.....G.....	3882
B.AR.04.04AR151516G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....A.....G.....T.....	3747
B.AU.87.MBC925G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....A.....G.....T.....	4536
B.BO.99.BOL0122G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....A.....G.....T.....	3745
B.BR.03.BREPM2012G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....A.....G.....T.....	3950
B.CA.97.CANB3FULLG.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....A.....G.....T.....	3814
B.CN.05.05CNHB_hp3A.....G.....C.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....A.....G.....T.....	4524
B.CO.01.PCM001A.....G.....C.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....A.....G.....T.....	3730
B.GB.83.CAM1A.....G.....C.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....A.....G.....T.....	4527
B.GB.86.GB8A.....G.....C.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....A.....G.....T.....	4545
B.GE.03.03GEMZ010A.....G.....C.....G.....G.....G.....C.....G.....C.....G.....G.....C.....G.....C.....A.....G.....T.....	3730
B.IT.05.SG1C.....A.....AT.....T.....G.....N.....T.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....A.....T.....C.....C.....N.....T.....	4327
B.JP.05.DR6538C.....A.....AT.....T.....G.....N.....T.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....A.....T.....C.....C.....N.....T.....	4529
B.KR.05.05CSR3C.....A.....AT.....T.....G.....N.....T.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....A.....T.....C.....C.....N.....T.....	4500
B.NL.00.671_00T36C.....A.....AT.....T.....G.....N.....T.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....A.....T.....C.....C.....N.....T.....	4090
B.RU.04.04RU128005C.....A.....AT.....T.....G.....N.....T.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....A.....T.....C.....C.....N.....T.....	4016
B.TH.00.00TH_C3198C.....A.....AT.....T.....G.....N.....T.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....A.....T.....C.....C.....N.....T.....	3739
B.UA.01.01UAKV167C.....A.....AT.....T.....G.....N.....T.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....A.....T.....C.....C.....N.....T.....	3751
B.US.04.ES10_53C.....A.....AT.....T.....G.....N.....T.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....A.....T.....C.....C.....N.....T.....	4534
B.US.99.FRB955_03C.....A.....AT.....T.....G.....N.....T.....C.....A.....G.....A.....A.....G.....A.....T.....C.....C.....N.....T.....	3745
C.AR.01.ARG4006G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3709
C.BR.04.04BR013G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3989
C.BW.00.00BW07621G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3878
C.CN.98.YNRL9840G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3709
C.ET.02.02ET_288G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3727
C.GE.03.03GEMZ033G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3706
C.HL.99.99ET7G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3706
C.IN.99.01IN565_10G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3906
C.KE.00.KER2010G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3706
C.MM.99.mIDU101_3G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3876
C.MW.93.93MW_965G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3712
C.SN.90.90SE_364G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3694
C.SO.89.89SE1_145G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3746
C.TZ.02.CO178G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3706
C.UY.01.TRA3011G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3697
C.YE.02.02YE511G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3700
C.ZA.04.04ZASK164B1G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3939
C.ZA.05.05ZAPSK240B1G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3929
C.ZM.02.02ZM108G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	4494
D.CD.83.ELIG.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	4071
D.CM.01.01CM_0009BBYG.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3724
D.KE.01.NKU3006G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3730
D.KR.04.04KBH8G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	4484
D.TD.99.MN011G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3749
D.TZ.01.A280G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3726
D.UG.99.99UGK09259G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3730
D.YE.01.01YE386G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3724
D.YE.02.02YE516G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3736
D.ZA.90.R1G.....G.....T.....CA.....T.....T.....G.....C.....G.....A.....C.....C.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....A.....T.....	3871
F1.AR.02.ARE933T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3819
F1.BE.93.VI850T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3865
F1.BR.01.01BR125T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3970
F1.ES.x.P1146T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3802
F1.FI.93.FIN9363T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3854
F2.CM.02.02CM_0016BBYT.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3715
F2.CM.95.MP257T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3734
F2.CM.97.CM53657T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3715
G.BE.96.DRCBLT.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	4482
G.CM.01.01CM_4049HANT.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	4727
G.CU.x.Cu74T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	4129
G.ES.00.X558T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3963
G.ES.99.X138T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3966
G.GH.03.03GH175GT.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	4565
G.KE.93.HH18793_12_1T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3925
G.NG.01.01NGPL0669T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3730
G.PT.x.PT2695T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	4467
G.SE.93.SE6165T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3922
H.BE.93.V1991T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3914
H.BE.93.V1997T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3849
H.CF.90.056T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3872
J.CD.97.J_97DC_KTB147T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3719
J.SE.93.SE7887T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3839
J.SE.94.SE7022T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3840
K.CD.97.EQTB11CT.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3722
K.CM.96.MP535T.....G.....G.....C.....T.....T.....G.....G.....C.....G.....T.....AG.....C.....C.....A.....A.....C.....C.....	3721

B.FR.83.HXB2

Pol
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.VI1310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMA637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAMA13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 4525 columns representing nucleotide positions and rows for each sequence identifier. The table shows the alignment of various HIV-1/SIVcpz complete genomes against the reference B.FR.83.HXB2 sequence. Each row contains a sequence of characters (A, C, G, T) with dashes indicating gaps or deletions. The reference sequence is shown at the top: TGTCAGCTAAAAGGAGAAGCCATGCATGGACAAGTAGACTGTAGTCCAGGAATATGGCAACTAGATTGTACACATTTAGAAGGAAAAGTTACTCTGGTAGCAGTTTATAGCCAGTGGATATATAGAAGCAGAAGTTATCCAGCAGAAAACAGGGCAGGAAAACAGCATA 4525.

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	TTTCTTTTAAAATAGCA...GGAAGATGG...CCAGTAAAAACAATACACTGACAATGGCAGCAATTTCCAGCGTCTAGCGTTAGGGCCGCTTGTGGGGCGGAATCAAG...CAGGAATTTGGAATTCCTCAATCCCAAGTCAAGGAGTAGTAAGATCT	4688
A1.GE.99.99GEMZ011	C---GC-----	3872
A1.KE.00.KER2008	C---GC-----	3887
A1.KE.00.NHI144	C---AC-----	3883
A1.KE.00.KSM4024	C---AC-----	3884
A1.KE.00.MSA4069	C---A-A-----	3887
A1.KE.00.NKU3005	C---AC-G-----	3887
A1.RU.00.RU00051	C---GC-----	3989
A1.RU.03.03RU020_06_13	C---AC-----	4455
A1.RW.93.93RW_024	C---AC-----	3890
A1.SE.95.SE8891	C---GC-----	3877
A1.SE.95.UGSE8131	C---AC-----	4060
A1.TZ.01.A173	C---GC-----	3887
A1.UA.01.01UADN139	C---GC-----	3887
A1.UG.92.92UG037	C---AC-GC-----	4704
A1.UG.99.99UGA07072	C---AC-----	3887
A1.UZ.02.02UZ0659	C---GC-----	3887
A2.CD.97.97CDKS10	C---A-A-C-----	805
A2.CD.97.97CDKTB48	C---A-A-----	4028
A2.CY.94.94CY017_41	C---A-A-C-----	4045
B.AR.04.04AR151516	C---A-C-----	3910
B.AU.87.MBC925	C---A-C-----	4699
B.BO.99.BOL0122	C---A-C-----	3908
B.BR.03.BREPM2012	C---C-C-----	4113
B.CA.97.CANB3FULL	C---C-G-C-----	3977
B.CN.05.05CNHB_hp3	C---A-CC-----	4687
B.CO.01.PCM001	C---A-C-----	3893
B.GB.83.CAM1	C---C-A-C-----	4690
B.GB.86.GB8	C---A-C-----	4708
B.GE.03.03GEMZ010	C---C-C-----	3893
B.IT.05.SG1	C---C-G-A-----	4490
B.JP.05.DR6538	C---C-C-----	4692
B.KR.05.05KSR3	C---A-C-----	4713
B.NL.00.671_00T36	C---C-C-----	4253
B.RU.04.04RU128005	C---C-C-G-----	4179
B.TH.00.00TH_C3198	C---CC-----	3902
B.UA.01.01UAKV167	C---C-C-----	3914
B.US.04.ES10_53	C---G-C-----	4697
B.US.99.PRB9590_03	C---A-C-----	3908
C.AR.01.ARG4006	C---A-AC-G-----	3872
C.BR.04.04BR013	C---A-AC-----	4152
C.BW.00.00BW07621	C---ACA-AC-----	4041
C.CN.98.YNRL9840	C---A-AC-----	3872
C.ET.02.02ET_288	C---A-A-AC-----	3890
C.GE.03.03GEMZ033	C---A-A-AC-----	3869
C.HL.99.99ET7	C---A-A-AC-G-----	3869
C.IN.99.01IN565_10	C---A-A-AC-----	4069
C.KE.00.KER2010	C---ACA-AC-----	3869
C.MM.99.mIDU101_3	C---A-A-AC-----	4039
C.MW.93.93MW_965	C---A-A-A-----	3875
C.SN.90.90SE_364	C---A-A-AC-----	3857
C.SO.89.89SM_145	C---A-A-AC-----	3909
C.TZ.02.CO178	C---A-A-AC-----	3869
C.UY.01.TRA3011	C---A-A-AC-G-----	3860
C.YE.02.02YE511	C---A-A-AC-----	3863
C.ZA.04.04ZASK164B1	C---A-A-AC-----	4102
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	C---A-A-AC-----	4092
C.ZM.02.02ZM108	C---A-A-AC-----	4657
D.CD.83.ELI	C---GT-G-----	4234
D.CM.01.01CM_0009BBY	C---A-C-----	3887
D.KE.01.NKU3006	C---C-C-G-----	3893
D.KR.04.04KBH8	C---C-C-----	4647
D.TD.99.MN011	C---T-D-G-----	3912
D.TZ.01.A280	C---A-C-----	3889
D.UG.99.99UGK09259	C---C-G-----	3893
D.YE.01.01YE386	C---GGT-----	3887
D.YE.02.02YE516	C---GT-G-G-----	3899
D.ZA.90.R1	C---C-C-----	4034
F1.AR.02.ARE933	C---CA-AC-G-----	3982
F1.BE.93.VI850	C---CA-A-G-----	4028
F1.BR.01.01BR125	C---CA-AC-G-----	4133
F1.ES.x.P1146	C---CA-AC-G-----	3965
F1.FI.93.FIN9363	C---CA-AC-G-----	4017
F2.CM.02.02CM_0016BBY	C---CA-A-G-----	3878
F2.CM.95.MP257	C---CA-AC-G-----	3897
F2.CM.97.CM53657	C---C-A-C-----	3878
G.BE.96.DRCBL	C---A-A-----	4645
G.CM.01.01CM_4049HAN	C---A-A-----	3900
G.CU.x.Cu74	C---A-AC-----	4292
G.ES.00.X558	C---A-AC-----	4126
G.ES.99.X138	C---A-AC-----	4129
G.GH.03.03GHI75G	C---A-A-AC-----	4728
G.KE.93.HH18793_12_1	C---CA-AC-----	4088
G.NG.01.01NGPL0669	C---A-A-AC-----	4133
G.PT.x.PT2695	C---A-A-AC-----	4630
G.SE.93.SE6165	C---A-A-AC-----	4085
H.BE.93.V1991	C---A-A-G-C-----	4077
H.BE.93.V1997	C---A-A-G-C-----	4012
H.CF.90.056	C---C-G-G-C-----	4035
J.CD.97.J_97DC_KTB147	C---A-A-----	3882
J.SE.93.SE7887	C---A-A-----	4002
J.SE.94.SE7022	C---A-A-----	4003
K.CD.97.EQTB11C	C---CA-AC-----	3885
K.CM.96.MP535	C---A-AC-----	3884

B.FR.83.HXB2
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP.NH1
01_AE.TH.01.01TH.R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.P10710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.V11310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CNS4
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BFBR.99.BREPM12609
29_BFBR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJ00131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMABB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMPI299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAML13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 48 columns representing amino acid positions (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, G, I, K, Q, E, F, G, I, P, Y, N, P, Q, S, Q, G, V, V, E, S) and 48 rows of sequence alignments for various HIV-1/SIVcpz strains. Each row shows the amino acid at that position for a specific strain, with dashes indicating gaps or missing data.

B.FR.83.HXB2
Pol

A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.KHI144
A1.KE.00.KSM4024
A1.KE.00.MSA4069
A1.KE.00.NKU3005
A1.RU.00.RU00051
A1.RU.03.03R20_06_13
A1.RW.93.93RW_024
A1.SE.95.SE8891
A1.SE.95.UGSE8131
A1.TZ.01.A173
A1.UA.01.01UADN139
A1.UG.92.92UG037
A1.UG.99.99UGA07072
A1.UZ.02.02UZ0659
A2.CD.97.97CDKS10
A2.CD.97.97CDKTB48
A2.CY.94.94CY017_41
B.AR.04.04AR151516
B.AU.87.MBC925
B.BO.99.BOL0122
B.BR.03.BREPM2012
B.CA.97.CANB3FULL
B.CN.05.05CNHB_hp3
B.CO.01.PCM001
B.GB.83.CAM1
B.GB.86.GB8
B.GE.03.03GEMZ010
B.IT.05.SG1
B.JP.05.DR6538
B.KR.05.05KSR3
B.NL.00.671_00T36
B.RU.04.04RU128005
B.TH.00.00TH_C3198
B.UA.01.01UAKV167
B.US.04.ES10_53
B.US.99.PRB9503
C.AR.01.ARG4006
C.BR.04.04BR013
C.BW.00.00BW07621
C.CN.98.YNRL9840
C.ET.02.02ET_288
C.GE.03.03GEMZ033
C.IL.99.99ET7
C.IN.99.01IN565_10
C.KE.00.KER2010
C.MM.99.mIDU101_3
C.MW.93.93MW_965
C.SN.90.90SE_364
C.SO.89.89SM_145
C.TZ.02.CO178
C.UY.01.TRA3011
C.YE.02.02YE511
C.ZA.04.04ZASK164B1
C.ZA.05.05ZAPSK240B1
C.ZM.02.02ZM108
D.CD.83.ELI
D.CM.01.01CM_0009BBY
D.KE.01.NKU3006
D.KR.04.04KBH8
D.TD.99.MN011
D.TZ.01.A280
D.UG.99.99UGK09259
D.YE.01.01YE386
D.YE.02.02YE516
D.ZA.90.R1
F1.AR.02.ARE933
F1.BE.93.VI850
F1.BR.01.01BR125
F1.ES.x.P1146
F1.FI.93.FIN9363
F2.CM.02.02CM_0016BBY
F2.CM.95.MP257
F2.CM.97.CM53657
G.BE.96.DRCBL
G.CM.01.01CM_4049HAN
G.CU.x.Cu74
G.ES.00.X558
G.ES.99.X138
G.GH.03.03GHI75G
G.KE.93.HH18793_12_1
G.NG.01.01NGPL0669
G.PT.x.PT2695
G.SE.93.SE6165
H.BE.93.V1991
H.BE.93.V1997
H.CF.90.056
J.CD.97.J_97DC_KTB147
J.SE.93.SE7887
J.SE.94.SE7022
K.CD.97.EQTB11C
K.CM.96.MP535

TAAAGAATTACAAAAAATACAAAAATTCAAAATTTTCGGGTTTATTACAGGGACAGCAGAAATCCACTTTGGAAAGGACCAGCAAAAGTCTCTGGAAAGGTGAAGGGCAGTAGTAATACAAGATAATAGTGACATAAAAAGTAGTGCCAAAGAAAGAAAGCAAGA	5028
K E L Q K Q I T K 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 K A K	
.....-T.....-A.....G.....A.....A.....G.....G.....C.....AC.....T.....G.....A.....G.....	4212
C.....C.....-.....G.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....A.....	4227
.....-.....C.....-.....G.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....A.....	4233
.....-.....T.....-.....G.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....A.....	4224
C.....G.....-.....A.....G.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....A.....	4227
-.....G.....-.....C.....A.....-.....G.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....	4227
.....-.....T.....C.....A.....-.....G.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....	4230
.....-.....T.....-.....A.....G.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....	4230
.....-.....-.....-.....G.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....	4217
.....-.....C.....-.....G.....A.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....	4399
.....-.....-.....-.....G.....A.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....	4227
.....-.....-.....-.....G.....A.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....	4277
.....-.....-.....-.....G.....A.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....	5044
-.....G.....C.....-.....C.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....	4227
A1.UZ.02.02UZ0659.....-.....T.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....A.....G.....	4227
A2.CD.97.97CDKS10.....-.....TTT.....TG.....T.....-.....A.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	1145
A2.CD.97.97CDKTB48.....-.....-.....C.....T.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4368
A2.CY.94.94CY017_41.....-.....C.....G.....C.....T.....G.....-.....A.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4385
B.AR.04.04AR151516.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4250
B.AU.87.MBC925.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4039
B.BO.99.BOL0122.....-.....C.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4248
B.BR.03.BREPM2012.....-.....C.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4453
B.CA.97.CANB3FULL.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4317
B.CN.05.05CNHB_hp3.....-.....G.....C.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	5027
B.CO.01.PCM001.....-.....-.....G.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4233
B.GB.83.CAM1.....-.....-.....-.....G.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	5030
B.GB.86.GB8.....-.....-.....-.....-.....G.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	5048
B.GE.03.03GEMZ010.....-.....C.....-.....C.....-.....T.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4233
B.IT.05.SG1.....-.....C.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4830
B.JP.05.DR6538.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	5032
B.KR.05.05KSR3.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4233
B.NL.00.671_00T36.....-.....G.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4593
B.RU.04.04RU128005.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4519
B.TH.00.00TH_C3198.....-.....G.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4242
B.UA.01.01UAKV167.....-.....C.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4254
B.US.04.ES10_53.....-.....C.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	5037
B.US.99.PRB9503.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4248
C.AR.01.ARG4006.....-.....-.....-.....T.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4212
C.BR.04.04BR013.....-.....C.....-.....T.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4492
C.BW.00.00BW07621.....-.....G.....-.....G.....T.....C.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4381
C.CN.98.YNRL9840.....-.....-.....-.....G.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4212
C.ET.02.02ET_288.....-.....C.....-.....C.....TT.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4230
C.GE.03.03GEMZ033.....-.....C.....-.....T.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4209
C.IL.99.99ET7.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4209
C.IN.99.01IN565_10.....-.....C.....-.....T.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4409
C.KE.00.KER2010.....-.....G.....-.....G.....T.....C.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4209
C.MM.99.mIDU101_3.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4379
C.MW.93.93MW_965.....-.....G.....-.....T.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4215
C.SN.90.90SE_364.....-.....C.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4197
C.SO.89.89SM_145.....-.....-.....-.....T.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4249
C.TZ.02.CO178.....-.....C.....-.....G.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4209
C.UY.01.TRA3011.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4199
C.YE.02.02YE511.....-.....C.....-.....T.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4203
C.ZA.04.04ZASK164B1.....-.....C.....-.....-.....C.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4442
C.ZA.05.05ZAPSK240B1.....-.....C.....-.....T.....C.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4442
C.ZM.02.02ZM108.....-.....C.....-.....T.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4497
D.CD.83.ELI.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4574
D.CM.01.01CM_0009BBY.....-.....G.....-.....C.....C.....T.....C.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4227
D.KE.01.NKU3006.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4233
D.KR.04.04KBH8.....-.....G.....-.....C.....A.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4987
D.TD.99.MN011.....-.....-.....-.....C.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4252
D.TZ.01.A280.....-.....C.....-.....C.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4229
D.UG.99.99UGK09259.....-.....-.....-.....C.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4233
D.YE.01.01YE386.....-.....-.....-.....C.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4227
D.YE.02.02YE516.....-.....-.....-.....C.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4239
D.ZA.90.R1.....-.....-.....-.....C.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4374
F1.AR.02.ARE933.....-.....G.....-.....-.....-.....C.....G.....-.....C.....A.....-.....G.....A.....-.....G.....	4322
F1.BE.93.VI850.....-.....-.....-.....-.....-.....C.....G.....-.....C.....A.....-.....G.....A.....-.....G.....	4368
F1.BR.01.01BR125.....-.....G.....-.....-.....-.....-.....C.....G.....-.....C.....A.....-.....G.....A.....-.....G.....	4473
F1.ES.x.P1146.....-.....-.....-.....-.....-.....C.....G.....-.....C.....A.....-.....G.....A.....-.....G.....	4305
F1.FI.93.FIN9363.....-.....-.....-.....-.....-.....C.....G.....-.....C.....A.....-.....G.....A.....-.....G.....	4357
F2.CM.02.02CM_0016BBY.....-.....G.....CT.....C.....-.....T.....A.....-.....G.....A.....-.....G.....A.....-.....G.....	4218
F2.CM.95.MP257.....-.....-.....-.....T.....-.....G.....A.....-.....G.....A.....-.....G.....A.....-.....G.....	4237
F2.CM.97.CM53657.....-.....-.....-.....C.....-.....T.....G.....A.....-.....G.....A.....-.....G.....A.....-.....G.....	4218
G.BE.96.DRCBL.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4985
G.CM.01.01CM_4049HAN.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4240
G.CU.x.Cu74.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4632
G.ES.00.X558.....-.....C.....-.....C.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4466
G.ES.99.X138.....-.....C.....-.....C.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4469
G.GH.03.03GHI75G.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	5068
G.KE.93.HH18793_12_1.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4428
G.NG.01.01NGPL0669.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4233
G.PT.x.PT2695.....-.....-.....-.....G.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4970
G.SE.93.SE6165.....-.....-.....-.....C.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4425
H.BE.93.V1991.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4417
H.BE.93.V1997.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4352
H.CF.90.056.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4375
J.CD.97.J_97DC_KTB147.....-.....G.....-.....C.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4222
J.SE.93.SE7887.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4342
J.SE.94.SE7022.....-.....-.....-.....C.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4343
K.CD.97.EQTB11C.....-.....-.....-.....-.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4220
K.CM.96.MP535.....-.....-.....-.....TT.....C.....-.....A.....-.....G.....A.....-.....A.....T.....G.....C.....T.....G.....	4224

	Vif start	Pol p31 integrase end		
B.FR.83.HXB2	TCATTAGGATTATGGAAACAGATGGCAGGTGATGTTGTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGATTAGAACATGGAAAAGTTTAGTAAACACCATATGTATGTTTCAGGGAAAGCTAGGGGATGTTTATAGACATCACTATGAAAGCCCTCATCCAAGAAATAGTTC	5198		
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 R G W F Y R H H Y E S P H P R I S S			
Pol	I I R D Y G K Q M A G D D C V A S R Q D E D *			
A1.GE.99.99GEMZ011	4382
A1.KE.00.KER2008	4397
A1.KE.00.KNH1144	4403
A1.KE.00.KSM4024	4394
A1.KE.00.MSA4069	4397
A1.KE.00.NKU3005	4397
A1.RU.00.RU0431	4397
A1.RU.03.03RU20_06_13	4672
A1.RW.93.93RW_024	4400
A1.SE.95.SE889T	4387
A1.SE.95.UGSE8131	4569
A1.TZ.01.A173	4397
A1.UA.01.01UADN139	4397
A1.UG.92.92UG037	5214
A1.UG.99.99UGA07072	4397
A1.UZ.02.02UZ0659	4397
A2.CD.97.97CDKS10	1315
A2.CD.97.97CDK1B48	4538
A2.CY.94.94CY017_41	4555
B.AR.04.04AR151516	4420
B.AU.87.MBC925	5209
B.BO.99.BOL0122	4418
B.BR.03.BREPM2012	4623
B.CA.97.CANB3FULL	4487
B.CN.05.05CN0B_hp3	5197
B.CO.01.PCM001	4403
B.GB.86.GB8	5200
B.GE.03.03GEMZ010	5218
B.IT.05.SG1	4403
B.JP.05.DR6538	5000
B.KR.05.05KRS3	5202
B.NL.00.671_00T36	5223
B.RU.04.04RU128005	4763
B.TH.00.00TH_C3198	4689
B.UA.01.01UAKV167	4412
B.US.04.ES10_83	4424
B.US.99.PRB959_03	5207
C.AR.01.ARG4006	4418
C.BR.04.04BR013	4382
C.BW.00.00BW07621	4662
C.CN.98.YNRL9840	4551
C.ET.02.02ET_288	4382
C.GE.03.03GEMZ033	4400
C.IL.99.99E17	4379
C.IN.99.01IN565_10	4379
C.KE.00.KER2010	4579
C.MM.99.mIDU101_3	4379
C.MW.93.93MW_965	4549
C.SN.90.90SE_364	4485
C.SO.89.89SM_145	4367
C.TZ.02.CO178	4419
C.UY.01.TRA3011	4379
C.YE.02.YE511	4369
C.ZA.04.04ZAK164B1	4373
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	4402
C.ZM.02.02ZM108	4602
D.CD.83.ELJ	5167
D.CM.01.01CM_0009BBY	4744
D.KE.01.NKU3006	4397
D.KR.04.04KBH8	4403
D.TD.99.MNO11	4422
D.TZ.01.A280	4399
D.UG.99.99UGK09259	4403
D.YE.01.01YE386	4397
D.YE.02.02YE516	4409
D.ZA.90.R1	4544
F1.AR.02.ARE933	4492
F1.BE.93.V1850	4538
F1.BR.01.01BR125	4643
F1.ES.x.P1146	4475
F1.FI.93.FIN9363	4527
F2.CM.02.02CM_0016BBY	4388
F2.CM.95.MP257	4515
F2.CM.97.CM53657	4400
G.BE.96.DRCB1	4388
G.CM.01.01CM_4049HAN	5155
G.CU.x.Cu74	4400
G.ES.00.X558	4802
G.ES.99.X138	4636
G.GH.03.03GH175G	4639
G.SE.93.HH8703_12_1	5238
G.NG.01.01NGPL0669	4398
G.PT.x.PT2695	4403
G.SE.93.SE6165	5140
H.BE.93.V1991	4595
H.BE.93.V1997	4587
H.CF.90.056	4522
J.CD.97.J_97DC_KTB147	4545
J.SE.93.SE7887	4392
J.SE.94.SE7022	4512
K.CD.97.EQTB11C	4313
K.CM.96.MP535	4390
	4394

