

HIV Sequence Compendium 2008

Editors

Carla Kuiken
Los Alamos National Laboratory

Thomas Leitner
Los Alamos National Laboratory

Brian Foley
Los Alamos National Laboratory

Beatrice Hahn
University of Alabama

Preston Marx
Tulane National Primate Research
Center

Francine McCutchan
Henry M. Jackson Foundation

Steven Wolinsky
Northwestern University

Bette Korber
Los Alamos National Laboratory

Project Officer

Geetha Bansal
Division of AIDS

National Institute of Allergy and Infectious Diseases

Los Alamos HIV Sequence Database and Analysis Staff

Werner Abfalterer, Gayathri Athreya, Will Fischer, Bob Funkhouser, Brian Gaschen, Peter Hraber, Chien-Chi Lo, Jennifer Macke, James J. Szinger, James Thurmond, Hyejin Yoon, Ming Zhang

This publication is funded by the Division of AIDS, National Institute of Allergy and Infectious Diseases, through an interagency agreement with the U.S. Department of Energy.



Published by
Theoretical Biology and Biophysics
Group T-10, Mail Stop K710
Los Alamos National Laboratory
Los Alamos, New Mexico 87545 U.S.A.

LA-UR 08-03719

<http://www.hiv.lanl.gov/>



HIV Sequence Compendium 2008

Published by
Theoretical Biology and Biophysics
Group T-10, Mail Stop K710
Los Alamos National Laboratory
Los Alamos, New Mexico 87545 U.S.A

LA-UR 08-03719
Approved for public release; distribution is unlimited.

Los Alamos National Laboratory, an affirmative action/equal opportunity employer, is operated by Los Alamos National Security, LLC, for the National Nuclear Security Administration of the U.S. Department of Energy under contract DE-AC52-06NA25396.

This report was prepared as an account of work sponsored by an agency of the U.S. Government. Neither Los Alamos National Security, LLC, the U.S. Government nor any agency thereof, nor any of their employees make any warranty, express or implied, or assume any legal liability or responsibility for the accuracy, completeness, or usefulness of any information, apparatus, product, or process disclosed, or represent that its use would not infringe privately owned rights. Reference herein to any specific commercial product, process, or service by trade name, trademark, manufacturer, or otherwise does not necessarily constitute or imply its endorsement, recommendation, or favoring by Los Alamos National Security, LLC, the U.S. Government, or any agency thereof. The views and opinions of authors expressed herein do not necessarily state or reflect those of Los Alamos National Security, LLC, the U.S. Government, or any agency thereof.

Los Alamos National Laboratory strongly supports academic freedom and a researcher's right to publish; as an institution, however, the Laboratory does not endorse the viewpoint of a publication or guarantee its technical correctness.

Contents

Contents	iii
I Preface	1
I-1 Introduction	1
I-2 Acknowledgements	1
I-3 Citing the database	1
I-4 About the PDF	1
I-5 Genome maps	3
I-6 HIV/SIV proteins	4
I-7 Landmarks of the Genome	5
I-8 Amino Acid Codes	7
I-9 Nucleic Acid Codes	7
II HIV-1/SIVcpz Complete Genomes	9
II-1 Introduction	9
II-2 Annotated Features	11
II-3 Sequences	13
II-4 Alignments	18
III HIV-2/SIV Complete Genomes	151
III-1 Introduction	151
III-2 Annotated Features	153
III-3 Sequences	155
III-4 Alignments	157
IV PLV Complete Genomes	221
IV-1 Introduction	221
IV-2 Sequences	222
IV-3 Alignments	224
V HIV-1/SIVcpz Proteins	301
V-1 Introduction	301
V-2 Annotated Features	302
V-3 Sequences	304
V-4 Alignments	310
VI HIV-2/SIV Proteins	361
VI-1 Introduction	361
VI-2 Annotated Features	362
VI-3 Sequences	363
VI-4 Alignments	369
VII PLV Proteins	395
VII-1 Introduction	395
VII-2 Sequences	396
VII-3 Alignments	402

Contents

I

Preface

I-1 Introduction

This compendium is an annual printed summary of the data contained in the HIV sequence database. In these compendia we try to present a judicious selection of the data in such a way that it is of maximum utility to HIV researchers. Each of the alignments attempt to display the genetic variability within the different species, groups and subtypes of the virus.

This compendium contains sequences published until end of 2007.

The number of sequences in the HIV database is still increasing exponentially. In total, at the time of printing, there were 229,451 sequences in the HIV Sequence Database, an increase of 17% since last year.

The number of near complete genomes (>7000 nucleotides) increased to 2084 by end of 2007, reflecting a smaller increase than in previous years. However, similarly as in previous years, due to size limitations we have omitted many sequences in the compendium alignments. These omissions were done considering redundant sequencing of certain isolates and patients as well as construction of phylogenetic trees with all available sequences. A more complete version of all alignments is available on our website, <http://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/NEWALIGN/align.html>

This year we provide phylogenetic trees of the alignments in this compendium. These trees are meant to be general guides to interpret the overall genetic variation. Trees before as well as after compendium selection are shown. In all trees known recombinants have been removed to as accurately as possible show the phylogenetic history of the non-recombinant sequences.

Reprints are available from our website in the form of both HTML and PDF files. As always, we are open to complaints and suggestions for improvement. Inquiries and comments regarding the compendium should be addressed to seq-info@lanl.gov

I-2 Acknowledgements

The HIV Sequence Database and Analysis Project is funded by the Vaccine and Prevention Research Program of the AIDS Division of the National Institute of Allergy and Infectious Diseases (Dr. Geetha Bansal, Project Officer) through an interagency agreement with the U.S. Department of Energy.

I-3 Citing the database

This publication may be cited as

HIV Sequence Compendium 2008. Carla Kuiken, Thomas Leitner, Brian Foley, Beatrice Hahn, Preston Marx, Francine McCutchan, Steven Wolinsky, and Bette Korber editors. 2008. Publisher: Los Alamos National Laboratory, Theoretical Biology and Biophysics, Los Alamos, New Mexico. LA-UR 08-03719.

I-4 About the PDF

The complete *HIV Sequence Compendium 2008* is available in Adobe Portable Document Format (PDF) from our website, <http://www.hiv.lanl.gov/>. The PDF version is hypertext enabled and features 'clickable' table-of-contents, indexes, references and links to external web sites.

This volume is typeset using L^AT_EX.

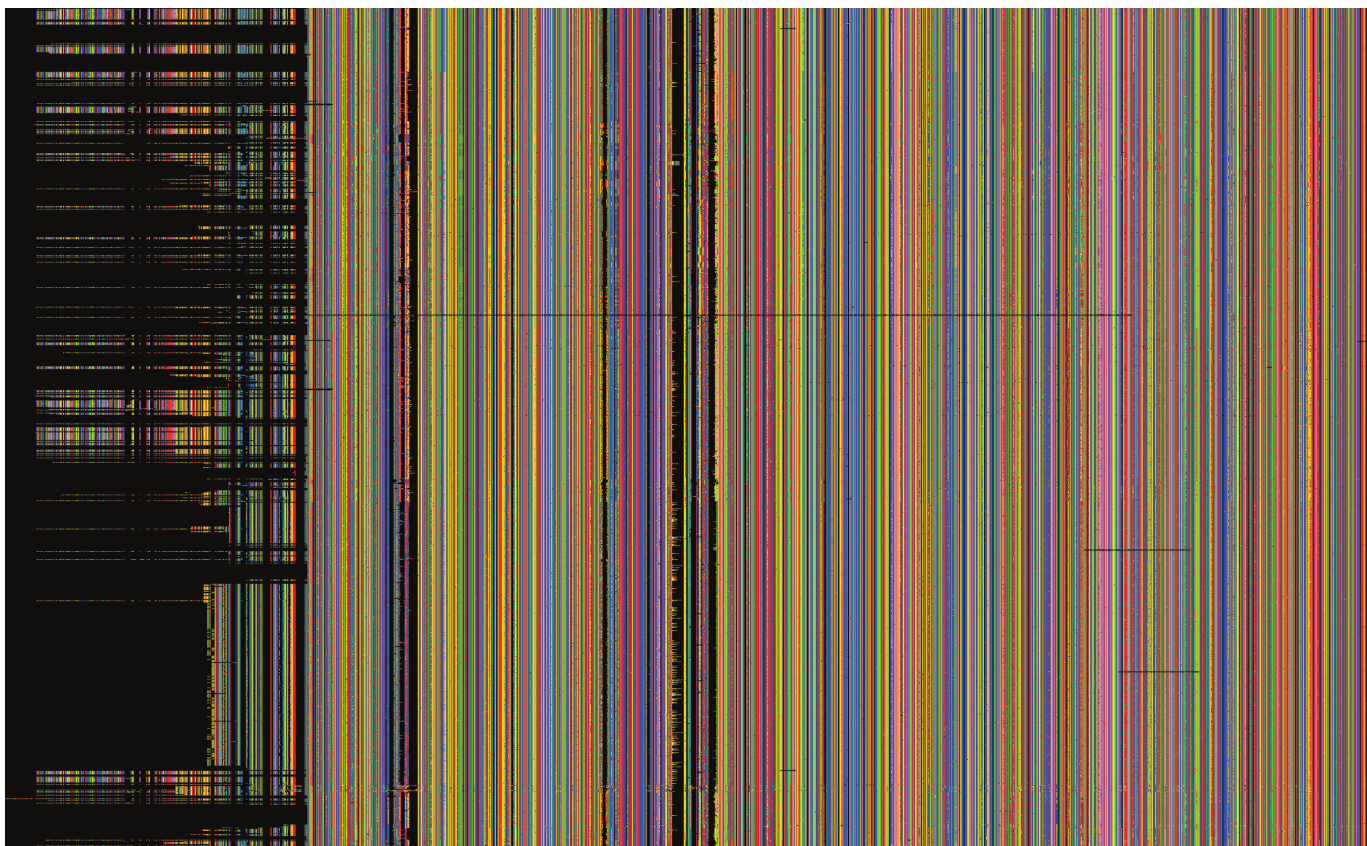
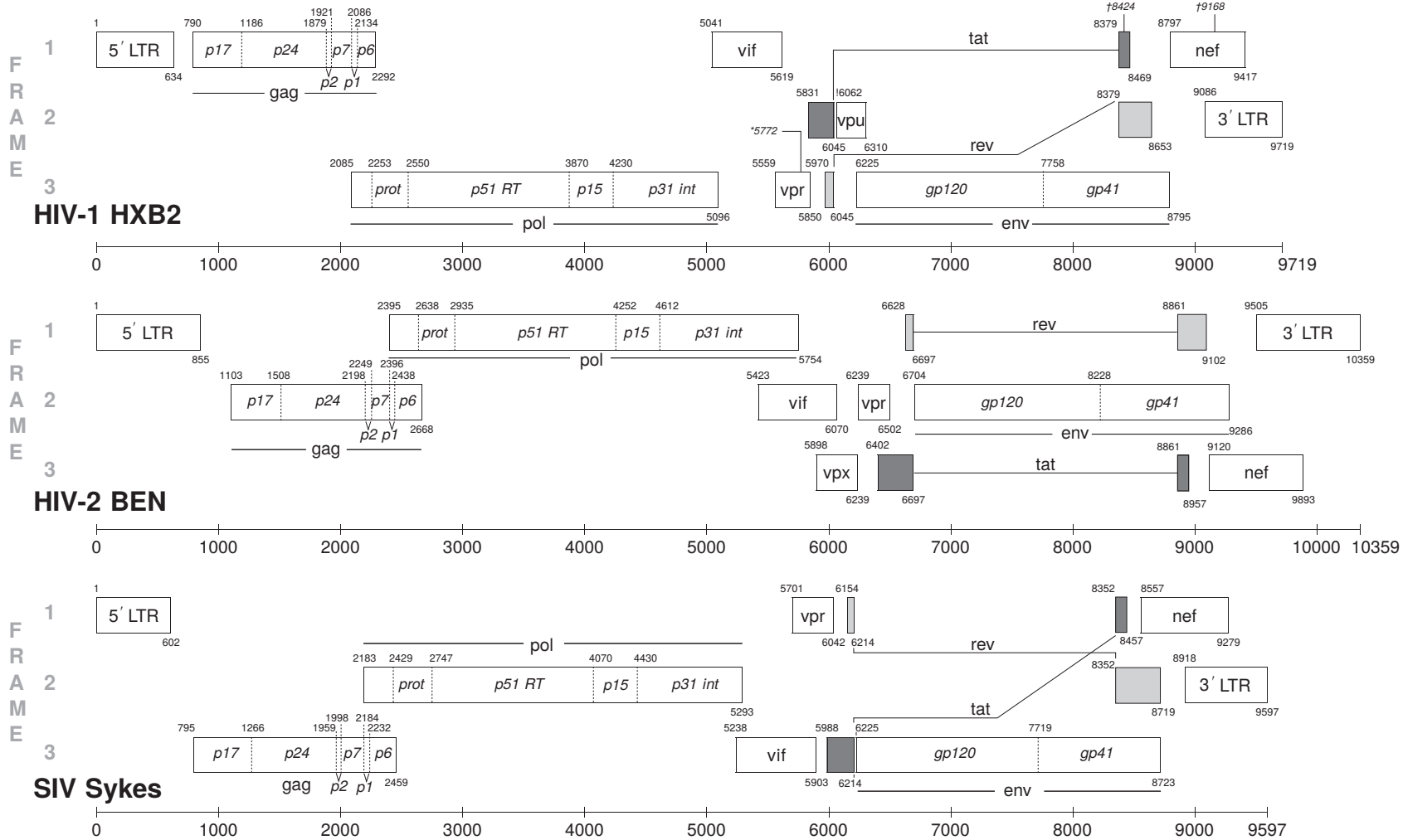


Figure I.1: This year's cover is a graphic image of the full 2007 HIV-1 web alignment, translated to amino acids. The amino acids are color-coded; each is represented by one pixel. Code written by Will Fischer, HIV database project.

I-5 Genome maps



Landmarks of the HIV-1, HIV-2, and SIV genomes. Open reading frames are shown as rectangles. The gene start, indicated by the small number in the upper left corner of each rectangle normally records the position of the **a** in the **atg** start codon for that gene, while the number in the lower right records the last position of the stop codon. For *pol*, the start is taken to be the first **t** in the sequence **tttttag**, which forms part of the stem loop that potentiates ribosomal slippage on the RNA and a resulting -1 frameshift and the translation of the Gag-Pol polyprotein. The *tat* and *rev* spliced exons are shown as shaded rectangles. In HXB2, *5772 marks the position of a frameshift in the *vpr* gene caused by an “extra” **t** relative to most other subtype B viruses; 16062 indicates a defective **acg** start codon in *vpu*; †8424 and †9168 mark premature stop codons in *tat* and *nef*. See Korber *et al.*, Numbering Positions in HIV Relative to HXB2CG, in *Human Retroviruses and AIDS*, 1998, p. 102. Available from <http://www.hiv.lanl.gov/content/sequence/HIV/REVIEWS/HXB2.html>

I-6 HIV/SIV proteins

Name	Size	Function	Localization
Gag			
MA	p17	membrane anchoring; env interaction; nuclear transport of viral core (myristylated protein)	virion
CA	p24	core capsid	virion
NC	p7	nucleocapsid, binds RNA	virion
	p6	binds Vpr	virion
Pol			
Protease (PR)	p15	Gag/Pol cleavage and maturation	virion
Reverse Transcriptase (RT)	p66, p51	reverse transcription, RNase H activity	virion
RNase H	p15		virion
Integrase (IN)	p31	DNA provirus integration	virion
Env	gp120/gp41	external viral glycoproteins bind to CD4 and secondary receptors	plasma membrane, virion envelope
Tat	p16/p14	viral transcriptional transactivator	primarily in nucleolus/nucleus
Rev	p19	RNA transport, stability and utilization factor (phosphoprotein)	primarily in nucleolus/nucleus shuttling between nucleolus and cytoplasm
Vif	p23	promotes virion maturation and infectivity	cytoplasm (cytosol, membranes), virion
Vpr	p10-15	promotes nuclear localization of preintegration complex, inhibits cell division, arrests infected cells at G2/M	virion nucleus (nuclear membrane?)
Vpu	p16	promotes extracellular release of viral particles; degrades CD4 in the ER; (phosphoprotein only in HIV-1 and SIVcpz)	integral membrane protein
Nef	p27-p25	CD4 and class I downregulation (myristylated protein)	plasma membrane, cytoplasm, (virion?)
Vpx	p12-16	Vpr homolog present in HIV-2 and some SIVs, absent in HIV-1	virion (nucleus?)
Tev	p28	tripartite tat-env-rev protein (also named Tnv)	primarily in nucleolus/nucleus

I-7 Landmarks of the Genome

HIV genomic structural elements

LTR Long terminal repeat, the DNA sequence flanking the genome of integrated proviruses. It contains important regulatory regions, especially those for transcription initiation and polyadenylation.

TAR Target sequence for viral transactivation, the binding site for Tat protein and for cellular proteins; consists of approximately the first 45 nucleotides of the viral mRNAs in HIV-1 (or the first 100 nucleotides in HIV-2 and SIV.) TAR RNA forms a hairpin stem-loop structure with a side bulge; the bulge is necessary for Tat binding and function.

RRE Rev responsive element, an RNA element encoded within the env region of HIV-1. It consists of approximately 200 nucleotides (positions 7327 to 7530 from the start of transcription in HIV-1, spanning the border of gp120 and gp41). The RRE is necessary for Rev function; it contains a high affinity site for Rev; in all, approximately seven binding sites for Rev exist within the RRE RNA. Other lentiviruses (HIV-2, SIV, visna, CAEV) have similar RRE elements in similar locations within env, while HTLVs have an analogous RNA element (RXRE) serving the same purpose within their LTR; RRE is the binding site for Rev protein, while RXRE is the binding site for Rex protein. RRE (and RXRE) form complex secondary structures, necessary for specific protein binding.

PE Psi elements, a set of 4 stem-loop structures preceding and overlapping the Gag start codon which are the sites recognized by the cysteine histidine box, a conserved motif with the canonical sequence CysX2CysX4HisX4Cys, present in the Gag p7 MC protein. The Psi Elements are present in unspliced genomic transcripts but absent from spliced viral mRNAs.

SLIP An TTTTTT slippery site, followed by a stem-loop structure, is responsible for regulating the -1 ribosomal frameshift out of the Gag reading frame into the Pol reading frame.

CRS Cis-acting repressive sequences postulated to inhibit structural protein expression in the absence of Rev. One such site was mapped within the pol region of HIV-1. The exact function has not been defined; splice sites have been postulated to act as CRS sequences.

INS Inhibitory/Instability RNA sequences found within the structural genes of HIV-1 and of other complex retroviruses. Multiple INS elements exist within the genome and can act independently; one of the best characterized elements spans nucleotides 414 to 631 in the gag region of HIV-1. The INS elements have been defined by functional assays as elements that inhibit expression posttranscriptionally. Mutation of the RNA elements was shown to lead to INS inactivation and up regulation of gene expression.

Genes and gene products

GAG The genomic region encoding the capsid proteins (group specific antigens). The precursor is the p55 myristylated pro-

tein, which is processed to p17 (MA_{TR}ix), p24 (CA_{PS}id), p7 (NucleoCA_{PS}id), and p6 proteins, by the viral protease. Gag associates with the plasma membrane where the virus assembly takes place. The 55 kDa Gag precursor is called assemblin to indicate its role in viral assembly.

POL The genomic region encoding the viral enzymes protease, reverse transcriptase, RNase, and integrase. These enzymes are produced as a Gag-Pol precursor polyprotein, which is processed by the viral protease; the Gag-Pol precursor is produced by ribosome frameshifting near the 3' end of gag.

ENV Viral glycoproteins produced as a precursor (gp160) which is processed to give a noncovalent complex of the external glycoprotein gp120 and the transmembrane glycoprotein gp41. The mature gp120-gp41 proteins are bound by non-covalent interactions and are associated as a trimer on the cell surface. A substantial amount of gp120 can be found released in the medium. gp120 contains the binding site for the CD4 receptor, and the seven transmembrane domain chemokine receptors that serve as co-receptors for HIV-1.

TAT Transactivator of HIV gene expression. One of two essential viral regulatory factors (Tat and Rev) for HIV gene expression. Two forms are known, Tat-1 exon (minor form) of 72 amino acids and Tat-2 exon (major form) of 86 amino acids. Low levels of both proteins are found in persistently infected cells. Tat has been localized primarily in the nucleolus/nucleus by immunofluorescence. It acts by binding to the TAR RNA element and activating transcription initiation and elongation from the LTR promoter, preventing the 5'LTR AATAAAA polyadenylation signal from causing premature termination of transcription and polyadenylation. It is the first eukaryotic transcription factor known to interact with RNA rather than DNA and may have similarities with prokaryotic anti-termination factors. Extracellular Tat can be found and can be taken up by cells in culture.

REV The second necessary regulatory factor for HIV expression. A 19 kDa phosphoprotein, localized primarily in the nucleolus/nucleus, Rev acts by binding to RRE and promoting the nuclear export, stabilization and utilization of the unspliced viral mRNAs containing RRE. Rev is considered the most functionally conserved regulatory protein of lentiviruses. Rev cycles rapidly between the nucleus and the cytoplasm.

VIF Viral infectivity factor, a basic protein of typically 23 kDa. Promotes the infectivity but not the production of viral particles. In the absence of Vif the produced viral particles are defective, while the cell-to-cell transmission of virus is not affected significantly. Found in almost all lentiviruses, Vif is a cytoplasmic protein, existing in both a soluble cytosolic form and a membrane-associated form. The latter form of Vif is a peripheral membrane protein that is tightly associated with the cytoplasmic side of cellular membranes. In 2003, it was discovered that Vif prevents the action of the cellular APOBEC-3G protein which deaminates DNA:RNA heteroduplexes in the cytoplasm.

VPR Vpr (viral protein R) is a 96-amino acid (14 kDa) protein, which is incorporated into the virion. It interacts with the p6 Gag part of the Pr55 Gag precursor. Vpr detected in the cell is localized to the nucleus. Proposed functions for Vpr include the targeting the nuclear import of preintegration complexes, cell growth arrest, transactivation of cellular genes, and induction of cellular differentiation. In HIV-2, SIV-SMM, SIV-RCM, SIV-MND-2 and SIV-DRL the Vpx gene is apparently the result of a Vpr gene duplication event, possibly by recombination.

VPU Vpu (viral protein U) is unique to HIV-1, SIVcpz (the closest SIV relative of HIV-1), SIV-GSN, SIV-MUS, SIV-MON and SIV-DEN. There is no similar gene in HIV-2, SIV-SMM or other SIVs. Vpu is a 16 kDa (81-amino acid) type I integral membrane protein with at least two different biological functions: (a) degradation of CD4 in the endoplasmic reticulum, and (b) enhancement of virion release from the plasma membrane of HIV-1-infected cells. Env and Vpu are expressed from a bicistronic mRNA. Vpu probably possesses an N-terminal hydrophobic membrane anchor and a hydrophilic moiety. It is phosphorylated by casein kinase II at positions Ser52 and Ser56. Vpu is involved in Env maturation and is not found in the virion. Vpu has been found to increase susceptibility of HIV-1 infected cells to Fas killing.

NEF A multifunctional 27-kDa myristylated protein produced by an ORF located at the 3' end of the primate lentiviruses. Other forms of Nef are known, including nonmyristylated variants. Nef is predominantly cytoplasmic and associated with the plasma membrane via the myristyl residue linked to the conserved second amino acid (Gly). Nef has also been identified in the nucleus and found associated with the cytoskeleton in some experiments. One of the first HIV proteins to be produced in infected cells, it is the most immunogenic of the accessory proteins. The nef genes of HIV and SIV are dispensable *in vitro*, but are essential for efficient viral spread and disease progression *in vivo*. Nef is necessary for the maintenance of high virus loads and for the development of AIDS in macaques, and viruses with defective Nef have been detected in some HIV-1 infected long term survivors. Nef downregulates CD4, the primary viral receptor, and MHC class I molecules, and these functions map to different parts of the protein. Nef interacts with components of host cell signal transduction and clathrin-dependent protein sorting pathways. It increases viral infectivity. Nef contains PXXP motifs that bind to SH3 domains of a subset of Src kinases and are required for the enhanced growth of HIV but not for the downregulation of CD4.

VPX A virion protein of 12 kDa found in HIV-2, SIV-SMM, SIV-RCM, SIV-MND-2 and SIV-DRL and not in HIV-1 or other SIVs. This accessory gene is a homolog of HIV-1 vpr, and viruses with Vpx carry both vpr and vpx. Vpx function in relation to Vpr is not fully elucidated; both are incorporated into virions at levels comparable to Gag proteins through interactions with Gag p6. Vpx is necessary for efficient replication of SIV-SMM in PBMCs. Progression to AIDS and death

in SIV-infected animals can occur in the absence of Vpr or Vpx. Double mutant virus lacking both vpr and vpx was attenuated, whereas the single mutants were not, suggesting a redundancy in the function of Vpr and Vpx related to virus pathogenicity.

Structural proteins/viral enzymes The products of *gag*, *pol*, and *env* genes, which are essential components of the retroviral particle.

Regulatory proteins Tat and Rev proteins of HIV/SIV and Tax and Rex proteins of HTLVs. They modulate transcriptional and posttranscriptional steps of virus gene expression and are essential for virus propagation.

Accessory or auxiliary proteins Additional virion and non-virion-associated proteins produced by HIV/SIV retroviruses: Vif, Vpr, Vpu, Vpx, Nef. Although the accessory proteins are in general not necessary for viral propagation in tissue culture, they have been conserved in the different isolates; this conservation and experimental observations suggest that their role *in vivo* is very important. Their functional importance continues to be elucidated.

Complex retroviruses Retroviruses regulating their expression via viral factors and expressing additional proteins (regulatory and accessory) essential for their life cycle.