	Vif start	Pol p31 integrase end	
B.FR.83.HXB2	TCATTAGGATTATGGAAACAGATGGCAGGTGATGATTGTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGATTAGAACATGGAAAGTTTGTAGTAAACACCATATGTATGTTTCAGGGAAGACTGGGGTGGTTTATAGACATCACTATGAAAGCCCTCATCCAAGAAATAGTTC	5198	
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 R G W F Y R H H Y E S P H P R I S S		
Pol	I I R D Y G K Q M A G D D C V A S R Q D E D *		
01_AE.CF.90.CF11697	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----C-----AA-----AAAAC-----T-----AG-----A-----G-----5147		
01_AE.CN.05.F1051	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----C-----AA-----AAAAG-----C-----C-----T-----AG-----A-----G-----5208		
01_AE.CN.06.FJ054	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----C-----AA-----C-----AA-----G-----G-----T-----AG-----AGG-----5223		
01_AE.HK.x.HK001	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----C-----AA-----AAAAG-----A-----T-----AG-----AG-----C-----4560		
01_AE.JP.93.93IP_NH1	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----C-----AA-----AAA-----G-----T-----AG-----A-----G-----5200		
01_AE.TH.01.01TH_R2184	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----C-----AA-----AAAAG-----C-----T-----AG-----AGG-----4398		
01_AE.TH.02.01U7691	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----C-----AA-----AAAAG-----C-----T-----AG-----AG-----4397		
01_AE.TH.90.CM240	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----C-----AA-----AAAAG-----C-----T-----AG-----AGG-----C-----4772		
01_AE.US.00.00US_MSC1164	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----C-----A-----AA-----T-----ACAAG-----GC-----T-----AG-----AGG-----4403		
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----C-----AGA-----TA-----A-----AT-----C-----T-----T-----TAAG-----C-----A-----GC-----4397		
02_AG.EC.x.ECU41	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----C-----TAA-----A-----T-----T-----AGG-----A-----G-----4294		
02_AG.FR.91.DJ264	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----C-----TA-----A-----AAT-----T-----G-----TAGG-----A-----G-----4547		
02_AG.GH.03.GHNJ196	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----C-----TAA-----A-----AT-----T-----T-----G-----TAGG-----A-----GC-----5227		
02_AG.NG.01.PI0710	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----C-----TAA-----CA-----T-----Y-----T-----TAGG-----G-----4382		
02_AG.NG.x.IBNC	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----C-----AA-----A-----T-----T-----TAGG-----A-----G-----T-----4723		
02_AG.SE.94.SE7812	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----A-----AAA-----TA-----A-----AT-----C-----T-----AG-----GG-----4570		
02_AG.SN.98.MP1211	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----C-----TAA-----CACT-----T-----T-----TAGG-----A-----G-----4395		
02_AG.UZ.02.02UZ710	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----A-----C-----TAA-----G-----T-----G-----C-----TAGG-----C-----A-----G-----C-----4388		
03_AB.RU.97.KAL153_2	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----AA-----A-----G-----A-----AGGA-----4424		
04_cpx.CY.94.CY032	T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----G-----T-----A-----AA-----AA-----A-----C-----TAGG-----C-----A-----G-----4564		
05_DF.BE.x.VII310	T-----G-----G-----A-----T-----C-----AC-----T-----C-----AA-----ACA-----G-----T-----TAGAAA-----4580		
06_cpx.AU.96.BFP90	T-----G-----G-----A-----T-----C-----AT-----G-----T-----C-----A-----AA-----AAA-----AA-----C-----AA-----A-----5226		
06_cpx.RU.05.04RU001	T-----G-----G-----A-----T-----C-----AT-----G-----T-----C-----A-----AA-----AAAAT-----C-----GC-----A-----4853		
07_BC.CN.97.CNS4	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----AT-----C-----T-----C-----AGA-----A-----G-----4560		
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----AT-----C-----T-----C-----AGA-----A-----G-----4378		
09_cpx.GH.96.96GH2911	T-----G-----G-----A-----T-----C-----AT-----T-----C-----AC-----AA-----AAA-----T-----AA-----A-----C-----4400		
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----T-----G-----A-----AT-----C-----C-----AGA-----A-----4577		
11_cpx.GR.x.GR17	T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----AA-----AA-----G-----G-----C-----G-----T-----AGG-----G-----C-----4500		
12_BF.AR.99.ARMA159	T-----G-----G-----A-----T-----C-----AC-----GT-----C-----AA-----C-----AAA-----G-----T-----AGG-----G-----5203		
13_cpx.CM.96.1849	T-----G-----G-----A-----T-----C-----AT-----T-----C-----AA-----G-----AA-----G-----AA-----C-----AA-----A-----4603		
14_BG.DE.01.9196_01	T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----GGG-----A-----G-----4715		
14_BG.ES.99.X397	T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----T-----A-----C-----AA-----A-----C-----A-----T-----GGG-----A-----G-----4639		
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----T-----C-----AA-----AAAAG-----C-----T-----AG-----AGG-----C-----4594		
16_A2D.KR.97.97KR004	T-----G-----G-----A-----T-----C-----G-----T-----T-----AA-----AA-----AT-----GC-----ATAA-----G-----4561		
18_cpx.CU.99.CU76	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----T-----C-----AA-----AAAAT-----TAGA-----A-----G-----C-----4503		
19_cpx.CU.99.CU7	T-----G-----G-----A-----T-----T-----A-----C-----AA-----ACAA-----G-----AGGA-----AGG-----4424		
20_BG.CU.03.CB471	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----C-----AA-----AA-----C-----GG-----T-----AGAA-----G-----C-----4638		
21_A2D.KE.91.KNH1254	T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----T-----A-----A-----AA-----AT-----G-----C-----C-----AGA-----G-----4403		
23_BG.CU.03.CB118	T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----C-----T-----Y-----A-----A-----C-----AA-----AA-----C-----G-----A-----G-----A-----G-----C-----4641		
24_BG.CU.03.CB378	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----T-----A-----C-----AA-----AA-----AC-----G-----A-----T-----AGAA-----A-----G-----C-----4623		
25_cpx.CM.01.101BA	T-----G-----G-----A-----T-----AT-----A-----T-----C-----C-----AA-----AAAA-----C-----AA-----C-----4406		
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	T-----G-----G-----A-----T-----AT-----T-----T-----A-----AA-----AA-----G-----G-----G-----C-----AA-----C-----4406		
28_BFBR.99.BREPM12609	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----AA-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----4564		
29_BFBR.02.BREPM119	T-----G-----G-----A-----T-----AC-----A-----AA-----C-----AAA-----G-----G-----A-----AGA-----A-----4372		
31_BC.BR.02.110PA	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----Y-----T-----G-----C-----R-----A-----G-----T-----R-----T-----AGA-----A-----R-----4632		
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	T-----G-----G-----A-----T-----G-----T-----A-----A-----C-----AA-----AA-----G-----G-----T-----AA-----AGG-----4577		
34_01B.TH.99.OUR2478P	T-----G-----G-----A-----T-----CA-----T-----T-----C-----AA-----AAA-----T-----AG-----A-----G-----4400		
35_AD.AF.05.05AF095	T-----G-----G-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----AA-----A-----AA-----T-----G-----A-----AGG-----A-----G-----4391		
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	T-----G-----G-----A-----T-----G-----T-----C-----A-----TAAA-----C-----AA-----AT-----AGA-----A-----G-----4403		
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----C-----A-----AA-----AA-----C-----AGGG-----G-----4388		
42_BFLU.03.luBF_05_03	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----AA-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----4736		
N.CM.02.DJO0131	T-----G-----G-----G-----CG-----A-----C-----AG-----C-----T-----C-----G-----T-----G-----A-----A-----G-----AGAA-----G-----A-----T-----CAAA-----A-----4704		
N.CM.04.04CM_1015_04	T-----G-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----T-----C-----G-----G-----AAA-----G-----A-----AA-----A-----T-----TCAAGG-----A-----C-----4703		
N.CM.04.04CM_1131_03	T-----G-----G-----G-----AA-----C-----G-----T-----T-----C-----G-----AAA-----G-----A-----AA-----A-----T-----CAAGG-----A-----G-----4702		
N.CM.95.YBF30	T-----G-----G-----G-----AA-----C-----G-----A-----T-----C-----T-----C-----G-----AAA-----G-----A-----AA-----A-----T-----CA-----A-----C-----4792		
N.CM.97.YBF106	T-----G-----G-----G-----R-----AA-----C-----G-----T-----C-----T-----G-----AAA-----G-----A-----AA-----G-----A-----T-----CAAAG-----AG-----C-----4790		
O.BE.87.ANT70	T-----G-----G-----AC-----A-----A-----G-----ACA-----AAG-----G-----A-----G-----G-----C-----CC-----G-----T-----A-----CAGG-----TA-----A-----GA-----CGA-----AAC-----GG-----C-----T-----TC-----AGAA-----G-----T-----5253		
O.CM.91.MVP5180	T-----G-----G-----AC-----A-----A-----A-----ACA-----AAG-----G-----A-----G-----G-----C-----CC-----G-----T-----AA-----CA-----G-----TAA-----G-----CGC-----AAC-----CG-----G-----T-----TC-----AGGA-----A-----G-----C-----5228		
O.CM.96.96CMAB637	T-----G-----G-----AC-----C-----A-----A-----G-----ACA-----RAG-----G-----A-----G-----T-----CC-----G-----R-----T-----A-----CARG-----CAAA-----G-----CCA-----AA-----A-----T-----C-----AGAA-----C-----C-----4682		
O.CM.98.98CMA104	T-----G-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----ACA-----AAG-----G-----A-----GTG-----C-----CC-----G-----G-----T-----AA-----CAGG-----TA-----A-----G-----CA-----AC-----AC-----C-----T-----MTCTAGAA-----G-----C-----4684		
O.CM.99.99CMU1122	T-----G-----G-----A-----C-----AA-----G-----ACA-----AG-----G-----A-----G-----C-----C-----G-----G-----T-----AAC-----CAGG-----TA-----A-----GA-----C-----A-----A-----CA-----C-----C-----T-----TT-----AGAA-----G-----C-----4683		
O.SN.99.SEMP1299	T-----G-----G-----AC-----A-----A-----G-----ACA-----AG-----G-----A-----G-----C-----CC-----G-----G-----T-----AA-----CAGG-----GA-----C-----A-----AC-----A-----C-----C-----T-----TCTAGAA-----G-----C-----5252		
O.US.99.99USTWLA	T-----G-----G-----A-----C-----A-----A-----G-----ACA-----AAG-----G-----A-----G-----C-----YC-----G-----T-----T-----AA-----CAGG-----TAA-----G-----C-----A-----AC-----A-----A-----T-----CTAGAA-----C-----4681		
O.FR.92.VAU	T-----G-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----ACA-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----CC-----G-----T-----AA-----CAGG-----TA-----A-----G-----C-----C-----AT-----A-----A-----T-----CTATAA-----GG-----C-----4764		
CPZ.CD.90.ANT	T-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----AGA-----GA-----T-----G-----A-----AT-----TC-----TCC-----G-----C-----A-----GG-----AGA-----TAAAGT-----CT-----AAAC-----AAG-----T-----ATGA-----C-----AG-----A-----G-----AGA-----4637		
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	T-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----T-----CC-----T-----T-----T-----AAAA-----AA-----A-----AA-----AT-----C-----C-----C-----CAT-----A-----G-----TTC-----4778		
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	T-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----AG-----C-----G-----T-----G-----G-----T-----C-----G-----A-----G-----AC-----A-----T-----C-----T-----CAGA-----A-----A-----4770		
CPZ.CM.05.SIVcpzL37	T-----G-----G-----A-----C-----A-----C-----GA-----A-----C-----A-----G-----C-----C-----G-----T-----C-----A-----CA-----A-----C-----C-----T-----G-----TGAA-----A-----G-----4753		
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	T-----G-----G-----A-----C-----A-----A-----AG-----A-----C-----T-----CC-----G-----T-----C-----G-----TA-----C-----AAAT-----C-----C-----C-----TG-----A-----CA-----C-----T-----G-----GGC-----4744		
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	T-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----AG-----A-----C-----T-----G-----T-----T-----CAGG-----AA-----A-----AAAAT-----C-----C-----TG-----A-----CA-----C-----T-----G-----GGC-----4740		
CPZ.GA.88.GAB1	T-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----AG-----T-----T-----T-----T-----AGG-----AAA-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----TCA-----A-----A-----G-----TGC-----5259		
CPZ.TZ.01.TANI	T-----G-----G-----A-----AA-----G-----CA-----G-----A-----ATGA-----A-----AC-----C-----CC-----T-----T-----C-----T-----ACAA-----CAAACTGCTG-----AA-----AAG-----T-----CTGA-----ACA-----A-----G-----GCAGG-----4842		
CPZ.US.85.CPZUS	T-----G-----G-----A-----AA-----C-----C-----A-----A-----G-----AG-----AGG-----T-----T-----C-----G-----T-----T-----C-----AGA-----AA-----A-----C-----C-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----5258		

B.FR.83.HXB2
 Vif
 A1.GE.99.99GEMZ011
 A1.KE.00.KER2008
 A1.KE.00.HH1144
 A1.KE.00.KSM4024
 A1.KE.00.MSA4069
 A1.KE.00.NKU3005
 A1.RU.00.RU00051
 A1.RU.03.03R20_06_13
 A1.RW.93.93RW_024
 A1.SE.95.SE8891
 A1.SE.95.UGSE8131
 A1.TZ.01.A173
 A1.UA.01.01UADN139
 A1.UG.92.92UG037
 A1.UG.99.99UGA07072
 A1.UZ.02.02UZ0659
 A2.CD.97.97CDKS10
 A2.CD.97.97CDKTB48
 A2.CY.94.94CY017_41
 B.AR.04.04AR151516
 B.AU.87.MBC925
 B.BO.99.BOL0122
 B.BR.03.BREPM2012
 B.CA.97.CANB3FULL
 B.CN.05.05CNHB_hp3
 B.CO.01.PCM001
 B.GB.83.CAM1
 B.GB.86.GB8
 B.GE.03.03GEMZ010
 B.IT.05.SG1
 B.JP.05.DR6538
 B.KR.05.05KSR3
 B.NL.00.671_00T36
 B.RU.04.04RU128005
 B.TH.00.00TH_C3198
 B.UA.01.01UAKV167
 B.US.04.ES10_53
 B.US.99.PRB9503_03
 C.AR.01.ARG4006
 C.BR.04.04BR013
 C.BW.00.00BW07621
 C.CN.98.YNRL9840
 C.ET.02.02ET_288
 C.GE.03.03GEMZ033
 C.HL.99.99ET7
 C.IN.99.01INS565_10
 C.KE.00.KER2010
 C.MM.99.mIDU101_3
 C.MW.93.93MW_965
 C.SN.90.90SE_364
 C.SO.89.89SM145
 C.TZ.02.CO178
 C.UY.01.TRA3011
 C.YE.02.02YE511
 C.ZA.04.04ZASK164B1
 C.ZA.05.05ZAPS240B1
 C.ZM.02.02ZM108
 D.CD.83.ELI
 D.CM.01.01CM_0009BBY
 D.KE.01.NKU3006
 D.KR.04.04KBH8
 D.TD.99.MN011
 D.TZ.01.A280
 D.UG.99.99UGK09259
 D.YE.01.01YE386
 D.YE.02.02YE516
 D.ZA.90.R1
 F1.AR.02.ARE933
 F1.BE.93.VI850
 F1.BR.01.01BR125
 F1.ES.x.P1146
 F1.FI.93.FIN9363
 F2.CM.02.02CM_0016BBY
 F2.CM.95.MP257
 F2.CM.97.CM53657
 G.BE.96.DRCBL
 G.CM.01.01CM_4049HAN
 G.CU.x.Cu74
 G.ES.00.XS58
 G.ES.99.X138
 G.GH.03.03GH175G
 G.KE.93.HH8793_12_1
 G.NG.01.01NGPL0669
 G.PT.x.PT2695
 G.SE.93.SE6165
 H.BE.93.V1991
 H.BE.93.V1997
 H.CF.90.056
 J.CD.97.J_97DC_KTB147
 J.SE.93.SE7887
 J.SE.94.SE7022
 K.CD.97.EQTB11C
 K.CM.96.MP535

AGAAAGTACACATCCCTAGGGGAT	GCTAGATTGGTAATAACAACATATTTGGGGCTGCATACAGGAGAAAGAGACTGGCATTGGGTGAGGGAGTCTCCATAGAATGGAGAAAAAGAGATATAGCACACAAGTAGACCTGAACTAGCAGACCAACTAATTC	5362
E V H I P L G D	A R L V I T T Y W G L H T G E R D W H L G Q G V S I E W R K K R Y S T Q V D P E L A D Q L T	
.	4546
.	4561
.	4567
.	4568
.	4569
.	4570
.	4571
.	4572
.	4573
.	4574
.	4575
.	4576
.	4577
.	4578
.	4579
.	4580
.	4581
.	4582
.	4583
.	4584
.	4585
.	4586
.	4587
.	4588
.	4589
.	4590
.	4591
.	4592
.	4593
.	4594
.	4595
.	4596
.	4597
.	4598
.	4599
.	4600
.	4601
.	4602
.	4603
.	4604
.	4605
.	4606
.	4607
.	4608
.	4609
.	4610
.	4611
.	4612
.	4613
.	4614
.	4615
.	4616
.	4617
.	4618
.	4619
.	4620
.	4621
.	4622
.	4623
.	4624
.	4625
.	4626
.	4627
.	4628
.	4629
.	4630
.	4631
.	4632
.	4633
.	4634
.	4635
.	4636
.	4637
.	4638
.	4639
.	4640
.	4641
.	4642
.	4643
.	4644
.	4645
.	4646
.	4647
.	4648
.	4649
.	4650
.	4651
.	4652
.	4653
.	4654
.	4655
.	4656
.	4657
.	4658
.	4659
.	4660
.	4661
.	4662
.	4663
.	4664
.	4665
.	4666
.	4667
.	4668
.	4669
.	4670
.	4671
.	4672
.	4673
.	4674
.	4675
.	4676
.	4677
.	4678
.	4679
.	4680
.	4681
.	4682
.	4683
.	4684
.	4685
.	4686
.	4687
.	4688
.	4689
.	4690
.	4691
.	4692
.	4693
.	4694
.	4695
.	4696
.	4697
.	4698
.	4699
.	4700

B.FR.83.HXB2
Vif
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP.NH1
01_AE.TH.01.01TH.R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PI0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.VI1310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREP12609
29_BF.BR.02.BREP1119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.99TH2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMABB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Table of HIV-1/SIVcpz Complete Genomes alignments. Columns include sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2, Vif, 01_AE.CF.90.90CF11697) and corresponding nucleotide sequences. The sequences are aligned in a grid format, with gaps represented by dashes. The table is organized into columns of sequence blocks, with the first column containing the reference sequence and subsequent columns containing aligned sequences from various sources. The sequences are primarily composed of nucleotides (A, C, G, T) and gaps, with some sequences including additional markers like 'E V H I P L G D' and 'A R L V I T T Y W G L H T G E R D W H L G Q G V S I E W R K K R Y S T Q V D P E L A D Q L I'.

B.FR.83.HXB2
Vif
A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.HI.00.AH1144
A1.KE.00.KSM4024
A1.KE.00.MSA4069
A1.KE.00.NKU3005
A1.RU.00.RU00051
A1.RU.03.03R20_06_13
A1.RW.93.93RW_024
A1.SE.95.SE8891
A1.SE.95.UGSE8131
A1.TZ.01.A173
A1.UA.01.01UADN139
A1.UG.92.92UG037
A1.UG.99.99UGA07072
A1.UZ.02.02UZ0659
A2.CD.97.97CDKS10
A2.CD.97.97CDKTB48
A2.CY.94.94CY017_41
B.AR.04.04AR151516
B.AU.87.MBC925
B.BO.99.BOL0122
B.BR.03.BREPM2012
B.CA.97.CANB3FULL
B.CN.05.05CNHB_hp3
B.CO.01.PCM001
B.GB.83.CAM1
B.GB.86.GB8
B.GE.03.03GEMZ010
B.IT.05.SG1
B.JP.05.DR6538
B.KR.05.05KRS3
B.NL.00.671_00T36
B.RU.04.04RU128005
B.TH.00.00TH_C3198
B.UA.01.01UAKV167
B.US.04.ES10_53
B.US.99.PRB95503
C.AR.01.ARG4006
C.BR.04.04BR013
C.BW.00.00BW07621
C.CN.98.YNRL9840
C.ET.02.02ET_288
C.GE.03.03GEMZ033
C.IJ.99.99ET7
C.IN.99.01IN565_10
C.KE.00.KER2010
C.MM.99.mIDU101_3
C.MW.93.93MW_965
C.SN.90.90SE_364
C.SO.89.89SM_145
C.TZ.02.C0178
C.UY.01.TRA3011
C.YE.02.02YE511
C.ZA.04.04ZASK164B1
C.ZA.05.05ZAPS240B1
C.ZM.02.02ZM108
D.CD.83.ELI
D.CM.01.01CM_0009BBY
D.KE.01.NKU3006
D.KR.04.04KBH8
D.TD.99.MN011
D.TZ.01.A280
D.UG.99.99UGK09259
D.YE.01.01YE386
D.YE.02.02YE516
D.ZA.90.R1
F1.AR.02.ARE933
F1.BE.93.VI850
F1.BR.01.01BR125
F1.ES.x.P1146
F1.FI.93.FIN9363
F2.CM.02.02CM_0016BBY
F2.CM.95.MP257
F2.CM.97.CM53657
G.BE.96.DRCBL
G.CM.01.01CM_4049HAN
G.CU.x.Cu74
G.ES.00.X558
G.ES.99.X138
G.GH.03.03GH175G
G.KE.93.HH8793_12_1
G.NG.01.01NGPL0669
G.PT.x.PT2695
G.SE.93.SE6165
H.BE.93.V1991
H.BE.93.V1997
H.CF.90.056
J.CD.97.J_97DC_KTB147
J.SE.93.SE7887
J.SE.94.SE7022
K.CD.97.EQTB11C
K.CM.96.MP535

ATCTGTATTACTTTGACTGTTTTTCAGACTCTGCTATAAGAAAGGCCCTTTATAGGACACATAGTTAGCCCTAGGTGTGAATATCAAGCAGGACATAAC...AAGGTAGGATCTCTACAATACTTGGCACTAGCAGCATTATAACACCAAAA...AAG 5514
H L Y F D C F S D 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 K
- C - T - - - - - A - C - G - A - A - G - - - - - A - A - C - C - C - C - G - - - - - GAA - G - - - - - GA 4698
- C - T - A - - - - - A - C - G - A - A - - - - - G - A T - - - - - A - A - C - G - - - - - T - A - GAA - G - - - - - G 4713
- C - C - T - C T - - - - - A - C - G - A - A - - - - - A G - - - - - A - A - C - A - C - G - - - - - T - A - G - GAA - G - - - - - C 4719
- C - T - A - - - - - A - C - G - A - A - - - - - A G - - - - - A - C - C - A - - - - - T - A - GAA - G - G - - - - C 4710
- C - T - A - - - - - A - C - G - A - A - - - - - G - A G - - - - - A - C - - - - - T - A - GAA - G - - - - - CC 4713
- T - - - - - A - C - G - A - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - R - - - - - T - GAA - G - - - - - C 4815
- C - T - - - - - A - C - G - G A - A - - - - - A G - - - - - T - A - C - C A - - - - - C - - - - - T - A - GAA - G - - - - - C 4716
- C - T - A - A - - - - - A - C - G - A - A - - - - - G - A - - - - - A - - - - - C - - - - - T - A - GAA - G - - - - - C 4703
- C - T - A - - - - - A - C - G - A - A - - - - - G - G A G - - - - - T - - - - - A - - - - - T - A - GAA - G - - - - - G 4885
- C - T - A - - - - - A - C - G - A - A - - - - - A G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - GAA - G - - - - - T 4713
- C - T - A - - - - - A - C - G - A - A - - - - - G - A G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - A - GAA - G - - - - - G 4713
- C - T - A - - - - - A - C - G - G A - A - - - - - A G - - - - - T - - - - - T - A - G - - - - - T - A - GAG - G - - - - - C 4713
- T - - - - - C - T - A - - - - - A - C - G - A - A - - - - - G - - - - - A - C - C - - - - - C - - - - - T - A - GAG - G - - - - - C 4713
- T - - - - - T - - - - - A - C - G - A - A - - - - - G - A - - - - - T - - - - - C - - - - - G - G - T - T - GAA - G - G T C - C 1631
- T - - - - - T - - - - - A - C - G - G A - A - - - - - G - A - - - - - T - A - C - - - - - T - - - - - G - G - T - T - GAG - G - G T T - C 4854
- T - - - - - T - - - - - A - C - G - A - A - - - - - G - A - - - - - T - - - - - G - G - T - T - GAA - G - G T T - C 4871
- - - - - T - - - - - T - - - - - G - A - - - - - T - - - - - A - - - - - T - - - - - C - - - - - T - - - - - G - A - - - - - G 4736
- - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - T - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G 4734
- - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - G T - - - - - T - - - - - C - T - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G 4939
- C - - - - - T - A - T - - - - - A - - - - - T - A - - - - - G - - - - - T - A - - - - - G - - - - - C - G - - - - - G - - - - - G 4803
- - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - C - C - - - - - G T - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - G - - - - - C 4803
- - - - - T - - - - - T - - - - - A - C - - - - - A - T - - - - - G T G - - - - - T - - - - - C A - T - C - A - - - - - G - - - - - G - - - - - G 5513
- - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - T - A - - - - - G - - - - - A - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C 4719
- - - - - C - T - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - G A T - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - G - - - - - C 5516
- - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - T - C - - - - - G T - C - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - G 5534
- - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - G A - A - - - - - G T T - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - A G 4719
- - - - - T - - - - - A - - - - - A G - - - - - C - T A - - - - - G T - - - - - T - - - - - T T A - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G 5316
- - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - C - T A - - - - - G T - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - G - - - - - G - - - - - A G 5518
- - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - A - - - - - G T T - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - G 5523
- - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - K - Y - - - - - T - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - C - A - - - - - G - - - - - A - - - - - T 5079
- - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - T - A - - - - - T G - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - C - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C 5005
- - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - G G - - - - - G - G T - A - T G - - - - - G T T - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - G - - - - - G - - - - - G 4728
- - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - - - - - G T T - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - C - G - - - - - G 4740
- - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - C - G - - - - - G 4734
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - G 4698
- - - - - A C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - G A - - - - - G T - A 4978
- - - - - A C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - G - A - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - C - - - - - C - - - - - G 4867
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - A G - - - - - T T - - - - - T A A T - - - - - C 4701
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - G - - - - - G 4716
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - G 4695
- - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - G 4895
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - G 4695
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4868
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4701
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4683
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4695
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4685
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4688
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4918
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 5483
- - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 5060
- - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4713
- - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4719
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 5473
- - - - - A C - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G 4738
- - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4715
- - - - - T - - - - - A - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4719
- - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4713
- - - - - A C A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4725
- - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4863
- - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - C A - - - - - A - - - - - C - - - - - G G G A - - - - - A - - - - - T - - - - - G - A - - - - - A - - - - - C - - - - - G 4808
- - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4854
- - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4959
- - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4791
- - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4843
- - - - - A A A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4707
- - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - A - - - - - T - - - - - T 4726
- - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G 4707
- - - - - C - - - - - T - - - - - A - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - G - - - - - T - - - - - T 5471
- - - - - C - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - G - A G - - - - - A - - - - - G - - - - - G - - - - - C 5118
- - - - - C - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - A A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4716
- - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - A A - - - - - A G A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4952
- - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C 4955
- - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - G - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 5554
- - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - T - A - - - - - A - - - - - G - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4844
- - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - G A T - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4719
- - - - - A C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - G G A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 5456
- - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4911
- - - - - T - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - T A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4903
- - - - - A C C C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G G G A - - - - - A - - - - - G A G - - - - - T - - - - - T - - - - - C - - - - - T T - - - - - C 4838
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - G T G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - A 4861
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A G - - - - - G - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4708
- - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - C - - - - - G 4828
- - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4829
- - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - G - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4706
- - - - - A - - - - - T - - - - - T - - - - - A - - - - - A G - - - - - G - A - - - - - C - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T - - - - - T 4710

B.FR.83.HXB2
 Vif
 01_AE.CF.90.90CF11697
 01_AE.CN.05.F1051
 01_AE.CN.06.F1054
 01_AE.HK.x.HK001
 01_AE.JP.93.93JP.NH1
 01_AE.TH.01.01TH.R2184
 01_AE.TH.02.OUR7691
 01_AE.TH.90.CM.240
 01_AE.US.00.00US_MSC1164
 02_AG.CM.02.02CM_4082STN
 02_AG.EC.x.ECU41
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.GH.03.GHNJ196
 02_AG.NG.01.PL0710
 02_AG.NG.x.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 02_AG.SN.98.MP1211
 02_AG.UZ.02.02UZ710
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 04_cpx.CY.94.CY032
 05_DF.BE.x.V11310
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.RU.05.04RU001
 07_BC.CN.97.CNS4
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 11_cpx.GR.x.GR17
 12_BF.AR.99.ARMA159
 13_cpx.CM.96.1849
 14_BG.DE.01.9196_01
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 16_A2D.KR.97.97KR004
 18_cpx.CU.99.CU76
 19_cpx.CU.99.CU7
 20_BG.CU.03.CB471
 21_A2D.KE.91.KNH1254
 23_BG.CU.03.CB118
 24_BG.CU.03.CB378
 25_cpx.CM.01.101BA
 27_cpx.CD.97.97CDKTB49
 28_BF.BR.99.BREP12609
 29_BF.BR.02.BREP1119
 31_BC.BR.02.110PA
 33_01B.MY.05.05MYKL007_1
 34_01B.TH.99.OUR2478P
 35_AD.AF.05.05AF095
 36_cpx.CM.00.00CMNYU830
 37_cpx.CM.00.00CMNYU926
 42_BFLU.03.luBF_05_03
 N.CM.02.DJO0131
 N.CM.04.04CM_1015_04
 N.CM.04.04CM_1131_03
 N.CM.95.YBF30
 N.CM.97.YBF106
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.91.MVP5180
 O.CM.96.96CMAB637
 O.CM.98.98CMA104
 O.CM.99.99CMU4122
 O.SN.99.99SEMP1299
 O.US.99.99USTWLA
 O.FR.92.VAU
 CPZ.CD.90.ANT
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
 CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
 CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
 CPZ.GA.88.GAB1
 CPZ.TZ.01.TANI
 CPZ.US.85.CPZUS

ATCTGTATTACTTTGACTGTTTTTCAGACTCTGCTATAAGAAAGGCCCTATTAGGACACATAGTTAGCCCTAGGTGTGAATATCAAGCAGGACATAAC...AAGGTAGGATCTCTACAATACTTGGCACTAGCAGCATTATAACACCAAAA...AAG 5514
 H L Y L Y F D C F S D 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 K
 ---C-A-T-----G-A-A-G-----AG-----A-----C-A-----G-----T-----GAA-----GC-----5463
 ---AAC-A-T-----C-----G-GA-A-----AG-----AAG-----T-----C-T-----T-----GAA-----C-----5524
 ---AC-A-T-----G-----C-G-GA-A-C-----AG-----ATA-A-----C-T-----T-----GAA-----C-----G-----5539
 01_AE.HK.x.HK001
 ---AC-A-T-----G-----C-G-GA-A-----AG-----A-A-G-A-----C-T-----G-----C-T-----GAA-T-----C-----GG-4876
 01_AE.JP.93.93JP.NH1
 ---AC-A-T-----C-----G-GA-A-----AG-----A-A-G-A-----C-T-----G-----C-T-----GAA-G-----C-----5516
 01_AE.TH.01.01TH.R2184
 ---AC-A-T-----C-----G-GT-A-----AG-----AAG-----C-----C-T-----G-----C-T-----GAA-G-----C-----5516
 01_AE.TH.02.OUR7691
 ---AC-A-T-----G-----C-----G-GA-A-----AG-----AAG-----C-----C-T-----T-----GAA-----G-----54713
 01_AE.TH.90.CM.240
 ---AC-A-T-----C-----G-GA-A-----AG-----AAG-----C-----C-T-----T-----GAA-----C-----5089
 01_AE.US.00.00US_MSC1164
 ---C-C-C-T-----A-----C-----G-A-A-----AG-----A-----A-----T-----C-----GT-----T-----AA-----G-----G-----4713
 02_AG.CM.02.02CM_4082STN
 ---C-T-C-T-----A-----C-----G-A-A-----G-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----T-----AA-----C-----G-----G-----4610
 02_AG.EC.x.ECU41
 ---CT-C-T-----A-----C-----G-A-A-C-----AG-----A-----T-----T-----C-----A-----T-----AA-----G-----GT-----4863
 02_AG.FR.91.DJ264
 ---C-T-----T-----A-----C-----G-A-T-C-----AG-----A-----T-----C-----GT-----A-----T-----GAA-----G-----C-----5543
 02_AG.GH.03.GHNJ196
 ---C-C-C-T-----C-----G-A-A-----G-----G-AC-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----T-----GAA-----C-----GA-----4698
 02_AG.NG.01.PL0710
 ---C-C-C-T-----A-T-----C-----G-A-A-----G-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----T-----GAA-----G-----C-----5489
 02_AG.NG.x.IBNG
 ---C-C-C-T-----C-----G-A-A-----G-----A-----A-----T-----C-----T-----G-----T-----GAA-----G-----C-----4886
 02_AG.SE.94.SE7812
 ---C-C-C-T-----A-----C-----G-A-A-----AG-----A-----A-----T-----T-----G-----G-----T-----GAA-----G-----C-----4711
 02_AG.SN.98.MP1211
 ---C-C-C-T-----AA-----C-----G-A-A-----G-----A-----G-----C-----T-----G-----T-----T-GAA-----G-----C-----4704
 02_AG.UZ.02.02UZ710
 ---C-C-T-----T-----A-----T-----A-----T-----G-----T-----T-----G-----G-----T-----G-----G-----4740
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 ---A-C-----T-----A-----C-----G-A-A-----T-----G-----T-----T-----T-----CT-----C-----T-----C-----4880
 04_cpx.CY.94.CY032
 ---G-----T-----T-----A-----C-----T-----A-----GT-----T-----G-----T-----CT-----G-----T-----A-----4896
 05_DF.BE.x.V11310
 ---A-AC-----T-----A-----C-----G-A-A-----T-----G-----A-----T-----G-----TC-----A-----T-----A-----G-----G-----5542
 06_cpx.AU.96.BFP90
 ---A-C-----T-----A-----C-----G-A-A-----T-----A-----T-----G-----G-----TC-----AA-----C-----A-----G-----5169
 06_cpx.RU.05.04RU001
 ---T-----T-----T-----G-----A-----G-A-A-----TT-----C-----TAAT-----GA-----G-----A-----4879
 07_BC.CN.97.CNS4
 ---A-----T-----T-----G-----A-----C-----G-A-A-----G-----TT-----C-----TAAT-----GA-----C-----G-----A-----4697
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 ---A-AC-----T-----A-----C-----G-A-A-----G-----G-----T-----T-----C-----TAAT-----GA-----A-----AC-----G-----A-----4716
 09_cpx.GH.96.96GH2911
 ---A-C-----T-----T-----G-----A-----C-----G-A-A-----AG-----CT-----A-----T-----A-----C-----T-----A-----T-----4893
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 ---A-C-C-----T-----G-----A-----C-----G-A-A-----T-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----T-----T-----GAA-----G-----4816
 11_cpx.GR.x.GR17
 ---A-A-----T-----T-----A-----C-----G-A-A-----T-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----T-----G-----G-----T-----G-----5519
 12_BF.AR.99.ARMA159
 ---AC-C-----T-----C-----G-A-A-----T-----G-----C-----T-----TC-----T-----A-----G-----CAC-----4919
 13_cpx.CM.96.1849
 ---C-----T-----AA-----G-----T-----A-----T-----A-----T-----G-----T-----C-----C-----C-----5031
 14_BG.DE.01.9196_01
 ---C-C-T-----T-----A-----G-----A-----G-----AT-----T-----A-----T-----G-----CT-----T-----GAA-----G-----C-----4955
 14_BG.ES.99.X397
 ---AC-A-T-----A-----C-----G-GA-A-----AG-----ATA-----T-----T-----C-----C-----T-----GAA-----C-----G-----4910
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 ---C-----T-----A-----C-----G-A-A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----T-----T-G-----GGTGA-----C-----GA-----4877
 16_A2D.KR.97.97KR004
 ---C-----T-----A-----C-----G-G-T-----A-----T-----G-----T-----T-----TC-----T-----GAA-----G-----T-----C-----4819
 18_cpx.CU.99.CU76
 ---C-----T-----T-----C-----G-A-A-----AG-----A-----A-----T-----T-----G-----T-----GAA-----G-----C-----4740
 19_cpx.CU.99.CU7
 ---A-C-----T-----CA-----C-----G-A-A-----G-ACA-----A-----T-----G-----T-----GAA-----G-----T-----C-----4954
 20_BG.CU.03.CB471
 ---A-----T-----A-----C-----G-A-A-----AGAT-----T-----A-----C-----G-----G-----T-----T-----AA-----G-----G-----TG-----4719
 21_A2D.KE.91.KNH1254
 ---AA-----T-----T-----A-----GT-----A-----T-----T-----T-----G-----T-----GAA-----G-----C-----4957
 23_BG.CU.03.CB118
 ---A-C-----T-----CA-----T-----C-----C-----G-A-A-----T-----T-----C-----G-----C-----GT-----T-----GAA-----G-----C-----4939
 24_BG.CU.03.CB378
 ---A-C-----T-----A-----C-----G-A-A-----GT-----T-----T-----G-----G-----C-----T-----T-----AA-----G-----G-----C-----4722
 25_cpx.CM.01.101BA
 ---AC-C-----T-----A-----C-----G-A-A-----T-----G-----T-----A-----C-----T-----TC-----A-----T-----C-----G-----4722
 27_cpx.CD.97.97CDKTB49
 ---T-----C-----T-----A-----G-----T-----A-----GT-----A-----T-----A-----G-----T-----A-----C-----A-----G-----4880
 28_BF.BR.99.BREP12609
 ---TCAC-----T-----A-----T-----A-----GT-----AT-----G-----CA-----C-----G-----A-----C-----A-----G-----4688
 29_BF.BR.02.BREP1119
 ---A-C-----T-----T-----G-----C-----G-A-A-----T-----G-----A-----A-----C-----T-----C-----YC-----GA-----C-----C-----A-----4948
 31_BC.BR.02.110PA
 ---AA-----T-----A-----C-----G-GA-A-----AG-----ATA-----A-----C-----C-----T-----C-----T-----GAA-----T-----C-----A-----4893
 33_01B.MY.05.05MYKL007_1
 ---AC-A-T-----A-----C-----G-GA-A-----AG-----A-----G-----CGT-----C-----T-----A-----GAA-----C-----C-----4716
 34_01B.TH.99.OUR2478P
 ---C-----T-----A-----C-----G-A-T-----A-----AG-----C-----C-----T-----T-----T-----A-----T-----GAA-----G-----C-----4707
 35_AD.AF.05.05AF095
 ---C-C-T-----T-----C-----G-A-A-----A-----A-----T-----C-----T-----C-----T-----G-----GAA-----G-----C-----4719
 36_cpx.CM.00.00CMNYU830
 ---C-----T-----C-----G-CA-----A-----GA-----A-----C-----GT-----T-----GAA-----G-----C-----4704
 37_cpx.CM.00.00CMNYU926
 ---C-----T-----A-----TA-----A-----T-----G-----T-----C-----G-----A-----A-----5052
 42_BFLU.03.luBF_05_03
 ---T-----T-----A-----T-----A-----C-----C-----GC-----A-----GG-----C-----GAGACC-----ATT-----CG-----G-----C-----T-----C-----CA-----T-----G-----C-----TC-----A-----CA-----C-----GGG-----GGG-----GT-----G-----5020
 N.CM.02.DJO0131
 ---T-----T-----T-----A-----T-----C-----C-----GC-----A-----GG-----C-----GAGACA-----ATTT-----CT-----G-----C-----C-----ATA-----CT-----TC-----A-----T-----A-----T-----GGG-----GGG-----AT-----G-----5019
 N.CM.04.04CM_1015_04
 ---T-----T-----T-----A-----CG-----C-----C-----A-----AA-----C-----GAGACA-----ATTT-----CT-----G-----C-----T-----C-----CA-----CT-----TC-----A-----T-----A-----T-----GGG-----GGG-----AT-----G-----5018
 N.CM.04.04CM_1131_03
 ---TC-----T-----T-----A-----C-----C-----GC-----A-----GG-----C-----GAGACC-----ATTA-----C-----C-----A-----C-----CA-----C-----TC-----A-----A-----C-----GGG-----GGG-----G-----G-----5108
 N.CM.95.YBF30
 ---TGT-----T-----A-----T-----A-----CT-----C-----GC-----A-----GG-----C-----GAGACC-----GTTA-----M-----CG-----G-----C-----M-----C-----CA-----C-----TC-----A-----M-----A-----C-----RGG-----GGG-----GT-----G-----5106
 N.CM.97.YBF106
 ---C-----T-----AC-----A-----CA-----A-----AG-----C-----G-----A-----CC-----G-----G-----ACTGA-----C-----A-----C-----CTA-----GT-----C-----GA-----A-----CTGA-----A-----T-----AG-----G-----G-----A-----G-----G-----GC-----5569
 O.BE.87.ANT70
 ---C-----T-----CACA-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----TC-----G-----G-----G-----G-----G-----CTGA-----C-----A-----C-----TG-----GT-----C-----GA-----A-----T-----A-----CT-----GAA-----G-----G-----A-----A-----GT-----GA-----5544
 O.CM.91.MVP5180
 ---C-----T-----CAC-----A-----GG-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----TC-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----CTGA-----C-----C-----CT-----GT-----C-----GA-----A-----G-----CT-----C-----A-----T-----AG-----G-----GG-----A-----GAC-----GA-----4998
 O.CM.96.96CMAB637
 ---T-----T-----CAC-----A-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----ACC-----G-----G-----G-----ACTGA-----C-----A-----C-----CT-----A-----GT-----C-----GA-----A-----G-----CTAC-----A-----TT-----AG-----T-----G-----G-----A-----GA-----5000
 O.CM.98.98CMA104
 ---AAC-----T-----AC-----A-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----CA-----G-----G-----A-----AYTGA-----C-----A-----CTCT-----GT-----C-----GA-----AT-----G-----CTAC-----A-----T-----AG-----T-----G-----G-----A-----GA-----4999
 O.CM.99.99CMU4122
 ---A-----T-----C-----A-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----CC-----G-----G-----ACTGA-----C-----C-----CT-----GT-----C-----GA-----A-----G-----CTAC-----A-----T-----AG-----T-----GG-----G-----A-----AG-----GA-----5568
 O.SN.99.99SEMP1299
 ---C-----C-----CAC-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----A-----GTC-----G-----G-----ACTGA-----C-----TC-----TAA-----GT-----C-----GA-----A-----CT-----A-----CT-----AG-----T-----G-----G-----GG-----GA-----CA-----4997
 O.US.99.99USTWLA
 ---C-----C-----AC-----A-----G-----A-----A-----T-----G-----GA-----ACTC-----G-----G-----G-----G-----C-----CTA-----CA-----C-----CT-----A-----GT-----C-----GA-----A-----GCT-----C-----A-----CT-----AG-----G-----G-----A-----G-----G-----GA-----5080
 O.FR.92.VAU
 CPZ.CD.90.ANT
 ---C-AA-----T-----CCC-----TCAA-----AG-----C-----A-----AA-----CC-----G-----A-----G-----A-----ATTGA-----ATAC-----CC-----C-----CA-----GAAG-----GT-----C-----GA-----A-----G-----G-----T-----A-----TT-----TTGTAAGA-----CC-----GA-----TTC-----G-----GGATAC-----C-----CCCAAGGT-----4971
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
 ---CTCT-----A-----T-----T-----G-----C-----C-----GA-----TA-----G-----T-----T-----AGAA-----CC-----CT-----CAG-----A-----C-----GG-----C-----CA-----C-----T-----C-----A-----TT-----A-----T-----G-----A-----GA-----G-----5097
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
 ---C-----T-----T-----A-----C-----C-----GC-----A-----GG-----C-----GAGACC-----A-----TA-----A-----C-----CT-----G-----A-----C-----C-----C-----TC-----T-----AT-----C-----GGG-----GGG-----GT-----C-----G-----5086
 CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
 ---T-----A-----T-----A-----T-----G-----A-----C-----G-----A-----GAG-----A-----T-----C-----C-----G-----A-----A-----C-----T-----A-----CT-----T-----C-----T-----CA-----AG-----C-----G-----CCA-----5069
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
 ---T-----C-----T-----T-----A-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----A-----GAG-----A-----A-----C-----A-----C-----A-----GAG-----T-----T-----T-----GT-----A-----A-----AG-----C-----CA-----5067
 CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
 ---C-----TC-----T-----T-----A-----CAA-----C-----C-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----GGC-----CC-----A-----TC-----C-----A-----G-----C-----G-----G-----T-----G-----T-----AAGCAG-----GG-----T-----A-----A-----C-----G-----5056
 CPZ.GA.88.GAB1
 ---CTCT-----A-----T-----T-----C-----G-----AA-----C-----GA-----TA-----G-----GC-----T-----AGCG-----C-----T-----CA-----A-----C-----GG-----C-----CT-----G-----T-----C-----AA-----T-----T-----GAG-----G-----5578
 CPZ.TZ.01.TANI
 ---CACTAGG-----T-----AC-----G-----T-----CAGGA-----AG-----TC-----GC-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----ATTGA-----ATTC-----CC-----C-----T-----C-----GA-----C-----GA-----T-----A-----TT-----CAG-----AAGG-----G-----TGAGAGCC-----GATAAACAGCCAAAGGGA-----5176
 CPZ.US.85.CPZUS
 ---C-----T-----T-----A-----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-----A-----5574

B.FR.83.HXB2
 Tat exon 1
 Vpu
 Rev exon 1
 01_AE.CF.90.90CF11697
 01_AE.CN.05.FJ051
 01_AE.CN.06.FJ054
 01_AE.HK.x.HK001
 01_AE.JP93.93JP.NH1
 01_AE.TH.01.01.TH.R2184
 01_AE.TH.02.OUR.7691
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.US.00.00US_MSC1164
 02_AG.CM.02.02CM_4082STN
 02_AG.EC.x.EC041
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.GH.03.GHNJ196
 02_AG.NG.01.PL0710
 02_AG.NG.x.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 02_AG.SN.98.MP1211
 02_AG.UZ.02.02UZ710
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 04_cpx.CY.94.CY032
 05_DF.BE.x.VI1310
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.RU.05.04RU001
 07_BC.CN.97.CN54
 08_BC.CN.97.97CNXG_6F
 09_cpx.GH.96.96GH291
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 11_cpx.GR.x.GR17
 12_BF.AR.99.ARMA159
 13_cpx.CM.96.1849
 14_BG.DE.01.9196_01
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 16_A2D.KR.97.97KR004
 18_cpx.CU.99.CU76
 19_cpx.CU.99.CU7
 20_BG.CU.03.CB471
 21_A2D.KE.91.KNH1254
 23_BG.CU.03.CB118
 24_BG.CU.03.CB378
 25_cpx.CM.01.101BA
 27_cpx.CD.97.97CDKTB49
 28_BF.BR.99.BREPM12609
 29_BF.BR.02.BREPM119
 31_BC.BR.02.110PA
 33_01B.MY.05.05MYKL007_1
 34_01B.TH.99.OUR2478P
 35_AD.AF.05.05AF095
 36_cpx.CM.00.00CMNYU830
 37_cpx.CM.00.00CMNYU926
 42_BFLU.03.luBF_05_03
 N.CM.02.DIO0131
 N.CM.04.04CM_1015_04
 N.CM.04.04CM_1131_03
 N.CM.95.YBF30
 N.CM.97.YBF106
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.91.MVP5180
 O.CM.96.96CMAB637
 O.CM.98.98CM104
 O.CM.99.99CMU4122
 O.SN.99.SEMP1299
 O.US.99.99USTWLA
 O.FR.92.VAU
 CPZ.CD.90.ANT
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAML13
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
 CPZ.CM.05.SIVcpzLBT
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
 CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
 CPZ.GA.88.GAB1
 CPZ.TZ.01.TANI
 CPZ.US.85.CPZUS

Tat Rev exon 1 end_intron start Vpu start (ACG in HXB2)
 AAGA.....GCTCATCAGAACAGCTCAGACTCATCAAGCTCTCTATCAAGACGATAA.....GTAGTACATGTAACCGAACCTTACCAATAGTGAATAGTAGTACGAATAAATAGCAATAGTTGTGGTCCATAGTA 6139
 R A H Q N S Q T H Q A S L S K Q
 E E L I R T V R L I K L L Y Q S
 01_AE.CF.90.90CF11697GTATTA---T---T---T---G---A---CTAG---G---C---GA---GC---CT---A---A---A---T---G 6091
 01_AE.CN.05.FJ051CA---GAC---AA---C---G---C---G---T---AC---T---GA---TAGT---G---C---A---GC---CT---A---A---A---T---G 6145
 01_AE.CN.06.FJ054GTAATA---T---T---AC---T---GGA---TAGT---G---C---GA---GC---CT---A---A---A---T---G 6166
 01_AE.HK.x.HK001GTATTTGTAAAATA---A---T---AC---C---T---A---TAGT---G---C---GA---GC---CT---A---A---A---T---G 5512
 01_AE.JP93.93JP.NH1GTAATA---T---T---TC---T---GGA---TAGT---G---C---GA---GC---CT---A---A---A---T---G 6144
 01_AE.TH.01.01.TH.R2184GTAATA---T---T---TC---T---GGA---TAGT---G---C---GA---GC---CT---A---A---A---T---G 5342
 01_AE.TH.02.OUR.7691GTAATA---T---T---TC---T---GGA---TAGT---G---C---GA---GC---CT---A---A---A---T---G 5341
 01_AE.TH.90.CM240GTAATA---T---T---AC---T---GGA---TAGT---G---C---GA---GC---CT---A---A---A---T---G 5710
 01_AE.US.00.00US_MSC1164GTAATA---T---T---AC---T---G---T---TAGT---G---C---GAC---GC---CT---A---A---T---G 5347
 02_AG.CM.02.02CM_4082STNGTAGTAATAACC---T---G---T---T---G---C---CT---G---G---C---GC---C---A---G 5347
 02_AG.EC.x.EC041GTACATAAT---T---G---G---T---T---GA---CT---G---C---T---C---GC---CT---A---AG 5243
 02_AG.FR.91.DJ264GTAGTAATAAT---T---G---T---A---T---GA---CT---G---C---T---C---GC---GC---G---A 5497
 02_AG.GH.03.GHNJ196GTAGTGCAT---T---A---G---T---T---CT---GT---G---C---T---C---GC---C---A---AG 6177
 02_AG.NG.01.PL0710GTAGTAAGAAT---T---T---T---T---AA---CT---G---C---T---C---GC---C---CG---A---T 5332
 02_AG.NG.x.IBNGGTAGTAATAAT---C---T---G---T---T---A---ACT---G---C---T---C---GC---C---AG 5672
 02_AG.SE.94.SE7812GTAGTAATAAT---C---T---G---T---A---CT---GAC---T---G---C---T---C---GC---C---A 5520
 02_AG.SN.98.MP1211GTAGTAAGAATTAAT---T---G---T---T---G---G---CT---G---C---T---C---GC---C---A 5350
 02_AG.UZ.02.02UZ710GTAGTAATAAT---TC---G---T---T---T---GA---T---G---C---T---C---GC---C---A 5338
 03_AB.RU.97.KAL153_2GTATTA---T---T---TT---CTGGGA---CTGG---G---C---G---GC---T---T---A---A---TT---G 5364
 04_cpx.CY.94.CY032GTATTA---T---T---TT---CTGGGA---CTGG---G---C---G---GC---T---T---A---A---TT---G 5512
 05_DF.BE.x.VI1310GTAGTGATAA---CT---T---TC---GA---C---G---T---A---G---A---C---T---T---A---ATT---G 5530
 06_cpx.AU.96.BFP90GTAATAATAATGACTA---TG---T---GG---AT---GAG---CT---G---C---A---T---CT---GC---C---A---T 6178
 06_cpx.RU.05.04RU001GTATCTAGT---GT---T---GG---AT---GAG---TCT---G---C---A---TTC---T---GC---C---A---T 5802
 07_BC.CN.97.CN54GTAATAATAATGACTA---TG---T---GG---AT---GAG---CT---G---C---A---T---CT---GC---C---A---T 5503
 08_BC.CN.97.97CNXG_6FGTATAATIAAA---AGCTC---T---T---GA---T---GA---G---G---GA---C---C---C---A---A---A 5315
 09_cpx.GH.96.96GH291GTATAATIAAA---AGCTC---T---T---GA---T---GA---G---G---GA---C---C---C---A---A---A 5315
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061GTGCTAAATAGTAATGTAATGT---AGTTTAC---G---AAG---GTATATTAT---A---T---CG---G---G---A---C---A---AT---G 5539
 11_cpx.GR.x.GR17GTATAATGATTA---GC---GT---ATG---TAA---TTTGCGA---AGT---AGCAT---G---CT---G---TAGCAGCATTTA---T---A---A---T---C 5452
 12_BF.AR.99.ARMA159GTATTA---T---T---TT---CTGGGA---CTGG---G---C---G---GC---T---T---A---A---TT---G 6143
 13_cpx.CM.96.1849GTATAATTAATAGTAT---T---A---TG---T---A---AGC---A---A---T---T---TT---G---A---A---C 5552
 14_BG.DE.01.9196_01GTAGTAATAAT---T---T---A---AT---GA---TCT---G---C---A---GC---GC---C---A---AT---C 5665
 14_BG.ES.99.X397GTAGTAATAAT---T---T---T---AT---GA---TCT---G---C---A---GGC---GC---C---A---AT---T 5589
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079GTAATA---T---T---TC---T---GA---TAGT---G---C---GA---CT---A---A---T---G 5538
 16_A2D.KR.97.97KR004GTAGTAGTTCT---A---G---T---A---TT---T---A---T---GT---G---G---A---GTC---GA---T---C---CT---G---A---A---T 5508
 18_cpx.CU.99.CU76GTAGT---GTAGT---G---T---KGGK---T---TGA---GT---A---A---TT---T---T---G---TG---A---A---T 5441
 19_cpx.CU.99.CU7GTAGT---GTAGT---G---T---GG---T---A---CT---G---C---A---T---C---GC---C---A---A---T---G 5364
 20_BG.CU.03.CB471GTAGTGACAAT---T---T---T---GC---GA---CT---G---A---GGC---GC---C---A---G---T 5588
 21_A2D.KE.91.KNH1254GTATTAACAAT---T---G---T---CT---AC---GA---CT---G---A---GGC---GC---C---A---G---T 5343
 23_BG.CU.03.CB118GTAGTGACAAT---TC---T---T---AC---GA---CT---G---A---GGC---GC---C---A---G---T 5591
 24_BG.CU.03.CB378GTAGTGACAAT---TC---T---T---AC---GA---CT---G---A---GGC---GC---C---A---G---T 5579
 25_cpx.CM.01.101BAGTAATAATAA---C---T---T---T---CT---GA---TGT---GGC---A---T---C---GC---G---A---T---G 5356
 27_cpx.CD.97.97CDKTB49GTACTTAAATAGT---C---T---G---G---T---GA---AGC---A---A---T---T---C---T---G---A---A---G 5355
 28_BF.BR.99.BREPM12609GTACTTAAATAGT---C---T---G---G---T---AT---C---T---G---C---T---A---A---A---G 5504
 29_BF.BR.02.BREPM119GTACTTAAATAGT---C---T---G---G---T---AT---C---T---G---C---T---A---A---A---G 5312
 31_BC.BR.02.110PAGTATTCAATAGTAGATGTAATGT---AGCTTAA---GATA---ATAGATTAT---G---G---S---GA---A---C---C---A---A---T---T 5593
 33_01B.MY.05.05MYKL007_1GTAATA---T---T---A---AC---T---GGA---TAGT---G---C---GA---C---GC---CTC---A---A---T---G 5527
 34_01B.TH.99.OUR2478PGTAATAAGTATAT---ATGTC---C---TTTG---G---A---TAGT---GGC---A---GC---CT---A---ATT---G 5344
 35_AD.AF.05.05AF095GTAGTAGCAATAGTACAT---AGCTCC---TTTG---A---AT---CT---G---C---G---G---GC---CC---A---T---G 5341
 36_cpx.CM.00.00CMNYU830GTAGTAGTAATAGTATAT---GATGCA---T---TTT---A---AT---CT---C---G---C---T---C---GC---C---G---A---T 5357
 37_cpx.CM.00.00CMNYU926GTAGTAATAACTAGTATAT---GATGCA---C---TTT---A---AT---TATT---G---G---T---C---GC---C---A---T---G 5339
 42_BFLU.03.luBF_05_03GTAGTACT---ATGCA---T---TTT---G---G---T---G---G---T---Y---GC---T---A---A---G 5676
 N.CM.02.DIO0131AA---GC---TATATG---TGGAGTGGGG---T---C---GCGT---G---G---G---C---A---T---G---A---AA---C---GTTT---C 5635
 N.CM.04.04CM_1015_04AA---AC---TATATG---TGTC---TTGGG---T---CT---GCGC---C---GGG---G---C---A---T---G---G---A---AA---C---GTAT---C 5634
 N.CM.04.04CM_1131_03AA---AC---TATATG---TGA---TTGGG---T---CAT---GCGT---T---GGG---G---C---A---T---G---G---A---AA---C---GTGT---C 5633
 N.CM.95.YBF30AA---C---TATATG---TGTC---TTGGG---T---CAT---GCGT---G---G---C---C---A---T---G---G---A---AA---C---GTAT---C 5723
 N.CM.97.YBF106GTAAC---TATATG---TTGGTGGG---T---CAT---GCGT---G---G---C---C---A---T---G---G---A---AA---C---GTAT---C 5720
 O.BE.87.ANT70ACGC---T---T---A---GGGACC---GC---A---ATTA---TAGT---CTTTGC---GT---T---AATG---C---A---T---GGGT---TA---T 6187
 O.CM.91.MVP5180ACGC---G---T---T---AAGAGAAC---GC---CT---A---T---AGT---CTTTGTGC---T---AATG---C---A---A---TGT---TAAC 6174
 O.CM.96.96CMAB637ACGC---T---A---TTA---AGGA---GC---AGCT---A---TTG---TAGT---TTTG---TC---TGC---T---GA---A---ATG---TA 5628
 O.CM.98.98CM104ACG---TAA---GCATT---TAGGAC---TGT---C---TT---A---T---TACT---CTT---GCTT---C---T---AATG---C---T---A---AG---TA---T 5627
 O.CM.99.99CMU4122ACG---TAA---GCATT---TAGGAC---TGT---C---TT---A---T---TACT---CTT---GCTT---C---T---AATG---C---A---CTGT---T 5626
 O.SN.99.SEMP1299ACGC---T---T---A---GGGACC---GC---T---A---TACTAGT---CTTTGC---GC---T---CAATG---C---A---A---AT---TA---T 6198
 O.US.99.99USTWLATCG---CAA---GCA---T---CAAGGACTTGC---T---CTT---C---CTTATAGT---CTT---GTTT---C---T---C---A---CGCGC---A---ATG---T---G 5627
 O.FR.92.VAUACG---GCA---GCAT---T---AGGGC---TGT---TT---CATTAT---CTT---GCTT---C---T---AATG---C---A---ATG---TAAT 5710
 CPZ.CD.90.ANTC---CTTAA---G---TA---TATAT---TGAGTAT---CTTTTC---T---CCTTTAGTA---C---TGG---TATCTGTA---ACCTACTACT---TATAAG 5574
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAML13T---TATCT---GAC---T---GA---TT---CTTT---GGTTGC---C---T---C---T---CCT---AATT---TAC---TAAC 5699
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505GTAA---CTATATAT---T---TTGTTG---TAT---ACT---G---T---CA---G---C---GCTT---G---GAGA---TC---A---A---AATAGT---TTGG 5704
 CPZ.CM.05.SIVcpzLBTGTAC---C---T---A---TGT---AGT---AATATATGAACT---AT---GA---T---G---A---GCTT---G---T---GA---CT---CA---A---AATAGT---TTGG 5695
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66GTAATTCATGCAGA---TATGC---TAGG---TTT---ATGGATAT---G---GCAGCA---G---GCTT---T---GA---TT---GA---TA---CATAGTA---TTGG 5703
 CPZ.CM.05.SIVcpzMT145GTAAAAG---CTCACATGCAGCTAG---AT---G---G---T---A---TT---T---CA---T---A---GC---T---T---GCT---T---T---TTGGA---A---CAGCT---AT---AA 5681
 CPZ.GA.88.GAB1T---ACT---C---GTT---G---C---GCTT---G---TC---CAT---GCTT---TGGAAC---TTG---A---A---GGATAC---G 6191
 CPZ.TZ.01.TANITCCATGA---AAAT---GTAG---GGG---GT---GT---CTAAT---TCA---GCA---TCTTTGT---T---CTG---TT---AA---G---GGAGCT---G 5771
 CPZ.US.85.CPZUSGTGCCCT---TTGTC---A---GCTTA---TTGTT---TGA---GTTT---C---TT---GG---A---A---GT---TT---G---T---G---A---CTG---G---ACTAG---T---CT 6219

Table with columns for accession numbers (e.g., B.FR.83.HXB2, V.pu, Env), amino acid sequences, and positions (6270). Includes a reference sequence at the top with 'Env start' and 'M R V K E' markers.