I-8 Amino Acid Codes

A	Alanine
B	Aspartic Acid or Asparagine
C	Cysteine
D	Aspartic Acid
E	Glutamic Acid
F	Phenylalanine
G	Glycine
H	Histidine
I	Isoleucine
K	Lysine
L	Leucine
M	Methionine
N	Asparagine
P	Proline
Q	Glutamine
R	Arginine
S	Serine
T	Threonine
V	Valine
W	Tryptophan
X	unknown or "other" amino acid
Y	Tyrosine
Z	Glutamic Acid or Glutamine
.	gap
-	identity
\$	stop codon
#	incomplete codon

I-9 Nucleic Acid Codes

A	Adenine
C	Cytosine
G	Guanine
T	Thymine
U	Uracil
M	A or C
R	A or G
W	A or T
S	C or G
Y	C or T
K	G or T
V	A or C or G
H	A or C or T
D	A or G or T
B	C or G or T
N	unknown
.	gap
-	identity

II

HIV-1/SIVcpz Complete Genomes

Contents

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

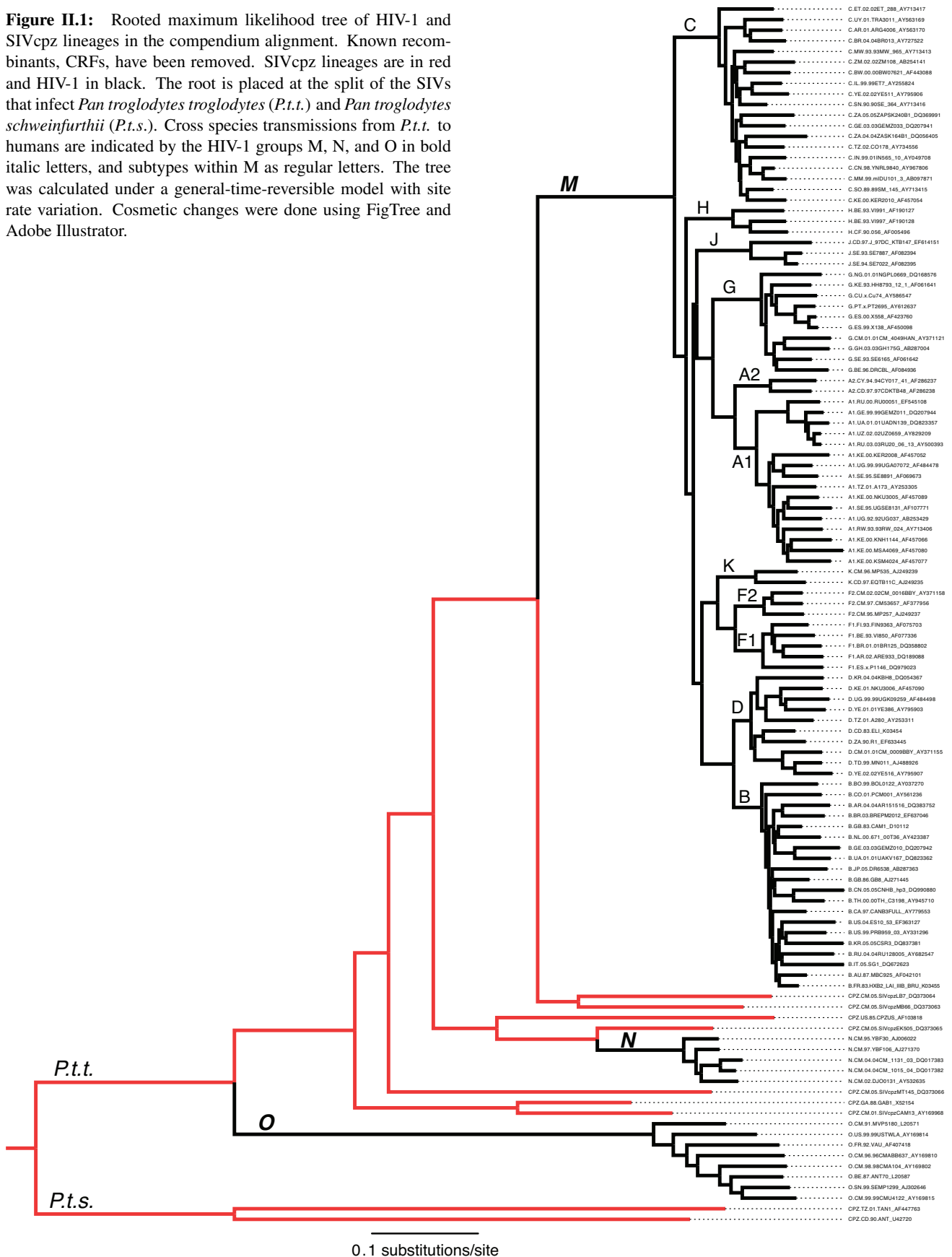
II-1 Introduction

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.97.97CDKTB48	AF286238	D.R.C.	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8); 675-88 (2001)
A2.CY.94.94CY017_41	AF286237	Cyprus	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8); 675-88 (2001)
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.EQTBI1C	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)

Accession	Sequence	Position
5' LTR U3 start	.TGGGAGGGCTAATTCAC . . TCCCAACGAAGACAA . GATATCCTTGATCTGTGGATCTACCACACAAAGGCTACTTC . CCTGATTAGCAGAACTACACACAGGGCCAGGG . ATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAG	164
B.FR.83.HXB2	0
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	0
A1.UG.99.99UGA07072T--T--T--A-GAA-G--A-G--G--G--T--A--C--A-A--T--G-TGA--T	164
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.MBC925T--AAG--G--A-A--T--	164
B.BO.99.BOI0122	0
B.BR.03.BREPM2012	0
B.CA.97.CANB3FULL	0
B.CN.05.05CNHB_hp3T--AAG--G--G-T--T--G-G-C--T--A--C-T--T--T	164
B.CO.01.PCM001	0
B.GB.83.CAM1	C-----A--T--TGG--AA--G--G--G--C--TC--A--T--T--A	165
B.GB.86.GB8	163
B.GE.03.03GEMZ010	0
B.IT.05.SG1	0
B.JP.05.DR6538T--T--AA-AGAC-A-A--G--AT--G--T--T--G-TC--G--T--T--A-G--AA	165
B.KR.05.05CSR3T--T--AA-AGAC-A-A--CT--G--AT--G--AGG--G--G-TC--G--T--T--AA	164
B.NL.00.671_00T36	0
B.RU.04.04RU128005	0
B.TH.00.00TH_C3198	0
B.UA.01.01UAKV167	0
B.US.04.ES10_53T--T--AG--T--G-T--A--G--A--T--C--C--C--T--G--A--	164
B.US.99.PR8959_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.89.89SM_145	0
C.TZ.02.CO178	0
C.UY.01.TRA3011	0
C.YE.02.02YE511	0
C.ZA.04.04ZASK164B1	0
C.ZA.05.05ZAPSK240B1T--T--TA-GAA--G--T--G--T--T--G--A--T-G-A--G--C--T--G--C--G--	164
C.ZM.02.02ZM108	0
D.CD.83.ELI	0
D.CM.01.01CM_0009BBY	0
D.KE.01.NKU3006	0
D.KR.04.04KBH8C-G--T--T--T-G--AG--	121
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.CM53657AC-TGA-CTAT-GG--TA-T--CA--A-T--A--G--CT--TC--C--G--T--A-G--A-G-T--TCA	126
G.BE.96.DRCBL	0
G.CM.01.01CM_4049HAN	0
G.CU.x.Cu74	0
G.ES.00.X558	0
G.ES.99.X138T--T--TGG--A-GAA--G--G--TA--A-T--A--G--CT--CTC--G--T--A--A-A--T--CA	164
G.GH.03.03GH175G	0
G.KE.93.HH8793_12_1	0
G.NG.01.01NGPLD669T--T--CT--TC--G--T--A--A-G--T--CA	80
G.PX.PX2695	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	327	.AAGTTAGAAGAAGCC...AACAAAGGAGAGAACCCAGCTTGTACACCTGTGAGCCTGCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTTCATCAC...ATGCGCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAGAACT
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	0
A1.UG.99.99UGA07072	327	.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--
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.MBC925	327	..-A---G---TG---A---A---G---G---C-C-----A-G--
B.BO.99.BO10122	0
B.BR.03.BREP2012	0
B.CA.97.CANB3FULL	0
B.CN.05.05CNHB_hp3	327	.C-G-----G-T--C--T--A-A--AA--CA-----A-----C-GAT--A-----A--C-C-----AAA--T--T--A--AG--
B.CO.01.PCM001	0
B.GB.83.CAM1	328	.C-C---G---T---A---G---A---A---G---A---A---A---AC-AT--A-----A-----AAA-----T--A--AG--
B.GB.86.GB8	326	.G-G---A-G---TG---A-T-T-----A---A---G---A---A---A---AC-AT--A-----A-----C-A-C-----TT-A--AG--
B.GE.03.03GEMZ010	0
B.IT.05.SG1	0
B.JP.05.DR6538	126	.C-G---G---G---T---T---A---T---C---TGG-AGGG--AGTTTAAA-G-GA--CAAC---A-G---A-G---AC--G-A--CTAGCAAG---CGGAGTACTG-AAGA-CTGCTGA-ATCCAG-G-A
B.KR.05.05CSR3	328	.C-G---G---G---T---T---A---T---C---C---A---A---A---G---A---A---T---A---A---A---AT--A-----A-----C---T---G-A---C-AA-----TT-A--AG--
B.NL.00.671_00T36	327	..-A---G---T---CTG-A-----A-T-C-----A-A---A---G---A---G---T---A---A---A---AT--A-----A-----C---T---G-A---C-AA-----TT-A--AG--
B.RU.04.04RU128005	0
B.TH.00.00TH_C3198	0
B.UA.01.01UAKV167	0
B.US.04.ES10_53	327	..-G---G---G---A---A---A---G---A---A---C---A-----C-C-GC---G---A-----
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	327	.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--
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	284	.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--
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	0
G.BE.96.DRCBL	289	.G-G---G---T---A---TC-A--CA-CT--A-----G--GAA-C-----C-G-T--AA--TA--CGGAGA---A-----A--AG--
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	0
G.KE.93.HH8793_12_1	327	.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-----
G.NG.01.01NGPLD669	0
G.PX.P2695	243	.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--
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...AACAAAGGAGAGAACCACCGCTTGTACACCCCTGTGAGCCTCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGGTTTGACAGCCGCTAGCATTTTCATCAC...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--A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---		327
01_AE.JP.93.93JP.NH1	.G-AG---G-G-A-----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--A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---		327
01_AE.TH.02.OUR7691	.G-AG---G-G-A-----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.90.CM249	.G-AG---G-G-A-----A--A--A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---		327
01_AE.US.00.00US_MSC1164	.G-AG---G-G-A-----A--A--A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---		327
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	.G-AG---G-G-A-----A--A--A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---		327
02_AG.EC.x.EC1041	.G-AG---G-G-A-----A--A--A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---		327
02_AG.FR.91.DJ264	.G-AG---G-G-A-----A--A--A-T--C-----CA---A-----GAA-A-----C-GAT---A-----TGC-----CGAA-A-----A-----AA-----A--T--AT--AG---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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---		327
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-----CCC-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-GG		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-GG		331
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-GG		331
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-GG		331
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-GG		331
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-GG		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-GG		331
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-GG		331
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	.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-GG		331
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-GG		331
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-GG		331
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-GG		331
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-GG		331
CPZ.GA.88.GAB1	.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-GG		331
CPZ.TZ.01.TAN1	.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-GG		331
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.....	CGAGCTTGCTACAAG.....	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-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----TT.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	431	
01_AE.CN.06.F1054	-----A.....	T-AGC-T-ACT.....	-----C-G.....	.T-----C-G-----T-----GC-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	437	
01_AE.HK.x.HK001	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
01_AE.JP93.93JP.NH1	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	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.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
01_AE.TH.02.OUR7691	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
01_AE.TH.90.CM240	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
01_AE.US.00.00US_MSC1164	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
02_AG.EC.x.EC041	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
02_AG.FR.91.D1264	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
02_AG.GH.03.GHNJ196	-T-----C.....	.A-AG-----GAC.....	.GGACTTTCTGCCTG.....	.T-----TG-----A-AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	445	
02_AG.NG.01.PL0710	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
02_AG.NG.x.IBNG	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
02_AG.SE.94.SE7812	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
02_AG.SN.98.MP1211	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
02_AG.UZ.02.02UZ710	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
04_cpx.CY.94.CY032	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
05_DFBE.x.VII1310	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
06_cpx.AU.96.BFP90	-----A.....	.GGCTGCTGACAAA-AG-T-ATG.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	443	
06_cpx.RU.05.04RU001	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	64	
07_BC.CN.97.CN54	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
11_cpx.GR.x.GR17	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
12_BF.AR.99.ARMA159	-AGACTGC.TGACACAGAGACTGCTGACAC...A--AGAAT--A-G.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	451	
13_cpx.CM.96.1849	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
14_BG.DE.01.9196_01	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
14_BG.ES.99.X397	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
16_A2D.KR.97.97KR004	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
18_cpx.CU.99.CU76	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
19_cpx.CU.99.CU7	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
20_BG.CU.03.CB471	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
21_A2D.KE.91.KNH1254	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
23_BG.CU.03.CB118	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
24_BG.CU.03.CB378	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
25_cpx.CM.01.101BA	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
28_BF.BR.99.BREPM12609	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
29_BF.BR.02.BREPM119	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
31_BC.BR.02.110PA	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
34_01B.TH.99.OUR2478P	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
35_AD.AF.05.05AF095	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
42_BFLU.03.luBF_05_03	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
N.CM.02.DJO0131	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
N.CM.04.04CM_1015_04	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
N.CM.04.04CM_1131_03	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
N.CM.95.YBF30	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
N.CM.97.YBF106	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
O.BE.87.ANT70	A--A-A-A.....	CTGCTGACCTGA--A-----GAC-CTGTG.....	A-----AGCAAAGACTGCTGACTGCTC.....	T-G-AG-GACAGC.....	TT-----T-A.....	-----AG	466	
O.CM.91.MVP5180	AA.....	-----GA-ACTGC.....	-----AGACTGCTGACTGCTC.....	GC-T-G-AG-GATAAG.....	TT-----T-A.....	-----G	439	
O.CM.96.96CMA104	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
O.CM.98.98CMA104	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
O.CM.99.99CMU4122	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
O.SN.99.SEMP1299	A--A-A-C.....	TGCTGACCT.....	GA--A-----GAC-CTGCG.....	AGCAGAGACTGCTGACAC-GC.....	GT-TG--A-G-A-AG.....	TT-----T-A.....	466	
O.US.99.99USTWLA	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
O.FR.92.VAU	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
CPZ.CD.90.ANT	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
CPZ.GA.88.GAB1	-ACTTT-G.ACTGGCGCATGGCAC.....	AAGAAC-----GACTCTCG.....	A-----A-----GGG-A-----T-GTCGGGA.....	Gt-----T-----TTTG-CCT-AG--C.....	-----G	451		
CPZ.TZ.01.TAN1	-----A.....	.A-AG-T-ACTA.....	-----C-G.....	.G-----T-----G-----AGT-----T-A.....	AGT-----T-A.....	-----G-A-	0	
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-----A	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	GCAGCTGCTTTTGCCTGACTGGGTCTCTGGTTAGACAGCATCTGAGCTGGGAGCTCTGGCTAACT...	AGGGAACCCACTGCTTAA	GCCTCAATA	AAGCTTGCCCTGAGTGCTTCAAGTAGTGTGTGCCCGCTGTTGTGTGACTCTG.....		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						0
A1.UG.99.99UGA07072	C-C-T	T-G	G-G	G	T	583
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.MBC925						584
B.BO.99.BO10122						0
B.BR.03.BREPM2012						0
B.CA.97.CANB3FULL						0
B.CN.05.05CNHB_hp3	C	A-C	C	G-T		582
B.CO.01.PCM001						0
B.GB.83.CAM1						585
B.GB.86.GB8		A	C	G	T	581
B.GE.03.03GEMZ010						0
B.IT.05.SG1						0
B.JP.05.DR6538						382
B.KR.05.05CSR3						585
B.NL.00.671_00T36	C-T	A				608
B.RU.04.04RU128005						105
B.TH.00.00TH_C3198						69
B.UA.01.01UAKV167						0
B.US.04.ES10_53		A	G	AGC-TG-C	T	583
B.US.99.PRB959_03						0
C.AR.01.ARG4006						0
C.BR.04.04BR013						44
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	C-T	A-G-G	C	T-CT	G	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	C					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	C-C	T	T	G-A	G	549
G.CM.01.01CM_4049HAN	C	C-C	T-C	T	A-G-A	G
G.CU.x.Cu74						177
G.ES.00.X558						13
G.ES.99.X138						13
G.GH.03.03GH175G	C-C	T	TCT-C		GTA	606
G.KE.93.HH8793_12_1						0
G.NG.01.01NGPLD669	C	C	T-C	T	A-G-A	G
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

	+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	GCAGCTGCTTTTGCCCTGACTGGGTCTCTCTGGTTAGACCAGACTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACT	...AGGGAACCCACTGCTTAA	GCCTCAATA	.AAGCTTGCCCTGAGTGCTTCAAGTAGTGTGTGCCCTGTTGTGTGACTCTG		583
01_AE.CF.90.90CF11697C-----C-T-----T-A-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-A-AG					520
01_AE.CN.05.FJ051C-----C-T-----T-----G-----T-----G-----G-A-----G-----A-----G-----A-----GT-AG					583
01_AE.CN.06.FJ054C-----C-T-----A-----G-----T-----G-----C-----G-A-----A-----G-----A-----GT-AG					589
01_AE.HK.x.HK001C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
01_AE.JP.93.93JP_NH1C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					583
01_AE.TH.01.01TH_R2184C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
01_AE.TH.02.OUR7691C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
01_AE.TH.90.CJ240C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					130
01_AE.US.00.00US_MSC1164C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
02_AG.CM.02.02CM_4082STNC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
02_AG.EC.x.EC141C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
02_AG.FR.91.DJ264C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
02_AG.GH.03.GHNJ196C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					596
02_AG.NG.01.PL0710C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
02_AG.NG.x.IBNGC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					113
02_AG.SE.94.SE7812C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
02_AG.SN.98.MP1211C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
02_AG.UZ.02.02UZ710C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
03_AB.RU.97.KAL153_2C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
04_cpx.CY.94.CY032C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
05_DFBE.x.VII310C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
06_cpx.AU.96.BFP90C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					595
06_cpx.RU.05.04RU001C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					216
07_BC.CN.97.CN54C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
08_BC.CN.97.97CNGX_6FC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
09_cpx.GH.96.96GH29ΠC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
11_cpx.GR.x.GR17C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
12_BF.AR.99.ARMA159C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					603
13_cpx.CM.96.1849C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
14_BG.DE.01.9196_01C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					93
14_BG.ES.99.X397C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					13
15_01B.TH.99.99TH_MU2079C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
16_A2D.KR.97.97KR004C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
18_cpx.CU.99.CU76C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
19_cpx.CU.99.CU7C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
20_BG.CU.03.CB471C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					13
21_A2D.KE.91.KNH1254C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
23_BG.CU.03.CB118C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					13
24_BG.CU.03.CB378C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					13
25_cpx.CM.01.101BAC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
27_cpx.CD.97.97CDKTB49C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
28_BF.BR.99.BREPM12609C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
29_BF.BR.02.BREPM119C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
31_BC.BR.02.110PAC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					39
33_01B.MY.05.05MYKL007_1C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
34_01B.TH.99.OUR2478PC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
35_AD.AF.05.05AF095C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
36_cpx.CM.00.00CMNYU830C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
37_cpx.CM.00.00CMNYU926C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
42_BFLU.03.luBF_05_03C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					115
N.CM.02.DJO0131C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					54
N.CM.04.04CM_1015_04C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					54
N.CM.04.04CM_1131_03C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					54
N.CM.95.YBF30C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					142
N.CM.97.YBF106C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					142
O.BE.87.ANT70C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					613
O.CM.91.MVP5180C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					586
O.CM.96.96CMA104C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					44
O.CM.98.98CMA104C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					43
O.CM.99.99CMU4122C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					42
O.SN.99.SEMP1299C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					613
U.S.99.99USTWLAC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					39
O.FR.92.VAUC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					125
CPZ.CD.90.ANTC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					0
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					125
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					126
CPZ.CM.05.SIVcpzLBTC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					129
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					128
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					128
CPZ.GA.88.GAB1C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					603
CPZ.TZ.01.TAN1C-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					132
CPZ.US.85.CPZUSC-----C-T-----T-----G-----C-----G-A-----A-----A-----G-----A-----GT-AG					607

	Extensive secondary structure	5' LTR U5 end	Lys tRNA primer binding site	Packaging loops begin	
B.FR.83.HXB2		GTAA . CTAGAGATCCCTCAGACCCCTTTAGTCAGTGTG	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		AC C G A	T	TT	A T G
A1.RW.93.93RW_024					
A1.SE.95.SE889T					
A1.SE.95.UGSE8131					
A1.TZ.01.A173					
A1.UA.01.01UADN139					
A1.UG.92.92UG037		AC C A T A A	T	GCGAAAGTAA TAGGACTCGAAAA	TT A AAG T
A1.UG.99.99UGA07072					
A1.UZ.02.02UZ0659					
A2.CD.97.97CDKS10					
A2.CD.97.97CDKTB48					
A2.CY.94.94CY017_41			TT AAAA GAA GT ACA	TTTTCGAAGCGGAAGTA	G A T A
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	G		A	T	TAG G A G
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			R		
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	G	TA C T			
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		G T GT			
C.ZA.05.05ZAPSK240B1		T GT			
C.ZM.02.02ZM108		T GT			
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	A	A A T GA			
F1.ES.x.P1146					
F1.FL93.FIN9363					
F2.CM.02.02CM_0016BBY					
F2.CM.95.MP257					
F2.CM.97.CM53657					
G.BE.96.DRCBL		AC C AT A			
G.CM.01.01CM_4049HAN					
G.CU.C674		AC C A G A			
G.ES.00.X558		AC C AT A			
G.ES.99.X138		AC C AT A			
G.GH.03.03GH175G		AC C A A			
G.KE.93.HH8793_12_1					
G.NG.01.01NGPL0669					
G.PX.P12695		AC CTAGATAGTGT	A		
G.SE.93.SE6165			GGCTT		
H.BE.93.V1991					
H.BE.93.V1997					
H.CF.90.056					
J.CD.97.J_97DC_KTB147		G G AAGCA CG GGGAGAGT	CCG		
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
0
707
0
711
708
0
508
711
734
228
195
0
709
0
170
84
0
0
89
87
0
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-AA-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.VII1310	..-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-T-A-T-A	..-A	..-T	..-ACGAAAGTAGAA
N.CM.97.YBF106	..-C	..-TTACCA	..-A-T-A-A	..-S	..-ACGAAAGTAGAA
O.BE.87.ANT70	..-GT	..-T-AC	..-A-T-AAGCA	..-T	..-GTGAAAGTGAAA
O.CM.91.MVP5180	..-GT	..-T-AC	..-A-T-AAGCA	..-T	..-GTGAAAGTGAAA
O.CM.96.96CMAABB637	..-T	..-T-ACG-AGACTGAA-CA	..-CA	..-GC	..-AAAGTGAAA
O.CM.98.98CMA104	..-G	..-T-ACG-AGACTGAA-CA	..-CA	..-G	..-GAGAAAGTGAAA
O.CM.99.99CMU4122	..-T	..-T-ACG-AGAYTGAG-CA	..-CA	..-G	..-AGGAAAGTGAAA
O.SN.99.SEMP1299	..-T	..-T-ACG	..-A-T-A-GCA	..-G	..-GAGAAAGTGAAA
O.US.99.99USTWLA	..-GT	..-A	..-G-ACG-AGCCTGAA-CA	..-A	..-AG-A-AAAA-CTC
O.FR.92.VAU	..-GT	..-T-AC	..-A-T-AAGCAG	..-T	..-CGAAAAGTGAAA
CPZ.CD.90.ANT	..-T	..-TAAAA	..-TA-GTCCA	..-T	..-GGGACTTGAGGAG
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	..-T	..-TAAA	..-CTA-T-A-AA	..-T	..-GCGAAAGTAGAA
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	..-T	..-T	..-T	..-T	..-GTGAAAGTAA
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	..-T	..-A-T-G-T	..-T-C-G	..-G	..-ACGAAAGTAGAA
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	..-T	..-TAAC-G	..-T-C-GC-C	..-C	..-ACGAAAGTAGAA
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	..-T	..-A-A-C-ATA-TGA-AG	..-A	..-T	..-GTGAAAGTAGAA
CPZ.GA.88.GAB1	..-T	..-TTAAA	..-TA-GTCAA	..-T	..-G-TGAAAGTAGAA
CPZ.TZ.01.TAN1	..-C-GGGG	..-TTTG-AGT-G-TAA-A	..-A	..-C	..-G-AGCAGGGAA
CPZ.US.85.CPZUS	..-T	..-A-TC-A-AAGTAG	..-T	..-T	..-ACGAAAGTAGAA