Vpu end
Env signal peptide end Env gp120 start

Table with columns for sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2, 01_AE.CF.90.90CF11697) and corresponding nucleotide sequences. The sequences are aligned across multiple lines, showing conserved regions and variations. The alignment starts with 'GATGGGGCACCATGCTCTTGGGATGTTGATG...' and ends with '...TATTGTC-T-TCGA-CT-A-A-C...'.

B.FR.83.HXB2 Env

01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PI.0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.V11310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMABB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAML13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 20 columns (W, A, T, H, A, C, V, P, T, D, P, N, P, Q, E, 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, S, L, K, P, C, V, K, L, T) and 100 rows of sequence data. The first row is the reference sequence: TGGGCCACACATGCTGTGTACCCACAGACCCCAACCCACAAGAAGTAGTATTTGGTAAATGTGACAGAAAATTTTAAACATGTGAAAAATGACATGGTAGAACAGATGCATGAGGATATAATCAGTTTATGGGATCAA...AGCTTAAAGCCATGTGAAAAATTAACC.C 6594

B.FR.83.HXB2 Env
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1034
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.V11310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNXG_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJ00131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMABB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

V1 loop start
CACTCTGTGTTAGT.TTAAAGTGCACCTGATTGAAGAATGAT.....ACTAATACCAATAGTAGTCGGGAGAATGAATGGAGAA 6676
P L C V S # L K C T D L K N D T N T N S S S G R M I M E K
-T -T -C -C -C -C -T -T -CA -GCCT -ACTGA GAC -C -TAT -CG -A -CAGCTAA -CTG -ATGAC -CTATTGG 6625
-T -T -C -C -C -C -T -T -AA -GCTGCTGTC AATAT -AATCA -T -C -GTCTC -ATAAC -C -G -G -ATATA -C 6685
-T -C -C -C -C -T -T -CA -GCCT -TTGGC AAAAA -ACC -A -AGGAGATA -TA -A -TT -AGG -ATAT -C 6706
-T -C -C -C -C -T -T -CC -GCCT -TTGGA -A TCTAATAACACA -CC -G -AT -TA -A -CTYG -TC -C -AGG -ATAT -C 6058
-T -C -C -C -C -T -T -CA -GCT -TTTGACC AATGTC -A -C -A -CC -A -GTCTTAAC -C -AGG -ATATA -C 6684
-T -C -C -C -C -T -T -C -GCT -TTGACC AAGTC -G -CC -A -CGA -GTCCCTA -C -T -G -AGG -AT -TA -C 5882
-T -C -C -C -T -T -CA -GCT -TTTGACC AATGTC -G -G -CC -A -GAGC -CCT -C -AGG -ATATA -C 5878
-T -C -C -C -T -T -CA -GCT -TTTGACC AATGGC -G -GC -AA -C -A -GTCTTAAC -T -AGG -ATATA -C 6250
-T -C -C -C -T -T -CAC -GCT -TTTGACC AATGTC -TA -CC -AAGACTTAAC -A -AGG -ATCTA -C 5884
-T -C -C -C -T -T -A -C -C -C -GATC ACTA -AAC -T -TCTGATGACAT -G 5863
-T -C -C -CA -T -T -CAAA -CG -C -CC -CATA CAGAGGA -AT -G 5747
-T -C -C -C -G -T -TTA -A -CG -C -GC -GCA GC -G -TCTC -GTC -AGA -C -T -TCT -GGGACAT -C 6025
-T -C -C -C -G -T -TCA -AG -G -C -CC -CAGC G -GAG -C -AA -T -G -AAC -T -TCT -TGAAAT -C 6705
-T -C -C -C -T -T -A -A -CGCCTC -CA -C -A -TACCTC -AC -AC -GTAT -GT 5848
-T -C -C -C -G -T -TCA -A -C -C -C -CAGC TA -GC -AC -AACCT -CT -GTGACAT -G 6197
-T -C -C -C -G -T -TCA -A -C -AT -CT -AGC -CG -AAC -T -TC -GA -ACAT -C 6036
-T -C -C -C -G -T -TCA -A -C -AT -CT -AGC -A -A -AAC -T -A -T -AT -AGT 5869
-T -C -C -C -G -T -TCA -C -AC -A -G -A -A GTCT -GT -GC -CCG -ATCTA -TGAGC -ACC -GAA -TCC 5872
-T -C -C -C -T -T -G -G GT -C -C -A -AT -CT -GT -GC -AA -A -T 5880
-T -C -C -C -T -T -CA -T -T -A -GCA -CT -C -AC -A -TACC -ATGGC -CTG -ATT -G 6031
-T -C -C -C -C -C -T -T -A -G -GCA TCCACTG -C -T -C -CC -ACTC -ACT -CCC -A -GAA -C 6070
-T -C -C -C -CA -T -A -GCT -CATTG -A AACAAAACATTAGGTAACAAATAGTACTAAT -G -CATTAGG -AC -A -TACT -T -G -AGATGATAT -C 6742
06_cpx.RU.05.04RU001 GG -T -G -G -GGTAGC -AAT -C -CTG -G -GTA -C -G 6333
-T -C -C -C -G -A -T -GAA -G -T -GC -G -A -G -ATG -CCTACCAT -A -CCTACCATGA -AGC -T 6034
08_BC.CN.97.97CNXG_6F GG -ATGG -CCTAC -AT -A -CCTAC -ATGA -AGCGT 5846
09_cpx.GH.96.96GH2911 -AACC -A -ACC -CG -GTGACGG -AGTG -5875
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061 -ATGAC -CTG -T -GTG -6049
11_cpx.GR.x.GR17 -GGGATA -CGC 5940
12_BF.AR.99.ARMA159 GCCAATAATGCC -GCC -ATGGC -CAA -A -AAC -CCC -GAGGAA -CC 6689
13_cpx.CM.96.1849 -GC -C -TC -ATA -C -C -CC -CA -G -G 6077
14_BG.DE.01.9196_01 GAG -G -G -A -TACT -CT -AT -GT -GTAGCTG 6193
14_BG.ES.99.X397 AGTAATAATG -C -AT -CC -T -A -TA -CCT -GAA -G -6132
15_01B.TH.99.99TH_MU2079 -C -ATATC -AT -G -C -A -AGG 6057
16_A2D.KR.97.97KR004 -TC -TA -C -CCCA -GCCCC -T -G 6027
18_cpx.CU.99.CU76 GGA -C -A -C -TR -GC -AAT -T -GC -CT -C 5973
19_cpx.CU.99.CU7 5839
20_BG.CU.03.CB471 -C -GA -ATTGC -C -GAAG -AATC -AC -G -CT -CAA -CT -6122
21_A2D.KE.91.KNH1254 TCAGTGAACAGCACC -A -TCAT -ATGTC -C -CC -ATA -C -CT -GGGAC -A -GC 5892
23_BG.CU.03.CB118 -C -GA -ATTGC -C -C -CTAATG -C -CTG -A -ACA -CTC 6125
24_BG.CU.03.CB378 CA AAC -AA -TG -C -GAAGAA -AAC -C -CTG -G -AA -CTG 6119
25_cpx.CM.01.101BA AATAGAATCAACAATAGTAACTGTAGTCATAGCATCAAC -A -G -TG -A -AG -AC -A -AAT -CC -TGC -AT -GCTG 5929
27_cpx.CD.97.97CDKTB49 -A -CA -C -ACT -TC -ATGAC -ACAT -5880
28_BF.BR.99.BREPM12609 -C -T -A -AATGT -C -T ACTAATATGAATG -C -AT -CC -C -G -ATA -T -TG -GA -GC -AT -G 6050
29_BF.BR.02.BREPM119 -C -A -CC -A -T -ACT -GGGA -G 5840
31_BC.BR.02.110PA CC -C -G -GCT -TC -G -A GCTAACAAAACAAATGCTAACCAAACTAATG -CCAA -C -AC -ATA -C -C -CT -TGATAT -6157
33_01B.MY.05.05MYKL007_1 -T -C -T -C -T -T -CA -GCT -TTTGACC AATGTC -GACAA -CC -A -GCCCTA -C -T -C -AGA -AT -TA -C 6067
34_01B.TH.99.OUR2478P -T -C -C -T -T -CA -GCTGCTTTGACCAATGTAACATATA ACC -ATGGCCC -ATATA -C 5869
35_AD.AF.05.05AF095 -T -C -C -A -T -CA -CGCA -CC -CCA -CATA -C -GAG -ACAT -5851
36_cpx.CM.00.00CMNYU830 -T -C -A -C -C -G -TCAGA -C -T -CGGACGACCAACACAC AACGTGCT -AGGACAT -C 5879
37_cpx.CM.00.00CMNYU926 -T -C -C -T -TA -T -GCC -AA -GTC -CCCCAAGACCAACGGGAG C -AGA -CTT -GATGG -GGA -G 5870
42_BFLU.03.luBF_05_03 -CC -T -T -A -NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN NNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNNN 6210
N.CM.02.DJ00131 -T -A -A -C -A -G -T -T -GCA -AGC -TGGAA CGGACACAGA -G -AAG -A -AACG -AAATG -G -CAGAC -A -AGC 6157
N.CM.04.04CM_1015_04 -T -A -A -C -A -GC -T -TWACA -AGC -TGGGKT GRG -CAGT -GAC -AT -GA -T -AGAT -A -GAT 6144
N.CM.04.04CM_1131_03 -T -A -A -C -A -GC -T -T -AC -AGC -TGGGTT GAG -CAGT -G -G -AT -C -T -AGAC -A -GAT 6179
N.CM.95.YBF30 -T -A -A -C -A -GCTT -T -AC -AGCT -TGGG -G GAAAGG -AC -A -TG -CA -CAA -AGA -CCAGAC -A -GAT 6269
N.CM.97.YBF106 -T -A -A -C -A -GCTT -T -ACA -AGC -TGGGA AGTG -AGGG -AT -G -C -CA -ATA -C -GA -GATC -A -AG 6236
O.BE.87.ANT70 TC -G -ACAA -A -GG -T -AA -CA -AGCTGGAACA -CAA -TG -6691
O.CM.91.MVP5180 TCT -A -ACAA -A -G -C -TGTA -C -C -A -CAA -AA -CA -CCT -T -A -ATGA -ACA -T 6699
O.CM.96.96CMABB637 TC -G -ACAA -A -G -T -T -A -G -C -TGCAACC ACAAGTAATAACAC -A -GA -T -C -GCA -CAA -T -C -CAGGG -A -G 6180
O.CM.98.98CMA104 TCA -G -ACAA -A -GG -A -T -A -CA -A -T -CAACA -AC -CC -A -ACA -C -CACAC -ACCCATC 6152
O.CM.99.99CMU4122 TC -G -ACAA -A -G -T -T -AA -CG -A -CG -CAACA -A -TCT -C -T -AT -GCTCT -6223
O.SN.99.SEMP1299 TC -G -ACAA -A -G -T -T -AA -CG -A -CG -CAACA AATTAT -A -C -AT -GCTCC -TA -ACA -AGCA -C -GC -GTCCAG -6741
O.US.99.99USTWLA TCT -A -GCAA -A -G -C -T -A -G -A -AG -CA ACAACA -AC -CA -A -CCGA -AG -CAACA -ACCCAGAGGAA -C 6170
O.FR.92.VAU TCT -G -ACAA -A -G -T -T -A -A -C -A -AG -T -T -CC -CA -AC -TCCCTT -ACTC -ACA -T -C 6244
CPZ.CD.90.ANT -TA -G -A -AA -A -G -T -T -A -GA -AC -TGGAA CCTACAACACCAAGTACAACAACA -G -CAGTA -CACCA -AG -CAACA -C -CCA -G -A -TG 6123
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13 -TT -A -A -CA -A -G -A -T -G -A -CG -T -CT -GAC -A AATAGCACTAGCAACTCAACAATAACCTT -CCTC -AG -C -A -T -AG -ATGA -CT -GAGT 6284
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505 -T -A -A -CC -C -TCA -T -GCTCA -G -G -G -TG -AC -ATA -TGTT -ACCA -CAA -CC 6210
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7 -T -T -C -C -T -G -ATCCCT -ATT -A -TCT -C -T -AT -GCTCT -6223
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66 -TT -G -ACAA -A -G -C -T -ACTG -T -ATGAT AAAGAAAATGGCAACACCAACCACTGCACTGTTCAAATTAGC -GG -ATG -C -GCTAAT -AT -T -CG -T -GC -6300
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145 CT -A -G -CC -C -T -CT -T -A -A -CCC -CT -AC C -GG -A -A -ACCTA -CAAACAG -CATCTTCC -CC 6737
CPZ.GA.88.GAB1 -TT -A -A -C -C -GC -G -A -GCCT -CTT -AGC -TCTC -CTA -ACTCT -CTGACGATGCTT 6209
CPZ.TZ.01.TANI -T -T -CA -A -AG -A -G -CA -T -AATGACT -T -CCACA AATAAAACCTGAATTGGGCAACA -A -CCTTA -CACCA -CAGTAAATTTG -GTCT -ACCT -6320
CPZ.US.85.CPZUS -T -G -C -A -G -CT -TCT -A -CCCCG -T -G -A -A -T -T -GCTT -ATT -ACT -C 6726

	V1 loop end_	V2 loop start		
B.FR.83.HXB2	AGGAGAGATAAAAAC	TGCTCTTTCAATATCAGCACAAAGCATAAAGAGTAAAGTGKGCAGAAAGAATATGCATTTTTTATAAACTTGATATAATACCAATAGATAAT	GATA 6786
Env	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 T P I D N			D
A1.GE.99.99GEMZ011	T-A--A-G-G-	C-G-C-GAAC	-A-AAG-A-CT-T-	T-C--G--G-G-CT-G-T-
A1.KE.00.KER2008	CA-T-C-G-	T-A-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-ATG-T-C-C-G-GA-T-A-C-G-
A1.KE.00.NH1144	G--A-C-	T--A--G-C-GAAC	-G-A-AAA	-ATG-T-C-C-G-GA-T-A-C-G-
A1.KE.00.KSM4024	-AA-A-CT-	-T--A--G-C-GAAC	-G-A-AAA	-ATG-T-C-C-G-GA-T-A-C-G-
A1.KE.00.MSA4069	G-A-AG-	A--A--G-C-GAAC	-G-T-GA-GA	-G-C-T-C--G-G-T-G-A-T-G-A-
A1.KE.00.NKU3005	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A1.RU.00.RU0005	T-A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A1.RU.03.03R720_06_13	A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A1.RW.93.93RW_024	G-A-A-C-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A1.SE.95.SE8891	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A1.SE.95.UGSE8131	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A1.TZ.01.A173	T--A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A1.UA.01.01UADN139	T--A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A1.UG.99.99UGA07072	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A1.UZ.02.02UZ0659	TAA-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A2.CD.97.97CDKS10	T--A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A2.CD.97.97CDKTB48	T--A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
A2.CY.94.94CY017_41	T--A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.AR.04.04AR151516	G--C-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.AU.87.MBC925	T--A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.BO.99.BOL0122	T--A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.BR.03.BREP2012	G-A-A-C-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.CA.97.CANB3FULL	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.CN.05.05CNHB_hp3	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.CO.01.PCM001	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.GB.83.CAM1	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.GB.86.GB8	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.GE.03.03GEMZ010	G-TG-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.IT.05.SG1	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.JP.05.DR6538	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.KR.05.05CSR3	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.NL.00.671_00T36	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.RU.04.04RU128005	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.TH.00.00TH_C3198	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.UA.01.01UAKV167	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.US.04.ES10_53	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
B.US.99.PRB959_03	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.AR.01.ARG4006	G--A-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.BR.04.04BR013	G--C-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.BW.00.00BW07621	T-CT-CTAT-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.CN.98.YNRL9840	CAAG-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.ET.02.02ET_288	T--C-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.GE.03.03GEMZ033	G-A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.LI.99.99LI7	CAAT-AC-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.IN.99.01IN565_10	G-A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.KE.00.KER2010	CACT	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.MM.99.mIDU101_3	T--A-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.MW.93.93MW_965	G-A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.SN.90.90SE_364	G-A-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.SO.89.89SM_145	T-AT-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.TZ.02.CO178	G--G-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.UY.01.TRA3011	G--G-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.YE.02.02YE511	G--G-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.ZA.04.04ZASK164B1	GAA-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	GAA-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
C.ZM.02.02ZM108	GAA-GA-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
D.CD.83.ELI	T--A-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
D.CM.01.01CM_0009BBY	T-AGACC-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
D.KE.01.NKU3006	T--C-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
D.KR.04.04KRBH8	T--A-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
D.TD.99.MN011	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
D.UG.99.99UGK09259	-AT-GA-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
D.YE.01.01YE386	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
D.YE.02.02YE516	-CT--G-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
D.ZA.90.R1	-G-CA-C-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
F1.AR.02.ARE933	-G-CA-GC-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
F1.BE.93.VI850	-G-CA-C-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
F1.BR.01.01BR125	-G-CA-C-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
F1.ES.x.P1146	-G-CA-C-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
F1.FI.93.FIN9363	-G-CA-C-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-G-A-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
F2.CM.95.MP257	G-AG-A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
F2.CM.97.CM53657	-G-A-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
G.BE.96.DRCB1	GTACAGA-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
G.CM.01.01CM_4049HAN	T--A-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
G.CU.x.Cu74	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
G.ES.00.X558	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
G.ES.99.X138	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
G.GH.03.03GH175G	T-A-ATA	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
G.KE.93.HH18793_12_1	CCA--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
G.NG.01.01NGPL0669	-T--A-A-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
G.PT.x.PT2695	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
G.SE.93.SE6165	-A--A-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
H.BE.93.V1991	-CAG-ACA-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
H.BE.93.V1997	-AAT-AT-C-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
H.CF.90.056	-G-AC-T-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
J.CD.97.J97DC_KTB147	TCCT-G-G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
J.SE.93.SE7887	T-ATATC-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
J.SE.94.SE7022	T-A-ATC-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
K.CD.97.EOTB11C	T-AC--G-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA
K.CM.96.MP535	-C--A--T-	-G-C-GAAC	-G-A-AAA	-T-T-C-C--C--G-A-TA-GGA