Packaging loops end_Gag and Gag-Pol start

B.FR.83.HXB2 Gag	A.....GCGCGCACGGCAAGAGGC..GAGGGGCGCGACTGGTGGTACG..CCAAAA.....ATTTTGACTAGCGGAGGCTAGAAG.....GAGAGAGATGGGTGCGGAGAGCTCAGTATTAAACGGGGGAGAAATTAGATCGAT	835
	M G A R A S V L S G G E L D R	
A1.GE.99.99GEMZ011C..G..AA..	40
A1.KE.00.KER2008T..A..GC..	40
A1.KE.00.KNH1144G..A..GC..	40
A1.KE.00.KSM4024A..T..A..GC..	40
A1.KE.00.MSA4069A..T..A..GC..	40
A1.KE.00.NKU3005A..T..A..GC..	40
A1.RU.00.RU00051A..T..A..GC..	139
A1.RU.03.03RH120_06_13G..A..GC..	138
A1.RW.93.93RW_024AA..T..A..AA..GCT..	40
A1.SE.95.SE8891G..T..A..A..GC..	231
A1.SE.95.UGSE8131A..T..A..G..GCT..	40
A1.TZ.01.A173T..A..GC..	40
A1.UA.01.01UADN139T..A..GC..	854
A1.UG.92.92UG037T..A..GC..	40
A1.UG.99.99UGA07072T..A..GC..	40
A1.UZ.02.02UZ0659T..A..GC..	40
A2.CD.97.97CDKS10T..A..GC..	0
A2.CD.97.97CDKTB48T..A..GC..	182
A2.CY.94.94CY017_41T..A..GC..	204
B.AR.04.04AR151516A..A..A..A..	42
B.AU.87.MBC925G..T..C..G..AA..	837
B.BO.99.BOL0122A..A..A..A..	40
B.BR.03.BREP2012A..A..A..A..	230
B.CA.97.CANB3FULLA..T..A..A..	115
B.CN.05.05CNHB_hp3T..C..C..G..A..	831
B.CO.01.PCM001A..A..A..A..	40
B.GB.83.CAM1G..A..A..A..	837
B.GB.86.GB8A..A..A..A..	834
B.GE.03.03GEMZ010T..N..T..A..A..G..	40
B.IT.05.SG1A..A..A..A..	634
B.JP.05.DR6538A..A..A..A..	839
B.KR.05.05CSR3G..A..A..A..	860
B.NL.00.671_00T36A..A..A..A..	361
B.RU.04.04RU128005R..A..T..C..G..CAAG..	326
B.TH.00.00TH_C3198C..A..A..A..	40
B.UA.01.01UAKV167C..A..A..A..	40
B.US.04.ES10_53C..A..G..AA..	835
B.US.99.PRB959_03C..A..A..A..	46
C.AR.01.ARG4006A..A..C..A..ACT..	40
C.BR.04.04BR013A..C..A..C..A..ACT..	296
C.BW.00.00BW07621A..A..A..A..AA..	212
C.CN.98.YNRL9840A..A..A..A..AA..	46
C.ET.02.02ET_288A..C..A..C..A..AA..	40
C.GE.03.03GEMZ033A..A..A..A..CAA..	40
C.HL.99.99ETA..A..C..G..A..G..	40
C.IN.99.01IN565_10A..A..C..A..G..AA..	216
C.KE.00.KER2010A..A..A..A..GC..	40
C.MM.99.mIDU101_3A..A..A..A..AA..	214
C.MW.93.93MW_965CA..A..A..A..AC..	40
C.SN.90.90SE_364A..A..A..A..AC..	40
C.SO.89.89SM_145A..A..C..A..GC..	40
C.TZ.02.CO178A..C..A..C..A..AA..	40
C.UY.01.TRA3011A..A..C..A..AC..	40
C.YE.02.02YE511A..A..C..A..ACG..	40
C.ZA.04.04ZASK164B1A..A..A..A..AC..	40
C.ZA.05.05ZAPSK240B1GA..A..C..A..AA..	269
C.ZM.02.02ZM108T..A..A..A..G..GC..	834
D.CD.83.ELIT..A..A..A..AA..	381
D.CM.01.01CM_0009BBYA..A..A..G..GC..	40
D.KE.01.NKU3006A..A..A..A..GA..	40
D.KR.04.04KBH8A..A..A..A..AC..	794
D.TD.99.MN011G..A..A..A..G..GAC..	53
D.TZ.01.A280C..A..A..A..GC..	40
D.UG.99.99UGK09259C..A..A..A..GAC..	40
D.YE.01.01YE386C..A..A..A..GAT..	40
D.YE.02.02YE516C..A..A..A..GAT..	40
D.ZA.90.R1G..A..A..A..AG..	181
F1.AR.02.ARE933T..A..A..A..A..	144
F1.BE.93.VI850GTGCAA..GA..A..A..GA..	190
F1.BR.01.01BR125G..T..A..G..A..GC..	289
F1.ES.x.P1146G..T..CACG..C..GA..A..A..GC..	133
F1.FI.93.FIN9363T..A..A..A..A..GC..	176
F2.CM.02.02CM_0016BBYT..A..A..A..A..GC..	40
F2.CM.95.MP257T..A..A..A..A..GC..	47
F2.CM.97.CM53657A..C..A..A..GAT..	40
G.BE.96.DRCBLT..A..A..A..A..GCT..	820
G.CM.01.01CM_4049HANT..A..A..A..A..TCT..	40
G.CU.x.Cu74G..T..A..A..A..A..GC..	448
G.ES.00.X558G..T..A..C..A..G..GC..	285
G.ES.99.X138G..T..R..A..A..A..GC..	285
G.GH.03.03GH175GT..A..A..A..A..GCT..	878
G.KE.93.HH18793_12_1T..A..G..A..A..A..GC..	237
G.NG.01.01NGPL0669G..T..A..A..A..A..GC..	40
G.PT.x.PT2695G..T..A..A..A..A..GC..	786
G.SE.93.SE6165T..A..A..A..A..GCT..	238
H.BE.93.V1991T..A..A..A..A..GCT..	221
H.BE.93.V1997T..A..A..A..A..ACT..	162
H.CF.90.056T..A..A..A..A..GCT..	182
J.CD.97.J_97DC_KTB147T..A..A..A..A..GC..	33
J.SE.93.SE7887T..A..A..A..A..GAT..	158
J.SE.94.SE7022T..A..A..A..A..CGAT..	159
K.CD.97.EQTB11CT..A..A..A..A..CAA..	46
K.CM.96.MP535T..A..A..A..A..GC..	46

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

Table with 4 columns: Accession ID, Nucleotide sequence, Packaging loops end_Gag and Gag-Pol start, and Reference ID. The table contains multiple rows of sequence alignments for various HIV-1/SIVcpz strains.

B.FR.83.HXB2
Gag

GGGAAAAATTCGGTTAAGCGCAGGGGGGAAAAAATATAAATTAACCATATAGTATGGGAAGCAGGGAGCTAGAACGATTCGCGAGTAAATCGGCTGTTAGAAACATCAGAAGCTGTAGACAAATCTGGGACAGCTACAACATCCCTTCAGACAGGATCA 1005

Accession	Sequence	Position
A1.GE.99.99GEMZ011	...G-GT	210
A1.KE.00.KER2008	...G	210
A1.KE.00.KHI144	...G	210
A1.KE.00.KSM4024	...G-G	210
A1.KE.00.MSA4069	...G-G	210
A1.KE.00.NKU3005	...G	210
A1.RU.00.RU00057	...G	309
A1.RW.03.03RW_024	...G	488
A1.RW.93.93RW_024	...G	210
A1.SE.95.SE8891	...G-G	210
A1.SE.95.UGSE8131	...G	401
A1.TZ.01.A173	...G	210
A1.UA.01.01UADN139	...G	210
A1.UG.92.92UG037	...G	1024
A1.UG.99.99UGA07072	...G	210
A1.UZ.02.02UZ0659	...G	210
A2.CD.97.97CDK510	...G	0
A2.CD.97.97CDKTB48	...G	352
A2.CY.94.94CY017_41	...G	374
B.AR.04.04AR151516	...G	212
B.AL.87.MBC925	...G	1007
B.BO.99.BOL0122	...G	210
B.BR.03.BREP2012	...G	400
B.CA.97.CANB3FULL	...G	285
B.CN.05.05CNHB_hp3	...G	1001
B.CO.01.PCM001	...G	210
B.GB.83.CAM1	...G	1007
B.GB.86.GB8	...G	1004
B.GE.03.03GEMZ010	...G	210
B.IT.05.SG1	...G	804
B.JP.05.DR6538	...G	1009
B.KR.05.05KSR3	...G	1030
B.NL.00.671_00T36	...G	531
B.RU.04.04RU128005	...G	496
B.TH.00.00TH_C3198	...G	210
B.UA.01.01UAKV167	...G	1005
B.US.04.ES10_53	...G	210
B.US.99.PRB9503_03	...G	210
C.AR.01.ARG4006	...G	210
C.BR.04.04BR013	...G	466
C.BW.00.00BW07621	...G	382
C.CN.98.YNRL9840	...G	216
C.ET.02.02ET_288	...G	210
C.GE.03.03GEMZ033	...G	210
C.HL.99.99HT7	...G	210
C.IN.99.01IN565_10	...G	386
C.KE.00.KER2010	...G	210
C.MM.99.mIDU101_3	...G	384
C.MW.93.93MW_965	...G	210
C.SN.90.90SE_364	...G	210
C.SO.89.89SM1_145	...G	210
C.TZ.02.C0178	...G	210
C.UY.01.TRA3011	...G	210
C.YE.02.02YE511	...G	210
C.ZA.04.04ZASK164B1	...G	440
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	...G	439
C.ZM.02.02ZM108	...G	1004
D.CD.83.ELI	...G	551
D.CM.01.01CM_0009BBY	...G	210
D.KE.01.NKU3006	...G	210
D.KR.04.04KBBH8	...G	964
D.TD.99.MN011	...G	223
D.TZ.01.A280	...G	200
D.UG.99.99UGK09259	...G	210
D.YE.01.01YE386	...G	210
D.YE.02.02YE516	...G	210
D.ZA.90.R1	...G	351
F1.AR.02.ARE933	...G	314
F1.BE.93.V1850	...G	360
F1.BR.01.01BR125	...G	459
F1.ES.x.P1146	...G	303
F1.FI.93.FIN9363	...G	346
F2.CM.02.02CM_0016BBY	...G	210
F2.CM.95.MP257	...G	217
F2.CM.97.CM53657	...G	210
G.BE.96.DRCBL	...G	990
G.CM.01.01CM_4049HAN	...G	618
G.CU.x.Cu74	...G	455
G.ES.00.X558	...G	455
G.ES.99.X138	...G	455
G.GH.03.03GHI175G	...G	1048
G.KE.93.HH18793_12_1	...G	407
G.NG.01.01NGPL0669	...G	210
G.PTX.PT2695	...G	956
G.SE.93.SE6165	...G	408
H.BE.93.V1991	...G	391
H.BE.93.V1997	...G	332
H.CF.90.056	...G	352
J.CD.97.J_97DC_KTB147	...G	203
J.SE.93.SE7887	...G	328
J.SE.94.SE7022	...G	329
K.CD.97.EQTB11C	...G	216
K.CM.96.MP535	...G	216

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.96.96TZ_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.SIVcpzCAML3
 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

GGGAAAAATTCGGTTAAGGCCAGGGGGGAAAAAATAAATTAACCATATAGTATGGGCAAGCAGGGAGCTAGAACAGTTCCGACGTTAATCCCTGGCTGTAGAAACATCAGAAGCCTGTAGACAAATCTGGGACAGCTACAACATCCCTTCAGACAGGATCA 1005
 W E K I R L R P G G K K K Y K L K H I V W A S R E L E R F A V N P G L L E T S E G C R Q I L G Q L Q P S L Q T G S
 ---G---C-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 960
 ---G---C-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 1021
 ---C---G-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 1027
 ---C-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 382
 ---C-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 1022
 ---C-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---C-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---C-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 570
 ---C-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---G---G-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---G---G-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 116
 ---G---G-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 369
 ---G---GC-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 1028
 ---G---G-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---G---G-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 545
 ---G---G-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 392
 ---G---G-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 217
 ---G---G-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---G---G-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 237
 ---G---GG-----G-A-G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 371
 ---C-----A-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 381
 ---C-----G---C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 1033
 ---C-----G---C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 657
 ---A-----A-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 382
 ---A-----A-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 212
 ---G-----A-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 216
 ---C-----C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 384
 ---G-----G---C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 322
 ---G-----G---C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 1025
 ---G-----G---C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 383
 ---G-----G---C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 531
 ---C---G-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 455
 ---C-----A-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 413
 ---C-----A-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 372
 ---C-----A-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 322
 ---T---C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 231
 ---G-----G---G---C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 454
 ---C-----A-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---G-----G---G---C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 454
 ---G-----G---G---C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 454
 ---G-----AT-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---G-----AT-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 216
 ---C-----C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 374
 ---C-----C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 185
 ---AA---A-----C-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 460
 ---C-----A-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 390
 ---C-----A-----GT---C---G---A---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---C-----A-----G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---G-----G---A---G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---C-----G---A---G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 210
 ---G---C-----G---A---G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 534
 ---GC---TAT---G---A---C---G---A---G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 475
 ---GC---TAT---G---A---C---G---A---G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 477
 ---GC---TAT---G---A---C---G---A---G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 476
 ---GC---TAT---G---A---C---G---A---G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 563
 ---GC---TAT---G---A---C---G---A---G---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 564
 ---C---A-----A---ATCT---A---G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 1057
 ---CG---A-----A---ATCT---A---G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 1032
 ---C---A-----A---ATCT---A---G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 483
 ---C---AA-----A---AT---A---G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 488
 ---C---A-----A---ATCT---A---G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 487
 ---C---A-----A---AT---A---G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 1059
 A---C---A-----T---ATC---A---G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 479
 ---C---A-----A---ATCT---A---G---G---C---T---G---A---T---G---A---V---N---P---G---L---L---E---T---S---E---G---C---R---Q---I---L---G---Q---L---Q---P---S---L---Q---T---G---S--- 565
 ---GT---CA---C---TC---C---T---C---G---C---TGA---C---G---T---ATC---GC---G---T---T---GC---C---GCT---CTC---TC---T---GA---A---GGCTA---CCAT---AT---GAGC---T---A---AG---A---T---A---C--- 369
 ---G---C---T---A---C---G---G---TGA---G---T---G---A---G---A---T---G---C---C---G---AA---G---GTG---A---CTTA---T---G---ACAG---T---G---G---G---T---GA---A---C---C---G--- 567
 ---TAT---G---A---C---G---TGA---G---CT---G---G---A---G---A---GTG---C---A---T---CA---G---C---G---T---GCC---T---CA---C---AT---G---G---T---CA---A---C---G--- 544
 ---G---C---C---GA---G---TGA---G---T---G---G---A---T---T---G---C---C---G---TA---G---A---G---G---T---GA---TAC---T---G---G---T---A---A---G--- 551
 ---G---TATC---G---A---TGA---G---T---G---G---A---T---T---G---C---CTC---CA---G---A---G---AA---GAG---GC---TT---ACAG---T---G---G---T---CA---A---T--- 1054
 ---G---A---C---A---ATC---A---G---G---TGA---G---T---G---A---G---A---TTG---C---T---AA---G---ATG---T---GAGA---GT---T---AA---G---G---T---A---G--- 574
 ---G---C---T---C---GA---G---TGA---G---T---G---G---C---C---G---AA---G---GTAAG---A---CTA---T---GT---ACA---AT---G---G---G---T---CA---A---C--- 1042
 ---TCC---AA---C---T---AAT---CA---A---C---G---TT---A---C---C---CG---A---C---A---C---G---T---GA---G---C---C---CA---G---ACGT---G---G---G---T---GG---AG---C---TT---T--- 568
 ---G---C---T---A---T---G---TGA---G---T---T---CG---A---C---A---C---G---T---GA---G---C---C---CA---G---ACGT---G---G---G---T---GG---AG---C---TT---T--- 1047

B.FR.83.HXB2
Gag

GAAGAACTTAGATCATTATATAATACAGTAGCAACCTCTATTGTGTGCATCAAAGGATAGAGATAAAAAGACACCAAGAAGCTTTAGACAAGATAGAGGAA...GAGCAAAAACAAA...AGTAAGAAAAAGCACAGCAAGCAGCAGCT... 1149	E E L R S L Y N T V A A T L Y C V H Q R I E I K D T K E A L D K I E E E Q N K S K K K A A Q Q A A A
A1.GE.99.99GEMZ011A.....GT.....A.....R.....ATAM-R-T-G.....RC-GC-ARGAMM-CAG.....348
A1.KE.00.KER2008T.....G.....A.....GC.....G.....T.....AG.....ATA.....C-AC-GA-C-A-G.....354
A1.HI.00.HI144A.....T.....A.....C.....A.....TG-G.....C-T-A-C-T.....CT-T-G.....C-C-GA-C-A-G.....354
A1.KE.00.KSM4024A.....C-G-T.....A.....C.....A.....TG.....C-T-A-C-T.....CT-C-T-G.....C-GA-C-A-G.....351
A1.KE.00.MSA4069G.....GT.....A.....C-A.....TG.....C-T-A.....AT.....T-G.....CC-C-G-GA-C-A-G.....354
A1.KE.00.NKU3005A.....C.....R.....T.....C-A.....T-C.....TG.....C-T-A.....ATAA-G-G.....C-C-GA-C-A-G.....354
A1.RU.00.RU00051A.....C.....R.....T.....C-A.....T-C.....TG.....T-A.....ATA.....T-G.....C-C-GA-C-A-GA-A.....453
A1.RU.03.03RU20_06_13A.....C.....R.....T.....C-A.....T-C.....TG.....T-A.....ATA.....T-G.....C-C-GA-C-A-G-A.....453
A1.RW.93.93RW_024A.....C.....A.....G.....C.....A.....CTG.....C-T-A.....ATA.....T-G.....C-C-GA-T-A-G.....354
A1.SE.95.SE8891A.....C.....A.....G.....C.....A.....CTG.....C-T-A.....ATA.....T-G.....AC-C-GA-C-A-G.....354
A1.SE.95.UGSE8131A.....C.....A.....G.....C.....A.....CTG.....C-T-A.....ATA.....T-G.....C-C-GAA-G-G.....354
A1.TZ.01.A173A.....A.....T.....A.....C.....TG.....G.....T.....G.....T.....A.....ATA-G-T-G.....C-C-GA-C-A-G.....354
A1.UA.01.01UADN139A.....A.....T.....A.....C.....TG.....G.....T.....G.....T.....A.....ATA-T-G.....C-C-GA-C-A-GT-A.....354
A1.UG.92.92UG037A.....A.....T.....A.....C.....TG.....G.....T.....G.....T.....A.....ATA-T-G.....C-C-GA-C-A-G.....1168
A1.UG.99.99UGA07072A.....A.....T.....A.....C.....TG.....G.....T.....G.....T.....A.....ATA-G-T-G.....C-C-GA-C-A-G-T.....354
A1.UZ.02.02UZ0659A.....A.....T.....A.....C.....TG.....G.....T.....G.....T.....A.....ATA-T-G.....C-C-GA-C-A-G-A.....354
A2.CD.97.97CDKS10A.....A.....T.....A.....C.....TG.....G.....T.....G.....T.....A.....ATA-T-G.....C-C-GA-C-A-G.....0
A2.CD.97.97CDKT848A.....A.....T.....A.....C.....TG.....G.....T.....G.....T.....A.....ATA-T-G.....C-C-GA-C-A-G.....496
A2.CY.94.94CY017_41A.....A.....T.....A.....C.....TG.....G.....T.....G.....T.....A.....ATA-T-G.....C-C-GA-C-A-G.....512
B.AR.04.04AR151516T.....A.....G.....TG.....T.....A.....G.....GT.....G.....G.....A.....A.....356
B.AU.87.MB925CT.....A.....G.....TG.....T.....A.....G.....GT.....G.....G.....A.....A.....1151
B.BO.99.BOL0122GT.....T.....A.....G.....G.....G.....G.....A.....A.....354
B.BR.03.BREPM2012GT.....T.....A.....AG.....TG.....G.....G.....G.....A.....A.....ACAGCA.....549
B.CA.97.CANB3FULLGT.....T.....A.....AG.....TG.....G.....G.....G.....A.....A.....C.....429
B.CN.05.05CNHB_hp3T-G-A.....TC-G-A.....GT.....A.....A.....TG.....T.....G.....G.....G.....A.....GCT.....1148
B.CO.01.PCM001G.....A.....T.....A.....GT.....A.....A.....TG.....C.....T.....G.....A.....G.....G.....1151
B.GB.83.CAM1G.....A.....T.....C.....T.....A.....A.....TG.....G.....T.....A.....G.....G.....1148
B.GB.86.GB8G.....A.....T.....C.....T.....A.....A.....TG.....G.....T.....A.....G.....G.....1148
B.GE.03.03GEMZ010G.....A.....T.....C.....T.....A.....A.....TG.....G.....T.....A.....G.....G.....354
B.IT.05.SG1A.....A.....GT.....A.....G-A.....C.....C.....G.....G.....A.....C.....A.....GCT.....951
B.JP.05.DR6538A.....A.....GT.....A.....G-A.....C.....C.....G.....G.....A.....C.....A.....T.....1153
C.NJ.05.05CSR3A.....T.....G.....A.....GT.....A.....AG.....TG.....C.....G.....C.....A.....G.....CGG.....680
B.NL.00.671_00T36A.....T.....G.....A.....GT.....A.....AG.....TG.....C.....G.....C.....A.....G.....CGG.....680
B.RU.04.04RU128005R.....G.....T.....A.....GTT.....A.....AA.....G.....A.....G-A.....G.....A.....G.....640
B.TH.00.00TH_C3198R.....G.....T.....A.....GTT.....A.....AA.....G.....A.....G-A.....G.....A.....G.....359
B.UA.01.01UAKV167A.....A.....GT.....A.....A.....TG.....G.....A.....C.....G-G.....C.....AACAC.....1154
B.US.04.ES10_53A.....A.....GT.....A.....A.....TG.....G.....A.....C.....G-G.....C.....AACAC.....360
B.US.99.PRB9503A.....A.....GT.....A.....A.....TG.....G.....A.....C.....G-G.....C.....AACAC.....360
C.AR.01.ARG4006A-G.....T.....T.....T.....A.....GC-AA.....CG.....T.....A.....C.....A-A.....A.....G-A.....C-C-C-A-T-G.....348
C.BR.04.04BR013A-G.....T.....T.....T.....A.....GC-AA.....CG.....T.....A.....C.....A-A.....C.....A.....A-C.....C-CT-AT-G.....604
C.BW.00.00BW07621G.....C.....T.....T.....A.....A-A.....TG.....CG.....T.....G.....A.....C.....A.....A.....A.....C.....C-C-A-G.....520
C.CN.98.YNRL9840G.....TC.....C.....T.....A.....A-G-G.....AG.....CG.....A.....A.....C.....A.....A.....A.....C.....T-C-C-A-G.....354
C.ET.02.02ET_288G.....TC.....C.....T.....A.....A-G-G.....T.....CG.....C.....C.....G.....A.....A.....A.....G.....GTGC-C-A-G-G.....351
C.GE.03.03GEMZ033G.....TC.....C.....T.....A.....A-G-G.....T.....CG.....C.....C.....G.....A.....A.....A.....G.....GTGC-C-A-G-G.....348
C.II.99.99ET7G.....A.....C.....G.....T.....A-C.....A-A.....AC.....TG.....CG.....T.....C.....C.....T.....A.....GG.....T-C-CG-A-G.....348
C.IN.99.01IN565_10G.....G.....C.....C.....T.....A.....A-GC-GAT.....G.....CG.....T.....C.....C.....A.....A.....A-A-GGCT.....533
C.KE.00.KER2010G.....G.....C.....C.....T.....A.....A-T-A.....AG.....CG.....T.....C.....C.....A.....A.....G-G.....T-C-C-A-G-G.....348
C.MM.99.mIDU101_3G.....G.....C.....C.....T.....A.....TC-G.....AG.....CG.....A.....A.....C.....A.....A.....T-C-C-A-G.....521
C.MW.93.93MW_965G.....T-G.....C.....C.....T.....A.....GC-AC.....AG.....CG.....C.....C.....A.....A.....AA.....C-C-A-AA.....348
C.SN.90.90SE_364G.....G.....G.....TC.....C.....T.....A.....A-GAC.....A.....C.....CG.....C.....C.....A.....A.....G.....C-C-A-G.....348
C.SO.89.89SM145G.....G.....G.....TC.....C.....T.....A.....A-G.....AG.....CG.....T.....C.....C.....A.....A.....G.....T-C-C-A-G.....348
C.TZ.02.CO178A-G.....C-T.....C.....TC.....G.....T-GTT.....A.....G.....A.....G.....CG.....T.....C.....C.....A.....A.....AGC-GGC-A.....339
C.UY.01.TRA3011CG.....C-T.....C.....TC.....G.....T-GTT.....A.....G.....A.....G.....CG.....T.....C.....C.....A.....A.....AGC-GGC-A.....348
C.YE.02.02YE511CG.....TC.....C.....GTT.....A.....A-G.....A-G.....CT.....C.....C.....A.....A.....T-C-C-A-A-G-A.....581
C.ZA.04.04ZASK164B1G.....G.....TC.....C.....GTT.....A.....A-G.....A-G.....CT.....C.....C.....A.....A.....T-C-C-A-A-G-A.....581
C.ZA.05.05ZAPS240B1G.....G.....TC.....C.....GTT.....A.....A-G.....A-G.....CT.....C.....C.....A.....A.....T-C-C-A-A-G-A.....574
C.ZM.02.02ZM108G.....G.....TC.....C.....GTT.....A.....A-G.....A-G.....CT.....C.....C.....A.....A.....T-C-C-A-A-G-A.....1145
D.CD.83.ELIG.....G.....A.....G-A.....TG.....A.....A.....G.....A.....G.....T-C-C-A-G.....695
D.CM.01.01CM_0009BBYG.....G.....A.....T.....A.....A-A-C-A.....G.....A.....A.....G.....A.....A-G.....A-G.....A-C.....342
D.KE.01.NKU3006G-G-A.....A.....A.....A-A-C-A.....C-G.....GC.....A.....A.....A.....G.....A.....A-C.....A-C.....354
D.KR.04.04KBH8A.....A.....T.....A.....A-A-G-A.....A-TG.....G.....A.....A.....G.....A.....A.....A.....A-A.....1108
D.TD.99.MN011G.....G.....A.....T.....C.....A.....A-G-A.....C-G.....G.....A.....A.....C.....A.....A.....T-CT.....367
D.TZ.01.A280G.....G.....A.....T.....C.....A.....A-G-A.....C-G.....G.....A.....A.....C.....A.....A.....T-CT.....344
D.UG.99.99UGK09259G-G-A.....T.....A.....GT.....CT.....A.....GC-A-A-G.....GC.....A.....C.....A.....AT.....A.....GC.....G-G.....354
D.YE.01.01YE386G-G-G.....A.....T.....A.....A-G-G.....A-A.....G.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....G-G.....354
D.YE.02.02YE516G-G-G.....A.....T.....A.....A-G-G.....A-A.....G.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....G-G.....354
D.ZA.90.R1G-G-G.....A.....T.....A.....A-G-G.....A-A.....G.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....G-G.....495
F1.AR.02.ARE933G.....A.....G.....GT.....C.....A.....AG.....G.....G.....C.....C.....T.....C-C-GAG.....G.....458
F1.BE.93.VI850G.....AG.....T.....GT.....A.....A.....GC.....G.....G.....C.....C.....A.....A.....G.....AGT.....G.....504
F1.BR.01.01BR125G.....A.....G.....GT.....A.....A.....GC.....G.....G.....C.....C.....A.....A.....G.....AGT.....G.....609
F1.ES.x.P1146G.....A.....G.....GT.....A.....A.....GC.....G.....G.....C.....C.....A.....A.....G.....AGT.....G.....447
F1.FI.93.FIN9363G.....A.....G.....GT.....A.....A.....GC.....G.....G.....C.....C.....A.....A.....G.....AGT.....G.....495
F2.CM.02.02CM_0016BBYG-A.....A.....T.....C.....A.....GT.....A.....A.....A.....C-A.....G.....G.....T-C-C.....A.....G.....G.....GCAGC.....354
F2.CM.95.MP257G-G-A.....T.....C.....A.....T-GTT.....A.....A.....A.....A.....G.....G.....T-C-C.....A.....G.....G.....GACAA.....366
F2.CM.97.CM53657G-G-A.....TC.....C.....A.....T-GTT.....A.....A.....A.....A.....A-A.....GG.....T-C-C.....A.....G.....G.....354
G.BE.96.DRCB1G-G-A.....C.....T.....CT.....GT.....A.....A.....G.....G.....A-G.....C.....GG-AG-G-AA-G-ATA-G-G.....1116
G.CM.01.01CM_4049HANG-G-A.....AG.....CT.....C.....GT.....A.....A.....G.....G.....A-G.....C.....GG-AG-G-AA-G-ATA-G-G.....354
G.CLU.x.Cu74G-G-A.....AG.....CT.....C.....GT.....A.....A.....G.....G.....A-G.....C.....GG-AG-G-AA-G-ATA-G-G.....762
G.ES.00.X558G-G.....T.....G.....A.....A.....A.....G.....G.....A-C.....C.....GG-AG-G-AA-G-CA-G-G.....596
G.ES.99.X138G-G.....T.....G.....A.....A.....A.....G.....G.....A-C.....C.....GG-AG-G-AA-G-CA-G-G.....599
G.GH.03.03GHI75GG-G.....TC.....C.....A.....C.....A.....AG.....G.....A-C.....C.....GG-AG-G-AA-G-CTA-G-T.....1189
G.KE.93.HH18793_12_1G-GA.....A.....C.....T.....G-T.....A.....A-CC-A.....AG.....G.....A-C.....C.....GG-AG-G-AA-G-ATA-G-G.....351
G.NG.01.01NGPL0669G-GA.....A.....C.....T.....G-T.....A.....A-CC-A.....AG.....G.....A-C.....C.....GG-AG-G-AA-G-TTA-G-G.....354
G.PT.x.PT2695G-G-A.....A.....T.....G.....A.....A.....G.....G.....A-C.....C.....GG-AG-G-AA-G-ACA-G-G.....1097
G.SE.93.SE6165G-G-A.....A.....T.....G.....A.....A.....G.....G.....A-C.....C.....GG-AG-G-AA-G-ACA-G-G.....552
H.BE.93.V1991C-C-A.....A.....GT.....C-A.....A.....TG-G.....G.....GG.....ATA-G-T-G.....AC-C-G-A-G-CC-AGCAGC.....540
H.BE.93.V1997C-C-A.....A.....GT.....C-A.....A.....TG-G.....G.....GG.....ATA-G-T-G.....AC-C-G-A-G-CC-AGCAGC.....476
H.CF.90.056C-C-A.....A.....GT.....C-A.....A.....TG-G.....G.....GG.....ATA-G-T-G.....AC-C-G-A-G-CC-AGCAGC.....496
J.CD.97.J_97DC_KTB147G-G-A-A-A.....T-C-A-A.....A-T-G.....C-G.....G.....G.....ATT.....G.....C-C-G-G-TA-A-A-A-T.....344
J.SE.93.SE7887G-G-A-A-A.....T-C-A-A.....A-T-G.....C-G.....G.....G.....ATT.....G.....AC-AC-GC-GA-A-A-A.....472
J.SE.94.SE7022G-G-A-A-A.....T-C-A-A.....A-T-G.....C-G.....G.....G.....ATT.....G.....AC-AC-GC-GA-A-A-A.....473
K.CD.97.EQTB11CG-G-A-A-A.....T-C-A-A.....A-T-G.....C-G.....G.....G.....ATT.....G.....C-C-G-GA-A-A.....348
K.CM.96.MP555G-G-A-A-A.....T-C-A-A.....A-T-G.....C-G.....G.....G.....ATT.....G.....C-C-G-GA-A-A.....348

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.01.011TH.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.96.96CMABB637
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.SIVcpzCAMA13
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

GAAGAACTTAGATCATTATATAATACAGTAGCAACCTCTATTGTGCATCAAAGGATAGAGATAAAAGACACCAAGGACTTTAGACAAGATAGAGAA...GAGCAAAACAAA...AGTAAGAAAAAGCAGACAGCAAGCAGCGT...1149
E E L R S L Y N T V A T L Y C V H Q R I E I K D T K E A L D K I E E E E Q N K S K K K A Q Q A A A A
---A---A---T---CA---GG---A---TG---T---A---T---A---G---TA---GG---G---AC---C---GA---G---1104
---A---A---T---A---GT---GG---C---A---C---TG---T---A---G---TA---GG---G---CC---C---GA---G---1165
---A---A---T---T---T---GG---C---A---C---TG---T---A---G---TA---GG---G---CC---C---GA---G---1174
---A---A---T---T---GG---C---A---C---TG---T---A---G---TA---AT---T---ATA---T---G---ACC---GA---G---526
---A---A---T---A---GG---C---A---C---TG---T---A---G---TA---T---G---CC---C---GA---G---A---1166
---AG---A---T---A---GG---C---A---C---TG---T---A---G---TA---G---G---AC---C---GA---G---354
---A---A---T---G---T---GG---C---A---C---A---G---T---A---G---TA---T---G---CC---C---GAT---G---354
---A---A---T---C---GG---C---A---C---G---T---A---G---TA---T---G---CC---C---GA---G---714
---A---A---T---C---GG---C---A---C---G---T---A---G---TA---T---G---CC---C---GA---G---354
---GG---A---T---T---T---GG---C---A---C---A---A---C---T---A---G---ATA---T---G---C---C---GA---G---A---354
---AG---EC---x---E---C---U---4---1---T---GG---C---A---T---AT---G---A---G---C---T---A---G---TA---T---G---C---C---GAA---G---260
---A---A---T---A---T---GG---C---A---C---TG---T---A---G---TA---T---G---C---C---GA---G---AG---513
---G---A---A---C---A---T---GG---C---A---C---G---T---A---G---TA---A---A---CT---T---G---C---AC---GA---G---1172
---A---A---T---A---T---GG---C---A---A---TG---T---A---G---TA---G---G---ATA---T---G---C---C---GA---A---G---348
02_AG.NG.x.IBNG ---A---A---T---A---T---GG---C---A---C---G---T---A---G---TA---G---G---ATA---T---G---C---C---GA---G---689
02_AG.SE.94.SE7812 ---A---A---T---CA---T---GG---C---A---C---G---T---A---G---TA---G---G---C---C---GA---G---536
02_AG.SN.98.MP1211 ---A---A---T---A---T---GG---C---A---G---A---AG---C---T---AT---ATA---G---G---C---AC---GA---G---361
02_AG.UZ.02.02UZ710 ---C---A---T---A---T---GG---C---A---T---C---G---C---T---A---T---T---T---G---C---C---GA---G---354
03_AB.RU.97.KAL153_2 ---A---A---T---A---C---A---C---T---A---G---TA---A---ATA---T---G---C---C---GA---C---A---G---A---381
04_cpx.CY.94.CY032 ---A---A---T---TA---A---GG---C---A---A---TG---C---T---A---ATA---GT---G---C---C---GA---G---515
05_DF.BE.x.V11310 ---A---A---T---C---G---G---G---A---AGT---AA---GA---G---A---528
06_cpx.AU.96.BFP90 ---A---A---T---A---A---AG---C---CA---T---A---ATA---G---G---C---C---G---T---G---T---1174
06_cpx.RU.05.04RU001 ---A---A---T---A---AG---C---C---T---A---ATA---T---G---AC---C---G---G---A---801
07_BC.CN.97.CN54 ---G---A---T---C---C---T---C---A---AC---GA---TG---CG---GA---C---A---A---A---A---G---T---C---C---A---G---517
08_BC.CN.97.97CNGX_6F ---G---A---T---C---C---T---A---A---G---GA---AG---CG---A---C---T---A---ATA---G---G---T---C---C---A---G---347
09_cpx.GH.96.96GH2911 ---G---A---T---C---C---T---A---A---G---G---G---G---G---T---A---ATA---GGT---G---C---C---GA---G---360
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061 ---G---A---A---A---A---G---A---G---GC---A---C---A---A---C---A---C---A---A---G---G---A---528
11_cpx.GR.x.GR17 ---G---A---T---G---GT---GG---C---A---TC---G---G---G---G---T---AG---ATA---T---G---GC---GAA---G---460
12_BF.AR.99.ARMA159 ---G---A---T---T---GT---GG---C---A---A---G---G---G---A---C---GG---AG---G---AA---G---TA---T---GC---CC---C---G---A---G---1169
13_cpx.CM.96.1849 ---G---G---A---T---A---A---A---A---G---A---C---GG---AG---G---AA---G---TA---T---GC---CC---C---G---A---G---AAG---527
14_BG.DE.01.9196_01 ---G---GA---T---A---A---A---A---G---A---C---GG---AG---G---AA---G---CA---G---G---GKC---GG---AA---G---ATG---672
14_BG.ES.99.X397 ---G---GA---T---A---A---A---A---TG---A---C---GG---AG---G---AA---G---CA---G---G---GTC---G---CAG---G---G---ATG---596
15_01B.TH.99.99TH_MU2079 ---G---A---T---GG---C---A---AA---C---G---T---A---TA---T---G---ACC---C---GA---G---G---557
16_A2D.KR.97.97KR004 ---A---AG---G---T---G---T---A---A---A---G---G---C---T---AT---A---A---C---CGAGA---AC---CAGC---T---A---510
18_cpx.CU.99.CU76 ---A---AG---T---T---GG---C---A---GG---TG---C---T---A---ATA---T---G---C---C---GA---G---466
19_cpx.CU.99.CU7 ---G---A---T---GG---C---A---GCA---G---T---AT---TA---G---T---G---C---C---GA---G---A---375
20_BG.CU.03.CB471 ---G---G---AG---T---AA---G---A---C---GG---AG---G---AA---G---TTA---G---G---C---C---ATG---G---A---G---598
21_A2D.KE.91.KNH1254 ---G---A---AG---T---G---A---A---A---G---G---A---C---TG---AG---G---AA---G---TTA---G---G---C---C---ATG---A---G---A---G---598
23_BG.CU.03.CB118 ---G---A---AG---T---G---A---A---A---G---G---A---C---TG---AG---G---AA---G---TTA---G---G---C---C---ATG---A---G---A---A---598
24_BG.CU.03.CB378 ---G---GA---AG---T---GG---C---A---G---G---T---C---GG---AG---G---AA---G---TTA---G---G---C---C---ATG---A---G---A---A---598
25_cpx.CM.01.101BA ---C---A---T---G---A---GT---GG---C---A---T---A---T---T---A---G---ATA---T---G---C---C---GA---G---A---354
27_cpx.CD.97.97CDKTB49 ---CCA---CT---GT---GG---C---A---G---A---G---A---C---GG---AG---G---AA---G---ATA---GG---C---C---A---G---A---AAG---360
28_BF.BR.99.BREPM12609 ---C---CT---GT---GG---C---A---G---A---G---A---C---GG---AG---G---AA---G---ATA---GG---C---C---A---G---A---AAG---518
29_BF.BR.02.BREPM119 ---A---A---T---GTT---GG---C---A---TG---C---G---G---GT---GTAA---G---326
31_BC.BR.02.110PA ---A---G---T---C---T---T---GG---C---A---AC---G---CG---A---C---G---A---A---A---A---A---T---C---C---A---G---598
33_01B.MY.05.05MYKL007_1 ---G---A---T---A---GG---C---A---C---TG---T---A---G---TA---CT---G---C---C---GAA---G---534
34_01B.TH.99.OUR2478P ---G---A---T---A---GG---C---A---C---G---TG---T---AT---TA---T---G---C---C---GA---G---354
35_AD.AF.05.05AF095 ---A---A---T---C---A---A---CA---C---T---A---ATA---T---G---C---C---GA---A---G---354
36_cpx.CM.00.00CMNYU830 ---A---A---T---GG---C---A---C---TG---G---T---A---A---G---TTA---GT---C---C---C---GA---G---354
37_cpx.CM.00.00CMNYU926 ---A---A---T---GG---C---A---C---TG---G---T---AT---TA---T---G---A---C---GA---G---348
42_BFLU.03.luBF_05_03 ---A---A---T---GG---C---A---A---TG---G---R---G---678
N.CM.02.DJO0131 ---G---GC---C---CG---CC---GTT---T---C---AGT---AC---C---G---C---CA---T---AC---A---G---G---A---A---G---ATAA---G---G---GG---CGG---CA---GT---C---AGC---AAAAA---618
N.CM.04.04CM_1015_04 ---G---GC---C---Y---CA---GTT---T---C---AGT---CA---CC---G---CTCA---T---AC---A---G---G---A---A---G---A---AA---GG---AC---G---CA---GT---AG---AAAAA---611
N.CM.04.04CM_1131_03 ---G---GC---C---C---CT---GTT---T---C---AGT---CA---CC---G---CTTA---T---AC---A---G---G---A---A---G---A---AA---GG---AC---G---CA---GC---T---AG---AAAAA---610
N.CM.95.YBF30 ---G---GC---C---G---TC---GTT---T---C---AGT---C---C---CA---AC---G---A---A---G---A---A---GG---AC---G---C---CAAG---CCG---GC---AA---AACCCAGA---703
N.CM.97.YBF106 ---G---GC---C---T---G---W---C---CC---G---GTT---T---C---AGT---AC---CC---G---C---CA---T---AC---A---G---G---A---A---G---AA---GG---AC---G---C---CAAGTCCG---GC---AAGAACCAGA---704
O.BE.87.ANT70 ---GAGC---GCAG---C---C---GG---CG---A---T---GTG---GG---T---CA---C---ATATA---A---TGG---T---GC---C---G---AA---C---A---T---A---TAATGGGG---GC---GGAAGCTCTGG---AC---C---AAGGA---1197
O.CM.91.MVP5180 ---G---C---G---A---TC---C---GG---CG---A---GTA---GG---C---T---CA---C---AT---T---C---CCG---T---AC---C---G---AA---C---A---T---A---TAATGGGA---CC---GGAAGCTCTGC---AG---C---AAGGA---1172
O.CM.96.96CMABB637 ---M---RT---G---AG---C---C---GG---C---A---GGTA---GG---C---T---A---C---AT---TA---AG---TG---T---GC---C---G---AA---C---G---AT---A---A---TAATGGGA---C---AG---A---GT---T---A---ACCCG---617
O.CM.98.98CMA104 ---AGC---GCAG---C---C---GG---C---A---GTG---GG---T---CA---C---AT---TA---AG---TG---G---T---GC---C---G---AA---C---A---C---AGA---AA---GGGGCC---AG---A---GT---T---A---G---GCCG---622
O.CM.99.99CMU4122 ---GAGC---GCAG---C---C---GG---C---A---T---GTG---GG---T---YA---C---ATATAGA---TG---T---AC---C---G---AA---A---A---AT---GAG---TAATGGGR---GC---AR---A---T---T---AG---GATGC---621
O.SN.99.SEMPI299 ---AGC---GCAG---C---C---GG---C---TA---GTG---GG---T---CA---C---A---TA---AG---TG---T---GC---C---G---AA---C---G---AC---A---TAATGGGG---GC---GGAAGCTCTGC---GTCA---ARG---1197
O.US.99.99USTWLA ---CAGC---GCAG---C---C---GG---CG---A---T---GTA---TAGG---T---CA---A---ATATAGAG---T---AC---C---G---AA---C---A---AT---AR---TAATRRGG---CC---AR---A---GT---I---G---ACCAATA---613
O.FR.92.VAU ---AGC---GTAG---C---C---GG---CG---TA---GTG---GG---T---A---C---ATATA---AG---TG---T---AC---C---G---AG---AGA---AT---A---G---AATG---G---G---AAG---CTGTGAGTGA---AAG---703
CPZ.CD.90.ANT ---CCT---A---A---T---T---G---T---C---CA---TTGTGTT---G---GG---C---A---A---G---GA---A---AG---AC---CG---TA---A---CAG---GA---AATG---A---AGT---TGC---G---ACACAAGCAG---C---G---AGTAGCCA---A---C---AAGCAG---521
CPZ.CM.01.SIVcpzCAMA13 ---GG---GC---T---T---C---TC---GTG---A---GG---T---CAGT---AC---C---G---G---AC---A---A---AC---C---TA---A---C---C---TGGAG---CAAGTA---GA---T---AGA---CAC---A---AACAA---GAAG---719
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505 ---GG---GC---C---TC---T---C---CC---G---GTT---T---C---T---A---T---AC---A---G---C---GA---T---AC---A---AT---AGA---G---A---AATG---AGC---G---AC---A---CTG---C---A---CAAGCAGC---690
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7 ---A---C---A---T---T---C---CA---TGGT---T---GG---C---G---A---C---C---T---C---AC---ACA---C---TTAG---C---G---C---C---G---A---A---T---AGCCG---697
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66 ---G---GC---C---T---G---T---C---CA---T---GT---T---GG---C---G---A---A---C---CCAG---T---A---A---G---TC---C---A---TAATGGGG---GC---GGA---C---G---A---GT---GCT---TA---C---GC---697
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145 ---G---GC---C---T---T---C---TT---G---GT---T---GG---C---A---G---A---AG---GG---AC---AC---G---C---G---AG---GA---A---CT---CCGTG---CC---G---AAG---CTGTGAGTGA---AAG---688
CPZ.GA.88.GAB1 ---G---GC---G---C---G---T---C---TC---G---GTA---G---GG---CA---A---AGTGAC---CACTG---G---AC---A---C---AC---C---A---CGG---C---T---TGGAG---CAACAG---GC---CT---A---AGTA---CT---G---AGCCGTGA---1194
CPZ.TZ.01.TANI ---CC---A---C---TT---T---G---T---C---CA---CTGTGTA---C---C---A---CGC---G---AGA---AGAG---CC---T---GG---A---AG---CA---A---TTG---GA---AATGAAACTAAGCTGTA---GAAAATAACTCCACAGCG---CATCT---GTGG---CA---AGA---GAAT---G---GAAAA---738
CPZ.US.85.CPZUS ---GG---GC---GC---C---T---C---CT---GGT---T---GG---C---CAGT---G---GACAG---GG---G---T---GC---C---G---C---TG---AC---GA---A---GGTA---T---G---TTGC---C---CAGG---AG---AA---A---CAACAGCA---1193

Table with columns for sample ID (e.g., B.FR.83.HXB2), Gag sequence, Gag p17 Matrix end, Gag p24 Capsid start, and a numerical column (likely position or count). The table lists numerous HIV-1/SIVcpz sequences with their corresponding amino acid translations for the Gag p17 Matrix end and Gag p24 Capsid start regions.

B.FR.83.HXB2
Gag
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.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_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.SIVcpzNB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

Table with columns for sequence alignment and accession numbers. Header: GAG p17 Matrix end Gag p24 Capsid start. Rows: B.FR.83.HXB2, 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.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_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.SIVcpzNB66, CPZ.CM.05.SIVcpzMT145, CPZ.GA.88.GAB1, CPZ.TZ.01.TANI, CPZ.US.85.CPZUS.

B.FR.83.HXB2
 Gag
 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.87.87MB025
 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.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.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.89.89SM_145
 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.04.04KRBH8
 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.03.03GH175G
 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

CTTTCCAGCCGAGAAGTGATACCCATGTTTTGACGATTATCAGAAGGAGCCACCCCAAGATTTAAACACCATGCTAAACACAGTGGGGGGGACATCAAGCAGCCATGCAAAATGTTAAAGAGACCATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGATAGAGTGTCATCCAGTGCAT
 A F S P E V I P M F S A L S E G A T P Q D L N T M L N T V G G H Q A A M Q M L K E T I N E E A E A E W D R V H P V H
-A.....-G.....-T-G.....-C-G.....-T.....-G.....-T-G.....-GT-A.....CA-G 636
 G--T--A.....C.....-T-TG.....-T-TG.....-C-G.....-T.....G-T.....C-GACA.....CA-G 637
-A.....-T.....-T-TG.....-T-TG.....-C-G.....-T.....G.....-C-GA.....A-- 648
-A.....C.....C.....-T-TG.....-T-TG.....-C-G.....-T.....T.....-C-T-A-C.....CA-G 651
-A.....CA.....G.....-Y-TG.....-Y-G.....-C-G.....-T.....G.....-GT-A.....C-CA-G 750
-A.....C.....C.....-T-TG.....-G-TGT.....-C-G.....-T.....G.....-GT-A.....ACA-G 959
 G.....-A.....C.....GGGT-C.....T-TG.....-G-T.....-C-G.....-T.....G.....-GT-A.....A-- 654
-C.....A.....T.....-T-TG.....-T-TG.....-C-G.....-T.....G.....-GT-A.....A-- 651
-A.....C.....-T-TG.....-G-T.....-C-G.....-T.....G.....-GT-A.....A-- 842
-A.....C.....G.....-T-TG.....-G-T.....-C-G.....-T.....G.....-GT-A.....A-- 651
-A.....C.....G.....-T-TG.....-G-T.....-C-G.....-T.....G.....-GT-A.....CA-G 651
 G.....-A.....-G.....-G.....-T-TG.....-G-T.....-C-G.....-T.....G.....-GT-A.....A-- 651
-A.....-G.....-G.....-T-TG.....-G-T.....-C-G.....-T.....G.....-GT-A.....CA-G 651
-A.....-A.....-A.....-C.....T.....T.....-T.....-T.....-C-GT-A.....A--G 811
-A.....-A.....-A.....-C.....T.....T.....-T.....-T.....-C-G-A.....A-- 803
-A.....-A.....-A.....-T.....-A.....-A.....-A.....-T.....-A.....A-- 653
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-A.....A-- 1451
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-C.....T.....-C.....CA-G 663
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 856
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 726
 T-AT.....A.....A.....G.....G.....G.....A.....A.....-A.....C.....G 1445
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 651
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1448
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1451
 T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 651
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1248
 C.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1450
 C.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1471
 C.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 981
 C.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 937
 T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 657
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 651
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1458
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 666
-G.....-C.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 645
-G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 901
-G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 814
 T.....-G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 648
-G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 645
 G-T-A.....G-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 642
-G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 642
 T.....-G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 845
-G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 642
 T.....-G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 815
 G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 645
 G-C-T.....G-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 642
 G-T-AT.....G-A.....-A.....-C.....-G.....-T.....-T.....-T.....-T.....-CA-G 642
-G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 633
 T.....-G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 642
 GC-T-A.....T-G-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 875
-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 868
 C-T-T.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1442
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 992
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 639
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 651
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1405
 C-A.....G-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 664
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 641
-AT.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 651
 T-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 648
 C-T-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 651
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 792
 T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 743
 T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 789
 T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 894
 T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 732
 T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 781
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 639
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 658
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 639
 C-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1410
 C-T-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 651
 C-T-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1059
 C-T-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 893
 C-T-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 896
 C-T-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1486
 C-T-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 848
 C-T-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 641
 C-T-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 1394
 C-T-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 849
 T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 838
 T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 773
 T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 793
 G-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 641
 C.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 769
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 770
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 645
-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-T.....-T.....-CA-G 645

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.02.02OUR7691
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.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.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 48 columns representing amino acid positions (A, F, S, P, E, V, I, P, M, F, S, A, L, S, E, G, A, T, P, Q, D, L, N, T, M, 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 rows for each HIV-1/SIVcpz Complete Genomes entry. The table shows the amino acid sequence for each entry, with dashes indicating gaps or missing data.

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.96.96CMAAB637
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

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, N, N, P, P, I, P, V, G, E, I, Y, K, R, W, I, L, L, G, L, N, K) and corresponding nucleotide sequences for various HIV-1/SIVcpz strains.