	V1 loop end	V2 loop start	
B.FR.83.HXB2	AGGAGAGATAAA	AACTGCTCTTTC	CAATATCAGCAACAGCATAAAGAGGTAAGGTGCAGAAAGAATATGCATTTTTTATAAACTTGATATAATACCAATAGATAAT.....GATA 6786
Env	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 I D N		D
01_AE.CF.90.90CF11697	--AT--AG--G--T--T--G--G--C--GAAC--G--A--AA--G--G--TCC--C--G--G--G--G--T--GAG--A--	AAGAATAAAAAATAGTAGTGGAA-- 6756
01_AE.CN.05.F1051	--AG--G--G--TA--C--T--G--C--G--AC--A--AA--G--G--TCC--C--G--G--G--G--T--GAG--A--	AAGAATAAAAAATAGTAGTGGAA-- 6756
01_AE.CN.06.F1054	--AG--G--G--TA--C--T--G--C--G--AC--A--AA--G--G--TCC--C--G--G--G--G--T--GAG--A--	AAGAATAAAAAATAGTAGTGGAA-- 6756
01_AE.HK.x.HK001	--AT--AG--G--T--T--T--G--C--GAAC--C--A--CA--G--TC--C--G--G--G--GA--TA--	AATAATAGTAATGAAA-- 6831
01_AE.JP93.93JP_NH1	--AT--AG--G--TA--T--T--G--C--GAAC--AC--A--AA--A--TG--TCC--C--G--G--G--A--A--	AATAG-- 6797
01_AE.TH.01.01TH_R2184	--AT--AG--G--T--T--T--G--C--GAAC--A--AAAA--A--GT--TCC--C--G--G--G--GA--AGC--	AATAGTAGTA-- 6001
01_AE.TH.02.OUR7691	--AT--AG--G--T--T--T--G--C--GAAC--A--AA--A--G--TCC--C--G--G--G--G--T--A--A--	A-- 5988
01_AE.TH.90.CM240	--AT--AG--G--TA--T--T--G--C--GAAC--C--A--AA--T--G--TCC--C--G--G--G--G--T--A--	AAGAAGAC-- 6366
01_AE.US.00.00US_MSC1164	--AT--AG--G--T--T--T--G--C--GAAC--A--AA--T--G--TCC--C--G--G--G--G--T--A--	AATA-- 5997
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	--A--A--G--T--T--T--A--C--GAAT--A--AAAA--G--G--C--G--AG--G--G--A--T--A--G--	AG 5973
02_AG.EC.x.ECU41	--AG--A--G--T--T--T--G--C--GAAT--A--AAA--TG--C--C--G--G--G--G--A--TA--C--	AGTCAG--C-- 5863
02_AG.FR.91.DJ264	--G--A--G--T--T--T--G--C--GAAC--A--AAA--C--TG--C--C--G--G--G--G--A--TA--G--A--	AGTAGC-- 6138
02_AG.GH.03.GHNJ196	--G--A--G--T--T--T--G--C--GAAC--C--AC--AAT--G--ATGC--C--G--AA--G--G--A--GA--G--A--	AGTTTAGTATCAATAAATCAACAACAGC-- 6842
02_AG.NG.01.PL0710	--G--A--G--T--T--T--G--C--GT--A--A--AAAA--T--TGC--C--C--G--G--G--A--TA--C--G--	AATAGTA--C-- 5964
02_AG.NG.x.IBNG	--T--G--A--G--T--T--T--A--C--GAAG--A--AAAA--GATGC--C--G--G--G--A--TA--G--A--	AATA--G-- 6310
02_AG.SE.94.SE7812	--G--A--G--T--T--T--G--C--GAAT--A--AAA--TG--C--C--G--TA--G--G--A--TA--G--A--	ACTGGG-- 6152
02_AG.SN.98.MP1211	GCA--A--G--G--T--T--G--C--GTAT--A--AAAA--GATGGCG--C--C--G--G--G--T--A--	A--G 5979
02_AG.UZ.02.02UZ710	--CA--A--G--T--T--T--G--C--GTAG--A--G--AAA--ATG--C--C--G--G--G--C--TAT--G--	GGACAAAACAGTAGTC--G-- 5997
03_AB.RU.97.KAL153_2	GATG--A--G--G--T--T--C--G--GA--C--G--A--A--A--A--C--C--C--G--G--A--	AGAGTGCCAATTAATGGTAGTAATAGGAATAATAG-- 6174
04_cpx.CY.94.CY032	--A--GA--G--T--T--T--G--A--C--GAA--A--AAA--A--A--A--GC--C--G--A--G--G--TA--GC--	GATGACAGTAGC-- 6189
05_DF.BE.x.VI1310	--G--CAG--C--T--T--G--CT--GAAG--AT--ACA--AAA--T--T--C--C--G--G--G--CAG--GC--	GATGACAGTAGC-- 6189
06_cpx.AU.96.BFP90	CAAG--A--G--T--T--A--C--GAA--A--ACAA--A--A--A--GC--C--G--C--G--T--GGG--	GATAGTA-- 6858
06_cpx.RU.05.04RU001	--A--A--C--T--T--T--A--C--GAA--A--AAAA--C--C--GC--C--G--G--T--GGG--	AGAAATA-- 6449
07_BC.CN.97.CN54	GAAG--A--G--T--T--GCA--C--GTAG--A--G--AA--C--TG--C--G--G--G--C--TAC--G--	AAGAACTATAGTGAGAAATTC-- 6162
08_BC.CN.97.97CNXG_6F	GAAG--A--G--T--T--GCA--C--TTAT--A--G--AA--A--C--TG--C--G--G--G--CC--TA--G--	GAGAACTCTGGTGAAGACT-- 5974
09_cpx.GH.96.96GH2911	--T--AGA--GC--T--T--A--C--GAAT--A--ACAC--T--T--C--G--TC--G--T--CA--GCA--	AG-- 5985
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	CCCCAGA--G--C--T--T--CA--C--GAAG--A--AA--A--C--C--C--G--G--G--A--G--G--	AG-- 6159
11_cpx.GR.x.GR17	--AC--C--A--G--T--T--A--C--GAAC--GA--A--AA--A--C--AGA--GC--C--G--G--G--TA--G--	AGTAGTAGTA-- 6059
12_BF.AR.99.ARMA159	--G--CA--C--T--T--T--G--C--GAA--A--ACA--T--T--C--C--G--G--G--G--C--G--	GC-- 6799
13_cpx.CM.96.1849	--A--A--G--T--T--AT--G--C--G--AG--C--A--G--AGA--T--CT--C--C--G--G--GA--T--GGGA--	AATAGTAATAGTGGTAATAGTAG-- 6208
14_BG.DE.01.9196_01	G--A--A--G--G--T--T--G--C--T--T--C--A--A--A--A--GC--C--C--G--G--A--G--C--	GAAAGTA-- 6309
14_BG.ES.99.X397	--A--A--G--G--T--T--C--C--A--A--A--A--GC--C--C--G--G--A--G--C--	GAAAGTA-- 6242
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	--A--A--G--T--T--T--G--A--C--AC--A--A--A--C--C--C--GC--G--GA--G--	6160
16_A2D.KR.97.97KR004	CAATA--C--CC--TG--TT--A--C--GAAC--CAT--AC--AAA--A--C--CT--CT--TC--G--GT--GAA--	AGTGACAGTAATGATACACTG-- 6155
18_cpx.CU.99.CU76	--A--A--G--T--T--TT--A--C--GAAG--AW--CA--A--C--G--C--C--G--G--T--TGGGG--	ATRTAGTAAGTA--T 6094
19_cpx.CU.99.CU7	--C--C--G--T--T--G--C--GAAC--AC--AAA--AC--AT--T--C--C--G--G--T--G--G--	5941
20_BG.CU.03.CB471	T--A--C--T--T--GCA--C--GAA--AG--A--GACA--A--C--C--GC--C--G--G--G--G--A--TA--G--	AAGGATAATAGTAGTAATAATAA--CT 6256
21_A2D.KE.91.KNH1254	G--C--G--GC--T--T--G--A--C--GTAG--A--ACA--AC--C--G--G--C--G--C--	AAT-- 6005
23_BG.CU.03.CB118	T--C--T--T--A--C--GAG--G--A--AAGTA--C--GC--C--G--G--T--G--	AAGAATAATGGTAGTAATAA--CT 6256
24_BG.CU.03.CB378	TAA--A--G--T--T--A--C--GAGC--CAG--ACA--A--A--C--GC--C--A--G--G--TA--	AGTAGTAGTAATAACA--CT 6244
25_cpx.CM.01.101BA	CCA--AGA--G--T--T--A--C--GAAT--A--AAA--A--A--G--C--GC--C--G--G--T--GG--	GGTAATAATAG-- 6048
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	--G--AC--G--T--T--T--G--G--CT--GCA--A--A--CA--A--A--T--C--C--G--G--A--T--G--	GATACTAATACTAC--G 6002
28_BFBR.99.BREPM12609	G--A--A--G--G--T--T--G--C--G--A--A--A--A--C--C--G--G--G--C--	6160
29_BFBR.02.BREPM119	--A--A--G--T--T--T--C--GA--C--A--AA--A--A--G--G--G--G--C--GA--	5950
31_BC.BR.02.110PA	--A--A--G--T--T--T--G--C--GAAC--A--AA--AAG--G--T--C--C--G--G--G--C--TA--G--A--	AATAATAGCAG--T 6276
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	--AG--A--GC--T--T--CA--C--GAAC--A--AA--A--G--T--C--C--G--G--T--T--GAGGTA--	AATAAGAGTA-- 6186
34_01B.TH.99.OUR2478P	--A--A--G--T--T--T--G--C--GAA--A--AA--A--G--TC--C--C--G--G--A--TA--GG--	AG--G 5979
35_AD.AF.05.05AF095	C--A--A--G--T--T--A--C--GAAC--G--A--AAGA--T--T--C--G--G--A--T--GG--	GATA-- 5964
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	G--G--A--G--T--T--CA--C--GT--C--A--A--A--TG--C--T--C--GG--G--G--T--GCAAGT--	AATAAT-- 5998
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	--AT--A--G--T--T--A--G--C--GAAC--AC--AAA--A--AT--T--C--G--G--G--T--G--G--	A-- 5980
42_BFLU.03.luBF_05_03	NNNN--A--G--T--T--G--T--C--TT--G--A--A--A--A--C--G--TC--G--G--	AATAGTA-- 6326
N.CM.02.DJO0131	--A--C--G--G--T--T--A--A--C--TGAA--CAT--AC--AAA--A--C--CT--CT--TC--G--GT--GAA--	GGGA-- 6270
N.CM.04.04CM_1015_04	CAA--C--A--G--T--T--A--G--A--C--TGAG--G--A--AAA--A--CT--CT--TC--G--GC--GAA--	AGTGACAGTAGC-- 6263
N.CM.04.04CM_1131_03	CAA--C--A--G--T--T--A--G--A--C--TGAG--G--A--AAA--A--CT--CT--TC--G--GC--GAA--	AGTGACAGTAGC-- 6298
N.CM.95.YBF30	CAA--C--A--G--T--T--A--GCA--C--TGAGC--C--AAA--A--C--TT--CT--TC--G--GT--GAA--	T-- 6379
N.CM.97.YBF106	CAA--C--A--G--T--T--A--A--C--TGAG--A--GAAA--A--C--TT--CT--TC--G--GT--GAA--	GGACT--C-- 6352
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--	ACAAGCAGCACAAATAGCAAA--C 6822
O.CM.91.MVP5180	--AAT--G--G--T--TAG--T--G--A--CT--GT--C--C--AC--AAA--G--C--A--C--G--TC--A--C--GT--TCA--	TCAATAGCAGTA--G 6821
O.CM.96.96CMABB637	GATGA--AG--A--TGAA--T--G--A--CT--TTT--A--AC--AAA--G--A--GA--C--G--TC--A--C--GT--TCA--	AGTGAACGGTAAATAATAC--G 6308
O.CM.98.98CMA104	--CC--C--G--G--G--TAA--T--G--A--C--GTT--C--A--AC--AAAAG--A--C--G--TC--A--C--GT--TCA--	ACAGAAAATAACAAGACA-- 6277
O.CM.99.99CMU4122	CA--C--CAG--G--G--TGAG--T--G--A--C--GTTT--C--A--AC--AAA--G--C--C--G--TC--A--C--GT--TCA--	AGCAACAAC-- 6258
O.SN.99.SEMP1299	GAACCTTG--G--C--G--TGA--T--G--A--C--GTTG--C--A--AC--AAA--G--A--C--G--TC--A--C--GT--TCA--	GCAATGACACA-- 6860
O.US.99.99USTWLA	CAATCC--G--G--A--TGA--T--G--A--CT--GTTG--G--A--AC--ACA--G--A--C--G--TC--A--C--GT--TCA--	GA-- 6280
O.FR.92.VAU	--AAG--G--G--C--G--TGAC--T--G--A--CT--GTGC--C--A--ACA--G--A--C--G--TC--A--C--GT--TCA--	ACATCGA--G 6360
CPZ.CD.90.ANT	CATGA--C--C--G--A--TAAC--T--CAG--G--AT--T--A--A--AAA--A--ATGA--A--CA--A--GGA--C--T--	GAAGTGTG--G--C 6239
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	TTT--C--A--G--T--A--T--C--CA--CA--GAAT--G--A--A--AAA--AC--G--TC--T--A--GT--GA--C--GCA--	AGCC--GA--G-- 6397
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	C--T--C--A--GC--T--A--T--G--G--C--TGAGT--A--AAA--A--C--TC--CT--TC--G--TGGGA--C--T--	AATAATAGCAGTGGTA-- 6335
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	T--AGACT--G--G--T--TAGC--CA--CA--GAAC--A--AA--A--AC--GACT--CT--G--GT--GA--T--CT--AG--	A--C--G-- 6333
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66	--AT--C--GT--C--T--GCA--C--GART--AC--GAA--A--AC--G--TG--T--G--GG--AA--C--TGAG--C--	AGGA-- 6316
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	G--C--C--G--G--T--TAGC--T--G--C--TGAAC--A--AAAAG--TG--T--C--A--C--GTGGAG--C--G--G--	AATAAGCCACCAGAAAGGATA--G 6851
CPZ.GA.88.GAB1	TCTC--A--G--T--T--A--T--G--G--CA--GAAT--A--AA--A--AC--G--TC--T--C--A--GTGGAG--G--G--	AG-- 6847
CPZ.TZ.01.TANI	CTAT--G--GT--T--T--A--T--CAG--CA--TGAGT--T--A--AAA--AC--AT--T--C--G--G--GAA--TG--AA--	GAG--GG-- 6430
CPZ.US.85.CPZUS	T--ATATA--G--G--G--T--T--T--A--CT--TGAAT--AC--AAA--A--AC--TG--T--C--A--GT--GA--C--GCT--	AT--CA-- 6832

V2 loop end

Table with columns for sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2, 01_AE.CF.90.90CF11697) and their corresponding nucleotide alignments. The alignment starts with 'CTACCAGCTATAAGTTGCAAGTGTGAACACCTCAGTCATTACACAGCCGTGTCCAAAGGATCTCTTGGACCAATCCCATACATTATTGTCGCCCGGTGGT...' and ends with '6953'. The table lists numerous HIV-1/SIVcpz strains and their sequence variations.

B.FR.83.HXB2
Env
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP_NH1
01_AE.TH.01.01TH_R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PU0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.V11310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.AN170
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMABB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMPI299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

ACAGTACAATGTACACATGGAATTAGCCAGTAGTATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCCAGCTAGCAGAAAGAAG...GTAGTAAATAGACTGTCAATTTCCAGGCACAATGCTAAAACCAATAGTACAGCTGAACACATCTGTGAAAATTAATTTGTCAAGAAC
T V Q C T H G I R P V V S T Q 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 I N C T R P
T-----C-----A-----G-----G-----T-----T-----C-----A-----A-----C-----AA-----C-----AA-----C-----G-----C-----T-----T-----A-----C-----C-----C-----7090
T-----CG-----A-----G-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----C-----AA-----C-----AA-----C-----G-----C-----T-----T-----A-----AC-----C-----C-----7126
T-----C-----A-----G-----G-----T-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----AA-----C-----AA-----T-----C-----G-----C-----T-----T-----GA-----C-----C-----C-----6496
01_AE.JP.93.93JP_NH1
T-----C-----A-----G-----G-----T-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----AA-----C-----AA-----C-----A-----C-----G-----C-----T-----T-----A-----G-----C-----C-----7131
01_AE.TH.01.01TH_R2184
T-----C-----A-----G-----G-----T-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----AA-----C-----AA-----A-----A-----C-----G-----C-----T-----T-----A-----G-----C-----C-----6335
01_AE.TH.02.OUR7691
T-----C-----A-----G-----G-----T-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----AA-----A-----AA-----C-----T-----G-----C-----T-----T-----A-----C-----C-----C-----6322
01_AE.TH.90.CM240
T-----C-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----A-----G-----C-----C-----6740
01_AE.US.00.00US_MSC1164
T-----C-----A-----G-----G-----T-----T-----T-----T-----A-----A-----C-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----A-----G-----C-----C-----6331
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----AA-----G-----AA-----C-----A-----T-----AGTT-----AGC-----A-----G-----TC-----6307
02_AG.EC.x.ECU41
-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----AA-----A-----A-----C-----A-----T-----G-----T-----C-----AG-----A-----C-----6197
02_AG.FR.91.DJ264
-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----G-----AA-----A-----AA-----C-----A-----G-----T-----GTG-----GC-----AG-----C-----T-----6472
02_AG.GH.03.GHNJ196
-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----G-----AA-----A-----T-----A-----T-----C-----T-----AGCT-----AGC-----C-----C-----C-----7176
02_AG.NG.01.PU0710
-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----G-----AA-----A-----AA-----C-----T-----GTT-----ATC-----AG-----C-----C-----6298
02_AG.NG.x.IBNG
-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----G-----AA-----A-----AA-----C-----T-----G-----C-----ATC-----A-----C-----C-----6644
02_AG.SE.94.SE7812
-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----G-----AA-----A-----T-----AA-----C-----T-----T-----C-----TGA-----A-----C-----C-----6486
02_AG.SN.98.MP1211
-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----G-----AA-----A-----T-----AA-----C-----T-----T-----AGC-----TGG-----C-----C-----6313
02_AG.UZ.02.02UZ710
-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----T-----G-----AA-----C-----A-----C-----GGT-----T-----TGAG-----C-----C-----6331
03_AB.RU.97.KAL153_2
-----G-----C-----C-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----AA-----A-----A-----A-----A-----T-----AGA-----C-----G-----C-----6318
04_cpx.CY.94.CY032
T-G---G---C---T---A---G---G---T---A---CT---ACG---AAA---A---A---A---C---AT---TGCA---AGG---A---C---C---6508
05_DF.BE.x.V11310
-----G-----C-----C-----A-----G-----GT-----C-----A-----GT-----A-----A-----C-----CAA-----A-----T-----A-----T-----A-----A-----C-----T-----TGA-----C-----T-----G-----6523
06_cpx.AU.96.BFP90
-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----C-----A-----AC-----A-----A-----AA-----CA-----A-----A-----C-----AT-----G-----T-----TCAGC-----GG-----C-----C-----7192
06_cpx.RU.05.04RU001
-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----T-----A-----A-----AA-----CA-----A-----A-----C-----AT-----G-----T-----T-----A-----CA-----C-----C-----6783
07_BC.CN.97.CN54
-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----AA-----C-----G-----AA-----TC-----A-----T-----T-----TCA-----GTA-----6496
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
-G-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----AG-----C-----A-----A-----AA-----C-----G-----AA-----TC-----A-----T-----T-----TCA-----GTA-----6308
09_cpx.GH.96.96GH2911
T-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----G-----C-----A-----A-----AG-----A-----AA-----TC-----GT-----T-----GCTGATC-----ACG-----G-----G-----A-----6319
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
-----G-----G-----G-----AA-----G-----T-----A-----G-----A-----A-----AA-----C-----A-----T-----AT-----G-----T-----TGAG-----AC-----CGTG-----6493
11_cpx.GR.x.GR17
-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----AGG-----AA-----CC-----AA-----T-----GTA-----AG-----C-----C-----6393
12_BF.AR.99.ARMA159
-----G-----AA-----G-----T-----T-----C-----T-----A-----A-----CAA-----CA-----T-----A-----T-----A-----A-----T-----T-----TGA-----C-----G-----C-----7133
13_cpx.CM.96.1849
T-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----AAG-----G-----AAA-----C-----T-----A-----T-----GG-----A-----TGCT-----GC-----AG-----C-----C-----6542
14_BG.DE.01.9196_01
-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----AAA-----C-----G-----GT-----A-----AGACC-----A-----T-----YT-----6643
14_BG.ES.99.X397
-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----AAA-----C-----G-----GT-----A-----AGACC-----A-----T-----YT-----6576
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
-----G-----C-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----AAA-----C-----G-----GT-----A-----AGACC-----A-----T-----YT-----6576
16_A2D.KR.97.97KR004
T-----G-----C-----T-----T-----C-----G-----A-----G-----A-----TAAAC-----CA-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----T-----CT-----AGC-----C-----C-----6492
18_cpx.CU.99.CU76
-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----A-----AC-----A-----A-----G-----C-----AA-----A-----A-----A-----C-----G-----A-----T-----CG-----GC-----A-----C-----CC-----C-----6428
19_cpx.CU.99.CU7
-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----G-----A-----G-----GAC-----AA-----A-----A-----A-----C-----T-----CTRAGC-----A-----C-----C-----6264
20_BG.CU.03.CB471
-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----CT-----A-----G-----A-----A-----G-----AA-----CC-----AA-----C-----GT-----G-----T-----T-----A-----AG-----A-----T-----6590
21_A2D.KE.91.KNH1254
-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----G-----G-----A-----CA-----A-----AA-----A-----GCAGG-----AA-----G-----T-----TGAG-----AC-----G-----6339
23_BG.CU.03.CB118
-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----CT-----A-----G-----A-----A-----G-----AA-----CC-----AA-----C-----GTT-----G-----T-----T-----GCAG-----A-----AC-----C-----6590
24_BG.CU.03.CB378
-----G-----G-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----CT-----CA-----G-----GA-----A-----G-----AA-----CC-----AA-----C-----GT-----G-----T-----T-----A-----AG-----A-----T-----6578
25_cpx.CM.01.101BA
-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----CT-----CA-----G-----GA-----A-----G-----AA-----CC-----AA-----C-----GT-----G-----T-----T-----A-----AG-----A-----T-----6578
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
T-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----GA-----AT-----C-----6336
28_BF.BR.99.BREPM12609
-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----GA-----AT-----C-----6336
29_BF.BR.02.BREPM119
-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----GA-----AT-----C-----6336
31_BC.BR.02.110PA
-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----GA-----AT-----C-----6336
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
T-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----GA-----AT-----C-----6336
34_01B.TH.99.OUR2478P
T-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----GA-----AT-----C-----6336
35_AD.AF.05.05AF095
T-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----GA-----AT-----C-----6336
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
T-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----GA-----AT-----C-----6336
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
-----C-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----GA-----AT-----C-----6336
42_BFLU.03.luBF_05_03
-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----G-----T-----A-----G-----T-----AA-----C-----AA-----C-----C-----G-----C-----T-----T-----GA-----AT-----C-----6336
N.CM.02.DJO0131
--T-----C-----A-----A-----GA-----C-----GT-----AA-----CC-----G-----CT-----ATA-----T-----A-----T-----T-----AA-----AAT-----G-----GGTGA-----ATC-----GT-----G-----G-----ATG-----TGAGATA-----GAC-----G-----G-----6589
N.CM.04.04CM_1015_04
--T-----C-----A-----A-----ACGA-----T-----GT-----AA-----CM-----G-----C-----ATAC-----T-----T-----A-----T-----TM-----YR-----SAT-----WGAT-----AT-----GT-----G-----G-----ATG-----TMAGA-----GTC-----A-----G-----6582
N.CM.04.04CM_1131_03
--T-----C-----A-----A-----GA-----C-----GT-----AA-----CA-----G-----G-----C-----AT-----GAC-----T-----A-----T-----T-----AA-----G-----AGTGGTACT-----TATGGGT-----AT-----T-----G-----G-----ATG-----TMAGA-----A-----TT-----A-----G-----6629
N.CM.95.YBF30
--T-----C-----A-----A-----GA-----C-----GT-----AA-----CC-----A-----CT-----AATAC-----T-----GA-----A-----T-----T-----AA-----G-----G-----GAC-----GT-----ATC-----GT-----G-----G-----ATG-----TGAGA-----GCC-----A-----C-----G-----6701
N.CM.97.YBF106
--T-----C-----A-----A-----GA-----C-----GT-----AA-----CC-----A-----CT-----ATAC-----T-----T-----A-----T-----T-----CA-----G-----GGGT-----ATC-----GT-----G-----G-----ATG-----TGAGA-----GTC-----A-----G-----6671
O.BE.87.AN170
GT--TACT-----C-----AC-----AGT-----G-----AA-----A-----G-----CA-----CT-----TA-----G-----A-----A-----AG-----G-----TGG-----AAAG-----A-----TT-----AGG-----GA-----AT-----C-----GACC-----A-----T-----TA-----CC-----A-----C-----G-----CC-----GA-----7156
O.CM.91.MVP5180
GTG--TACT-----C-----C-----A-----AC-----AGT-----AA-----AC-----G-----G-----CA-----CT-----TAG-----A-----A-----AG-----TGGGAAAA-----A-----T-----A-----ATCA-----A-----G-----AT-----C-----ACC-----A-----TC-----A-----A-----C-----C-----C-----T-----GA-----7155
O.CM.96.96CMABB637
GT--TACT-----C-----T-----C-----A-----AC-----AGT-----AA-----AC-----A-----CAA-----CT-----T-----G-----A-----A-----A-----AG-----GCTGGGAAAA-----C-----TT-----AA-----T-----C-----G-----T-----AT-----CC-----GACC-----A-----TT-----CA-----C-----A-----C-----CGAG-----6639
O.CM.98.98CMA104
GT--TACT-----C-----C-----A-----AC-----A-----AGT-----AA-----AC-----G-----CA-----CT-----CA-----G-----GA-----A-----A-----AG-----TGGGAAAA-----A-----T-----A-----CTGG-----T-----CGC-----AT-----CC-----GACT-----A-----TT-----TA-----A-----A-----T-----A-----CC-----GAG-----6611
O.CM.99.99CMU4122
GT--TACT-----C-----C-----A-----AC-----AGT-----AG-----A-----G-----CA-----CT-----T-----G-----A-----A-----A-----AG-----TGGGAAAA-----A-----T-----A-----G-----GA-----AT-----C-----GACC-----AG-----TT-----TG-----A-----A-----C-----A-----CC-----GAG-----6592
O.SN.99.SEMPI299
G--TACT-----C-----C-----A-----AC-----AGT-----AA-----A-----G-----CA-----CT-----T-----G-----A-----C-----A-----AG-----TGGGAAAA-----A-----TT-----A-----ATG-----AT-----C-----GACC-----A-----TT-----TA-----A-----A-----C-----CC-----GTG-----A-----7194
O.US.99.99USTWLA
GT--TACT-----C-----C-----A-----AC-----AGC-----CA-----AA-----A-----T-----G-----CAA-----CT-----TA-----G-----A-----A-----A-----AG-----TGG-----AAAA-----CA-----TT-----AG-----CT-----AG-----T-----AT-----CT-----GACC-----A-----TT-----TA-----A-----A-----G-----C-----CC-----CTG-----G-----6614
O.FR.92.VAU
GT--TACT-----C-----C-----AA-----AC-----AGT-----C-----AA-----A-----T-----GGCA-----CT-----TA-----G-----GGA-----T-----A-----AC-----C-----TGGGGAAG-----A-----TT-----A-----G-----GGG-----G-----A-----CC-----GA-----ACC-----T-----TGA-----A-----G-----AGCA-----GAG-----6694
CPZ.CD.90.ANT
GT-----T-----C-----T-----A-----C-----A-----G-----GG-----ATGGT-----A-----A-----A-----C-----TACCA-----AC-----CACTTCA-----G-----ATGG-----CG-----AAATGAATCTGCT-----GT-----GAT-----TGG-----AA-----G-----AT-----CG-----A-----AC-----TA-----AC-----CA-----T-----6573
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
--C-----T-----C-----A-----A-----C-----T-----A-----CA-----T-----G-----TAC-----A-----C-----A-----C-----G-----A-----GTAAA-----GC-----T-----TA-----A-----A-----CC-----TGATTGG-----A-----A-----G-----G-----A-----GA-----TC-----G-----CG-----AG-----GGT-----6731
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
--T-----C-----C-----A-----A-----GA-----C-----A-----GT-----A-----CC-----G-----T-----CT-----AC-----TC-----A-----T-----A-----C-----A-----A-----AAAT-----AA-----A-----G-----C-----AC-----CT-----G-----G-----AT-----A-----TGA-----A-----CCC-----A-----C-----6657
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
--T-----G-----T-----C-----C-----A-----T-----A-----T-----T-----A-----CC-----G-----T-----CT-----A-----A-----A-----A-----CA-----G-----G-----AC-----AAGG-----T-----G-----T-----AGG-----TC-----C-----T-----AG-----A-----C-----C-----C-----T-----GGT-----6652
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66
--T-----G-----T-----C-----C-----A-----AC-----C-----GT-----T-----T-----G-----A-----CCT-----A-----A-----G-----T-----ACA-----CC-----GA-----GAB-----G-----T-----A-----G-----ATG-----C-----T-----GACC-----A-----TA-----A-----A-----C-----GTG-----C-----T-----A-----6762
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
--T-----G-----T-----C-----C-----A-----AC-----C-----GT-----A-----T-----G-----A-----G-----AC-----CA-----TC-----ACT-----GGCC-----ATA-----G-----C-----TTCA-----AG-----TTAGC-----A-----AGATC-----A-----A-----G-----CA-----G-----6641
CPZ.GA.88.GAB1
--G-----T-----T-----G-----A-----C-----GT-----A-----TA-----T-----A-----T-----T-----G-----A-----C-----A-----ACTG-----A-----GTG-----AG-----AAGT-----AA-----A-----G-----TGT-----TGG-----AGTGA-----G-----A-----TAGTC-----A-----CAT-----7181
CPZ.TZ.01.TANI
GT--T-----C-----G-----TAT-----TA-----GA-----G-----C-----AGC-----T-----A-----AC-----GTCC-----G-----A-----A-----AC-----AA-----GC-----TAC-----T-----GT-----AA-----CTCAGT-----AA-----C-----C-----T-----T-----A-----AT-----T-----TGT-----AA-----A-----TT-----A-----CG-----GA-----6761
CPZ.US.85.CPZUS
--T-----G-----G-----T-----C-----A-----AA-----G-----GA-----T-----A-----G-----CA-----AA-----T-----ACTA-----A-----T-----TACTG-----A-----AG-----AAA-----C-----TG-----A-----T-----CTCAGAGGA-----CA-----T-----G-----C-----TT-----7155

_V3 loop start

B.FR.83.HXB2
Env
A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.KNHI144
A1.KE.00.KSM4024
A1.KE.00.MSA4069
A1.KE.00.NKU3005
A1.RU.00.RU00051
A1.RU.03.03R20_06_13
A1.RW.93.93RW_024
A1.SE.95.SE8891
A1.SE.95.UGSE8131
A1.TZ.01.A173
A1.UA.01.01UADN139
A1.UG.92.92UG037
A1.UG.99.99UGA07072
A1.UZ.02.02UZ0659
A2.CD.97.97CDKS10
A2.CD.97.97CDKTB48
A2.CY.94.94CY017_41
B.AR.04.04AR151516
B.AU.87.MBC925
B.BO.99.BOL0122
B.BR.03.BREP2012
B.CA.97.CANB3FULL
B.CN.05.05CNHB_hp3
B.CO.01.PCM001
B.GB.83.CAM1
B.GB.86.GB8
B.GE.03.03GEMZ010
B.IT.05.SG1
B.JP.05.DR6538
B.KR.05.05KSR3
B.NL.00.671_00T36
B.RU.04.04RU128005
B.TH.00.00TH_C3198
B.UA.01.01UAKV167
B.US.04.ES10_53
B.US.99.PRB959_03
C.AR.01.ARG4006
C.BR.04.04BR013
C.BW.00.00BW07621
C.CN.98.YNRL9840
C.ET.02.02ET_288
C.GE.03.03GEMZ033
C.I.99.99ET7
C.IN.99.01INS65_10
C.KE.00.KER2010
C.MM.99.mIDU101_3
C.MW.93.93MW_965
C.SN.90.90SE_364
C.SO.89.89SM_145
C.TZ.02.CO178
C.UY.01.TRA3011
C.YE.02.02YE511
C.ZA.04.04ZASK164B1
C.ZA.05.05ZAPSK240B1
C.ZM.02.02ZM108
D.CD.83.ELI
D.CM.01.01CM_0009BBY
D.KE.01.NKU3006
D.KR.04.04KBH8
D.TD.99.MN011
D.TZ.01.A280
D.UG.99.99UGK09259
D.YE.01.01YE386
D.YE.02.02YE516
D.ZA.90.R1
F1.AR.02.ARE933
F1.BE.93.VI850
F1.BR.01.01BR125
F1.ES.x.P1146
F1.FI.93.FIN9363
F2.CM.02.02CM_0016BBY
F2.CM.95.MP257
F2.CM.97.CM53657
G.BE.96.DRCB1
G.CM.01.01CM_4049HAN
G.CU.x.Cu74
G.ES.00.X558
G.ES.99.X138
G.GH.03.03GHI75G
G.KE.93.HH18793_12_1
G.NG.01.01NGPL0669
G.PT.x.PT2695
G.SE.93.SE6165
H.BE.93.V1991
H.BE.93.V1997
H.CF.90.056
J.CD.97.1_97DC_KTB147
J.SE.93.SE7887
J.SE.94.SE7022
K.CD.97.EOTB11C
K.CM.96.MP535

Sequence alignment table with columns for reference sequence (CAACAACAATA...), sample identifier, and alignment characters (T, C, G, A, -, *). The table shows the alignment of the V3 loop region for various HIV-1 and SIVcpz strains.