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	AAATAGTAAGAATGTATAGCCCTACCAGCATTCTGGACATAAGACAAGGACCAAGAAACCCCTTATAGACATATGTAGACCGGTTCTATAAACTCTAAGACCGGACGAAGCTTACAGGAGGTAAAAATTTGGATGACAGAAACCTGTTGGTCCAAAATGCGAACCCAG	1774
Gag	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	
A1.GE.99.99GEMZ011T-T.....T-A.....G-A.....C.....TA.....T.....T-A.....A.....A.....G-C.....C-C.....A-T.....964	
A1.KE.00.KER2008GTT.....T-A.....G-A.....C.....TA.....T.....GT.....C.....A.....A.....GGG.....G-C.....T.....A-T.....979	
A1.KE.00.KH1144GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....C.....T.....A.....A.....GGG.....C-C.....A-T.....985	
A1.KE.00.KSM4024GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....C.....T.....A.....A.....GGG.....C-A.....AC.....A-T.....976	
A1.KE.00.MSA4069GTT.....CT-T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....GGT.....C.....T.....G-A.....GGG.....C-A.....AC.....A-T.....979	
A1.KE.00.NKU3005GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....G.....C.....T.....G-A.....GGG.....A-AC.....A-T.....979	
A1.RU.00.RU00051GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....C.....T.....G-A.....GGG.....C-C.....T.....A-T.....1078	
A1.RU.03.03RU_20_06_13GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....C.....T.....G-A.....GGG.....C-C.....A-T.....979	
A1.RW.93.93RW_024GTT.....T-A.....G-A.....C.....G-T.....TA.....T.....A.....C.....T.....A.....GGG.....A-AC.....A-T.....982	
A1.SE.95.SE8891GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....C.....T.....A.....A.....GGG.....C.....A-T.....979	
A1.SE.95.UGSE8131GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....G.....C.....T.....A.....A.....GGG.....T-A.....AC.....A-T.....1170	
A1.TZ.01.A173GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....GG.....C.....T.....A.....A.....GGG.....C.....A-T.....979	
A1.UA.01.01UADN139GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....T.....T.....A.....T.....GGG.....C.....A-T.....979	
A1.UG.92.92UG037GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....C.....T.....G-A.....GGG.....C.....A-T.....1793	
A1.UG.99.99UGA07072GTT.....CT-TG-A.....G-A.....C.....A.....TA.....T.....T.....C.....T.....A.....GGG.....C.....A-T.....979	
A1.UZ.02.02UZ0659GTT.....T-A.....G-A.....C.....A.....TA.....T.....T.....T.....A.....A.....GGG.....C-C.....A-T.....979	
A2.CD.97.97CDKS10GTT.....T-A.....G-A.....C.....TA.....T.....C.....T.....CA.....C.....C.....A.....1139	
A2.CD.97.97CDKTB48GTT.....T-A.....G-A.....T.....G.....TA.....T.....C.....T.....CA.....C.....C.....A.....1131	
A2.CY.94.94CY017_41GTT.....T-A.....G-A.....T.....G.....TA.....T.....C.....T.....CA.....C.....C.....A.....1131	
B.AR.04.04AR151516GTT.....T-A.....G-A.....T.....G.....TA.....T.....C.....T.....CA.....C.....C.....A.....981	
B.AU.87.MBC925GTT.....T-A.....G-A.....T.....G.....TA.....T.....C.....T.....CA.....C.....C.....A.....1779	
B.BO.99.BOL0122GTT.....T-A.....G-A.....G-T.....A.....T.....G.....T.....A.....C.....T.....A.....T.....991	
B.BR.03.BREPM2012GTT.....T-A.....G-A.....G.....T.....A.....T.....G.....T.....A.....C.....T.....A.....T.....1184	
B.CA.97.CANB3FULLGTT.....T-A.....G-A.....T.....A.....T.....G.....T.....A.....C.....T.....A.....T.....1054	
B.CN.05.05CNHB_hp3GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1773	
B.CO.01.PCM001GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....979	
B.GB.83.CAM1GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1776	
B.GB.86.GB8GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1779	
B.GE.03.03GEMZ010GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....979	
B.IT.05.SG1GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1576	
B.JP.05.DR6538GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1778	
B.KR.05.05KRS3GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1799	
B.NL.00.671_00T36GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1309	
B.RU.04.04RU128005GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1265	
B.TH.00.00TH_C3198GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....985	
B.UA.01.01UAKV167GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....979	
B.US.04.ES10_53GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1786	
B.US.99.PRB9503GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....994	
C.AR.01.ARG4006GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....973	
C.BR.04.04BR013GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1229	
C.BW.00.00BW07621GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1142	
C.CN.98.YNRL9840GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....976	
C.ET.02.02ET_288GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....973	
C.GE.03.03GEMZ033GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....970	
C.HI.99.99ETGTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....970	
C.IN.99.01INS565_10GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1173	
C.KE.00.KER2010GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....970	
C.MM.99.mIDU101_3GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1143	
C.MW.93.93MW_965GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....973	
C.SN.90.90SE_364GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....970	
C.SO.89.89SL_145GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....970	
C.TZ.02.CO178GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....970	
C.UY.01.TRA3011GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....961	
C.YE.02.02YE511GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....970	
C.ZA.04.04ZASK164B1GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1203	
C.ZA.05.05ZAPSK240B1GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1196	
C.ZM.02.02ZM108GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1770	
D.CD.83.ELIGTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1320	
D.CM.01.01CM_0009BBYGTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....967	
D.KE.01.NKU3006GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....979	
D.KR.04.04KBH8GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1733	
D.TD.99.MN011GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....992	
D.TZ.01.A280GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....969	
D.UG.99.99UGK09259GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....979	
D.YE.01.01YE386GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....976	
D.YE.02.02YE516GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....979	
D.ZA.90.R1GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1120	
F1.AR.02.ARE933GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1071	
F1.BE.93.VI850GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1117	
F1.BR.01.01BR125GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1222	
F1.ES.x.P1146GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1060	
F1.FI.93.FIN9363GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1109	
F2.CM.02.02CM_0016BBYGTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....967	
F2.CM.95.MP257GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....986	
F2.CM.97.CM53657GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....967	
G.BE.96.DRCBLGTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1738	
G.CM.01.01CM_4049HANGTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1387	
G.CLU.x.Cu74GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1221	
G.ES.00.X558GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1224	
G.ES.99.X138GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1814	
G.GH.03.03GH175GGTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1176	
G.KE.93.HH18793_12_1GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....979	
G.NG.01.01NGPL0669GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1722	
G.PT.x.PT2695GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1177	
G.SE.93.SE6165GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1166	
H.BE.93.V1991GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1101	
H.BE.93.V1997GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1121	
H.CF.90.056GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....978	
J.CD.97.J_97DC_KTB147GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1097	
J.SE.93.SE7887GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....1098	
J.SE.94.SE7022GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....973	
K.CD.97.EQTB11CGTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....973	
K.CM.96.MP535GTT.....T-A.....G-A.....C.....T.....TA.....T.....A.....G.....A.....A.....T.....T.....973	

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.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96CMA104
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMU4122
O.SN.99.99SMP1299
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

Table with columns for amino acid positions and sequences. Headers include Gag p24 Capsid end, Gag p2 start, Gag p2 end, Gag p7 nucleocapsid start, and Gag-Pol fusion TF protein start. The table contains multiple rows of sequence alignments for various HIV strains.

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	GGCAATTTTAGG...AACCAAAGAAAGATTGTTAAGTGTTC	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	
A1.GE.99.99GEMZ011	A-T...GG-C-GA-A-C	1268
A1.KE.00.KER2008	A-T...GG-G-A-GA-A-C	1283
A1.KE.00.KHI144	C-A...GG-G-A-GA-A-C	1289
A1.KE.00.KSM4024	GG-G-A-G-A-TCT	1280
A1.KE.00.MSA4069	GG-G-G-A-A-C	1283
A1.KE.00.NKU3005	GG-G-A-G-A-A-C	1283
A1.RU.00.RU00051	GGCC-CG-A-GA-A-Y	1385
A1.RU.03.03R20_06_13	GG-C-A-GA-A-C	1381
A1.RW.93.93RW_024	A-T-G...GG-G-A-GA-A-C	1286
A1.SE.95.SE8891	A...GG-G-A-GA-A-C	1283
A1.SE.95.UGSE8131	GG-G-A-A-A-T-A	1474
A1.TZ.01.A173	T...GG-G-A-GA-A-C	1283
A1.UA.01.01UADN139	A-T...GG-C-A-GA-A-C	1283
A1.UG.92.92UG037	GG-G-A-G-A-A-C	2097
A1.UG.99.99UGA07072	C...GG-G-A-GA-A-C	1283
A1.UZ.02.02UZ0659	A-T...GG-C-A-GA-A-C	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	1291
B.AU.87.MBC925	T...C-A	1089
B.BO.99.BOL0122	A-T-TAC-A-C-A	1301
B.BR.03.BREPM2012	CC...C	1497
B.CA.97.CANB3FULL	CC...C	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	N...N	1886
B.IP.05.DR6538	A...A	2088
B.KR.05.05KSR3	CA-A...GG-G-A-GA-A-C	1619
B.NL.00.671_00T36	CA-A...GG-G-A-GA-A-C	1619
B.RU.04.04RU128005	A...Y-G-A-G-G	1575
B.TH.00.00TH_C3198	T...C-C	1298
B.UA.01.01UA017	A...C	1289
B.US.04.ES10_53	A...C	2093
B.US.99.FRB9503	T...T	1304
C.AR.01.ARG4006	AA...GG-CT-A-GA-C-A	1280
C.BR.04.04BR013	AA...GG-CT-A-GACC-A-A	1536
C.BW.00.00BW07621	AA...AA...GG-CT-A-GA-A-A	1449
C.CN.98.YNRL9840	A-T...AA...GG-CT-A-GA-A-A	1280
C.ET.02.02ET_288	A...AA...GG-CT-A-GA-C-A	1280
C.GE.03.03GEMZ033	C-AA...G-CT-A-GA-A-C	1277
C.HI.99.99ET7	AAT...AA...GGT-CT-AG-GA-A-C	1277
C.IN.99.01IN565_10	A...AA...GG-CT-A-GA-A-A	1477
C.KE.00.KER2010	A...AA...G-CT-A-GA-A-C	1277
C.MM.99.mIDU101_3	A...AA...GG-CT-A-GA-C-A	1447
C.MW.93.93MW_965	A...AA...GG-CT-A-GA-CA-A	1280
C.SN.90.90SE_364	AA...AA...GG-CT-A-GA-A-A	1277
C.SO.89.89SCL145	A...AA...GG-CT-A-GA-A-A	1283
C.TZ.02.C0178	A...AA...GGA-CT-A-GA-C-A	1277
C.UY.01.TRA3011	A...AA...GG-CT-A-GA-C-A	1268
C.YE.02.02YE511	AA...AA...GG-CT-AG-GA-A-A	1277
C.ZA.04.04ZASK164B1	A...C-AA...GG-CT-A-GA-A-A	1510
C.ZA.05.05ZASP240B1	A...AA...GG-CT-A-GA-A-A	1510
C.ZM.02.02ZM108	AA...AA...GG-G-GA-A-A	2080
D.CD.83.ELI	A...GG-C-A-A-A	1633
D.CM.01.01CM_0009BBY	GG-A...GG-C-G-GA-C	1280
D.KE.01.NKU3006	GG-A...GG-AC-G-A-CA	1292
D.KR.04.04KBH8	A...GG-C-A-A-A	2046
D.TD.99.MN011	T...A...GG-C-AG-GA-A	1305
D.TZ.01.A280	A...GG-C-G-A-CA	1282
D.UG.99.99UGK09259	A...GGT-G-GA-CA	1292
D.YE.01.01YE386	A...GG-C-G-A-CCA	1286
D.YE.02.02YE516	A...GG-C-G-A-A	1292
D.ZA.90.R1	A...GG-C-A-A-A	1433
F1.AR.02.ARE933	A...GG-G-A-G-A-A	1378
F1.BE.93.VI850	A-T...GG-GAG-A-A	1421
F1.BR.01.01BR125	A-T-C-A...GG-G-A-GA-A	1529
F1.ES.x.P1146	A-T-C-A...GG-G-A-GA-A	1367
F1.FI.93.FIN9363	A-T...GG-GA-A-A	1413
F2.CM.02.02CM_0016BBY	A-C-A...GG-A-GA-C	1274
F2.CM.95.MP257	A-C-A...GG-GA-A	1293
F2.CM.97.CM53657	A-C-A...GG-GA-A	1274
G.BE.96.DRCBL	A...C-A...GG-C-G-CAA	2051
G.CM.01.01CM_4049HAN	A...GG-C-G-A-C-A	1789
G.CU.x.Cu74	A...GG-C-G-A-A-A	1700
G.ES.00.X558	A...GGT-C-GA-CGA	1528
G.ES.99.X138	A...GGT-C-GA-CGA	1531
G.GH.03.03GHI75G	A...GG-C-A-GA-A-A	2124
G.KE.93.HH18793_12_1	A...C-A...GG-CG-A-GA-A-C	1489
G.NG.01.01NGPL0669	A...GG-G-G-A-A-C	1292
G.PT.x.PT2695	A...C-A...GGT-C-A-GA-GA	2029
G.SE.93.SE6165	A...A...GG-C-GA-C-A-C	1490
H.BE.93.V1991	C...A...GG-C-GA-C	1479
H.BE.93.V1997	A...C-A...GG-C-A	1414
H.CF.90.056	C...A...GG-AT	1434
J.CD.97.J_97DC_KTB147	T-C...GG-G-AG-GA-G	1285
J.SE.93.SE7887	T-C...G-T-A-GA	1404
J.SE.94.SE7022	T-C...G-T-T-A-GA	1405
K.CD.97.EQTB11C	C...A...GGT-GA-A	1280
K.CM.96.MP535	C...A...GG-T-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.SEMPI299
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 20 columns representing amino acid positions (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) and 20 rows representing different HIV-1/SIVcpz sequences. Each cell contains a single-letter amino acid code or a dash indicating a gap.

	Gag p7 start	Gag p1 end	Gag p6 start			
B.FR.83.HXB2	TTTTTTAGGGAAGACTGCCCTTCTACAA	.GGGAAGGCCAGGGAATTTCTTCAGAGCAGACCAGCCCAACAGC	CCCACCAGAAGA	.GAGCTTCAGGTCTGGGGT	2189
Gag	F L G K I W P S Y K	G R P G N F L Q S R P E P T A	P P E	S F R S G V	
Pol	F L R E D L A F L Q	G K A R E F S S E Q T R A N S	P T R R	E L Q W G	
01_AE.CF.90.90CF11697	2138
01_AE.CN.05.FJ051	2199
01_AE.CN.06.FJ054	2214
01_AE.HK.x.HK001	1551
01_AE.JP93.93JP.NH1	2197
01_AE.TH.01.01TH.R2184	1388
01_AE.TH.02.02TH.7591	1388
01_AE.TH.90.CM240	1762
01_AE.US.00.00US_MSC1164	1394
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	1379
02_AG.EC.x.ECU41	1285
02_AG.FR.91.DJ264	1538
02_AG.GH.03.GHNJ196	2215
02_AG.NG.01.PI0710	1373
02_AG.NG.x.IBNC9	1714
02_AG.SE.94.SE7812	1561
02_AG.SN.98.MP1211	1386
02_AG.UZ.02.02UZ710	1379
03_AB.RU.97.KAL153_2	1415
04_cpx.CY.94.CY032	1558
05_DF.BE.x.VII310	1571
06_cpx.AU.96.BFP90	2211
06_cpx.RU.05.04RU001	1844
07_BC.CN.97.CN54	1551
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	1378
09_cpx.GH.96.96GH2911	1394
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	1571
11_cpx.GR.x.GR17	1494
12_BF.AR.99.ARMA159	2194
13_cpx.CM.96.1849	1603
14_BG.DE.01.9196_01	1709
14_BG.ES.99.X397	1633
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	1588
16_A2D.KR.97.97KR004	1552
18_cpx.CU.99.CU76	1500
19_cpx.CU.99.CU7	1418
20_BG.CU.03.CB471	1641
21_A2D.KE.91.KNH1254	1400
23_BG.CU.03.CB118	1644
24_BG.CU.03.CB378	1626
25_cpx.CM.01.101BA	1400
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	1403
28_BF.BR.99.BREPM12609	1555
29_BF.BR.02.BREPM119	1363
31_BC.BR.02.110PA	1632
33_01B.MY.05.05MYK1007_1	1568
34_01B.TH.99.OUR2478P	1391
35_AD.AF.05.05AF095	1385
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	1394
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	1385
42_BFLU.03.luBF_05_03	1727
N.CM.02.DJO0131	1695
N.CM.04.04CM_1015_04	1694
N.CM.04.04CM_1131_03	1693
N.CM.95.YBF30	1783
N.CM.97.YBF106	1781
O.BE.87.ANT70	2232
O.CM.91.MVP5180	2207
O.CM.96.96CMAB637	1655
O.CM.98.98CMA104	1663
O.CM.99.99CMU4122	1662
O.SN.99.SEMP1299	2231
O.US.99.99USTWLA	1660
O.FR.92.VAU	1740
CPZ.CD.90.ANT	1640
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	1775
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	1764
CPZ.CM.05.SIVcpzL37	1642
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	1738
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	1734
CPZ.GA.88.GAB1	2259
CPZ.TZ.01.TANI	1827
CPZ.US.85.CPZUS	2255

	Gag-Pol TF end_Pol protease start																				Gag end Gag p6 end																												
B.FR.83.HXB2	.AGAGACAACTCCCCCTCA...GAAGCAGGAGCCGATAGACAAGGAAT...GATGCTTTAACTTCCTCAGGTCACTTTGGCAACGACCCTCTCA																				GATGCTTTAACTTCCTCAGGTCACTTTGGCAACGACCCTCTCA												1521																
Gag	R	D	N	S	P	S	E	A	G	A	D	R	Q	T	---	V	S	F	N	F	P	Q	V	T	L	W	Q	R	P	L	V	T	I	K	I	G	G	Q	L	K	E	A	L	L	D	T	G	A	---
A1.GE.99.99GEMZ011	---																				TCC---C-GT---AA---G-GA-A-A-G-A---												1521																
A1.KE.00.KER2008	---																				CCCA-C-TG---AA---G-AG-A-AG-GA-G-A---												1536																
A1.KE.00.KNHI144	---																				TCCA-C-TC---AA---G-A-C-A-G-GA---												1542																
A1.KE.00.KSM4024	---																				TACA-C-GT---AA---G-GA-A-A-G-A---												1533																
A1.KE.00.MSA4069	---																				GCA-C-GA-C-AA---G-GA-A-A-G-A---C---C---G---												1536																
A1.KE.00.NKU3005	---																				CCCA-C-GT---AA---G-GA-A-A-G-A---												1536																
A1.RU.00.RU00051	---																				TCC-C-T---AA---G-RA-A-A-G-A---T---												1638																
A1.RU.03.03RU20_06_13	---																				TCC-C-T---AA---G-RA-A-A-G-A---												814																
A1.RW.93.93RW_024	---																				CCCA-C-GT---AA---G-A-A-A-G-A---												1539																
A1.SE.95.SE889T	---																				CGAA-C-G-A-AAAGACAGGG-TCGGA.---GGCACCA-C-T---AA---T---G-GA---AATG-A-A---												1539																
A1.SE.95.UGSE8131	---																				CGAA-C-G-C-A-ACA---CCACC---C-GT---AA---TA---G-GA---A-G-A---												1709																
A1.TZ.01.A173	---																				CGAAC-C-G-AA-GACAGGG-AC-GGA.---CCCA-C-GT---AA---G-GA---A-G-A---C---												1536																
A1.UA.01.01UADN139	---																				CGAAC-C-G-AA-GACAGGG-AC-G-A.---CC---C-T---AA---G-GA---A-G-A---												1536																
A1.UG.92.92UG037	---																				CGAA-C-G-C-AACGACAGGG-CC-GAA.---CCCA-C-GT---AA---G-GA---A-G-A---												2353																
A1.UG.99.99UGA07072	---																				CGAA-C-G-C-AAAGACAGGG-AC-GG.---CCCA-C-GT---AA---G-GA---A-GT---A---T---G---												1536																
A1.UZ.02.02UZ0659	---																				GAAAC-G-AC-AAAGACAGGG-AC-A.---TCC---C-T---AA---G-GA---A-G-A---												1536																
A2.CD.97.97CDK510	---																				AAC-GC-GCC-TCCAC---C-GC-T---AA---G-A---AA-A-G-GA---T---												1675																
A2.CD.97.97CDK1B48	---																				A-T-GAGAC-G-C---ATACA---GC-T---AA---T-T---G-A---A-A-G-A---												1694																
A2.CY.94.94CY017_41	---																				GAA-A---G-C---AA---T-A-AC---A-A-A-A---C---C---C---												1559																
B.AU.04.04AU151516	---																				GATATCC---GGA---AA---A-A-A-AG---												2342																
B.AU.87.MBC925	---																				G---G---AA---AA---A-G-G---A-A-A---C---C---												2342																
B.BO.99.BOL0122	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1557																
B.BR.03.BREP2012	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1762																
B.CA.97.CANB3FULL	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1626																
B.CN.05.05CNW_hp3	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2336																
B.CO.01.PCM001	---																				GTG---A---T---A---A-C---AA---A---C---A-G---G---												1542																
B.GB.83.CAM1	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2339																
B.GB.86.GB8	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2357																
B.GE.03.03GEMZ010	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1542																
B.IT.05.SG1	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2336																
B.IT.05.DR6538	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2139																
B.KR.05.05CSR3	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2141																
B.NL.00.671_00T36	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												A 2362																
B.RU.04.04RU128005	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												A 1902																
B.RU.04.04RU128005	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1828																
B.TH.00.00TH_C3198	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1551																
B.UA.01.01UAKV167	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1563																
B.US.04.ES10_53	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2346																
B.US.99.PRB959_03	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1557																
C.AR.01.ARG4006	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1521																
C.BR.04.04BR013	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1801																
C.BW.00.00BW07621	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1690																
C.CN.98.YNRL9840	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1521																
C.ET.02.02ET_288	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1539																
C.GE.03.03GEMZ033	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1538																
C.IL.99.99E17	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1518																
C.IN.99.01IN565_10	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1718																
C.KE.00.KER2010	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1518																
C.MM.99.mIDU101_3	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1688																
C.MW.93.93MW_965	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1544																
C.SN.90.90SE_364	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												306																
C.SO.89.89SM_145	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1558																
C.TZ.02.CO178	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1518																
C.UY.01.TRA3011	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1509																
C.YE.02.02YE511	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1512																
C.ZA.04.04ZAKV64B1	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1741																
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1741																
C.ZM.02.02ZM108	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2306																
D.CD.83.ELJ	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1883																
D.CM.01.01CM_0009BBY	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1536																
D.KE.01.NKU3006	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1542																
D.KR.04.04KBH8	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2296																
D.TD.99.MNO11	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1561																
D.TZ.01.A280	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1538																
D.UG.99.99UGK09259	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1542																
D.YE.01.01YE386	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1536																
D.YE.02.02YE516	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1548																
D.ZA.90.R1	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1683																
F1.AR.02.ARE933	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1631																
F1.BE.93.VI850	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1674																
F1.BR.01.01BR125	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												782																
F1.ES.x.P1146	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1614																
F1.FI.93.FIN9363	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1666																
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1527																
F3.CM.95.MP257	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1546																
F5.CM.97.CM53657	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1547																
G.BE.96.DRCB1	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2301																
G.CM.01.01CM_4049HAN	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1539																
G.CU.x.Cu74	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1941																
G.ES.00.X558	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1775																
G.ES.99.X138	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1778																
G.GH.03.03GH175G	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2377																
G.KE.93.HI83_12_1	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1538																
G.NG.01.01NGPL0669	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1542																
G.PT.x.PT2695	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												2279																
G.SE.93.SE6165	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1734																
H.BE.93.V1991	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1726																
H.BE.93.V1997	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1661																
H.CE.90.056	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1684																
J.CD.97.07DC_KTB147	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1532																
J.SE.94.SE787	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1641																
J.SE.94.SE7022	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1652																
K.CD.97.EQTB11C	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1533																
K.CM.96.MP535	---																				G---G---AA---AA---A-A-AG---												1533																

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.7591
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.99.99CMA1422
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

.AGAGACAACTCCCTCA...GAAGCAGGAGCCGATAGACAAGGA...GTATCTTTAACTCCCTCAGGTCACTTTGGCAACGCCCTCGTCAACAATAAGATAGGGGGCACTAAAGGAACTCTATTAGATACAGGAGCAG 2337
E T T T P P Q K Q E P A D R Q E L V P L T S L R S L F G N D P S S Q * K I G G Q L K E A L L D T G A
R D N N S P S T E A G A D R Q G T V S F N F P Q V T L L W Q R P L V T I T K I G G Q L K E A L L D T G A
---T---CT---TTC---C---A---A---A---A---CCCT---C---GT---AA---T---T---G---A---AA---A---G---G---A---2826
---T---CT---T---AAT---A---A---A---A---TCCTCC---C---GT---AA---T---G---A---AA---A---G---G---A---2347
01_AE.CN.06.FJ054 ---T---CT---T---A---A---A---A---G---T---A---TCGTCCA---GT---AA---T---G---A---AA---A---G---G---A---2362
01_AE.HK.x.HK001 .G---T---CT---TTA---T---A---A---AG---A---A---CCCT---C---C---TC---AA---T---G---A---AA---A---G---G---A---1699
01_AE.JP.93.93JP.NH1 ---T---CT---TTA---C---A---A---A---A---ATC---GT---AA---T---G---A---AA---A---G---G---A---2339
01_AE.TH.01.01TH.R2184 ---T---CT---T---A---A---A---A---A---CCCTCC---GT---AA---T---G---A---AA---A---G---G---A---1536
01_AE.TH.02.01TH.7591 ---T---CT---T---A---A---A---A---A---GCCTC---GT---AA---T---G---A---AA---A---G---G---A---1536
01_AE.TH.90.CM240 A---T---CT---TTA---C---A---A---A---A---TCCTCC---GT---AA---T---G---A---AA---A---G---G---A---1911
01_AE.US.00.00US_MSC1164 ---T---CT---TTA---T---A---A---A---A---TCCTCC---C---C---GT---AA---T---G---A---AA---A---G---G---A---1542
02_AG.CM.02.02CM_4082STN ---T---CT---T---T---A---A---CAG---ACC---AGGGA---AAAGGACTATATCC---C---AA---T---A---G---GA---A---G---TA---G---C---C---1536
02_AG.EC.x.ECU41 .G---T---CT---T---C---T---A---GG---G---G---ATATCC---G---AA---T---A---G---A---A---G---TA---C---C---1433
02_AG.FR.91.DJ264 ---T---CT---T---C---A---GG---C---G---ATATCC---C---G---AA---T---A---G---GA---A---G---TA---C---C---1686
02_AG.GH.03.GHNJ196 ---GT---G---CT---AA---C---C---GGG---G---A---ATATCC---C---AA---T---A---G---GA---T---G---TA---C---C---2363
02_AG.NG.01.PI0710 ---T---CT---T---C---AC---A---GG---GG---GG---ATATCC---GT---AA---T---A---TG---GA---A---A---G---TA---C---1521
02_AG.NG.x.IBN09 ---T---CT---T---C---AC---A---GG---GG---GG---ATATCC---GT---AA---T---A---TG---GA---A---A---G---TA---C---1862
02_AG.SE.94.SE7812 ---T---CT---T---C---AC---A---GGG---G---GG---ATATCC---C---G---AA---T---A---G---A---A---G---TA---C---1709
02_AG.SN.98.MP1211 ---T---CT---T---C---C---A---GGG---G---GG---ATATCC---GT---AA---T---AT---G---GA---A---A---G---TAA---C---A---1534
02_AG.UZ.02.02UZ710 ---T---CT---T---C---C---A---GG---GG---GG---ATATCC---C---G---AA---T---A---G---GA---A---A---G---TA---C---1527
03_AB.RU.97.KAL153_2 ---T---C---T---C---T---A---A---AG---G---A---GCATCC---C---T---AA---G---T---G---GA---A---A---G---A---1563
04_cpx.CY.94.CY032 .G---T---CT---T---T---A---GG---G---G---A---A---G---T---G---G---T---G---AC---A---GA---G---G---T---1703
05_DF.BE.x.VII310 .G---T---G---CT---T---C---A---AG---G---G---GTACCC---C---G---AA---G---G---T---G---A---G---G---1719
06_cpx.AU.96.BFP90 .G---T---G---C---T---C---A---T---AG---G---GGA---AAAGGGGCTA---C---G---C---AA---G---A---G---GA---A---G---TA---C---2365
06_cpx.RU.05.04RU001 ---G---G---C---T---CTC---A---A---G---A---G---A---C---G---AA---G---A---G---GA---AA---G---TA---C---1992
07_BC.CN.97.CN54 ---T---CT---T---C---C---A---1699
08_BC.CN.97.97CNGX_6F .G---T---C---AG---C---R---R---R---AA---GAC---GGG---ACRG---C---C---C---RT---AA---G---T---T---AG---C---GA---A---G---C---C---1517
09_cpx.GH.96.96GH2911 ---M---CT---T---Y---R---R---R---AA---GAC---GGG---ACRG---C---C---C---RT---AA---G---T---T---AG---C---GA---A---G---C---C---1539
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061 .G---T---A---T---T---Y---R---R---R---AA---GAC---GGG---ACRG---C---C---C---RT---AA---G---T---T---AG---C---GA---A---G---C---C---1716
11_cpx.GR.x.GR17 .G---T---C---T---C---C---A---C---AG---G---G---A---1639
12_BF.AR.99.ARMA159 .G---T---CT---T---C---G---A---A---G---G---A---GTACCC---C---G---AA---G---T---AG---A---G---A---G---1742
13_cpx.CM.96.1849 .G---T---G---C---T---C---A---AG---G---CAT---T---C---A---C---G---G---AA---G---A---A---T---G---AA---G---TA---C---G---1780
14_BG.DE.01.9196_01 .G---T---G---C---T---C---A---AG---A---GTC---A---C---C---AA---G---A---G---GA---A---G---TA---C---G---1854
14_BG.ES.99.X397 .G---T---G---C---T---C---A---AG---A---GA---A---C---G---C---AA---G---A---G---GA---A---G---TA---C---G---1778
15_01B.TH.99.99TH_MU2079 ---T---CT---TTA---T---A---A---G---A---TACTCC---GT---AA---T---T---G---A---A---G---G---A---C---1736
16_A2D.KR.97.97KR004 .G---T---C---TTG---T---A---A---G---A---ACACAC---GC---T---AA---T---T---G---A---AA---A---G---GA---1700
18_cpx.CU.99.CU76 .G---T---G---C---T---C---A---T---AG---GG---A---TA---1642
19_cpx.CU.99.CU7 .G---A---T---C---T---C---A---T---A---A---C---G---C---AA---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---1563
20_BG.CU.03.CB471 .G---T---G---C---T---C---A---A---AG---G---C---TC---AA---G---A---G---GA---A---G---TA---C---C---1777
21_A2D.KE.91.KNH1254 ---T---C---T---C---A---G---A---A---GG---ACTGTA---C---AA---T---G---AG---A---G---TA---C---C---1542
23_BG.CU.03.CB118 .G---T---G---C---T---C---A---G---AG---GC---C---TC---AA---G---A---G---GA---A---G---TA---C---C---1780
24_BG.CU.03.CB378 .G---T---G---C---T---C---A---A---AG---G---C---TC---AA---G---A---G---GA---A---G---TA---C---C---1762
25_cpx.CM.01.101BA .G---T---C---T---C---C---A---C---T---A---AG---G---AA---C---G---AA---G---A---T---A---TA---C---C---1545
27_cpx.CD.97.97CDKTB49 .G---GT---G---C---T---C---A---AG---G---G---C---C---AA---T---G---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---A---1545
28_BF.BR.99.BREP12609 .G---T---C---T---C---A---A---AG---G---G---GTACCC---C---G---C---AA---G---A---G---G---A---G---G---1703
29_BF.BR.02.BREP119 .G---T---C---T---C---GAA---AGA---G---G---GTACCC---C---G---AA---T---A---GA---AG---A---G---G---1511
31_BC.BR.02.110PA .G---T---C---T---C---A---AG---G---G---C---C---AA---T---G---A---A---G---G---GA---G---C---C---1771
33_01B.MY.05.05MYK1007_1 ---G---AGT---A---1716
34_01B.TH.99.09MYR2478P ---G---AGT---A---1539
35_AD.AF.05.05AF095 .G---T---G---T---C---GAAAC---G---C---AAAGAC---GGG---TTGTA---A---G---AA---T---A---T---G---GA---GT---TA---C---1530
36_cpx.CM.00.00CMNYU830 ---T---GT---CT---TT---GAA---C---G---ATC---AG---GACA---GGGACT---TA---TCC---C---AA---G---A---T---G---GA---GT---TA---C---1542
37_cpx.CM.00.00CMNYU926 .G---AGT---G---CT---T---TGAA---C---G---GCAA---GA---CTAT---CCCT---C---G---AA---G---A---AAC---G---A---G---TA---CT---C---1527
42_BFLU.03.luBF_05_03 .G---T---C---T---TGAA---C---G---C---AAAGAC---GGGTCCGTA---CCC---C---A---AG---AA---GA---1875
N.CM.02.DJ0131 .GAGC---CAGGGGAAGGA---G---AAC---C---G---CTCT---ATACCCA---C---AA---TG---A---G---A---AAAAG---G---GA---TC---1843
N.CM.04.04CM_1015_04 .G---GA---AGGAG---TG---AGGA---C---AA---C---G---CTCT---GTACCCA---C---AA---TG---A---T---G---A---AAATG---G---GA---T---R---1842
N.CM.04.04CM_1131_03 .G---GA---AGGAG---TG---AGGA---C---AA---C---G---CCTC---GTACCCA---C---AA---TG---A---T---G---A---AAATG---G---GA---T---R---1841
N.CM.95.YBF30 .G---G---AGGAG---TG---AGGA---C---AG---C---G---CCTC---GTACCCA---C---AA---TG---R---G---A---AAA---G---A---GA---T---1931
N.CM.97.YBF106 .G---GA---AGGAG---TG---AGGA---C---AA---C---G---CCTC---GTACCCA---C---AA---TG---R---G---A---AAA---G---A---GA---T---1929
O.BE.87.ANT70 .GAT---GAGGAGGAAGTGAAGGG---AC---G---A---T---A---GA---C---G---A---GGGG---CCCGAACGAGCTC---G---TG---C---AA---C---G---CA---AA---A---T---GC---GAG---T---C---TGT---T---T---GC---G---2392
O.CM.91.MVP5180 ---AT---GAGGAGG---AGTGAAGG---AC---AG---A---T---A---GTC---G---GGGA---TCAGGAAGAGCT---C---A---TG---C---AA---C---G---CA---AA---A---GC---G---T---T---TGT---G---T---C---G---2367
O.CM.96.96CMAAB637 ---AT---GAGGAGGTAGTGAAGGG---C---AG---A---T---A---ATC---G---CC---GGGGGGGACCAGGACGAGCTT---G---TG---C---AA---C---G---CA---AG---A---TGT---GC---G---C---TGT---G---T---C---G---1821
O.CM.98.98CMA104 .GAT---GAGGA---GTAGTGAAGGG---AC---G---A---C---A---GA---C---G---A---GGA---CTCAAACGAACTC---G---TG---C---AA---C---G---CA---AG---A---T---GC---G---C---T---TGT---TCT---GC---G---1823
O.CM.99.99CMA1422 .GAT---GAGGAGGAAGTGAAGGG---AC---AG---AGT---A---GA---C---G---GGGA---CCCGAACGAGCTC---G---TG---C---AA---C---G---CA---AG---A---T---GC---G---G---C---T---TGT---T---C---G---1822
O.SN.99.SEMP1299 .GAT---GGAGGAAATGAAGGG---AC---AG---A---T---A---GA---C---G---GGA---CCAGAACGAACTC---G---TG---C---AA---C---G---CA---AG---A---T---GC---G---T---T---TGT---T---C---G---2391
O.US.99.99USTWLA ---AT---GAGGAGGTAGTGAAGGG---C---RG---RA---T---A---ATC---GGG---GGA---CTCGAACGAACTC---G---TG---C---AA---C---R---G---CA---AA---A---GC---G---T---C---TGT---G---T---C---G---1820
O.FR.92.VAU ---AT---GA---GAG---TGATGAAGGG---C---AG---GATCAGA---TC---A---GGG---GGAGCAGAACGAGCTC---G---TG---C---AA---C---G---CA---AG---A---GC---G---T---C---G---TGT---G---T---C---G---G---1903
CPZ.CD.90.ANT .GAG---TCAGAAAGGG---T---C---GG---GA---GA---CTACTCC---C---CGTA---G---AA---C---A---AA---GA---GGA---G---TCTC---CA---A---AA---TGTC---G---1776
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13 .G---A---G---AC---AAGAGG---AC---G---A---GG---ACAGACTAT---C---C---C---C---AA---A---C---G---GA---A---T---TGT---C---G---C---G---T---1917
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505 .G---G---GAGGAGGAGG---A---G---A---AGAGAG---TCTTGTGA---GTACCC---C---AA---T---G---A---C---T---G---A---AG---A---A---TC---G---1909
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7 .CC---A---CAGAGAGCAGG---AC---AG---CAA---C---G---CA---G---GTACCC---G---TG---C---AA---C---G---CA---AG---A---T---GC---G---A---A---G---A---TC---G---1892
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66 .CC---A---GGAGAAATGAAGGG---GCG---A---AGAGA---CTGTGA---GTACCC---AGC---AA---T---G---T---G---GA---A---A---GT---A---A---G---1883
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145 .G---A---G---AAGT---AAGG---G---GT---AG---GA---GAGAG---CCG---C---AA---A---C---G---A---T---AA---A---T---TT---CT---G---C---G---T---1879
CPZ.GA.88.GAB1 .G---A---G---C---AGGAGA---AG---GAGA---GCAGTCTAT---T---C---GATGACGAT---A---AGCCGGGTTC---AA---A---G---AA---GA---G---AG---CCA---A---G---CTGT---T---T---T---2398
CPZ.TZ.01.TANI .G---T---G---A---AGA---A---C---AGT---GT---CCAA---TGCCCCACACTGGA---GATGACGAT---A---AGCCGGGTTC---AA---A---G---AA---GA---G---AG---CCA---A---G---CTGT---T---T---T---1981
CPZ.US.85.CPZUS ---GTGA---A---AGG---A---A---GAAA---GA---A---GG---CCCT---AGC---AA---G---G---G---AG---CA---GA---GTA---T---C---T---2397

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.ANT170
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.TANI1
CPZ.US.85.CPZUS

Table with columns for sequence alignment and accession numbers. Header row: ATGTACAGTATTAGAAGA... ATGAGTTTCGCCAGAAATGGAAACAAAATGATAGGGGAAATGGAGGTTTATCAAGTAAGACAGTATGATCAGATCTCATAGAAATCTGTGGACATAAAGCTATAGTACAGTATTAGTAGGACCTACACCTGTCAACATA 2504. Rows correspond to the accessions listed on the left, showing nucleotide differences from the reference sequence.

2543
2514
2529
1866
2506
1703
1703
2028
1709
1703
1600
1853
2533
1688
2029
1876
1701
1694
1730
1870
1886
2532
2159
1866
1684
1706
1883
1806
2509
1909
2021
1945
1903
1867
1809
1730
1944
1709
1947
1929
1712
1870
1678
1938
1883
1706
1697
1709
1694
2042
2010
2009
2008
2098
2096
2559
2534
1988
1990
1989
2558
1987
2070
1943
2084
2076
2059
2050
2046
2565
2148
2564

Pol Protease end_Pol p66 and p51 RT start

Table with columns for sequence alignment and position numbers. Header: ATTTGGAAAGAAATCTGTGACTCAGATTGGTTGCACCTTAAATTTCCACATTAGCCCTATTGAGACTGTACCAAGTAAATTAAGCCAGGAATGGATGGCCAAAAGTTAAACAATGGCCATTGACAGAGAAAAATAAAGCATTAGTAGAAATTTGTACA...GA 2668. Rows include sample IDs like A1.GE.99.99GEMZ011, A1.KE.00.KER2008, etc., and their corresponding nucleotide alignments.

Pol Protease end_Pol p66 and p51 RT start

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	ATTGGAAGAAATCTGTGACTCAGATTGGTTCACCTTTAAATTTCCACATTAGCCCTATTGAGACTGTACCCAGTAAAATTAAGCCAGGAATGGATGCCCAAAGTTAAACAATGGCCATTGACAGAGAAAAAATAAAGCATTAGTAGAAATTTGTACA.....GA	2668
Pol	I T G R N L L T O I G C T T A A N F P I S P I E T V P V K L K P G M D G P K V K Q W P L T E E K I K A L V E I C T E	
01_AE.CF.90.CF11697	-----C-----A-----T-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----G-----G-----A-----T-----AC-----A-----	2617
01_AE.CN.05.F1051	-----C-----CA-----T-----C-----A-----C-----T-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2678
01_AE.CN.06.F1054	-----C-----CA-----C-----C-----T-----C-----C-----A-----C-----T-----C-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----	2693
01_AE.HK.x.HK001	-----GC-----A-----C-----C-----T-----C-----C-----A-----C-----T-----C-----C-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----	2630
01_AE.JP.93.93IP_NH1	-----C-----A-----C-----C-----T-----C-----C-----A-----T-----C-----C-----A-----C-----C-----A-----G-----G-----	2670
01_AE.TH.01.01TH_R2184	-----C-----A-----T-----T-----T-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----A-----GG-----G-----G-----	1867
01_AE.TH.02.OUR7691	-----C-----A-----T-----T-----T-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----A-----GG-----G-----G-----	1867
01_AE.TH.90.CM240	-----C-----A-----T-----T-----T-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----	2192
01_AE.US.00.00US_MSC1164	-----C-----A-----T-----T-----T-----C-----A-----A-----T-----C-----C-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----	1873
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1867
02_AG.EC.x.ECU41	-----C-----A-----C-----T-----T-----G-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1764
02_AG.FR.91.DJ264	-----C-----A-----C-----T-----T-----G-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2017
02_AG.GH.03.GHNJ196	-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2697
02_AG.NG.01.PL0710	-----C-----A-----C-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1852
02_AG.NG.x.IBNG	-----C-----A-----C-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2193
02_AG.SE.94.SE7812	-----C-----G-----A-----T-----T-----C-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2040
02_AG.SN.98.MP1211	-----A-----A-----T-----A-----T-----C-----A-----T-----A-----G-----T-----AA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1865
02_AG.UZ.02.02UZ710	-----GC-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----AA-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1858
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----C-----A-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----C-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1894
04_cpx.CY.94.CY032	-----C-----CA-----C-----C-----T-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2034
05_DF.BE.x.VII310	-----T-----C-----C-----C-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2050
06_cpx.AU.96.BFP90	-----C-----CA-----C-----C-----T-----A-----A-----T-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2696
06_cpx.RU.05.04RU001	-----C-----CA-----C-----C-----T-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----GG-----G-----G-----G-----G-----G-----	2323
07_BC.CN.97.CN54	-----C-----A-----C-----C-----T-----A-----C-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2030
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----A-----C-----A-----C-----C-----A-----AC-----A-----C-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----	1848
09_cpx.GH.96.96GH2911	-----C-----G-----CA-----A-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1870
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----G-----T-----C-----C-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2047
11_cpx.GR.x.GR17	-----CA-----C-----C-----C-----T-----A-----T-----G-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1970
12_BF.AR.99.ARMA159	-----C-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2673
13_cpx.CM.96.1849	-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2073
14_BG.DE.01.9196_01	-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2185
14_BG.ES.99.X397	-----G-----A-----A-----T-----T-----A-----T-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2109
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----C-----A-----AC-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2067
16_A2D.KR.97.97KR004	-----A-----A-----GT-----AC-----G-----T-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----	2031
18_cpx.CU.99.CU76	-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1973
19_cpx.CU.99.CU7	-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1894
20_BG.CU.03.CB471	-----C-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2108
21_A2D.KE.91.KNH1254	-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1873
23_BG.CU.03.CB118	-----G-----A-----A-----T-----T-----C-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2111
24_BG.CU.03.CB378	-----C-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2093
25_cpx.CM.01.101BA	-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1876
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	-----G-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1876
28_BFBR.99.BREPM12609	-----CA-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2034
29_BFBR.02.BREPM119	-----G-----A-----C-----C-----T-----T-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1842
31_BC.BR.02.110PA	-----G-----CA-----C-----C-----A-----AC-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2102
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	-----C-----A-----A-----C-----T-----T-----A-----A-----T-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2047
34_01B.TH.99.OUR2478P	-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----C-----A-----T-----A-----T-----A-----GG-----G-----G-----G-----G-----G-----	1870
35_AD.AF.05.05AF095	-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----C-----A-----T-----A-----T-----A-----GG-----G-----G-----G-----G-----G-----	1861
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	G-----GC-----A-----C-----C-----T-----A-----T-----A-----A-----GC-----G-----G-----A-----G-----G-----C-----AC-----G-----	1873
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	-----C-----A-----C-----C-----T-----A-----C-----T-----A-----C-----TC-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	1858
42_BFLU.03.luBF_05_03	-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2206
N.CM.02.DJO0131	-----A-----CT-----T-----A-----A-----C-----T-----C-----CC-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----	2174
N.CM.04.04CM_1015_04	-----A-----CT-----T-----A-----A-----C-----T-----CC-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----	2173
N.CM.04.04CM_1131_03	-----A-----CT-----T-----A-----A-----C-----T-----C-----AT-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----	2172
N.CM.95.YBF30	-----A-----T-----A-----C-----C-----T-----A-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2262
N.CM.97.YBF106	-----A-----CT-----T-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----	2260
O.BE.87.ANT70	-----A-----A-----AGGAT-----A-----T-----AC-----C-----C-----T-----A-----C-----A-----CCC-----A-----G-----C-----A-----A-----	2723
O.CM.91.MVP5180	C-----G-----CA-----A-----AGGAT-----A-----A-----T-----AC-----C-----T-----A-----T-----C-----A-----CCC-----A-----G-----G-----C-----A-----A-----	2698
O.CM.96.96CMA637	-----G-----A-----A-----AGGAC-----C-----AC-----C-----T-----A-----C-----A-----CCC-----A-----G-----C-----A-----A-----T-----A-----G-----	2152
O.CM.98.98CMA104	-----CA-----A-----AGGAT-----A-----AC-----C-----T-----A-----T-----C-----A-----CCC-----A-----G-----G-----C-----A-----A-----	2154
O.CM.99.99CMU4122	-----A-----A-----AGGAT-----A-----C-----T-----AC-----C-----T-----A-----C-----A-----CCC-----A-----G-----RC-----G-----A-----A-----	2153
O.SN.99.SEM1299	-----CA-----A-----AGGAT-----G-----AC-----C-----T-----A-----T-----C-----A-----CCC-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----	2153
O.US.99.99USTWLA	C-----A-----A-----AGGAT-----A-----G-----T-----AC-----G-----Y-----C-----T-----A-----C-----AACCC-----A-----G-----C-----A-----A-----	2151
O.FR.92.VAU	C-----A-----A-----AGGAT-----A-----T-----AC-----C-----T-----A-----C-----A-----AACCC-----A-----G-----C-----A-----A-----	2234
CPZ.CD.90.ANT	-----A-----T-----G-----T-----ATG-----TTT-----A-----A-----T-----TAAAG-----A-----A-----G-----C-----T-----AGA-----A-----G-----A-----	2107
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----G-----T-----AC-----GGTA-----A-----T-----C-----TT-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----	2248
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-----A-----T-----TC-----A-----A-----A-----T-----C-----AG-----A-----A-----T-----A-----CA-----G-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----C-----	2240
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-----A-----G-----CA-----T-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----C-----	2223
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-----A-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----GT-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----TA-----	2214
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-----A-----G-----CC-----A-----AA-----AT-----A-----G-----T-----C-----A-----T-----A-----A-----C-----A-----AA-----GTTTC-----G-----G-----	2210
CPZ.GA.88.GAB1	-----A-----T-----A-----T-----A-----AT-----G-----T-----C-----GTG-----C-----A-----TT-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----G-----	2729
CPZ.TZ.01.TANI	-----A-----T-----A-----T-----A-----AG-----AT-----A-----A-----T-----C-----T-----A-----A-----GTA-----AA-----C-----G-----AGA-----G-----	2312
CPZ.US.85.CPZUS	-----C-----G-----A-----T-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----	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.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.00.00CMNYU26
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 (A, C, G, T) 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.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.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

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. The first row is the reference sequence: CCGCAGGGTTAAAAAGAAAAATCAGTAACAGTACTGGATGGGGTGATGCATATTTTTCAGTTCCCTAGATGAAGACTTCAGGAAGTATACTGCATTTACCATACCTAGTATAAAACATGAGACACCGAGGATTAGATATCAGTACAATGTCTCCACAGGGATGG 3008

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

Table with columns for reference sequence (B.FR.83.HXB2) and various HIV/SIVcpz strains (e.g., A1.GE.99.99GEMZ011, A1.KE.00.KER2008, etc.), showing nucleotide alignments with gaps represented by dashes.