B.FR.83.HXB2 Env

Table of HIV-1/SIVcpz Complete Genomes alignments. Columns include accession numbers (e.g., 01_AE.CF.90.90CF11697), amino acid sequences, and a reference sequence (B.FR.83.HXB2 Env). The reference sequence is shown in all caps. The alignment shows gaps (dashes) and mismatches (lowercase letters) between the reference and other sequences.

V3 loop end

Table with columns for sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2, Env), sequence alignments (A, S, K, L, R, E, Q, F, G, N, N, K, 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, Y, C, N, S, T, Q, L, F, N, S, T, W), and accession numbers (7373, 7436, 7436, 6779, 7414, 6615, 6608, 6980, 6611, 6593, 6480, 6752, 7462, 6581, 6927, 6769, 6596, 6614, 6601, 6791, 6806, 7475, 7066, 6779, 6591, 6602, 6773, 6673, 7413, 6828, 6929, 6859, 6775, 6787, 6711, 6538, 6879, 6622, 6879, 6867, 6665, 6622, 6807, 6564, 6893, 6803, 6593, 6575, 6612, 6597, 6940, 6872, 6853, 6906, 6990, 6954, 7451, 7459, 6940, 6912, 6902, 7495, 6912, 6912, 6912, 6871, 7020, 6931, 6941, 7057, 6921, 7470, 7047, 7438).

	V4 loop end ₁	
B.FR.83.HXB2TTTAATAGTACTTGGAGTACTGAAGGGTCAAATAACACTGAAGGAAGTGACACAATCACCTCCCATGCG.....AGAATAAAAACAAATTA...AACATGTGGCAG...AAAGTAGGAAAAAGCAATGTATGCCCTCC...7538	
EnvF N S T W S T E G S N N T E G S D T I L P QR I K Q I IA A M W QK V G K A M Y A P P	
01_AE.CF.90.90CF11697CA-AAATGAA-T-ATG-A-GAGTT-...GGGCAC-AACTCAAG-...T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7496	
01_AE.CN.05.F1051A-GAACCAT-GAGGG-...TGGCACT-AT-A-G-...T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7520	
01_AE.CN.06.F1034G-A-C-G-...GTAATG-C-CACT-TC-A-T-...-ATGCAGGATA-...GC-...TT-TAA-C-TGTGG-G-GA-TG-GAC-...GCA-T-T-TGCTCC-AATGTATG-...TCC-7544	
01_AE.HK.x.HK001A-AC-ACAA-...CC-T-GG-GAAC-...AGT-ATT-...TA-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6890	
01_AE.JP.93.93JP_NH1TAAG-AATGA-...CC-GGAG-GGT-T-A-G-...T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7525	
01_AE.TH.01.01TH_R2184TA-A-GAC-CCGGGA-CAATGA-...CC-AGGG-...GT-TGAAA-...AC-...TA-T-...-AG-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6738	
01_AE.TH.02.OUR7691ACA-A-GAACCAT-GA-C-...T-TAC-TAAT-ACACTGAC-...T-A-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6725	
01_AE.TH.90.CM240GTA-G-AATGA-...CC-TGG-G-GGT-T-A-G-...T-...-A-T-...-AG-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7091	
01_AE.US.00.00US_MSC1164AG-A-A-GAAGCA-...GATGGTGT-A-...GCAT-CGTGT-AG-...TA-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6731	
02_AG.CM.02.02CM_4082STNGA-GCAAT-C-...-G-AAA-C-...-TT-A-...-AAT-A-C-...-T-A-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6716	
02_AG.EC.x.ECU41GA-GT-AAC-A-...GCAC-AA-...-CT-...-AATGCC-...-A-...-T-...-A-T-...-A-...-G-...-C-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6603	
02_AG.FR.91.DJ264GA-AAC-CTTAA-CTACA-...G-GTCA-A-C-CAC-GAA-...AT-...-A-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6872	
02_AG.GH.03.GHNJ196AAA-ACGG-ACT-CCAGCTCA-...TGGCACT-C-...-A-...-TT-...-A-T-...-A-...-GG-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7579	
02_AG.NG.01.PL0710GA-AAT-...-TACCAAT-CC-CTG-CA-CTC-...CA-GA-...T-AGAG-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6689	
02_AG.NG.x.IBNGGA-AAT-...-C-A-AGCACTG-C-...CC-...-A-GTC-...-A-...-T-...-A-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7047	
02_AG.SE.94.SE7812	AATCATAAATGGCACTTGGAAATGCA...CCAGGACGTT-...A-GAC-C-GAG-TAAAA-...TA-TGGCACT-AGGA-A-A-...-T-...-A-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6925	
02_AG.SN.98.MP1211	GCTAGCAAT...ACT...AATGGC-T-T-GG-...-A-C-A-...-TAA-T-CTAGC-...-AG-C-C-...-A-...-T-...-A-T-...-AA-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6740	
02_AG.UZ.02.02UZ710AAT-C-...TGGAATAGC-C-GGGGAGA-TATC-C-...-C-T-...-A-AA-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6731	
03_AB.RU.97.KAL153_2A-GG-ACT-AAGAGTTA-T-ACACT-A-G-A-...-T-T-G-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6715	
04_cpx.CY.94.CY032TGCAAAATG-...AA-CATTA-...-G-CAGA-TCTAC-A-TCA-C-...-A-...-A-...-C-...-T-G-...-GG-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6914	
05_DF.BE.x.V11310GA-...AGT-TT-...A-CCACAATGTT-...T-A-...-CA-TGACA-G-AT-...-TT-...-T-...-A-...-AG-...-GG-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6935	
06_cpx.AU.96.BFP90CTGTT-A-CACC-...GGGT-A-...-CACC-ACAC-...-T-...-A-...-T-...-AG-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7589	
06_cpx.RU.05.04RU001AAG-AA-...-A-TG-T-...-A-...-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7159	
07_BC.CN.97.CNS4GCCTAATGTT-CA-A-G-A-TTC-...CTCA-TC-...AA-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6890	
08_BC.CN.97.97CNGX_6FA-GG-ACATAC-CTGTAATGTT-CA-GAGA-A-TTC-...CTCA-TC-...AA-A-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6714	
09_cpx.GH.96.96GH2911A-GG-ACCTT-GA-...-A-A-TA-C-TA-A-ATTA-...TA-AC-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6716	
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061CAT-AA-TAATA-...G-CAGGG-T-AATG-GAGT-...A-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6887	
11_cpx.GR.x.GR17T-GCA-A-GAC-A-...CAGCACACA-...-G-...-TGC-GTC-A-...-T-...-A-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6799	
12_BF.AR.99.ARMA159TCC-A-...-T-T-T-T-TT-...T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7500	
13_cpx.CM.96.1849GAA-...GAC-...-GTC-C-...-GC-...-G-...-GGTC-A-...-T-...-A-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6957	
14_BG.DE.01.9196_01AA-TC-...-A-AGTACTGAG-...-G-T-...-A-GAAC-A-AG-TT-...-A-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7046	
14_BG.ES.99.X397GGTC-...-A-A-T-C-TGGA-T-ATAAT-CAG-G-AA-TAAC-C-...-CT-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6985	
15_01B.TH.99.99TH_MU2079TT-CAGAATG-...-A-AGTACT-GG-...-G-T-...-C-...-A-...-G-...-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6898	
16_A2D.KR.97.97KR004CTGCC-A-...-C-TCAAGGG-G-TGAG-...GAA-GA-CG-ATG-G-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6904	
18_cpx.CU.99.CU76	AAT...-C-...-TA-AACT-ATAAC-...C-CA-A-RGCA-A-...GT-T-...T-A-G-A-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6846	
19_cpx.CU.99.CU7G-T-...-A-T-...-AG-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6616	
20_BG.CU.03.CB471T-G-AGT-AG-AG-GG-AT-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6978	
21_A2D.KE.91.KNH1254TA-...GGAATG-...-ACT-ATTAATGG-CA-AGTC-ATT-A-G-...-A-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6745	
23_BG.CU.03.CB118A-TAAT-...-AGT-AT-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6969	
24_BG.CU.03.CB378CT-A-...TA-TAGC-GG-...TGA-AGTAAG-A-...-T-T-...-TA-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6978	
25_cpx.CM.01.101BACA-A-GAC-C-G-...A-TAATGGG-CAG-A-...AGCAAT-A-...T-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6788	
27_cpx.CD.97.97CDKTB49A-GA-ACCACTAAGGGG-G-...-A-...-GACC-A-AGT-...-T-...-A-G-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6736	
28_BFBR.99.BREP112609AGTGGAAAT-AC-...TGGAAATAC-C-GGG-AG-GT-CTGA-A-G-AT-...-A-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6930	
29_BFBR.02.BREP1119A-GCT-C-ACATG-AAGG-...-TC-...-A-TCT-AT-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6684	
31_BC.BR.02.110PA	TTT...AAT...AGTAC-KC-CACCTKAAT-...ARGTAACAGT-C-GGA-...ACWTCAC-C-...GGTAA-...G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7031	
33_01B.MY.05.05MYKL007_1TA-G-AATGA-...CC-TGGGA-GGT-T-A-A-...T-...TA-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6914	
34_01B.TH.99.OUR2478PGG-CC-TGGAG-GGA-T-A-G-...T-...TA-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6704	
35_AD.AF.05.05AF095	AATACCTCAGCATAGGA...GCCAAAT-GC-CA-A-AGCAC-...-A-...-T-...-A-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6701	
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	GGGTATAACAATAGC...A-C-T-A-...GGTTA-A-A-CAGC-A-...-T-A-TT-...G-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6735	
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	AACACTACTACCAGC...ACGCA-ATTCCA-T-GGACTAC-GA-GG-AT-A-T-...T-...A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6720	
42_BFLU.03.luBF_05_03TCCAAT-ACACT-TC-...T-...T-...C-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7030	
N.CM.02.DJO0131CA-A-GGACT-A-GG-T-...T-T-G-C-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-TT-...ACA-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6971	
N.CM.04.04CM_1015_04GATG-G-...GGGACT-T-A-GG-T-...T-TT-G-C-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-TT-...ACA-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...6955	
N.CM.04.04CM_1131_03A-AGC-G-...GAGACTAC-...A-GG-T-...T-TT-G-C-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-TT-...ACA-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7011	
N.CM.95.YBF30CTT-AC-GAC-G-...GC-T-...T-...G-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-TT-...ACA-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7086	
N.CM.97.YBF106ACA-GACT-A-A-G-...T-TT-G-C-T-...-G-...-G-...-G-...-G-...-R-...TT-...ACA-...-G-...-K-...-G-...-G-...-T-...-T-...7047	
O.BE.87.ANT70	TCATGTAACGGAAACCACCTGTAGT...TTAGT-...-TGT-AGTCA-G-...-ATGG-...T-A-T-...-A-C-G-G-...-GG-GG-...-GGTCA-ATA-...-GG-G-CAGTCG-G-C-C-...-A-...7577	
O.CM.91.MVP5180	ATCAACTGTACAAAGTCCGGATGCCAG...GATCAA-GGG-G-...-A-GACC-A-A-A-ATGGT-...TA-A-T-...-AGT-...-G-...-GC-AG-...-GATCA-AT-...-G-G-AGTCGAG-...-C-...-A-...7594	
O.CM.96.96CMABB637	AACGTGACCCCGACCAAATGTAAT...GAA-...G-T-CAATAGT-CAGGT-G-T-CAAT-...-ACACTT-GGGGAA-A-...-T-...-AG-...-GG-AG-...-GGTCA-ATA-...-G-G-AGTCG-G-C-C-...-A-...7081	
O.CM.98.98CMA104	ACATGTAACAAAACCAACTGCCACT...AACAAAT-GG-CT-...-TAAT-CACT-ATGA-...-AA-A-T-...-AGT-G-G-...-GG-AG-G-...-GGTCA-ATA-...-C-G-GG-GTC-G-C-C-...-A-...7038	
O.CM.99.99CMU4122	TCATGTAACGGAAACCAGCTGTACT...A-TAAC-G-G-K-ACA-GAATG-CACTTTG-CAGAGA-A-...-T-...-AG-...-GG-AG-...-GGTCA-ATA-...-GG-GR-AGTCG-G-C-C-...-A-...7040	
O.SN.99.SEMP1299	TCATGTAACGGAAACCAGCTGTACT...A-TAAC-C-A-...GCAGAAC-A-TGAC-CTCGGA-ATAT-...-G-...-GG-GG-...-GGTCA-ATA-...-C-G-G-GTC-G-C-C-...-A-...7524	
O.US.99.99USTWLA	GAAATGTAATAACTCCAACGTAGG...T-C-GAATGAC-...T-T-T-A-ACAGT-...GA-AA-ATAT-...-C-GT-G-G-...-GG-AG-...-GGTCA-AT-...-GG-G-GTC-GCC-C-...-A-...7047	
O.FR.92.VAU	TCCTGCAAGAAGAATATGACCTAT...ACAA-TC-A-TGTACTAAT-T-G-...-A-A-TA-C-A-...-G-...-TCAGG-AA-A-...-T-...-GT-G-G-...-G-AG-...-GGGAC-AT-...-GG-G-TCG-G-C-T-...-A-...7136	
CPZ.CD.90.ANTA-GGGA-...CTCATCAC-AC-GAG-CC-...TAGCA-AT-...T-G-G-AG-T-...TCAT-GGC-...-T-...TTC-...GC-T-CTTAG-C-T-...6973	
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13G-A-GTGAACCTTTTCAC-G-AC-G-AA-A-...-T-...T-G-...-AG-G-...-TTCA-AT-...-G-...-GG-G-C-...-A-...7119	
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505GGCA-CAC-C-G-AT-...-T-A-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-TT-A-ACA-...-G-...-G-...-G-...-T-...-T-...7024	
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7TAC-C-A-A-ACC-TGCTC-TGAAACCTTGACATA-T-ACT-G-A-A-T-...-T-...G-T-G-...-G-...-G-...-C-A-...TA-...-G-...-G-...-A-T-...-T-...7058	
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66ATCTT-...TGAGACTAAGGA-T-AT-...TA-T-...-G-...-GG-...-GGT-A-ATA-...-C-G-G-GTC-G-C-C-...-A-...7159	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145TA-ACA-...ACTGAGA-T-TG-CA-TAA-...-T-...-G-...-AG-G-...-TTCC-AT-...CGT-...G-...-G-...-T-...-A-...7017	
CPZ.GA.88.GAB1AC-A-G-...TT-A-TA-G-...-T-...G-...-G-AG-T-...GTTC-AT-...GG-...G-G-A-...-A-C-A-...7557	
CPZ.TZ.01.TANICCTGGAC-CTAAT-GA-C-...A-A-TACTCA-GT-TC-TGTTGCA-...-C-G-GG-G-AG-...TCAT-GGT-...-T-...GTC-...GGG-T-...CCTT-C-A-...7161	
CPZ.US.85.CPZUSA-ACC-AC-ACAC-...T-A-TAAG-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-G-...-TCA-AT-...-G-...-G-...-G-...-T-...-A-...7534	

B.FR.83.HXB2 Env
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1034
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP.NH1
01_AE.TH.01.01TH.R2184
01_AE.TH.02.OUR.7691
01_AE.TH.90.CM.240
01_AE.US.00.00US.MSC1164
02_AG.CM.02.02CM.4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHN196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ.710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.V11310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ.BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH.MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BFBR.99.BREPM12609
29_BFBR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMABB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.SEMPI299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Sequence alignment table with columns for amino acid positions (I, S, G, Q, I, R, C, S, S, N, I, T, G, L, L, L, T, R, D, G, G) and nucleotide positions (V5 loop start, V5 loop end, 7677). Rows correspond to the HIV-1/SIVcpz strains listed on the left.

B.FR.83.HXB2
Env

RRE_end

	AAGGATCAACAGCTCTGGGGATTGGGGTTGCTCTGGAACACTCATTGACCACTGCTGCTTGGAAATGCT	AGTGG	AGTAATAATCTCTGGAACAGATTGGAAATC	ACGACCTGGATGGAGTGGGA	8119																					
	K D 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 S L E Q I W N H	T T W M E W D																						
01_AE.CF.90.90CF11697	-A	-A	-T	-A	-AC	-C	-A	-C	-AA	-C	-CA	-C	-TAT	-C	-G	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	8071		
01_AE.CN.05.F1051	-A	-A	-T	-A	-AC	-C	-A	-C	-AA	-C	-CA	-C	-TAT	-C	-G	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	8101		
01_AE.CN.06.F1034	-A	-A	-T	-A	-AC	-C	-A	-C	-AA	-C	-CA	-C	-TAT	-C	-G	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	8128		
01_AE.HK.x.HK001	-A	-AG	-T	-A	-AC	-C	-G	-GA	-C	-AA	-C	-CA	-C	-TAT	-G	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	7480		
01_AE.JP.93.93IP_NH1	-A	-AT	-T	-A	-AC	-C	-A	-C	-AA	-C	-CA	-C	-TAT	-G	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	8106		
01_AE.TH.01.01TH_R2184	-A	-T	-A	-AC	-C	-A	-C	-AA	-C	-CA	-C	-TAT	-G	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	-A	7322		
01_AE.TH.02.OUR7691	-A	-T	-A	-AC	-C	-A	-C	-AA	-C	-CA	-C	-TAT	-G	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	-A	7303		
01_AE.TH.90.CM240	-A	-T	-A	-AC	-C	-A	-C	-AA	-C	-CA	-C	-TAT	-G	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	-A	7622		
01_AE.US.00.00US_MSC1164	-A	-T	-A	-AC	-C	-A	-C	-AA	-C	-CA	-C	-TAT	-G	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	-A	7315		
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-T	-AA	-A	-C	-C	-AA	-TATAC	-G	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7297		
02_AG.EC.x.ECU41	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-T	-AA	-A	-C	-C	-AA	-TATAC	-G	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7181		
02_AG.FR.91.DJ264	-G	-A	-A	-A	-C	-A	-T	-AA	-A	-C	-C	-AA	-TATAC	-G	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7453		
02_AG.GH.03.GHNJ196	-G	-G	-A	-A	-A	-A	-G	-C	-AA	-A	-C	-CT	-A	-TATA	-TG	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	8166		
02_AG.NG.01.PI0710	-G	-A	-A	-A	-C	-A	-A	-C	-AA	-A	-C	-CT	-A	-TATA	-TG	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	7267		
02_AG.NG.x.IBNG	-GA	-A	-T	-A	-AC	-C	-A	-A	-C	-CT	-C	-AA	-TATA	-TG	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7625		
02_AG.SE.94.SE7812	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-A	-C	-AA	-A	-C	-CT	-A	-TATA	-TG	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	7509		
02_AG.SN.98.MP1211	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-A	-C	-AA	-A	-C	-CT	-A	-TATA	-TG	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	7324		
02_AG.UZ.02.02UZ710	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-A	-C	-AA	-G	-CT	-C	-A	-TATA	-TG	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	7309		
03_AB.RU.97.KAL153_2	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-A	-C	-AA	-A	-C	-CT	-A	-TATA	-TG	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	7296		
04_cpx.CY.94.CY032	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-A	-C	-AA	-A	-C	-CT	-A	-TATA	-TG	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	7489		
05_DF.BE.x.VI1310	-A	-C	-CA	-A	-C	-T	-AG	-C	-CT	-G	-CT	-G	-GA	-GGG	-G	-GA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	-A	7525		
06_cpx.AU.96.BFP90	-A	-A	-A	-A	-C	-TC	-AA	-TC	-CA	-A	-C	-AA	-TAT	-TG	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	-A	8167		
06_cpx.RU.05.04RU001	-A	-A	-A	-A	-TA	-C	-AA	-C	-AA	-G	-A	-A	-A	-T	-G	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7737		
07_BC.CN.97.CNS4	-A	-A	-A	-A	-C	-T	-A	-C	-CT	-C	-C	-AA	-AAA	-G	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	-A	-A	7471		
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-A	-A	-A	-A	-C	-T	-A	-C	-CT	-C	-C	-AA	-AAC	-G	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	-A	-A	7298		
09_cpx.GH.96.96GH2911	-A	-A	-A	-A	-C	-G	-C	-T	-AA	-C	-CT	-C	-AAC	-TG	-A	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7291		
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-A	-A	-A	-A	-A	-G	-A	-A	-AA	-C	-CT	-C	-A	-GGG	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	-A	7471		
11_cpx.GR.x.GR17	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-C	-AA	-C	-T	-C	-A	-A	-TATA	-TG	-G	-GA	-GAGA	-A	-T	-A	-A	-A	7392		
12_BF.AR.99.ARMA159	-A	-A	-C	-C	-G	-AA	-C	-CT	-A	-A	-C	-A	-A	-GG	-A	-A	-T	-A	-A	-A	-A	-A	-A	8084		
13_cpx.CM.96.1849	-A	-A	-A	-A	-A	-C	-AA	-C	-CT	-C	-C	-A	-A	-AGTG	-A	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7544		
14_BG.DE.01.9196_01	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-A	-C	-AA	-A	-C	-CT	-A	-TG	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7624		
14_BG.ES.99.X397	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-A	-C	-AA	-A	-C	-CT	-A	-GG	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7575		
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-A	-C	-AA	-A	-C	-CT	-A	-TG	-G	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7491		
16_A2D.KR.97.97KR004	-A	-A	-A	-A	-C	-C	-CTT	-C	-CT	-A	-C	-AA	-GGA	-C	-A	-TG	-C	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	7485		
18_cpx.CU.99.CU76	-A	-A	-A	-A	-C	-C	-G	-CT	-A	-C	-CT	-A	-A	-TACA	-TG	-C	-A	-G	-A	-T	-A	-A	-A	7427		
19_cpx.CU.99.CU7	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-C	-CT	-A	-C	-CT	-A	-C	-CTAT	-KG	-T	-A	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	7185		
20_BG.CU.03.CB471	-C	-A	-C	-C	-C	-AA	-C	-CT	-A	-C	-CT	-A	-A	-TATA	-TG	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	7565		
21_A2D.KE.91.KNH1254	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-TC	-AA	-C	-CT	-A	-A	-AA	-TA	-C	-C	-GA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	7341		
23_BG.CU.03.CB118	-C	-A	-C	-C	-C	-AA	-C	-CT	-A	-C	-CT	-A	-A	-T	-G	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	7547		
24_BG.CU.03.CB378	-C	-A	-C	-C	-C	-AA	-C	-CT	-A	-C	-CT	-A	-A	-GWTA	-TG	-A	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	7562		
25_cpx.CM.01.101BA	-A	-A	-A	-A	-C	-C	-AA	-A	-A	-C	-CT	-A	-A	-T	-TG	-T	-A	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7369		
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	-A	-G	-T	-A	-A	-C	-A	-C	-CT	-A	-C	-CT	-A	-TAT	-GG	-A	-CA	-CT	-A	-A	-A	-A	-A	7323		
28_BFBR.99.BREPM12609	-A	-A	-A	-A	-C	-AA	-A	-C	-T	-A	-C	-CT	-A	-G	-G	-A	-CA	-CT	-A	-A	-A	-A	-A	7520		
29_BFBR.02.BREPM119	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-A	-C	-AA	-A	-C	-CT	-A	-A	-T	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	-A	7271		
31_BC.BR.02.110PA	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-C	-T	-A	-C	-CT	-A	-AA	-GG	-T	-G	-GA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	7612		
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	-A	-A	-T	-A	-AC	-C	-AC	-C	-A	-C	-T	-C	-G	-TAT	-G	-A	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	7501		
34_01B.TH.99.OUR2478P	-A	-T	-A	-AC	-C	-A	-C	-CT	-C	-C	-C	-G	-TAT	-G	-A	-CA	-T	-A	-A	-A	-A	-A	-A	7285		
35_AD.AF.05.05AF095	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-A	-C	-CA	-A	-C	-A	-A	-AAC	-A	-AGTG	-A	-G	-CA	-A	-T	-A	-A	7285		
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	-G	-A	-A	-A	-C	-C	-AA	-C	-CT	-A	-C	-CT	-A	-TAT	-TAGC	-A	-G	-AA	-T	-A	-A	-A	-A	7316		
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	-A	-A	-A	-A	-C	-CA	-A	-C	-A	-C	-CT	-A	-A	-CA	-TG	-T	-A	-G	-AA	-T	-A	-A	-A	7301		
42_BFLU.03.luBF_05_03	-C	-A	-C	-C	-C	-G	-C	-AA	-C	-CT	-A	-C	-A	-TATC	-GG	-A	-GG	-A	-T	-A	-A	-A	-A	7581		
N.CM.02.DJ00131	-G	-G	-AA	-AA	-TC	-A	-C	-A	-ACT	-A	-TAT	-CA	-AG	-C	-AGC	-A	-CC	-TAT	-TACW	-C	-GG	-A	-T	7546		
N.CM.04.04CM_1015_04	-G	-G	-AA	-AA	-TC	-A	-C	-A	-ACT	-A	-TAT	-CA	-AG	-C	-AGC	-A	-CC	-CTAT	-TTCA	-C	-GGAA	-T	-TTA	7524		
N.CM.04.04CM_1131_03	-G	-G	-AA	-AR	-TC	-A	-C	-A	-ACT	-A	-TAT	-CA	-AG	-C	-AGC	-R	-M	-CC	-YTAT	-KRCA	-C	-GGWA	-T	7589		
N.CM.95.YBF30	-G	-G	-AA	-AA	-TC	-A	-C	-A	-ACA	-A	-TAT	-CA	-AG	-C	-AGC	-AC	-CC	-TAT	-TACA	-C	-A	-T	-TTA	7670		
N.CM.97.YBF106	-GA	-G	-AA	-AA	-TC	-A	-C	-A	-ACT	-A	-TAT	-CA	-A	-CY	-AGC	-CC	-CTAT	-TACA	-C	-RG	-A	-T	-CTC	7625		
O.BE.87.ANT70	-C	-A	-G	-A	-AA	-CC	-A	-C	-TAAA	-G	-AG	-C	-TA	-AT	-A	-AAAA	-AGA	-CA	-T	-GGA	-AAC	-AGC	-G	-CAC	8167	
O.CM.91.MVP5180	-C	-A	-G	-A	-G	-AA	-CC	-A	-C	-TAAA	-G	-A	-C	-TTA	-AT	-A	-AAAA	-CA	-A	-TCA	-TCA	-A	-A	8193		
O.CM.96.96CMABB637	-C	-A	-G	-A	-AA	-CC	-C	-C	-TAAR	-GG	-A	-C	-TAT	-AT	-A	-AAAA	-CAGC	-CA	-A	-G	-G	-AG	-CTA	7659		
O.CM.98.98CMA104	-C	-A	-G	-A	-AA	-CC	-A	-C	-TAAA	-T	-A	-C	-TA	-AT	-A	-AAAA	-CAA	-CA	-A	-GGCG	-AG	-GGGACT	-A	-G	7670	
O.CM.99.99CMU4122	-C	-A	-G	-A	-AA	-CC	-A	-C	-TAAG	-GG	-A	-C	-TTA	-AT	-A	-AAAA	-AAC	-CA	-A	-GCA	-ACGGC	-CTAA	-AA	-TACA	7642	
O.SN.99.SEMPI299	-C	-A	-C	-G	-A	-AA	-CC	-A	-C	-TAAG	-G	-A	-C	-TA	-AT	-A	-AAAA	-CA	-G	-ACAAA	-TTGCACA	-A	-CC	-TAAGT	8235	
O.US.99.99STWLA	-C	-A	-G	-A	-AA	-CC	-A	-C	-TAAA	-TC	-A	-C	-TA	-AT	-A	-AAAA	-AA	-CA	-A	-GG	-GAAAT	-CTCTCA	-G	-CAG	7643	
O.FR.92.VAU	-C	-A	-G	-A	-ATA	-CC	-G	-C	-AAGAA	-G	-A	-C	-TA	-AT	-A	-AAAG	-AA	-CA	-A	-GGAGG	-GA	-AAT	-TCA	-G	-G	7732
CPZ.CD.90.ANT	-GA	-A	-AT	-A	-CC	-C	-TG	-AC	-GG	-G	-CC	-TCA	-A	-G	-AA	-TCC	-GTA	-AACT	-CAGC	-AAACAT	-GTGCA	-AAG	-AC	-GC	7578	
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-C	-G	-A	-T	-A	-CC	-C	-GTCT	-CT	-TTAT	-CA	-CA	-AAA	-CA	-T	-CAGGC	-G	-A	-AGTG	-C	-CA	-T	-TTA	-A	7703	
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-G	-C	-G	-AA	-A	-CC	-A	-C	-A	-TCTG	-G	-TTA	-CAA	-A	-C	-C	-AGC	-AC	-C	-CTAT	-CACA	-A	-GGAA	-T	7605	
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-G	-C	-G	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-T	-A	-A	-AGA	-C	-C	-A	-ATATA	-TG	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	7630	
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66	-G	-C	-G	-A	-A	-A	-A	-C	-A	-T	-A	-A	-AGA	-C	-C	-A	-ATATA	-TG	-A	-G	-CA	-T	-A	-A	7743	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-G	-C	-G</																							

B.FR.83.HXB2

Env

01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.F1051
01_AE.CN.06.F1054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP.93.93JP.NH1
01_AE.TH.01.01TH.R2184
01_AE.TH.02.OUR7691
01_AE.TH.90.CM.240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.ECU41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHNJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.V11310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH2911
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREP12609
29_BF.BR.02.BREP1119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.09UR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DJ00131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.AN170
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMAAB637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMAU122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAME13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

CAGAGAAAATTAACAATTAACAAGCTTAATCACTCTTAATTAAGAATCGCAAACAGCAAGAAAAGAAATGAACAAGAAATTTGGAATAGATAAATGGGCAAGTTTGGGAATGGTTTAAACATAACAAATGGCTGGTATATAAAATTTATTCATAATGATAG 8298

Table with 20 columns representing amino acid positions (R, E, I, N, N, Y, T, S, L, I, H, S, L, I, E, E, S, Q, N, Q, E, K, N, E, Q, 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) and 200 rows of sequence alignments for various HIV-1/SIVcpz strains. Each row shows the amino acid at that position for a specific strain, with dashes indicating gaps or missing data.