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_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.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

AAAGGATCACCAGCAATATTCCAAAAGTAGCATGACAAAAATCTTAGAGCCCTTTAGAAAAACAAAATCCAGACATAGTTATCTATCAATACATGGATGATTGTTATGTAGGACTGACTTAGAAAAATAGGGCAGCATAGAAACAAAAATAGAGGAGCTGAGACAACTCTGTT 3178

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

-----G-----A-A-----GC-A-----A-----T-----C-----A-----A-----G-T-----A-----3127

-----G-----C-----A-----T-----A-----G-----C-----T-----A-----C-----G-----T-----GCT-C-----A-----3188

-----G-----T-----G-----C-----A-----T-----A-----G-----C-----T-----A-----C-----G-----T-----GCT-C-----A-----3203

-----G-----G-----A-----A-----GC-A-C-----A-----A-----C-----C-----T-----T-----A-----A-----GCT-T-----A-----2540

-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----GCT-A-----3180

-----G-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----C-----T-----A-----A-----GCT-A-----2377

-----GT-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----C-----T-----A-----A-----GCT-A-----2377

-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----C-----T-----A-----A-----GCT-A-----2377

-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----C-----T-----A-----A-----GCT-A-----2383

-----C-----T-----GGCA-----T-----C-----A-----C-----A-----C-----G-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----AC-----2377

-----T-----GGCA-----C-----GC-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----AC-----2274

-----T-----GGCA-----C-----T-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----AC-----2527

-----T-----GGCA-----C-----C-----A-----C-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----AC-----3207

-----T-----GGCA-----T-----C-----AGT-----C-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----AC-----2362

-----G-----G-----T-----GGCA-----C-----C-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----AC-----2703

-----T-----GGCC-----C-----C-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----AC-----2550

-----T-----GGCA-----C-----C-----A-----AT-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----AC-----2375

-----T-----GGCA-----C-----C-----T-----A-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----AC-----2368

-----T-----G-----G-----G-----G-----C-----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----AC-----2404

-----T-----T-----C-----TTCA-----C-----A-----C-----A-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----AC-----2544

-----T-----C-----AG-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----A-----G-----AC-----2560

-----T-----G-----T-----G-----T-----C-----T-----A-----C-----A-----G-----C-----A-----G-----G-----T-----A-----G-----AC-----3206

-----T-----G-----T-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----A-----C-----A-----GT-----T-----A-----G-----T-----A-----2833

-----T-----G-----G-----G-----G-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----2540

-----T-----G-----C-----T-----A-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----G-----A-----2358

-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----A-----G-----T-----C-----C-----T-----C-----C-----T-----A-----A-----GGG-----C-----A-----2557

-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----C-----AG-----C-----G-----G-----C-----A-----GA-----GG-----AT-----GA-----G-----A-----2480

-----C-----G-----C-----G-----A-----G-----T-----CC-----G-----T-----G-----GA-----GG-----AT-----A-----AG-----A-----A-----3183

-----GT-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----T-----CC-----G-----T-----GA-----GG-----AT-----A-----AG-----A-----A-----2583

-----T-----GC-----C-----Y-----T-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----G-----RT-----A-----A-----2695

-----T-----GC-----G-----A-----A-----G-----C-----TG-----A-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----A-----2619

-----G-----GT-----C-----A-----G-----A-----G-----C-----C-----T-----C-----C-----T-----A-----A-----GCT-----A-----2577

-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----C-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----T-----AC-----2541

-----C-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----AC-----2483

-----G-----T-----C-----T-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----T-----A-----G-----2404

-----T-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----A-----A-----G-----2618

-----G-----G-----C-----C-----AT-----T-----G-----A-----A-----G-----A-----AT-----A-----G-----A-----A-----2383

-----G-----T-----C-----AT-----T-----G-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----2621

-----T-----C-----C-----A-----A-----T-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----2603

-----T-----T-----A-----C-----GC-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----C-----T-----G-----G-----T-----G-----AC-----2386

-----C-----G-----GT-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----A-----G-----T-----A-----GACT-----T-----2386

-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----C-----G-----C-----C-----A-----G-----A-----A-----2544

-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----A-----A-----2352

-----T-----G-----C-----T-----A-----AG-----G-----G-----TG-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----2612

-----G-----T-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----T-----C-----T-----A-----C-----T-----T-----GCT-----A-----2357

-----GT-----C-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----T-----C-----A-----T-----C-----A-----A-----G-----T-----A-----G-----T-----A-----2380

-----G-----G-----G-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----C-----A-----T-----C-----A-----T-----T-----A-----T-----GCT-----A-----2371

-----T-----GGC-----C-----C-----A-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----T-----C-----G-----A-----T-----G-----T-----A-----T-----GCT-----A-----2383

-----G-----G-----GT-----C-----GGC-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----C-----C-----AC-----2368

-----Y-----C-----T-----R-----Y-----R-----R-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----G-----C-----C-----2716

-----G-----G-----T-----T-----TCA-----T-----A-----A-----GA-----C-----G-----A-----C-----T-----G-----CC-----G-----C-----C-----CA-----A-----GAG-----C-----G-----A-----A-----T-----AGT-----T-----2684

-----T-----T-----TCA-----C-----TY-----A-----A-----GA-----GC-----A-----A-----C-----T-----G-----CC-----C-----G-----CC-----CA-----A-----GAG-----C-----G-----A-----A-----T-----GGT-----T-----2683

-----G-----G-----T-----T-----TCA-----C-----TC-----A-----A-----GA-----GC-----G-----A-----C-----T-----G-----CC-----C-----G-----CAA-----A-----GAG-----C-----G-----A-----A-----T-----GGC-----T-----2682

-----G-----T-----T-----G-----CA-----T-----A-----A-----C-----G-----GA-----C-----G-----A-----C-----T-----C-----G-----CC-----C-----G-----CA-----A-----GAGGC-----A-----C-----T-----G-----T-----2772

-----T-----T-----T-----TCA-----TC-----A-----A-----G-----GA-----C-----G-----A-----T-----G-----CC-----C-----G-----CA-----A-----GAG-----C-----G-----A-----A-----T-----GGT-----T-----2770

-----T-----T-----T-----TCA-----TC-----T-----A-----C-----G-----G-----C-----C-----AT-----AA-----T-----G-----CC-----A-----A-----T-----CCCC-----GAGAG-----A-----A-----GG-----T-----ATT-----T-----G-----C-----A-----3233

-----T-----C-----T-----G-----TCA-----G-----TC-----T-----A-----AGC-----C-----AG-----AA-----T-----G-----A-----C-----A-----A-----T-----CC-----T-----G-----CAG-----A-----AG-----GGC-----ATT-----T-----GG-----T-----A-----A-----3208

-----G-----T-----T-----TCA-----TC-----A-----A-----C-----G-----A-----C-----A-----AA-----A-----G-----G-----C-----A-----A-----T-----CCCT-----G-----TAG-----A-----G-----A-----GGG-----T-----ACTA-----T-----G-----T-----A-----A-----2662

-----G-----T-----T-----CTCA-----G-----TC-----C-----A-----G-----GG-----C-----AT-----AA-----A-----G-----G-----CC-----A-----A-----T-----CCCT-----GAGAG-----A-----G-----A-----GGG-----T-----ATT-----T-----GG-----T-----A-----A-----2664

-----G-----T-----R-----TCA-----GT-----TC-----T-----A-----C-----G-----G-----C-----AT-----AA-----T-----G-----CC-----A-----A-----T-----CCCC-----GAGAG-----A-----A-----GGG-----ATT-----T-----G-----CT-----A-----A-----2663

-----G-----T-----T-----TCA-----TC-----T-----A-----G-----G-----C-----AT-----AA-----T-----G-----C-----A-----A-----T-----CCCC-----GAGAG-----A-----AG-----G-----ATT-----T-----GGCT-----C-----A-----3232

-----G-----T-----T-----TCA-----TC-----T-----A-----G-----A-----C-----AT-----AA-----T-----R-----C-----A-----A-----T-----CC-----T-----R-----AG-----A-----A-----G-----G-----T-----ATT-----C-----G-----T-----A-----A-----2661

-----T-----T-----T-----TCA-----TC-----T-----A-----G-----A-----C-----AT-----AA-----T-----R-----C-----A-----A-----T-----CC-----C-----G-----CAG-----A-----G-----A-----GGG-----T-----ACTA-----C-----A-----T-----A-----A-----2744

-----T-----T-----T-----GCA-----C-----G-----CA-----A-----GG-----TA-----GT-----CAG-----AA-----T-----C-----C-----TA-----G-----TACTGCA-----GA-----TG-----AA-----T-----T-----ACA-----2617

-----G-----T-----T-----T-----TC-----G-----A-----C-----GC-----A-----C-----T-----CAC-----G-----C-----C-----A-----G-----TC-----T-----TACC-----A-----C-----CAG-----GG-----A-----T-----G-----T-----C-----T-----2758

-----C-----T-----G-----C-----CT-----A-----A-----A-----G-----GA-----C-----AC-----C-----A-----G-----C-----C-----C-----TC-----ACA-----A-----GAGGC-----G-----AAGA-----T-----GAGT-----T-----2750

-----T-----T-----G-----T-----A-----C-----G-----G-----C-----T-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----T-----GA-----A-----A-----C-----G-----AC-----GG-----A-----A-----GCT-----CT-----C-----2733

-----G-----T-----T-----T-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----GC-----A-----A-----T-----C-----G-----T-----C-----A-----C-----A-----TA-----G-----A-----G-----G-----AT-----GGCT-----C-----A-----2724

-----G-----T-----T-----C-----T-----G-----G-----T-----A-----C-----C-----A-----GC-----A-----A-----T-----C-----G-----T-----C-----A-----G-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----GC-----T-----2720

-----G-----T-----T-----C-----C-----T-----TC-----A-----C-----G-----A-----G-----T-----TAC-----T-----C-----G-----CC-----A-----G-----G-----TC-----T-----T-----AT-----A-----A-----GG-----G-----A-----A-----A-----T-----C-----3239

-----G-----T-----T-----T-----T-----G-----C-----T-----C-----T-----C-----G-----C-----TG-----G-----AC-----T-----C-----T-----C-----CA-----T-----A-----TC-----TA-----TGA-----A-----G-----A-----CTG-----A-----A-----G-----2822

-----G-----T-----T-----G-----C-----T-----TC-----T-----C-----G-----C-----TG-----TA-----A-----T-----C-----C-----G-----A-----TC-----A-----CT-----AAA-----GGA-----GG-----ACT-----C-----T-----T-----C-----3238

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.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

Sequence alignment table with 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. Rows correspond to the accession numbers listed on the left.

B.FR.83.HXB2	CAAGTCAGATTTACCCAGGGATTAAGGTAAGGCAATTTATGAACTCCTTAGAGGAACCAAGACTAACAGAAAGTAATCACTAACAGAAAGCAGAGCTAGAACGGCAGAAAAACAGAGATTCTAAAAGAACAGTACATGGAGTGTATTATGACCCATCAAAA	3518
Pol	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	
A1.GE.99.99GEMZ011C..T.....A.....G.....C..G.....G.....TAC..G..GA..G..T..G.....AT.....G.....G.....T..G.....A.....	2702
A1.KE.00.KER2008C..A.....T.....A.....A.....C.....G.....T.....C.....G.....TAC..G..GA..G..T..G.....AT.....T..A.....G.....G.....C.....T.....G.....A.....	2717
A1.KE.00.NH1144T.....A.....TG.....A.....A.....C.....G.....G.....T.....C.....G.....TAC..G..GA..G..T..G.....AT.....GI.....A.....G.....AG.....G.....C.....T.....G.....A.....	2723
A1.KE.00.KSM4024G.....A.....T.....TG.....A.....A.....G.....G.....A.....C.....G.....G.....T.....G.....A.....T.....G.....T.....G.....AT.....T.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....G.....A.....C.....	2714
A1.KE.00.MSA4069G.....A.....TG.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....G.....TAC..G..A..T..G..T..G.....AT.....T.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....G.....A.....C.....	2717
A1.KE.00.NKU3005C.....T.....T.....C.....G.....C.....G.....G.....G.....TAC..G..A..T..G..T..G.....AT.....T.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....G.....A.....C.....	2717
A1.RU.00.RU00057C.....T.....T.....C.....G.....C.....G.....G.....G.....TAC..G..A..T..G..T..G.....AT.....T.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....G.....A.....C.....	2819
A1.RU.03.03RU20_06_13A.....TG.....A.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....G.....TAC..G..A..T..G..T..G.....AT.....T.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....G.....A.....C.....	2855
A1.RW.93.93RW_024A.....TG.....A.....A.....G.....G.....C.....G.....G.....G.....TAC..G..A..T..G..T..G.....AT.....T.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....G.....A.....C.....	2720
A1.SE.95.SE8891A.....TGT.....A.....A.....C.....G.....C.....G.....G.....TAC..G..A..T..G..T..G.....AT.....T.....A.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....A.....C.....	2707
A1.SE.95.UGSE8131A.....TG.....A.....AA.....G.....G.....C.....G.....G.....TAC..G..A..T..G..T..G.....AT.....T.....A.....G.....G.....A.....C.....T.....G.....A.....C.....	2890
A1.TZ.01.A173A.....TG.....A.....A.....G.....G.....G.....C.....G.....G.....TAC..G..A..T..G..T..G.....AT.....T.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....A.....C.....	2717
A1.UA.01.01UADN139A.....TG.....A.....AA.....G.....G.....C.....G.....G.....TAC..G..A..T..G..T..G.....AT.....T.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....A.....C.....	2711
A1.UG.92.92UG037A.....TG.....A.....AA.....G.....G.....C.....G.....G.....TAC..G..A..T..G..T..G.....AT.....T.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....A.....C.....	3534
A1.UG.99.99UGA07072A.....T.....T.....A.....C.....G.....C.....G.....G.....A.....TAC..G..G..G..T..G.....AT.....T.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....A.....C.....	2717
A1.UZ.02.02UZ0659T.....T.....T.....A.....G.....C.....G.....G.....G.....TAC..G..GA..G..T..G.....AT.....T.....G.....G.....G.....C.....T.....G.....A.....C.....	2717
A2.CD.97.97CDKS10T.....TG.....A.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..TAG.....AT.....T.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....ACC..T.....G.....A.....C.....	2856
A2.CD.97.97CDKTB48T.....TG.....A.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..TAG.....AT.....T.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....ACC..T.....G.....A.....C.....	2875
A2.CY.94.94CY017_41C.....TGG.....A.....A.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....A.....C.....	2740
B.AR.04.04AR151516T.....TG.....A.....A.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....A.....C.....	2740
B.AL.87.MBC925T.....TG.....A.....A.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....A.....C.....	2829
B.BO.99.BOL0122T.....TG.....A.....A.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....A.....C.....	2738
B.BR.03.BREPM2012T.....TG.....A.....A.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....A.....C.....	2943
B.CA.97.CANB3FULLT.....TG.....A.....A.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....A.....C.....	2807
B.CN.05.05CNHB_hp3A.....TG.....A.....G.....A.....G.....A.....G.....G.....T.....G.....C.....T.....C.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	3517
B.CO.01.PCM001T.....TG.....A.....G.....A.....G.....A.....G.....G.....T.....G.....C.....T.....C.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	2723
B.GB.83.CAM1C.....T.....TG.....A.....A.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	3520
B.GB.86.GB8T.....TG.....A.....A.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	3538
B.GE.03.03GEMZ010T.....TG.....A.....A.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	2723
B.IT.05.SG1T.....TG.....A.....AA.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	3320
B.JP.05.DR6538T.....TG.....A.....G.....C.....A.....G.....A.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	3522
B.KR.05.05CSR3T.....TG.....A.....G.....C.....A.....G.....A.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	3542
B.NL.00.671_00T36T.....TG.....A.....GG.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	3083
B.RU.04.04RU128005T.....TG.....A.....GG.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	3009
B.TH.00.00TH_C3198TGG.....A.....GG.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	2732
B.UA.01.01UAKV167TG.....A.....AA.....G.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	2744
B.US.04.ES10_53G.....A.....AA.....G.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	3527
B.US.99.FRB955_03G.....A.....AA.....G.....G.....G.....G.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....A.....A.....	2738
C.AR.01.ARG4006AA.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2702
C.BR.04.04BR013AA.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2982
C.BW.00.00BW07621C.....A.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2871
C.CN.98.YNRL9840C.....A.....A.....C.....T.....T.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2702
C.ET.02.02ET_288C.....A.....A.....C.....T.....T.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2720
C.GE.03.03GEMZ033C.....A.....C.....A.....G.....C.....T.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2699
C.HL.99.99ET7C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2699
C.IN.99.01INS565_10C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2899
C.KE.00.KER2010C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2699
C.MM.99.mIDU101_3C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2869
C.MW.93.93MW_965C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2705
C.SN.90.90SE_364C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....GT.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2687
C.SO.89.89SML145C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....GT.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2739
C.TZ.02.CO178C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2699
C.UY.01.TRA3011C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2690
C.YE.02.02YE511C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2693
C.ZA.04.04ZASK164B1C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2932
C.ZA.05.05ZAPSK240B1C.....T.....A.....G.....A.....C.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2932
C.ZM.02.02ZM108A.....TG.....A.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....A.....T.....G.....G.....A.....T.....G.....	3487
D.CD.83.ELIC.....T.....A.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	3064
D.CM.01.01CM_0009BBYC.....A.....TT.....A.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....A.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2717
D.KE.01.NKU3006C.....A.....T.....A.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2723
D.KR.04.04KBBH8C.....A.....TG.....A.....G.....AA.....G.....G.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	3477
D.TD.99.MN011C.....A.....T.....A.....G.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2742
D.TZ.01.A280C.....A.....TT.....A.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2719
D.UG.99.99UGK09259C.....A.....TG.....A.....A.....A.....C.....TG.....A.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2723
D.YE.01.01YE386C.....T.....A.....A.....A.....C.....TG.....A.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2717
D.YE.02.02YE516C.....T.....A.....A.....A.....C.....TG.....A.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2729
D.ZA.90.R1C.....T.....A.....A.....A.....C.....TG.....A.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....T.....G.....	2864
F1.AR.02.ARE933T.....T.....A.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....T.....A.....T.....G.....G.....A.....G.....	2812
F1.BE.93.VI850T.....T.....A.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....T.....A.....T.....G.....G.....A.....G.....	2855
F1.BR.01.01BR125T.....T.....G.....A.....A.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....T.....A.....T.....G.....G.....A.....G.....	2963
F1.ES.x.P1146T.....T.....A.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....T.....G.....T.....G.....A.....G.....	2795
F1.FI.93.FIN9363N.....T.....T.....A.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....T.....G.....T.....G.....A.....G.....	2847
F2.CM.02.02CM_0016BBYT.....T.....G.....A.....C.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....	2708
F2.CM.95.MP257T.....T.....G.....A.....C.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....	2727
F2.CM.97.CM53657T.....T.....G.....A.....C.....C.....G.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....G.....	2708
G.BE.96.DRCBLT.....T.....A.....A.....A.....C.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....AA..G..GT.....G.....G.....G.....A.....T.....	3475
G.CM.01.01CM_4049HANT.....T.....A.....A.....A.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....C.....G.....G.....G.....A.....T.....	2720
G.CU.x.Cu74T.....T.....A.....A.....A.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....C.....G.....G.....G.....A.....T.....	3122
G.ES.00.X558C.....T.....T.....AA.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....A.....	2956
G.ES.99.X138C.....T.....T.....AA.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....A.....	2959
G.GH.03.03GH175GT.....T.....A.....A.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....A.....	3558
G.KE.93.HH18793_12_1T.....T.....A.....A.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....A.....	2918
G.NG.01.01NGPL0669T.....TG.....A.....A.....G.....T.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....	2723
G.PT.x.PT2695C.....T.....T.....A.....AA.....C.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....G.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....C.....	3460
G.SE.93.SE6165T.....T.....A.....C.....C.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....AA..G..GT.....G.....G.....G.....A.....G.....T.....	2915
H.BE.93.V1991T.....T.....A.....C.....C.....W.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CA.....T.....	2907
H.BE.93.V1997T.....T.....A.....C.....C.....W.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CA.....T.....	2842
H.CF.90.056T.....T.....AAT.....A.....C.....C.....G.....G.....G.....T.....CA..G..G..G..T..C.....AT.....G.....G.....G.....G.....G.....G.....CA.....T.....	2865
J.CD.97.J_97DC_KTB147T.....T.....A.....A.....C.....G.....G.....G.....T.....G.....CA..G..G..T..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2712
J.SE.93.SE7887T.....T.....A.....A.....C.....G.....G.....G.....T.....G.....CA..G..G..T..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2832
J.SE.94.SE7022A.....T.....A.....A.....A.....G.....A.....G.....G.....T.....G.....CA..G..G..T..T..C.....AT.....T.....G.....G.....G.....A.....A.....T.....G.....	2833
K.CD.97.EQTB11CA.....A.....T.....A.....A.....AA.....G.....G.....G.....T.....G.....CA..G..G..T..T..C.....AT.....T.....T.....A.....G.....A.....G.....G.....	2714
K.CM.96.MP535A.....A.....T.....A.....A.....AA.....G.....G.....G.....T.....G.....CA..G..G..T..T..C.....AT.....T.....T.....A.....G.....A.....G.....G.....	2714

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.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

CAAGTCAGATTTACCCAGGGATTAAGTAAGGCAATTTATGAACTCCTTAGAGGAACCAAAGCACTAACAGAAAGTAACTACTAACAGAAAGCAGAGCTAGAACGGCAGAAAACAGAGATTCTAAAAGAACAGTACATGGAGTGTATTATGACCCATCAAAA 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 T 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-----G-----C-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----G-----G-----T-----G-----G-----C-----A-----C-----T-----G-----A-----3528
-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----T-----C-----A-----G-----T-----G-----G-----C-----A-----C-----T-----G-----A-----3548
-----A-----TG-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----T-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----2880
-----A-----TG-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----AT-----GT-----G-----G-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----3520
-----A-----TG-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----AT-----GT-----G-----T-----G-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----2717
-----A-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----2717
-----A-----TG-----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----3042
-----A-----TG-----G-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----C-----A-----G-----T-----AT-----GT-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----2723
-----A-----TG-----A-----G-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----TA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----T-----G-----A-----C-----T-----G-----A-----2717
02_AG.EC.x.ECU41 -----TG-----A-----A-----A-----C-----C-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----TA-----GG-----AT-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----C-----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-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----G-----2867
02_AG.GH.03.GHNJ196 -----G-----A-----T-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----TA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----G-----2867
02_AG.NG.01.PI0710 -----TG-----A-----C-----G-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----CA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----2702
02_AG.NG.x.IBNG -----TG-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----C-----G-----G-----T-----CA-----G-----G-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----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-----G-----A-----A-----2890
02_AG.SN.98.MP1211 -----TG-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----TA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----2715
02_AG.UZ.02.02UZ710 -----TG-----A-----C-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----G-----T-----TA-----G-----GA-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----2708
03_AB.RU.97.KAL153_2 -----TG-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----C-----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-----G-----2884
05_DF.BE.x.VII310 -----T-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----2900
06_cpx.AU.96.BFP90 -----T-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----C-----CA-----G-----G-----T-----C-----A-----T-----G-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----C-----G-----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-----G-----A-----T-----G-----G-----A-----C-----3173
07_BC.CN.97.CNS4 -----T-----T-----A-----A-----C-----T-----G-----GG-----G-----G-----G-----CA-----G-----G-----T-----CA-----AT-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----C-----2880
08_BC.CN.97.97CNGX_6F -----TG-----A-----A-----C-----T-----G-----GG-----G-----G-----G-----CA-----G-----G-----T-----CA-----AT-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----CA-----2698
09_cpx.GH.96.96GH291F1 -----TG-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----G-----TA-----G-----A-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----G-----A-----T-----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-----G-----A-----A-----G-----2897
11_cpx.GR.x.GR17 -----TG-----A-----A-----C-----G-----G-----GG-----G-----G-----G-----CA-----G-----G-----T-----C-----AT-----GT-----G-----T-----G-----A-----A-----2820
12_BF.AR.99.ARMA159 -----G-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----CA-----G-----G-----T-----G-----T-----AC-----AT-----T-----G-----G-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----3523
13_cpx.CM.96.1849 -----A-----C-----T-----A-----A-----A-----C-----G-----GG-----G-----G-----G-----CA-----G-----T-----G-----T-----AC-----AT-----T-----G-----G-----A-----T-----T-----C-----G-----A-----GAG-----2923
14_BG.DE.01.9196_01 -----C-----T-----R-----AA-----C-----A-----G-----G-----G-----CA-----G-----G-----T-----C-----AT-----G-----G-----G-----G-----T-----C-----C-----A-----3035
14_BG.ES.99.X397 -----C-----T-----R-----AA-----C-----A-----G-----G-----G-----CA-----G-----G-----T-----C-----AT-----G-----G-----G-----G-----T-----C-----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-----T-----AT-----T-----G-----G-----G-----G-----CC-----T-----G-----CA-----2917
16_A2D.KR.97.97KR004 -----TG-----A-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----G-----CA-----G-----G-----TA-----AT-----T-----A-----A-----G-----G-----G-----T-----G-----A-----C-----2881
18_cpx.CU.99.CU76 -----A-----T-----A-----A-----A-----G-----C-----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-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----2958
21_A2D.KE.91.KNH1254 -----C-----T-----A-----A-----A-----G-----T-----G-----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-----G-----T-----C-----AT-----G-----T-----G-----G-----A-----G-----2961
24_BG.CU.03.CB378 -----T-----A-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----T-----AC-----G-----G-----A-----G-----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-----G-----G-----CA-----G-----G-----T-----C-----AT-----G-----T-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----2726
28_BF.BR.99.BREPM12609 -----T-----A-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----2884
29_BF.BR.02.BREPM119 -----A-----G-----A-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----2692
31_BC.BR.02.110PA -----A-----A-----A-----G-----A-----C-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----2952
33_01B.MY.05.05MYKL007_1 -----A-----TG-----G-----A-----A-----C-----G-----C-----AG-----G-----T-----CA-----G-----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-----G-----A-----C-----G-----C-----G-----G-----T-----T-----CA-----G-----G-----T-----R-----AT-----T-----G-----G-----A-----ACC-----T-----G-----A-----T-----2720
35_AD.AF.05.05AF095 -----C-----T-----AG-----G-----A-----G-----C-----G-----T-----G-----TA-----G-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----G-----AC-----C-----T-----G-----C-----TA-----T-----GA-----G-----2711
36_cpx.CM.00.00CMNYU830 -----TG-----G-----A-----GC-----G-----A-----C-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----T-----G-----AT-----T-----G-----T-----G-----C-----T-----G-----C-----TA-----T-----GA-----G-----2723
37_cpx.CM.00.00CMNYU926 -----TG-----G-----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-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----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-----AA-----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-----G-----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-----G-----AT-----CC-----C-----C-----GG-----3110
O.BE.87.ANT70 -----A-----C-----T-----A-----A-----G-----G-----AG-----G-----GT-----AA-----C-----C-----GT-----T-----G-----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-----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-----G-----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-----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.SEMP1299 -----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-----T-----AA-----C-----CG-----GT-----T-----G-----A-----G-----TT-----GTC-----G-----A-----T-----A-----A-----G-----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-----G-----A-----AG-----G-----G-----A-----C-----A-----TGAT-----3084
CPZ.CD.90.ANT -----C-----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-----AA-----C-----T-----C-----T-----AA-----A-----G-----A-----T-----G-----CA-----T-----AG-----AT-----GT-----A-----T-----G-----T-----G-----A-----AT-----G-----CC-----A-----A-----GAT-----3090
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7 -----A-----A-----A-----C-----GA-----AA-----GA-----C-----GG-----T-----G-----GTA-----GAATTC-----G-----CA-----CT-----TAG-----AT-----T-----A-----T-----G-----A-----AT-----A-----C-----G-----C-----GG-----T-----3073
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66 -----T-----A-----T-----A-----C-----G-----A-----G-----C-----G-----A-----A-----A-----TT-----G-----G-----CA-----CT-----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-----G-----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-----G-----C-----GA-----3578