8241
8271
8298
7650
8276
7492
8274
7473
7842
7485
7467
7351
7623
8336
7437
7795
7679
7494
7479
7466
7659
7695
8337
7907
7641
7468
7461
7641
7562
8254
7714
7794
7745
7661
7655
7597
7355
7735
7511
7717
7732
7539
7493
7690
7441
7782
7671
7455
7486
7471
7751
7716
7694
7759
7840
7795
8337
8363
7829
7840
7812
8405
7813
7902
7748
7873
7775
7800
7913
7801
8329
7945
8297

B.FR.83.HXB2
Rev exon 2
Tat exon 2
Env
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.FJ051
01_AE.CN.06.FJ054
01_AE.HK.x.HK001
01_AE.JP93.93JP.NH1
01_AE.TH.01.01.TH.R2184
01_AE.TH.02.02.TH.7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US_MSC1164
02_AG.CM.02.02CM_4082STN
02_AG.EC.x.EC041
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GHJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02UZ710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY032
05_DF.BE.x.VI1310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CNGX_6F
09_cpx.GH.96.96GH291
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.ARMA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97KR004
18_cpx.CU.99.CU76
19_cpx.CU.99.CU7
20_BG.CU.03.CB471
21_A2D.KE.91.KNH1254
23_BG.CU.03.CB118
24_BG.CU.03.CB378
25_cpx.CM.01.101BA
27_cpx.CD.97.97CDKTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKL007_1
34_01B.TH.99.OUR2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DIO0131
N.CM.04.04CM_1015_04
N.CM.04.04CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMA104
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.99SEMP1299
O.US.99.99USTWLA
O.FR.92.VAU
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAMI13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI1
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 4 columns: Sequence alignment, Tat Rev intron end, Tat Rev exon 2 start, and Tat premature stop in HXB2. The table contains multiple rows of sequence data for various HIV-1/SIVcpz strains, showing conserved regions and mutations.

Tat end

B.FR.83.HXB2
 Rev exon 2
 Tat exon 2
 Env

GACAGATCCATTCGATTAGTGAACGGATCCTTGGCAGTATTCTGGGACGATCTGCGGAGCCTGTGCCCTTCCAGTACCACCGCTTGAGAGACTTACTCTTGGTGTAAACG...AGGATTGTGGAATCTCTGGGACGC... 8585

R Q D 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 G T S G T

T D P F D *
 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 E L L G R

01_AE.CF.90.90CF11697
 01_AE.CN.05.FJ051
 01_AE.CN.06.FJ054
 01_AE.HK.x.HK001
 01_AE.JP93.93JP.NH1
 01_AE.TH.01.01.TH.R2184
 01_AE.TH.02.OUR.7691
 01_AE.TH.90.CM240
 01_AE.US.00.00US_MSC1164
 02_AG.CM.02.02CM_4082STN
 02_AG.EC.x.ECU41
 02_AG.FR.91.DJ264
 02_AG.GH.03.GHN196
 02_AG.NG.01.PL0710
 02_AG.NG.x.IBNG
 02_AG.SE.94.SE7812
 02_AG.SN.98.MP1211
 02_AG.UZ.02.02UZ710
 03_AB.RU.97.KAL153_2
 04_cpx.CY.94.CY032
 05_DF.BE.x.VI1310
 06_cpx.AU.96.BFP90
 06_cpx.RU.05.04RU001
 07_BC.CN.97.CN54
 08_BC.CN.97.97CNGX_6F
 09_cpx.GH.96.96GH291F
 10_CD.TZ.96.96TZ_BF061
 11_cpx.GR.x.GR17
 12_BF.AR.99.ARMA159
 13_cpx.CM.96.1849
 14_BG.DE.01.9196_01
 14_BG.ES.99.X397
 15_01B.TH.99.99TH_MU2079
 16_A2D.KR.97.97KR004
 18_cpx.CU.99.CU76
 19_cpx.CU.99.CU7
 20_BG.CU.03.CB471
 21_A2D.KE.91.KNH1254
 23_BG.CU.03.CB118
 24_BG.CU.03.CB378
 25_cpx.CM.01.101BA
 27_cpx.CD.97.97CDKTB49
 28_BF.BR.99.BREPM12609
 29_BF.BR.02.BREPM119
 31_BC.BR.02.110PA
 33_01B.MY.05.05MYKL007_1
 34_01B.TH.99.99TH_OUR2478P
 35_AD.AF.05.05AF095
 36_cpx.CM.00.00CMNYU830
 37_cpx.CM.00.00CMNYU926
 42_BFLU.03.luBF_05_03
 N.CM.02.DJ00131
 N.CM.04.04CM_1015_04
 N.CM.04.04CM_1131_03
 N.CM.95.YBF30
 N.CM.97.YBF106
 O.BE.87.ANT70
 O.CM.91.MVP5180
 O.CM.96.96CMAAB637
 O.CM.98.98CMA104
 O.CM.99.99CMU4122
 O.SN.99.SEMP1299
 O.US.99.99USTWLA
 O.FR.92.VAU
 CPZ.CD.90.ANT
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAMI13
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
 CPZ.CM.05.SIVcpzL87
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
 CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
 CPZ.GA.88.GAB1
 CPZ.TZ.01.TANI
 CPZ.US.85.CPZUS

	Env gp41, gp160 end	Nef start	
B.FR.83.HXB2	ACATACCTAGAAGAATAAGACAGGGCTTG. GAAAGGATTTTGGCTAT. .AAG	.ATGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGATTGGATGGCCTACTGTAAGGGAAAGATGACAGCA	8862
Nef	H I P R R I R Q G L # E R I L L ##*	M G G K W S K S S V I G W P T V R E R M R R	
01_AE.CF.90.CF11697C.....A.....GC.....C.....A.....AA-AG-G.....CAG-C.....A-G.....	8835
01_AE.CN.05.FI051TC.....A.....AGC.....C.....AGCTTT.....GCTATAA.....G.....T.....G.....CAAGG.....T.....CAGA-C.....A-G-A.....G.....T.....G.....CAAGG.....T.....CAGA-C.....A-G-A.....	8878
01_AE.CN.06.FI054C.....A.....GC.....G.....C.....AAA.....CAG-C.....A-G-A.....	8880
01_AE.HK.x.HK001CC.....A.....C.....G.....C.....A.....A.....CA-AG-G.....CAG-C.....A-A-AG-A.....	8244
01_AE.JP.93.93P.NH1C.....A.....GC.....G.....C.....A.....A.....CA-AG-G.....CAG-C.....A-A-AG-A.....	8870
01_AE.TH.01.01TH.R2184G.....T.....A.....GC.....C.....AA.....CA-AG-G.....CAG-C.....A-A-AG-A.....	8086
01_AE.TH.02.01U7591C.....A.....A.....GC.....C.....CAA.....CA-AG-G.....CAGA-T.....A-G-A.....	8068
01_AE.TH.90.CM240C.....A.....A.....GC.....C.....AA-T.....CA-AG-G.....CAG-C.....A-A-AG-A.....	8436
01_AE.US.00.00US_MSC1164C.....T.....A.....G.....G.....C.....A.....T.....CA-AG-G.....CAG-C.....A-A-G.....	8067
02_AG.CM.02.02CM_4082STNT.....C.....C.....C.....A.....GC.....C.....G.....C.....CT-AG-G.....CAG-T.....A-A.....	8061
02_AG.EC.x.ECU41G.....C.....C.....C.....GC.....C.....GAG.....C.....CA-AG-G.....GAG-C.....A.....	7945
02_AG.FR.91.DJ264GT.....C.....A.....TC.....C.....GC.....C.....C.....CT-AG-G.....AG-T.....A-T-AG.....	8217
02_AG.GH.03.GHNJ196C.....C.....TC.....T.....GC.....A.....C.....CA.....CTT.....CC-CA-AG-G.....G.....AG-T.....T.....C.....A.....ACCCCTCAACAGCAGAAAGATA	8933
02_AG.NG.01.PI0710C.....A.....C.....C.....GC.....C.....C.....CA-AG-G.....AGA-T.....T.....A.....A.....	8031
02_AG.NG.x.IBNCJC.....C.....C.....GC.....C.....C.....CA-AG-G.....AG-T.....T-A.....A.....	8389
02_AG.SE.94.SE7812G.....C.....T.....GC.....A.....C.....C.....CA-AG-G.....CAGA-T.....C.....A-A.....	8252
02_AG.SN.98.MP1211C.....C.....A.....GC.....A.....C.....C.....CT-AG-G.....CAG-T.....C.....A-A-G.....	8088
02_AG.UZ.02.02UZ710C.....A.....A.....GC.....C.....A.....CA-AG-G.....CAG-T.....C-T-A.....	8073
03_AB.RU.97.KAL153_2G.....C.....GCA.....A.....GC.....A.....C.....G.....A.....CA-AG-G.....CAG-T.....A.....	8039
04_cpx.CY.94.CY032C.....C.....C.....T.....AGC.....T.....A.....A.....A.....CA-AG-G.....GAGA.....G.....	8235
05_DF.BE.x.VII310C.....A.....A.....GC.....A.....AG.....GAG.....A.....C.....	8268
06_cpx.AU.96.BFP90G.....A.....A.....T.....AGC.....A.....AAA.....A.....T.....CAG.....G.....T-A-AC.....G.....	8898
06_cpx.RU.05.04RU001T.....A.....A.....A.....TTAGC.....A.....A.....A.....C.....CA-AG-A.....T.....GAGA.....T-A-AC.....G.....	8480
07_BC.CN.97.CN54G.....C.....T.....GCAGC.....A.....AA.....G.....G.....CA-AG-G.....G-A.....G.....	8235
08_BC.CN.97.97CNGX_6FG.....C.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....G.....CA-AG-G.....G-A.....A.....	8062
09_cpx.GH.96.96GH2911T.....C.....C.....T.....GC.....C.....RCA.....AG-AG-G.....GAGA-T.....A.....A.....	8034
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061C.....C.....C.....G.....GC.....A.....A.....A.....A.....AG.....CAG.....A.....	8214
11_cpx.GR.x.GR17T.....C.....T.....GC.....C.....A.....T.....CA-AG-G.....GAGA-T.....T-A.....C.....	8135
12_BF.AR.99.ARMA159GC.....G.....A.....GC.....A.....C.....A-AG.....GAGA.....T.....	8827
13_cpx.CM.96.1849G.....C.....C.....GC.....A.....A.....C.....C.....CACAG-G.....AG.....A.....	8302
14_BG.DE.01.9196_01C.....A.....A.....R-AKC.....K.....C.....G.....M.....TCCC-A-C-G.....GAG.....A.....	8388
14_BG.ES.99.X397T.....GT.....C.....A.....T.....AGC.....C.....TT.....C.....G.....G.....CGAG.....G.....	8327
15_01B.TH.99.99TH_MU2079G.....C.....C.....T.....C.....GC.....C.....AA.....CAG-C.....A-A-AG-A.....	8243
16_A2D.KR.97.97KR004C.....A.....G.....AGC.....A.....A.....G.....A.....A.....CT-ACCA.....G-A-T.....G.....	8249
18_cpx.CU.99.CU76C.....C.....GCC.....AGC.....A.....T.....G.....A.....CC-AG-A.....GAGA-T.....G-A.....A.....	8191
19_cpx.CU.99.CU7C.....A.....A.....GC.....AA.....G.....A.....A.....G.....CA-A.....	7924
20_BG.CU.03.CB471G.....G.....A.....T.....GGCC.....GA.....GAT.....A.....C.....CC.....G.....GAGA.....A.....	8320
21_A2D.KE.91.KNH1254C.....C.....A.....C.....GC.....A.....A.....G.....A.....A.....CA-AG.....G.....T-A.....A-GAA.....	8084
23_BG.CU.03.CB118C.....A.....T.....GGCC.....A.....GAA.....A.....G-G-G.....G.....	8299
24_BG.CU.03.CB378G.....A.....C.....T.....T-AC.....A.....GA.....A.....ACC.....GTGA.....A.....G.....ACCCCTCAACAAGA	8338
25_cpx.CM.01.101BAC.....A.....C.....AGC.....GA.....G.....G.....CA-AG.....GAGA.....	8133
27_cpx.CD.97.97CDKTB49G.....G.....A.....T.....TAGC.....C.....G.....G.....A-CA-AG-G.....G.....A.....	8066
28_BF.BR.99.BREPM12609C.....C.....A.....GC.....A.....C.....G.....AC-GG.....GAGG.....	8263
29_BF.BR.02.BREPM119C.....C.....A.....GC.....A.....A.....G.....A.....A.....G.....A.....	8014
31_BC.BR.02.110PATA-GACA.....T.....GCAGCA.....A.....A.....C.....GAA.....A.....T.....CCA.....G-TGG-ATGGC.....CT-TAAG-GA-GA-TGA.....	8351
33_01B.MY.05.05MYKL007_1C.....T.....A.....TC.....C.....G.....A.....A.....CA-AG-G.....AG-C.....A-G-A.....	8253
34_01B.TH.99.OUR2478PC.....A.....A.....GC.....AA.....C.....A.....A.....CA-AG-G.....CAG-C.....A-A-G-G.....	8028
35_AD.AF.05.05AF095C.....C.....T.....C.....T.....AGCA.....C.....CAAAG-G.....GAG-T.....A.....A.....	8049
36_cpx.CM.00.00CMNYU830G.....C.....C.....AC-A.....GC.....A.....C.....CA-A-A.....CAGA-T.....C.....G-A.....	8083
37_cpx.CM.00.00CMNYU926C.....C.....C.....T.....TG.....GC.....A.....C.....A.....A.....CC-AG-G.....CAG-G.....A-A-A.....	8066
42_BFLU.03.luBF_05_03T.....C.....C.....A.....GC.....A.....G.....R.....T.....G.....G.....AA.....	8324
N.CM.02.DJO0131C.....C.....A.....AGCAC-T.....AAAA-TT.....G-C.....CA-AG-A.....AGAAA-C-A.....A.....	8316
N.CM.04.04CM_1015_04C.....C.....A.....A.....CAC-TT.....GAAG-GT.....G-C.....AG-A.....AGAAA-C-A.....A.....	8288
N.CM.04.04CM_1131_03G.....C.....C.....A.....CAC-TG.....GAAA-TT.....G-AC.....A-AGCA.....T.....AGAAA-C-A.....A-G.....	8353
N.CM.95.YBF30C.....C.....A.....A.....AGCAC-A.....AAAG-TT.....G-C.....CC-AG-A.....AGAAA-C-A.....A.....	8434
N.CM.97.YBF106C.....C.....A.....A.....AGCAC-TT.....A.....AAAA-TT.....G-C.....CC-AG-A.....AGAAA-C-A.....A-A.....	8392
O.BE.87.ANT170C.....A.....G.....T.....A.....A.....G.....AT-G.....C.....AAA-GCA-T-AG.....G.....AAT-TGAG.....G-AG-A.....A.....	8931
O.CM.91.MVP5180C.....A.....A.....T.....A.....TGCA.....A.....C.....AG-G.....C.....GAATGCA.....AGC.....C-AAT-TGCA.....T-AGAA.....A-T.....A.....	8957
O.CM.96.96CMABB637T.....Y-AC.....T.....C.....C.....CTGC.....AT-G.....C.....GAATGCA.....AGT.....AC-AAT-TGCA.....T-AG-A.....A-T.....A.....	8423
O.CM.98.98CMA104C.....A.....T.....M.....A.....GC.....AT-G.....C.....AAA-GTT-T-GGG.....C-AGT-TGCA.....T-A-A.....A-G.....A.....	8434
O.CM.99.99CMU4122C.....A.....T.....A.....CA-GC.....AG-G.....C.....AAA-GCA-T-AGR.....C-AT-TCCA.....T-AG-CA.....A-R.....A.....	8406
O.SN.99.SEMP1299C.....A.....T.....A.....A.....G.....AT.....C.....AAA-GTA-T-GGT.....GA-TAT-T-AG.....T-AG-A.....C-A.....G.....	8999
O.US.99.99USTWLAC.....A.....G.....T.....TGCA.....A.....C.....AK.....C.....AAA-TA-TAA.....G-C-AAT-TGAA.....AG-A.....AAG.....A.....	8407
O.FR.92.VAUA.....A.....G.....T.....C.....T.....GC-AC-C.....T.....C.....AAATGTA-TAGG.....AATG-GCA.....T-AGAA.....AAG.....A.....	8496
CPZ.CD.90.ANTAG.....GC-C.....C.....A.....G.....TTGCA- AAAT.....A.....TCTGCA.....T.....TC-AGTG-G.....GCAAGACAA-C-TTAGG-A-A.....AT.....	8319
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13CC-GC-C.....C.....A.....C.....A.....G.....A.....C.....A.....T.....ATCTTGCTTTAAAATAGTCTTGCTTTAAG.....C.....A-CTC.....T.....CC-AG-A.....GAAA-C-AA.....A-A-GAG.....	8495
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505G.....C.....C.....A.....TC.....A.....AGCAC-TT.....A.....AAAAGTT.....G.....CC-TG-G.....ACAA-C-TA-T.....A.....	8369
CPZ.CM.05.SIVcpzL37T.....C.....G.....T.....A.....T.....C.....AGC.....AT.....A.....AAA.....A.....C.....G.....G.....AGAG.....T.....AAG.....T.....A.....	8394
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66C.....C.....A.....C.....T.....AGCA.....AT.....A.....C.....C.....G.....G.....C.....AGAG.....A.....C.....T.....GA-G.....	8507
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145T.....C.....T.....A.....A.....AGC.....T.....A.....A.....C.....C.....C.....G.....AGAAA.....A.....G.....A-A-A.....	8395
CPZ.GA.88.GAB1C.....GC-C.....C.....A.....GC.....A.....T.....CACTGCATTAAG.....AAC.....A.....T.....C.....G.....A.....GAG.....C.....AAG.....A-GGA.....	8935
CPZ.TZ.01.TANIT.....T.....C.....T.....CTAGC- AAAT.....A.....AAA-TA-TT.....G.....ATG-CC-GGCC-GG-AA-CC-TC-GATC-T.....AT.....	8551
CPZ.US.85.CPZUST.....A.....T.....G.....A.....C.....A.....G.....A.....GC.....AT.....A.....AA.....TA-TT.....T.....G.....CA-AG-A.....AGAA-C-AA-C-T.....A.....	8889

TCF-1 alpha binding
 Nef end

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	ACCCGGAGAGAGAGTGTAGTAGTGGAGTTTGACAGCCGCCTAGCATTTTCATCGTGGCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAGAAGTCTGCTGA	9434
Nef	D P E R E V L E W R F D S R L A F H V A R E L H P E Y F K N C *	
A1.GE.99.99GEMZ011	TGA - A - - - - AT - - - - - T - - - - - G - TC - AACA - - - - - AGA - - - - - CA - A - - - - GCTGCTG - CA	8634
A1.KE.00.KER1008	TGA - A - - - - A - - - - CA - - - - - G - G - - - - ACA - - - - - CAA - - - - - A - - - - A - - - - - CA - AG - - - - - GACTG -	8635
A1.GA.00.KNH1144	TGAA - G - - - - C - AG - - - - - A - - - - - G - C - AG - - - - - A - - - - - C - TA - AAA - - - - - T - - - - - AG - - - - -	8636
A1.KE.00.KSM4024	TGA - A - - - - A - C - - - - - A - - - - - G - AGAA - - - - - AGA - T - TT - - - - - CA - AGC - - - - - GAC -	8637
A1.KE.00.MSA4069	TGA - A - - - - A - GA - - - - - A - - - - - G - C - AAGA - - - - - AGA - T - A - - - - - CA - AG - - - - - GAC -	8638
A1.KE.00.NKU3005	TGA - T - - - - ACA - AT - - - - - A - - - - - G - C - AA - - - - - AGA - A - - - - - T - A - - - - - CA - GAG - - - - - GAC -	8639
A1.RU.00.RU00051	TGAT - AG - - - - A - AT - - - - - T - - - - - G - TC - AA - - - - - AGA - A - - - - - C - G - T - A - - - - - MCA - GAG - - - - - GMC -	8640
A1.RU.03.03RU_20_06_13	TGA - A - - - - A - - - - - AT - - - - - T - W - - - - G - TC - AAA - - - - - AGA - A - - - - - T - - - - - A - - - - - CACAGACTGCTGAT - AG - - - - - GAC -	8641
A1.RW.93.93RW_024	TGA - A - - - - A - - - - - GT - - - - - A - - - - - G - C - GA - - - - - AGA - A - - - - - T - - - - - A - - - - - TG - CAC - - - - - AAGATGCTG - CA	8642
A1.SE.95.SE8891	TGA - - - - - ACA - AT - - - - - A - - - - - G - C - CACA - - - - - AGA - A - - - - - T - A - - - - - CA - AG - - - - - GAC -	8612
A1.SE.95.UGSE8131	TGAA - - - - - GACA - AT - - - - - A - - - - - CC - A - - - - G - - - - - A - - - - - AGA - - - - - TTC - - - - - T - A - - - - - CA - CAG - - - - - GACT	8812
A1.TZ.01.A173	TGAT - - - - - ACA - AG - - - - - CA - - - - - AAG - - - - - AA - A - - - - A - A - - - - A - - - - - C - T - A - - - - - CA - AG - - - - - GAC	8631
A1.UA.01.01UADN139	TGA - AG - - - - G - - - - - AT - - - - - A - - - - - T - G - - - - G - CAGA - - - - - A - A - - - - AAA - - - - - T - A - - - - - CA - AG - - - - - GAC	8631
A1.UG.92.92UG037	TGA - A - - - - ACA - AG - - - - - A - - - - - A - - - - - G - CGAGTA - - - - - AAA - AA - - - - - AAA - - - - - TT - A - - - - - CA - GAG - - - - - GACT	9497
A1.UG.99.99UGA07072	TGA - - - - - ACA - AT - - - - - A - - - - - G - - - - - AA - A - - - - - AGA - T - - - - - T - - - - - T - A - - - - - CA - AG - - - - - GAC	8655
A1.UZ.02.02UZ0659	TGA - A - A - - - - AT - - - - - A - - - - - T - - - - - G - TC - AACA - - - - - AGA - - - - - A - - - - - T - A - - - - - CA - GAG - - - - - GACT	8660
A2.CD.97.97CDKS10	- - - - - T - A - - - - - A - - - - - GA - - - - - T - - - - - G - GC - GAGA - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - CA - AG - - - - - GAC	5323
A2.CD.97.97CDKTB48	- - - - - T - A - - - - - A - - - - - GA - - - - - T - - - - - G - GC - GAGA - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - CA - AG - - - - - GAC	8810
A2.CY.94.94CY01741	- - - - - T - A - - - - - A - - - - - GA - - - - - T - - - - - G - GC - GAGA - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - CA - AG - - - - - GAC	8860
B.AR.04.04AR151516	- - - - - T - A - - - - - A - - - - - ATA - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - T -	8645
B.AU.87.MBC925	- - - - - T - A - - - - - A - - - - - ATA - - - - - A - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - T -	8645
B.BO.99.BOL0122	- - - - - T - A - - - - - A - - - - - G - T - - - - - A - - - - - C - - - - - TA - - - - - C - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG - T - A - - - - - TTGCTGACAGTGTCTACAGAGAGTGTGTA - GA - T - T -	8656
B.BR.03.BREPM2012	- - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - A - - - - - G - GC - - - - - C - A - - - - - AA - - - - - T - A - - - - - AG - T - A - - - - - TGA - C - - - - - T -	8909
B.CA.97.CANB3FULL	- - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - AA - - - - - T - A - - - - - AG - - - - - T -	8687
B.CN.05.05CNHB_hp3	- - - - - A - - - - - C - GAT - - - - - A - - - - - C - C - - - - A - - - - - AAA - - - - - T - T - A - - - - - C - - - - - T -	9444
B.CO.01.PCM001	- - - - - A - A - - - - C - GC - - - - - A - - - - - C - C - - - - A - - - - - A - - - - - AA - - - - - T - A - - - - - C - A - - - - - TG -	8617
B.GB.83.CAM1	- - - - - A - A - - - - AC - AT - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - AA - - - - - T - A - - - - - AG - - - - - T -	9487
B.GB.86.GB8	- - - - - A - A - - - - AC - AT - - - - - A - - - - - AAG - - - - - T - A - - - - - AA - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - CG - AG - T -	9423
B.GE.03.03GEMZ010	- - - - - A - A - - - - AC - AT - - - - - A - - - - - AAG - - - - - T - A - - - - - AA - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - CACC - AG - TT - CT - CAA -	8611
B.IT.05.SG1	- - - - - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - G - C - - - - - AG - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - CT - G -	8601
B.JP.05.DR6538	- - - - - A - - - - - A - - - - - AT - - - - - A - - - - - G - C - - - - - AG - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - CATGGAGCCCTACAGGAATTGCTGA - T - C -	9470
B.KR.05.05CSR3	- - - - - A - - - - - A - - - - - AT - - - - - A - - - - - G - C - - - - - AG - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - CACCGGACTACTACAAGAAATGTGACA - CGAGC - T -	9513
B.NL.00.671_00T36	- - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - TGACTCATGAGTCTCTACAGAACCCGCTGA - A - - - - - T -	9014
B.RU.04.04RU128005	- - - - - A - - - - - A - - - - - AT - - - - - A - - - - - T - - - - - C - A - A - - - - - AAA - - - - - A - - - - - T - A - - - - - TGACTCATGAGTCTCTACAGAACCCGCTGA - A - - - - - T -	8933
B.TH.00.00TH_C3198	- - - - - A - - - - - A - - - - - AT - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - CT - G -	8394
B.UA.01.01UAKV167	- - - - - A - A - - - - AT - - - - - A - - - - - C - C - GC - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - CT - AT -	8692
B.US.04.ES10_53	- - - - - A - A - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - GC - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - CATTAACTACCAAGACTGCTGA - T - G -	9427
B.US.99.PRB959_03	- - - - - A - A - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - C - C - GC - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - CT - AT -	8660
C.AR.01.ARG4006	- - - - - TT - A - - - - CG - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - T - T - - - - CGCAGA - - - - - A - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	8642
C.BR.04.04BR013	- - - - - TGAAC - CG - - - - GC - - - - - A - - - - - T - T - - - - CGCAGA - - - - - A - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	8936
C.BW.00.00BW07621	- - - - - TGATC - C - - - - A - - - - - AT - - - - - A - - - - - TA - - - - - CGCAGA - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	8780
C.CN.98.YNRL9840	- - - - - TGAA - C - A - - - - A - - - - - AT - - - - - A - - - - - T - TC - - - - - CACAGA - - - - - C - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG - A -	8152
C.ET.02.02ET_288	- - - - - A - T - A - - - - A - - - - - AT - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - CAGAGA - - - - - C - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG - A -	8676
C.GE.03.03GEMZ033	- - - - - TGAA - C - A - - - - A - - - - - AT - - - - - A - - - - - T - AT - - - - - C - - - - - CAGAGA - - - - - C - - - - - A - - - - - C - TT - A - - - - - AG -	8668
C.IL.90.90ET7	- - - - - TGGA - C - - - - C - - - - - AT - - - - - A - - - - - A - - - - - CGCA - A - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	8614
C.IN.99.01INS65_10	- - - - - TGAA - C - - - - A - - - - - AG - - - - - CA - - - - - T - T - - - - CACAGA - - - - - C - - - - - AA - - - - - T - A - - - - - AG - T -	8846
C.KE.00.KER2010	- - - - - TGAA - C - - - - A - - - - - AG - - - - - CA - - - - - T - T - - - - CACAGA - - - - - C - - - - - AA - - - - - T - A - - - - - AG - T -	8637
C.MM.99.mIDU101_3	- - - - - TGAAC - CG - - - - C - - - - - GC - - - - - A - - - - - T - AA - - - - - C - CAGA - - - - - AG - - - - - C - - - - - A - - - - - TT - A - - - - - AG -	8807
C.MW.93.93MW_965	- - - - - TGAA - C - - - - A - A - - - - AGA - A - - - - T - AA - - - - - CGCAGA - - - - - C - - - - - AA - - - - - T - A - - - - - AG -	8635
C.NG.90.90SE_364	- - - - - TGAA - C - - - - C - - - - - AT - - - - - A - - - - - TT - AA - - - - - CACAGA - - - - - C - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	8584
C.SO.89.89SM_145	- - - - - TGAA - C - - - - C - - - - - AT - - - - - A - - - - - TT - AA - - - - - CGCAGA - - - - - T - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	8686
C.TZ.02.C0178	- - - - - TGAA - C - - - - AC - A - - - - A - - - - - T - T - - - - CGCAGA - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	8637
C.UY.01.TRA3011	- - - - - T - AC - C - A - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - T - T - - - - G - CA - AGA - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	8648
C.YE.02.02YE511	- - - - - TGAT - CG - - - - A - - - - - AT - - - - - A - - - - - GCACAGA - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - TT - A - - - - - AG -	8688
C.ZA.04.04ZASK164B1	- - - - - TGAA - C - - - - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - CACATA - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - GG - A - - - - - AG - A -	8913
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	- - - - - TGAA - AG - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - CGCAGA - - - - - A - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	8827
C.ZM.02.02ZM108	- - - - - TGAAC - C - - - - A - A - - - - A - - - - - T - T - T - - - - CGCAGA - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	9488
D.CD.83.ELI	- - - - - C - - - - - A - A - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - G - - - - AA - - - - - A - - - - - T - A - - - - - A - - - - - A - - - - - TGA - C - - - - - CTT	8966
D.CM.01.01CM_0009BBY	- - - - - C - - - - - A - A - - - - A - - - - - A - - - - - TA - A - - - - C - - - - - G - A - - - - - AA - - - - - AC - A - - - - - A - - - - - AG -	8421
D.KE.01.NKU3006	- - - - - C - - - - - A - - - - - AT - - - - - A - - - - - A - - - - - TA - A - - - - C - - - - - G - A - - - - - AA - - - - - AC - A - - - - - A - - - - - AG -	8672
D.KR.04.04KBH8	- - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - AAA - - - - - G - A - - - - - AA - - - - - AT - - - - - TT - A - - - - - AG -	9348
D.TD.99.MN011	- - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - A - - - - - AAA - - - - - AA - - - - - AA - - - - - T - - - - - AG -	8637
D.TZ.01.A280	- - - - - A - - - - - A - - - - - TA - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - A - - - - - AA - - - - - AGCT - - - - - A - - - - - AG -	8634
D.UG.99.99UGK09259	- - - - - T - - - - - A - - - - - ATA - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - G - G - - - - AAA - - - - - A - C - - - - - A - - - - - A - - - - - C - AGA - C - C -	8651
D.YE.01.01YE386	- - - - - AA - A - - - - A - - - - - AT - - - - - A - - - - - AAG - - - - - G - A - - - - - AA - - - - - AA - AT - - - - - T - A - - - - - AG -	8593
D.YE.02.02YE516	- - - - - A - - - - - A - - - - - T - - - - - A - - - - - A - - - - - AAA - - - - - G - A - - - - - AAA - - - - - AA - A - - - - - AC - - - - - T - A - - - - - AG -	8627
D.ZA.90.R1	- - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - AA - - - - - A - - - - - A - - - - - G - G - - - - AA - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - C - T - TG	8791
F1.AR.02.ARE933	- - - - - TGAA - C - - - - AC - GAG - - - - A - - - - - A - - - - - G - C - GAGA - - - - - A - A - - - - A - - - - - AGA - - - - - T - A - - - - - C - AG - - - - - A -	8338
F1.BE.93.V1850	- - - - - TGAA - C - - - - AC - GAG - - - - A - - - - - A - - - - - G - C - GAGA - - - - - A - A - - - - A - - - - - AGA - - - - - T - A - - - - - C - AG - - - - - A -	8732
F1.BR.01.01BR125	- - - - - TG - A - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - AAA - - - - - G - A - - - - - AA - - - - - AGCT - - - - - A - - - - - AG -	8644
F1.ES.x.P1146	- - - - - TG - A - - - - CG - - - - - AC - GAT - - - - A - - - - - ATG - - - - - G - - - - - AGA - - - - - A - - - - - AA - - - - - ACA - - - - - T - A - - - - - C - AG - - - - - AA -	8802
F1.FI.93.FIN9363	- - - - - TGAA - C - - - - AC - GA - A - - - - A - - - - - G - - - - - C - GA - A - - - - A - A - - - - A - - - - - AGA - - - - - T - A - - - - - CGAG - - - - - A -	8754
F2.CM.02.02CM_0016BBY	- - - - - TGAC - C - AG - - - - A - - - - - CA - - - - - GC - GAGA - - - - - TA - A - - - - A - - - - - AGA - - - - - A - - - - - AG -	8349
F2.CM.95.MP257	- - - - - GAA - C - G - - - - A - - - - - A - - - - - TC - - - - - CGGAGA - - - - - AGA - A - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - AG -	8589
F2.CM.97.CM53657	- - - - - GAA - TG - - - - C - G - TA - - - - A - - - - - TA - - - - - G - - - - - CGGAGA - - - - - T - A - - - - A - - - - - A - - - - - AG -	8613
G.BE.96.DRCBL	- - - - - GAT - C - - - - TC - GATA - - - - A - - - - - TA - - - - - CGGAGA - - - - - T - A - - - - A - - - - - T - - - - - AT - - - - - AG -	9478
G.CM.01.01CM_4049HAN	- - - - - TG - A - - - - C - AT - - - - G - C - GATA - - - - A - - - - - TA - - - - - CGGAGA - - - - - A - - - - - R - - - - - T - - - - - A - - - - - AG -	9019
G.CLU.x.Cu74	- - - - - TG - A - - - - C - AT - - - - G - C - GATA - - - - AA - - - - - TRA - - - - - CGGAGA - - - - - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	8898
G.ES.99.X138	- - - - - TGAA - C - A - - - - C - G - TA - - - - A - - - - - TA - - - - - CGGAGA - - - - - TC - T - - - - - T - - - - - A - - - - - AG -	8907
G.GH.03.03GH175G	- - - - - GA - C - - - - C - GATA - - - - A - - - - - TA - - - - - CGGAGA - - - - - C - A - - - - - A - - - - - T - - - - - AT - - - - - AG -	9519
G.KE.93.HH18793_12_1	- - - - - G - A - - - - C - G - TA - - - - A - - - - - TA - - - - - AGAGA - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - TGACA - - - - - CA - AG - - - - - GAC - AG -	8836
G.NG.01.01NGPL0669	- - - - - TG - A - - - - C - AG - - - - G - C - G - TA - - - - A - - - - - TA - - - - - CGGAGA - - - - - TA - A - - - - A - - - - - T - A - - - - - AG -	8679
G.PT.x.PT2695	- - - - - GAA - C - - - - C - G - T - - - - A - - - - - TA - - - - - CGGAGA - - - - - A - A - - - - A - - - - - A - - - - - AG -	9482
G.SE.93.SE6165	- - - - - T - A - - - - A - - - - - AC - AT - - - - A - - - - - T - A - - - - C - GAGA - - - - - AGA - - - - - AA - - - - - T - A - - - - - AG -	8877
H.BE.93.V1991	- - - - - GAA - G - - - - C - GAT - - - - A - - - - - T - - - - - C - CACA - - - - - ACA - - - - - AAA - - - - - T - A - - - - - AG -	8852
H.BE.93.V1997	- - - - - TGAC - G - - - - C - GAT - - - - AA - - - - - T - A - - - - GACA - - - - - T - - - - - TAAA - - - - - A - - - - - A - - - - - AG -	8751
H.CF.90.056	- - - - - TGAA - C - - - - - AT - - - - - A - - - - - CTTC - - - - - G - - - - - CGGAGA - - - - - TA - A - - - - A - - - - - TT - A - - - - - A - - - - - AG	8752
J.CD.97.J_97DC_KTB147	- - - - - TGAA - A - - - - - C - - - - - A - - - - - TC - - - - - CGGAGA - - - - - A - A - - - - A - - - - - TT - A - - - - - AG	8610
J.SE.93.SE7887	- - - - - TGAA - A - - - - - C - - - - - A - - - - - TC - - - - - CGGAGA - - - - - A - A - - - - A - - - - - TT - A - - - - - AG	8731
J.SE.94.SE7022	- - - - - TGAA - A - - - - - C - - - - - A - - - - - TC - - - - - CGGAGA - - - - - A - A - - - - A - - - - - TT - A - - - - - AG	8741
K.CD.97.EQTB11C	- - - - - TGAAC - C - - - - A - A - - - - A - - - - - T - TC - - - - - G - - - - - CGAA - A - - - - T - A - - - - A - - - - - A - - - - - AG	8600
K.CM.96.MP535	- - - - - TGAAC - C - - - - A - A - - - - AT - - - - - A - - - - - TTC - - - - - G - - - - - CGAAGA - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - A - - - - - AG	8604

TCF-1 alpha binding Nef end

Table with columns for accession numbers (e.g., B.FR.83.HXB2, 01_AE.CF.90.90CF11697), sequence alignments (D P E R E V L E W R F D S R L A F H V A R E L H P E Y F K N C *), and genomic coordinates (9434 to 9480).

	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA box										
B.FR.83.HXB2	GGGACTTTCGCTG	GGGACTTTC	AGGGAGGC	GTGGCTGGGCGGGACTGGGG	AGTGGCGAG	CCCTCAGATCCGCATATAAGCAGCTGCT	9525									
A1.GE.99.99GEMZ011		G	AGGGGAG		GT	T-A	G	8715								
A1.KE.00.KER2008	A		AG	T	TT	AGT	T-A	8727								
A1.KE.00.KNH1144			AG	T	TT	AGT	T-A	8775								
A1.KE.00.KSM4024			AG	T	TT	AGT	T-A	8667								
A1.KE.00.MSA4069			AG	T	TT	AGT	T-A	8749								
A1.KE.00.NKU3005	C		AG	T	C	TT	AGT	8753								
A1.RU.00.RU00051			CG	T	TT	AGA	T-A	8806								
A1.RU.03.03RU20_06_13			AG	T	TT	AGT	T-A	9032								
A1.RW.93.93RW_024	T	G	AG	T	TT	AGT	T-A	8742								
A1.SE.95.SE8891		G	AG	T	TT	AGT	T-A	8705								
A1.SE.95.UGSE8131			AG	T	TT	AGT	T-A	8904								
A1.TZ.01.A173			AG	T	TT	AGT	T-A	8723								
A1.UA.01.01UADN139	G		AG	T	TT	AGT	T-A	8772								
A1.UG.92.92UG037			AG	T	TT	AGT	T-A	9584								
A1.UZ.99.99UZ0702			AG	T	TT	AGT	T-A	8747								
A1.UZ.02.02UZ0659	G		AG	T	TT	AGT	T-A	8741								
A2.CD.97.97CDKS10				T	TGA	AGT	T-A	5323								
A2.CD.97.97CDKTB48	A	G		T	TG	AGT	T-A	8899								
A2.CY.94.94CY017_41				T	TG	AGT	T-A	8951								
B.AR.04.04AR151516			AG	T		K	C	8737								
B.AU.87.MBC925			AG					9545								
B.BO.99.BOL0122	A		AG		A			8748								
B.BR.03.BREPM2012			AG		A			9000								
B.CA.97.CANB3FULL					A	A		8687								
B.CN.05.05CNHB_hp3					A	A		9535								
B.CO.01.PCM001			AG		A	A		8709								
B.GB.83.CAM1			AG		A			9539								
B.GB.86.GB8								9515								
B.GE.03.03GEMZ010		G	AGGGGAGG					8702								
B.IT.05.SG1	G		GG	A	C		AT	TGC								
B.JP.05.DR6538			AG	A				8694								
B.KR.05.05CSR3					AAAT	C	A	9562								
B.NL.00.671_00T36					AAAT	C	A	9549								
B.RU.04.04RU128005			AG		A	A		9105								
B.TH.00.00TH_C3198			AG		A			9025								
B.UA.01.01UAKV167			AG		A			8394								
B.US.04.ES10_53	A	C	AG		A			8784								
B.US.99.PRB959_03			AG		A			9519								
C.AR.01.ARG4006			AG		A			8752								
C.BR.04.04BR013			ACTG	GGGCGTTCC	A	G	A	T	T	C	TC	A	G	8744		
C.BW.00.00BW07621			ACTG	GGGCGTTCC	A	G	A	T		A		C	A	G	9037	
C.CN.98.YNRL9840																8882
C.ET.02.02ET_288	T	T				AGAA										8152
C.GE.03.03GEMZ033			GGGACTTTC	CG	AGG	GG										8776
C.IL.99.99ET7			GGGACTTTC	CG	AGG	GG										8757
C.IN.99.01INS565_10			GGGACTTTC	CG	AGG	GG										8715
C.KE.00.KER2010	T		GGGACTTTC	CG	AGG	GG										8946
C.MM.99.mIDU101_3	TT	C	GGGACTTTC	CG	AGG	GG										8739
C.MW.93.93MW_965	G		GGGACTTTC	CG	AGG	GG										8908
C.SN.90.90SE_364			TGGGACTTTC	CG	AGG	AGG										8725
C.SO.89.89SM_145			TGGGACTTTC	CG	AGG	AGG										8674
C.TZ.02.CO178			TGGGACTTTC	CG	AGG	AGG										8776
C.UY.01.TRA3011	A				ACCG	GGGCGTTCC	A	A	GA	T		CT				8637
C.YE.02.02YE511			TGGGACTTTC	CG	AGG	AGG						A	C			8750
C.ZA.04.04ZASK164B1			TGGGACTTTC	CG	AGG	AGG						A	C			8778
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	CT	ACACAGAAGGGACTTTC	GGGACTTTC	CG	AGG	AGG						G				9022
C.ZM.02.ZM108			GGGACTTTC	CG	AGG	AGG						AT				8930
D.CD.83.ELI	TCTACAA		ACTG	GGGCGTTCC	A	A	T					TC	A			9589
D.CM.01.01CM_0009BBY																9064
D.KE.01.NKU3006	TCTACAA															8421
D.KR.04.04KBH8		GG	AC		AGAAGAGG						AC	AG		ACT		8770
D.TD.99.MN011	TCTACAA	A					AG	T		A						8736
D.TZ.01.A280	GCTACAA						G			AA		G				8731
D.UG.99.99UGK09259	TCTACAA									AA	AG					8748
D.YE.01.01YE386			GGGACTTTC	CG	AGG	AGG						AGT				8685
D.YE.02.02YE516			AGGGACTTTC	CG	AGG	AGG						TC				8719
D.ZA.90.R1					G	GAGG						T				8882
F1.AR.02.ARE933																8338
F1.BE.93.V1850	TCTACAA	A								A	G	CG	CCAGA			8823
F1.BR.01.01BR125																8968
F1.ES.x.P1146																8877
F1.FL93.FIN9363																8845
F2.CM.02.02CM_0016BBY																8349
F2.CM.95.MP257																8589
F2.CM.97.CM53657																8704
G.BE.96.DRCBL			AAGGACTTTC	CG	AGG	AGG										9512
G.CM.01.01CM_4049HAN																8367
G.CU.x.C174	CT															9098
G.ES.00.X558	CT															8950
G.ES.99.X138	CT															8978
G.GH.03.03GH175G	GCTGACAA	CT														9618
G.KE.93.HH8793_12_1																8927
G.NG.01.01NGPLD669			GGGGACTTTC	CG	AGG	AGG						CGCG	CATG	CG		8759
G.P.x.P2695	G	CT														9574
G.SE.93.SE6165	G	A	CT													8969
H.BE.93.V1991	A															8943
H.BE.93.V1997	A															8842
H.CF.90.056	A															8843
J.CD.97.J_97DC_KTB147	G															8702
J.SE.93.SE7887	G															8824
J.SE.94.SE7022	G															8834
K.CD.97.EQTB11C																8600
K.CM.96.MP535																8604

	3' LTR U5 end
B.FR.83.HXB2	8792
A1.GE.99.99GEMZ011	8804
A1.KE.00.KER2008	8852
A1.KE.00.KNH1144	8744
A1.KE.00.KSM4024	8825
A1.KE.00.MSA4069	8791
A1.KE.00.NKU3005	8806
A1.RU.00.RU00051	9159
A1.RU.03.03RU20_06_13	8797
A1.RW.93.93RW_024	8785
A1.SE.95.SE889T	9016
A1.SE.95.UGSE8131	8766
A1.TZ.01.A173	8852
A1.UA.01.01UADN139	8690
A1.UG.92.92UG037	8824
A1.UG.99.99UGA07072	8818
A1.UZ.02.02UZ0659	5323
A2.CD.97.97CDKS10	8972
A2.CD.97.97CDKTB48	9060
A2.CY.94.94CY017_41	8815
B.AR.04.04AR151516	9739
B.AU.87.MBC925	8829
B.BO.99.BO10122	9003
B.BR.03.BREPM2012	8687
B.CA.97.CANB3FULL	9641
B.CN.05.05CNHB_hp3	8787
B.CO.01.PCM001	9591
B.GB.83.CAM1	9679
B.GB.86.GB8	8780
B.GE.03.03GEMZ010	8805
B.IT.05.SG1	9667
B.JP.05.DR6538	9549
B.KR.05.05CSR3	9039
B.NL.00.671_00T36	9089
B.RU.04.04RU128005	8394
B.TH.00.00TH_C3198	8865
B.UA.01.01UAKV167	9710
B.US.04.ES10_53	8808
B.US.99.PRB959_03	8822
C.AR.01.ARG4006	9050
C.BR.04.04BR013	9047
C.BW.00.00BW07621	8152
C.CN.98.YNRL9840	8822
C.ET.02.02ET_288	8835
C.GE.03.03GEMZ033	8793
C.IL.99.99ET7	9054
C.IN.99.01INS565_10	8817
C.KE.00.KER2010	9073
C.MM.99.mIDU101_3	8771
C.MW.93.93MW_965	8720
C.SN.90.90SE_364	8822
C.SO.89.89SMT_145	8637
C.TZ.02.CO178	8828
C.UY.01.TRA3011	8854
C.YE.02.02YE511	9112
C.ZA.04.04ZASK164B1	9030
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	9696
C.ZM.02.02ZM108	9176
D.CD.83.ELI	8421
D.CM.01.01CM_0009BBY	8848
D.KE.01.NKU3006	9490
D.KR.04.04KBH8	8829
D.TD.99.MN011	8775
D.TZ.01.A280	8827
D.UG.99.99UGK09259	8765
D.YE.01.01YE386	8797
D.YE.02.02YE516	8916
D.ZA.90.R1	8338
F1.AR.02.ARE933	8903
F1.BE.93.VI850	8968
F1.BR.01.01BR125	8877
F1.ES.x.P1146	8925
F1.FL93.FIN9363	8349
F2.CM.02.02CM_0016BBY	8589
F2.CM.95.MP257	8782
F2.CM.97.CM53657	9707
G.BE.96.DRCBL	8367
G.CM.01.01CM_4049HAN	9098
G.CU.x.Cu74	8950
G.ES.00.XS58	8978
G.ES.99.X138	9725
G.GH.03.03GH175G	9047
G.KE.93.HH8793_12_1	8837
G.NG.01.01NGPLD669	9655
G.PX.x.PX2695	9074
G.SE.93.SE6165	9056
H.BE.93.VI991	8955
H.BE.93.VI997	8953
H.CF.90.056	8739
J.CD.97.J_97DC_KTB147	8943
J.SE.93.SE7887	8953
J.SE.94.SE7022	8600
K.CD.97.EQTB11C	8604
K.CM.96.MP535	
C. CTTTGTAGTCAGTGGAAAATCTCTAGCA.....	
..TT..AGTCAGT..GAA..TC..AGCA.....	
AGGCCAAT-AAG-N-A-A-C-CTGT-T-TTNCACCCTATGAGCCAACATGGGATAGATNACCCGGANAAAGAAGTATTATTGTGGAAG.....	
..TT..AGTCAGT..GAA..TC..AG.....	
ACTC-AG-TAGT--AAAA-TCTTAGC--T.....	

B.FR.83.HXB2	9719
A1.GE.99.99GEMZ011	8792
A1.KE.00.KER2008	8804
A1.KE.00.KNH1144	8852
A1.KE.00.KSM4024	8744
A1.KE.00.MSA4069	8825
A1.KE.00.NKU3005	8791
A1.RU.00.RU00051	8806
A1.RU.03.03RU20_06_13	9159
A1.RW.93.93RW_024	8797
A1.SE.95.SE889T	8785
A1.SE.95.UGSE8131	9016
A1.TZ.01.A173	8766
A1.UA.01.01UADN139	8852
A1.UG.92.92UG037	9690
A1.UG.99.99UGA07072	8824
A1.UZ.02.02UZ0659	8818
A2.CD.97.97CDKS10	5323
A2.CD.97.97CDKTB48	8972
A2.CY.94.94CY017_41	9060
B.AR.04.04AR151516	8815
B.AU.87.MBC925	9739
B.BO.99.BOL0122	8829
B.BR.03.BREPM2012	9003
B.CA.97.CANB3FULL	8687
B.CN.05.05CNHB_hp3	9641
B.CO.01.PCM001	8787
B.GB.83.CAM1	9591
B.GB.86.GB8	9679
B.GE.03.03GEMZ010	8780
B.IT.05.SG1	8805
B.JP.05.DR6538	9667
B.KR.05.05CSR3	9549
B.NL.00.671_00T36	9559
B.RU.04.04RU128005	9089
B.TH.00.00TH_C3198	8394
B.UA.01.01UAKV167	8865
B.US.04.ES10_53	9710
B.US.99.PRB959_03	8808
C.AR.01.ARG4006	8822
C.BR.04.04BR013	9050
C.BW.00.00BW07621	9047
C.CN.98.YNRL9840	8152
C.ET.02.02ET_288	8822
C.GE.03.03GEMZ033	8835
C.IL.99.99ET7	8793
C.IN.99.01INS565_10	9054
C.KE.00.KER2010	8817
C.MM.99.mIDU101_3	9073
C.MW.93.93MW_965	8771
C.SN.90.90SE_364	8720
C.SO.89.89SM_145	8822
C.TZ.02.CQ178	8637
C.UY.01.TRA3011	8828
C.YE.02.02YE511	8854
C.ZA.04.04ZASK164B1	9112
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	9020
C.ZM.02.02ZM108	9696
D.CD.83.ELI	9176
D.CM.01.01CM_0009BBY	8421
D.KE.01.NKU3006	8848
D.KR.04.04KBH8	9490
D.TD.99.MN011	8829
D.TZ.01.A280	8775
D.UG.99.99UGK09259	8827
D.YE.01.01YE386	8765
D.YE.02.02YE516	8797
D.ZA.90.R1	8916
F1.AR.02.ARE933	8338
F1.BE.93.V1850	8903
F1.BR.01.01BR125	8968
F1.ES.x.P1146	8877
F1.FI.93.FIN9363	8925
F2.CM.02.02CM_0016BBY	8349
F2.CM.95.MP257	8589
F2.CM.97.CM53657	8782
G.BE.96.DRCBL	9707
G.CM.01.01CM_4049HAN	8367
G.CU.x.Cu74	9098
G.ES.00.X558	8950
G.ES.99.X138	8978
G.GH.03.03GH175G	9725
G.KE.93.HH8793_12_1	9047
G.NG.01.01NGPLD669	8837
G.P1.x.P12695	9625
G.SE.93.SE6165	9074
H.BE.93.V1991	9056
H.BE.93.V1997	8955
H.CF.90.056	8953
J.CD.97.J_97DC_KTB147	8739
J.SE.93.SE7887	8943
J.SE.94.SE7022	8953
K.CD.97.EQTB11C	8600
K.CM.96.MP535	8604

B.FR.83.HXB2	9719
01_AE.CF.90.90CF11697	9628
01_AE.CN.05.F1051	9733
01_AE.CN.06.F1054	9730
01_AE.HK.x.HK001	9056
01_AE.JP93.93JP_NH1	9720
01_AE.TH.01.01TH_R2184	8408
01_AE.TH.02.OUR7691	8390
01_AE.TH.90.CM240	9203
01_AE.US.00.00US_MSC1164	8395
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	8413
02_AG.EC.x.EC041	8291
02_AG.FR.91.DJ264	8961
02_AG.GH.03.GHNJ196	9758
02_AG.NG.01.PL0710	8787
02_AG.NG.x.IBNG	9201
02_AG.SE.94.SE7812	9063
02_AG.SN.98.MP1211	8851
02_AG.UZ.02.02UZ710	8815
03_AB.RU.97.KAL153_2	8808
04_cpx.CY.94.CY032	9050
05_DF.BE.x.VII1310	9083
06_cpx.AU.96.BFP90	9775
06_cpx.RU.05.04RU001	9224
07_BC.CN.97.CN54	9078
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	8802
09_cpx.GH.96.96GH2911	9039
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	8976
11_cpx.GR.x.GR17	8935
12_BF.AR.99.ARMA159	9704
13_cpx.CM.96.1849	8916
14_BG.DE.01.9196_01	9062
14_BG.ES.99.X397	8997
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	8999
16_A2D.KR.97.97KR004	9064
18_cpx.CU.99.CU76	8945
19_cpx.CU.99.CU7	8512
20_BG.CU.03.CB471	8987
21_A2D.KE.91.KNH1254	8865
23_BG.CU.03.CB118	8964
24_BG.CU.03.CB378	9025
25_cpx.CM.01.101BA	8882
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	8936
28_BF.BR.99.BREPM12609	8886
29_BF.BR.02.BREPM119	8680
31_BC.BR.02.110PA	8908
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	9081
34_01B.TH.99.OUR2478P	8650
35_AD.AF.05.05AF095	8703
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	8410
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	8396
42_BF.LU.03.luBF_05_03	9063
N.CM.02.DJO0131	8938
N.CM.04.04CM_1015_04	8926
N.CM.04.04CM_1131_03	8975
N.CM.95.YBF30	9182
N.CM.97.YBF106	9045
O.BE.87.ANT70	9754
O.CM.91.MVP5180	9793
O.CM.96.96CMA104	9225
O.CM.98.98CMA104	9243
O.CM.99.99CMU4122	9186
O.SN.99.SEMP1299	9859
O.US.99.99USTWLA	9186
O.FR.92.VAU	9330
CPZ.CD.90.ANT	9068
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	9284
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	9132
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	9170
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	9281
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	9208
CPZ.GA.88.GAB1	9811
CPZ.TZ.01.TAN1	9326
CPZ.US.85.CPZUS	9788