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	3684
Poi	
A1.GE.99.99GEMZ011	2868
A1.KE.00.KER2008	2883
A1.HI.00.AHI1144	2899
A1.KE.00.KSM4024	2880
A1.KE.00.MSA4069	2883
A1.KE.00.NKU3005	2883
A1.RU.00.RU00051	2985
A1.RU.03.03RU_20_06_13	3104
A1.RW.93.93RW_024	2886
A1.SE.95.SE8891	2873
A1.SE.95.UGSE8131	3056
A1.TZ.01.A173	2883
A1.UA.01.01UADN139	2883
A1.UG.92.92UG037	3700
A1.UG.99.99UGA07072	2883
A1.UZ.02.02UZ0659	2883
A2.CD.97.97CDKS10	0
A2.CD.97.97CDKTB48	3022
A2.CY.94.94CY017_41	3041
B.AR.04.04AR151516	2906
B.AU.87.MBC925	3695
B.BO.99.BOL0122	2904
B.BR.03.BREPM2012	3109
B.CA.97.CANB3FULL	2973
B.CN.05.05CNHB_hp3	3683
B.CO.01.PCM001	2889
B.GB.83.CAM11	3886
B.GB.86.GB8	3704
B.GE.03.03GEMZ010	2889
B.IT.05.SG1	3486
B.JP.05.DR6538	3688
B.KR.05.05KRS3	3709
B.NL.00.671_00T36	3249
B.RU.04.04RU128005	3175
B.TH.00.00TH_C3198	2898
B.UA.01.01UAKV167	2910
B.US.04.ES10_53	3693
B.US.99.PRB959_03	2904
C.AR.01.ARG4006	2868
C.BR.04.04BR013	3148
C.BW.00.00BW07621	3037
C.CN.98.YNRL9840	2868
C.ET.02.02ET_288	2886
C.GE.03.03GEMZ033	2865
C.HL.99.99HET7	2865
C.IN.99.01IN565_10	3065
C.KE.00.KER2010	2865
C.MM.99.mIDU101_3	3035
C.MW.93.93MW_965	2871
C.SN.90.90SE_364	2853
C.SO.89.89SML145	3095
C.TZ.02.CO178	2865
C.UY.01.TRA3011	2856
C.YE.02.02YE511	2859
C.ZA.04.04ZASK164B1	3098
C.ZA.05.05ZAPS240B1	3088
C.ZM.02.02ZM108	3653
D.CD.83.ELI	3230
D.CM.01.01CM_0009BBY	2883
D.KE.01.NKU3006	2889
D.KR.04.04KBH8	3643
D.TD.99.MN011	2908
D.TZ.01.A280	2885
D.UG.99.99UGK09259	2889
D.YE.01.01YE386	2883
D.YE.02.02YE516	2895
D.ZA.90.R1	3030
F1.AR.02.ARE933	2978
F1.BE.93.VI850	3021
F1.BR.01.01BR125	3129
F1.ES.x.P1146	2961
F1.FI.93.FIN9363	3013
F2.CM.02.02CM_0016BBY	2874
F2.CM.95.MP257	2893
F2.CM.97.CM53657	2874
G.BE.96.DRCBL	3641
G.CM.01.01CM_4049HAN	3288
G.CU.x.Cu74	3122
G.ES.00.X558	3125
G.ES.99.X138	3125
G.GH.03.03GH175G	3724
G.KE.93.HH18793_12_1	3084
G.NG.01.01NGPL0669	3899
G.PT.x.PT2695	3626
G.SE.93.SE6165	3081
H.BE.93.V1991	3073
H.BE.93.V1997	3008
H.CF.90.056	3031
J.CD.97.J_97DC_KTB147	2878
J.SE.93.SE7887	2998
J.SE.94.SE7022	2999
K.CD.97.EQTB11C	2880
K.CM.96.MP535	2880

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.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 4 columns: Accession ID, Nucleotide sequence (A, C, G, T), and a numerical value (e.g., 3633, 3694, 3709, etc.). The table lists various HIV-1/SIVcpz strains and their corresponding sequences and values.

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.UG.92.92UG037
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.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.HI.99.99ET
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.89.89SNL145
C.TZ.02.C0178
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.03.03GHI75G
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

GCATGATAAATGGGGAAAG...	ACTCCTAAATTTAAACTGCCCATACAAAAGGAACATGGGAAACATGGTGGACAGAGATTGGCAGACCCCTGGATTCTCGAGTGGGAGTTGTTAATACCCTCCCTTAGTGA	AAATTTAGTACAGTATAGAGAAA	GAACCCAT	3850
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 P L V K L W Y Q L E K # E P I			
.....	3034
.....	3049
.....	3055
.....	3046
.....	3049
.....	3049
.....	3151
.....	3077
.....	3052
.....	3039
.....	3222
.....	3049
.....	3049
.....	3049
.....	3049
.....	3188
.....	3207
.....	3072
.....	3061
.....	3070
.....	3275
.....	3139
.....	3849
.....	3055
.....	3852
.....	3870
.....	3055
.....	3652
.....	3854
.....	3875
.....	3415
.....	3341
.....	3064
.....	3076
.....	3859
.....	3070
.....	3034
.....	3314
.....	3203
.....	3034
.....	3052
.....	3031
.....	3031
.....	3231
.....	3031
.....	3201
.....	3037
.....	3049
.....	3071
.....	3031
.....	3022
.....	3025
.....	3264
.....	3254
.....	3819
.....	3396
.....	3049
.....	3055
.....	3809
.....	3074
.....	3051
.....	3055
.....	3049
.....	3061
.....	3196
.....	3144
.....	3190
.....	3295
.....	3127
.....	3179
.....	3040
.....	3059
.....	3040
.....	3807
.....	3052
.....	3454
.....	3288
.....	3291
.....	3890
.....	3250
.....	3053
.....	3792
.....	3247
.....	3239
.....	3174
.....	3197
.....	3044
.....	3164
.....	3165
.....	3046
.....	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.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

GCATAGTAATATGGGAAAG...	ACTCTAAATTTAAACTGCCATACAAAAGGAACATGGGAAACATGGTGGACAGAGATTGGCAAGCCACCTGGATTCTCGAGTGGGAGTTTGTAAATACCCTCCCTTAGTGAAATTTAGTGACAGTTAGAGAAA . GAACCCAT	3850
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	
.....	3799
.....	3860
.....	3873
.....	3212
.....	3852
.....	3050
.....	3049
.....	3424
.....	3055
.....	3049
.....	2946
.....	3199
.....	3879
.....	3034
.....	3375
.....	3222
.....	3047
.....	3040
.....	3076
.....	3216
.....	3232
.....	3878
.....	3505
.....	3212
.....	3030
.....	3052
.....	3229
.....	3152
.....	3855
.....	3255
.....	3367
.....	3291
.....	3249
.....	3213
.....	3155
.....	3076
.....	3290
.....	3055
.....	3293
.....	3275
.....	3058
.....	3058
.....	3216
.....	3024
.....	3284
.....	3229
.....	3052
.....	3043
.....	3055
.....	3040
.....	3388
.....	3356
.....	3355
.....	3354
.....	3444
.....	3442
.....	3905
.....	3880
.....	3334
.....	3336
.....	3335
.....	3904
.....	3333
.....	3416
.....	3289
.....	3430
.....	3422
.....	3405
.....	3396
.....	3392
.....	3911
.....	3494
.....	3910

p51 end and p66 RT continue_Pol p15 RNase H start

Table with columns for sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2, A1.GE.99.99GEMZ011), a reference sequence (AGTAGGAGCAGAACTTCTAGTAGATGGGGCAGCTAAACAGGGAGACTAAATTAGGAAAAGCAGGATATGTTACTAATAGAGGAAGACAAAAAGTTGTCCACCCTAACTGACACAACAAAATCAGAAAGCTGAGTTACAAGCAATTTATCTAGCTTTGCAGATTCCGGAT 4020), a 20-column alignment key (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 T N O K T E L Q A T Y L A L L Q D S G), and alignment positions (3204-3216, 3219-3231, 3234-3246, 3249-3261, 3264-3276, 3279-3291, 3294-3306, 3309-3321, 3324-3336, 3339-3351, 3354-3366, 3369-3381, 3384-3396, 3399-3411, 3414-3426, 3429-3441, 3444-3456, 3459-3471, 3474-3486, 3489-3501, 3504-3516, 3519-3531, 3534-3546, 3549-3561, 3564-3576, 3579-3591, 3594-3606, 3609-3621, 3624-3636, 3639-3651, 3654-3666, 3669-3681, 3684-3696, 3699-3711, 3714-3726, 3729-3741, 3744-3756, 3759-3771, 3774-3786, 3789-3801, 3804-3816, 3819-3831, 3834-3846, 3849-3861, 3864-3876, 3879-3891, 3894-3906, 3909-3921, 3924-3936, 3939-3951, 3954-3966, 3969-3981, 3984-3996, 3999-4011, 4014-4026).

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. The alignment shows conserved regions across various HIV-1/SIVcpz strains, with gaps indicated by dashes. The reference sequence is AGTAGGAGCAGAAACCTTCTAGTGTAGATGGGGCAGCTAAACAGGGAGACTAAATTAGGAAAAGCAGGATATGTTACTAATAGAGGAAGACAAAAGTTGTCCACCTAACTGACACAAAATCAGAAAGCTGAGTTACAAGCAATTTATCTAGCTTTGCAGATTCCGGAT.

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.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.99.99CMA122
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.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 49 columns representing amino acid positions (L to Q) and multiple rows of sequence alignments for various HIV-1/SIVcpz strains. Each row shows the amino acid at each position, with dashes indicating gaps or missing data. The table is a multiple sequence alignment of the HIV-1/SIVcpz Complete Genomes.

	Pol p66 RT, Pol p15 RNase H end, Pol p31 Integrase start		
B.FR.83.HXB2	GTAGATAAAATTAGTCAGTGGCTGGAAATCAGGAAAGTACTTTTTTGTAGATGAATAGATAAGGCCCAA..	GATGAACATGAGAAATATCACAGTAAATGGAGAGCAATGGCTAGTGATTTAACTGCCACCTGTAGTAGCAAAGAAATAGTAGCCAGCTGTGATAA...	4355
Pol	V D K L V S A G I R K V L F L D G I D K A Q	D E H E K Y H S N W R A M A S D F N L P P V V A K E I V A S C D K ##	
A1.GE.99.99GEMZ011	..AA...GG-GT...A-G...T...-A...A...C...A...-T...A...-G...G...3539		
A1.KE.00.KER2008	..CT...GG...G...C...-A...-A...-A...G...C...-T...-A...-A...G...3544		
A1.KE.00.KNH1144	..AAC...G...G...G...-A...T...-A...-A...G...C...-T...-A...-A...G...3560		
A1.KE.00.KSM4024	..T...-G...G...G...-G...-A...T...-A...-A...G...C...-T...-A...-A...G...3551		
A1.KE.00.MSA4069	..AA...T-A...G-G-G...G...-A...T...-A...-A...G...C...-T...-A...-A...G...3554		
A1.KE.00.NKU3005	..T...-G...G...G...-G...-A...T...-A...-A...G...C...-T...-A...-A...G...3554		
A1.RU.00.RU00057	..T...K...-G-GT...A-G...-T...-A...C...-A...G...C...-A...A...-T...-A...-A...G...3656		
A1.RU.03.03RU20_06_13	..T...T...GG-GT...A-G...-T...-A...-A...-A...G...C...-A...A...-T...-A...-A...G...3829		
A1.RW.93.93RW_024	..T...A...GG-GT...A-G...-T...-A...-A...-A...G...C...-A...A...-T...-A...-A...G...3557		
A1.SE.95.SE8891	..T...-C...G...G...G...-G...-A...T...-A...-A...G...C...-T...-C...-A...-G...3544		
A1.SE.95.UGSE8131	..T...-G...G...G...-G...-A...T...-A...-A...G...C...-T...-A...-A...G...3727		
A1.TZ.01.A173	..T...T...G...G...-G...-A...T...-A...C...-A...G...C...-A...A...-T...-A...-A...G...3554		
A1.UA.01.01UADN139	..T...T...GG-GT...A-G...-T...-A...-A...-A...G...C...-T...-A...-A...G...3554		
A1.UG.92.92UG037	..T...T...GG-GT...A-G...-T...-A...-A...-A...G...C...-T...-A...-A...G...3554		
A1.UG.99.99UGA07072	..CT...-A...-A...-G...-T...-A...-A...-A...G...C...-A...A...-T...-A...-A...G...3554		
A1.UZ.02.02UZ0659	..AA...GG-GT...A-G...-T...-A...-A...-A...G...C...-T...-A...-A...G...3554		
A2.CD.97.97CDKS10	..-C...T...G...GT...-A...-T...-A...-A...-A...G...C...-C...CA...C...-T...-A...-T...C...472		
A2.CD.97.97CDKTB48	..-G...-C...TG...A...GT...G...-T...-A...-A...-A...G...C...-C...CA...C...-T...-A...-C...TG...3695		
A2.CY.94.94CY017_41	..-C...-C...T...-G...G...-T...-A...-A...-A...G...C...-C...CA...C...-T...-A...-C...T...3712		
B.AR.04.04AR151516	..T...T...AG...-G...-C...-A...-A...-A...-C...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3577		
B.AL.87.MBC925	..-G...T...AG...-G...-C...-A...-A...-A...-C...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...4366		
B.BO.99.BOL0122	..-C...G...AG...-G...-C...G...-A...-A...-A...-C...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3575		
B.BR.03.BREP2012	..T...T...AG...-A...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3780		
B.CA.97.CANB3FULL	..T...T...G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3644		
B.CN.05.05CNHB_hp3	A...GC...T...G...G...G...-A...T...G...-A...C...A...C...A...A...A...-A...-A...G...4354		
B.CO.01.PCM001	..T...T...A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3560		
B.GB.83.CAM1	..T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3577		
B.GB.86.GB8	..T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...4375		
B.GE.03.03GEMZ010	..T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3560		
B.IT.05.SG1	..T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...4157		
B.JP.05.DR6538	..T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...4359		
B.KR.05.05CSR3	..T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...4380		
B.NL.00.671_00T36	..T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3920		
B.RU.04.04RU128005	..T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3846		
B.TH.00.00TH_C3198	A...T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3569		
B.UA.01.01UAKV167	..T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3581		
B.US.04.ES10_53	..T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...4364		
B.US.99.PR959_03	..T...T...A...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3575		
C.AR.01.ARG4006	A...A...AG...G...GT-G...C...-A...T...-A...T...A...C...-A...A...G...C...-T...-CA...T...3539		
C.BR.04.04BR013	A...A...AG...G...GT-G...C...-A...T...-A...T...A...C...-A...A...G...C...-T...-CA...T...3819		
C.BW.00.00BW07621	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...C...-A...A...G...C...-T...-CA...T...3708		
C.CN.98.YNRL9840	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3539		
C.ET.02.02ET_288	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3557		
C.GE.03.03GEMZ033	C...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3536		
C.H.99.99ET7	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3566		
C.IN.99.01INS565_10	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3736		
C.KE.00.KER2010	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3536		
C.MM.99.mIDU101_3	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3706		
C.MW.93.93MW_965	C...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3542		
C.SN.90.90SE_364	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3524		
C.SO.89.89SM_145	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3576		
C.TZ.02.C0178	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3536		
C.UY.01.TRA3011	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3527		
C.YE.02.02YE511	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3530		
C.ZA.04.04ZASK164B1	C...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3769		
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...3759		
C.ZM.02.02ZM108	A...A...AG...G...G...C...-A...T...-A...G...A...G...-C...-A...C...-T...-CA...T...4324		
D.CD.83.ELI	..CAA...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3901		
D.CM.01.01CM_0009BBY	..AGC...T...A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3554		
D.KE.01.NKU3006	..AAC...T...A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3560		
D.KR.04.04KBBH8	..AA...C...T...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...4314		
D.TD.99.MN011	..AG...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3579		
D.TZ.01.A280	..T...T...AG...A...-T...-C...G...-A...T...-A...T...A...G...-C...-A...-A...T...3556		
D.UG.99.99UGK09259	..-C...AA...T...A...-A...-C...G...-A...T...-A...T...A...G...C...-A...A...T...3560		
D.YE.01.01YE386	..-A...AA...G...A...A...-C...G...-A...C...T...G...-A...-A...C...A...A...G...3554		
D.YE.02.02YE516	..-AG...-A...-G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3566		
D.ZA.90.R1	..G...CAG...-C...G...-C...G...-A...C...T...-A...C...C...-C...-C...-A...G...3701		
F1.AR.02.ARE933	..G...A...A...G...G...-A...G...-A...C...A...A...A...-T...-A...-A...G...3649		
F1.BE.93.VI850	..G...G...A...A...G...G...-A...G...-A...C...A...A...A...-T...-A...-A...G...3695		
F1.BR.01.01BR125	..-C...T...A...A...G...G...-A...G...-A...C...A...A...A...-T...-A...-A...G...3800		
F1.ES.x.P1146	..-T...T...A...A...G...G...-A...G...-A...C...A...C...A...-T...-A...-A...G...3632		
F1.FI.93.FIN9363	..A...A...G...G...G...G...-A...A...-A...G...A...C...A...-T...-A...-A...G...3684		
F2.CM.02.02CM_0016BBY	..A...A...G...G...G...G...-A...A...-A...G...A...C...A...-T...-A...-A...G...3545		
F2.CM.95.MP257	..A...A...G...G...G...G...-A...A...-A...G...A...C...A...-T...-A...-A...G...3564		
F2.CM.97.CM53657	..A...A...G...G...G...G...-A...A...-A...G...A...C...A...-T...-A...-A...G...3545		
G.BE.96.DRCBL	A...G...AG...-A...-C...C...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...4312		
G.CM.01.01CM_4049HAN	A...G...AG...-A...-C...C...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3957		
G.CU.x.Cu74	..T...T...AG...G...T...-C...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3793		
G.ES.00.X558	..T...T...AG...G...T...-C...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3796		
G.ES.99.X138	..T...T...AG...G...T...-C...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...4395		
G.GH.03.03GH175G	..AG...G...G...-G...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3755		
G.KE.93.HH18793_12_1	..CAG...-A...-T...-C...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3755		
G.NG.01.01NGPL0669	..AG...-A...-G...T...-C...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...4297		
G.PTX.PT2695	..C...AG...-A...-G...T...-C...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3752		
G.SE.93.SE6165	..C...AG...-A...-G...T...-C...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-A...-T...-A...-A...G...3744		
H.BE.93.V1991	..T...T...T...A...-G...-G...-A...-T...TAC...G...-A...G...-C...-A...-A...-T...3679		
H.BE.93.V1997	..T...T...T...A...-G...-G...-A...-T...TAC...G...-A...G...-C...-A...-A...-T...3702		
H.CF.90.056	..T...T...G...A...G...-G...-A...T...TAC...G...-A...G...-C...-A...-A...-T...3549		
J.CD.97.J_97DC_KTB147	..T...T...A...GT-G...G...-G...GA...T...-A...G...-A...G...-C...-A...-A...-T...3669		
J.SE.93.SE7887	..T...T...G...G...C...G...-A...T...TAC...G...-A...G...-C...-A...-A...-T...3670		
J.SE.94.SE7022	..T...T...G...G...C...G...-A...T...TAC...G...-A...G...-C...-A...-A...-T...3552		
K.CD.97.EQTB11C	..T...T...G...G...C...G...-A...T...TAC...G...-A...G...-C...-A...-A...-T...3552		
K.CM.96.MP535	..G...G...C...G...-A...T...TAC...G...-A...G...-C...-A...-A...-T...3551		

Table with columns for sequence identifier, amino acid sequence (V, D, K, L, V, S, A, G, I, R, K, V, L, F, L, D, G, I, D, K, A, Q), and position number. The sequence is aligned to a reference HIV-1/SIVcpz Complete Genome. Key features include the Pol p66 RT, Pol p15 RNase H end, and Pol p31 Integrase start regions. The table contains approximately 100 rows of sequence data.

B.FR.83.HXB2
Pol

A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.NHI144
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.87.87MB025
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.PRB9520_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.04.04KBH8
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.EOIB11C
K.CM.96.MP535

Table with 48 columns (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. Each row corresponds to one of the sample IDs listed in the left column. The table shows the nucleotide sequence for each sample, with dashes indicating gaps or missing data. The sequences are aligned to a reference sequence, with the reference sequence shown at the top.

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.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.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.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

Table with 48 columns (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 data. The first row is the reference sequence: TTTTCTTTAAAATAGCA...GGAAGATGG...CCAGTAAAAACAATACACTGACAATGGCAGCAATTTCCACGGTCTACGGTTAGGGCCGCTTGTGGGGCGGAATCAAG...CAGGAATTTGGAATTCCTCAATCCCAAAGTCAAGGAGTAGTAGAATCT 4688

B.FR.83.HXB2
Pol

A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.KH1144
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.05.05CSR3
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.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.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.03.03GH175G
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

TAAAGAATTACAAAAAATTCACAAAAATTCAAAATTTTCGGGTTTATTACAGGGACAGCAGAAATCCACTTTGGAAAGGACCAGCAAAAGTCTCTGGAAAGGTGAAGGGCAGTAGTAATACAAGATAATAGTGACATAAAAAGTAGTGCCAAAGAAAGAAAGCAAGA	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 I Q D N S D I K V V P R R K A K	
.....-T-----A-----G-----A-----G-----G-----C-----AC-----T-----G-----A-----G-----A-----4212	
C-----C-----C-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----4227	
.....-T-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----4233	
.....-T-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----4224	
C-G-----C-----A-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----T-----G-----A-----G-----A-----4227	
-G-----T-----C-----A-----G-----G-----C-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----AC-----T-----G-----A-----4329	
.....-T-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----AC-----T-----G-----A-----T-----4230	
.....-C-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----G-----T-----G-----A-----C-----4217	
.....-C-----G-----A-----A-----G-----T-----G-----G-----C-----C-----A-----T-----G-----A-----4399	
.....-C-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4227	
.....-C-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----AC-----T-----G-----A-----4277	
.....-C-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----AC-----T-----G-----A-----T-----4044	
-G-----C-----C-----G-----T-----G-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----G-----T-----G-----A-----C-----4227	
A1.UZ.02.02UZ0659.....-T-----A-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----AC-----T-----G-----A-----4227	
A2.CD.97.97CDKS10.....TTT-----TG-----T-----A-----T-----G-----CA-----A-----A-----T-----G-----C-----G-----G-----A-----1145	
A2.CD.97.97CDKTB48.....-C-----T-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----G-----T-----G-----A-----4368	
A2.CY.94.94CY017_41.....-C-----G-----C-----T-----G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----G-----T-----G-----A-----4385	
B.AR.04.04AR151516.....-G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4250	
B.AU.87.MBC925.....-G-----A-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4039	
B.BO.99.BOL0122.....-C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4248	
B.BR.03.BREPM2012.....-C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4453	
B.CA.97.CANB3FULL.....-C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4317	
B.CN.05.05CNHB_hp3.....-G-----C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----5027	
B.CO.01.PCM001.....-G-----C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4233	
B.GB.83.CAM1.....-G-----C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----5030	
B.GB.86.GB8.....-G-----C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----5048	
B.GE.03.03GEMZ010.....-C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4233	
B.IT.05.SG1.....-C-----C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4830	
B.JP.05.DR6538.....-G-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----5032	
B.KR.05.05CSR3.....-G-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----5033	
B.NL.00.671_00T36.....-G-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4593	
B.RU.04.04RU128005.....-G-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4519	
B.TH.00.00TH_C3198.....-G-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4242	
B.UA.01.01UAKV167.....-C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4254	
B.US.04.ES10_53.....-C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----5037	
B.US.99.PRB9503_03.....-C-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----T-----G-----A-----4248	
C.AR.01.ARG4006.....-C-----T-----G-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----4212	
C.BR.04.04BR013.....-C-----T-----G-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----4492	
C.BW.00.00BW07621.....-G-----G-----T-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----4381	
C.CN.98.YNRL9840.....-C-----C-----CA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----4212	
C.ET.02.02ET_288.....-C-----C-----TT-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----4230	
C.GE.03.03GEMZ033.....-C-----C-----T-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----4209	
C.IL.99.99ET7.....-C-----C-----T-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----4209	
C.IN.99.01IN565_10.....-C-----C-----T-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----T-----A-----4409	
C.KE.00.KER2010.....-G-----C-----G-----T-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----A-----4209	
C.MM.99.mIDU101_3.....-G-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----CA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----A-----4379	
C.MW.93.93MW_965.....-G-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----4215	
C.SN.90.90SE_364.....-C-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----4197	
C.SO.89.89SM_145.....-C-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----4249	
C.TZ.02.CO178.....-C-----G-----T-----A-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----4209	
C.UY.01.TRA3011.....-C-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----4199	
C.YE.02.02YE511.....-C-----C-----T-----A-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----4203	
C.ZA.04.04ZASK164B1.....-C-----C-----T-----C-----C-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----4442	
C.ZA.05.05ZAPSK240B1.....-C-----C-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----4432	
C.ZM.02.02ZM108.....-C-----C-----T-----C-----C-----A-----A-----G-----C-----TA-----C-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----G-----G-----T-----A-----4997	
D.CD.83.ELI.....-G-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----4574	
D.CM.01.01CM_0009BBY.....-G-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----4227	
D.KE.01.NKU3006.....-G-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----4233	
D.KR.04.04KBH8.....-G-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----4987	
D.TD.99.MN011.....-G-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----4252	
D.TZ.01.A280.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----4229	
D.UG.99.99UGK09259.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----4233	
D.YE.01.01YE386.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----4227	
D.YE.02.02YE516.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----4239	
D.ZA.90.R1.....-G-----C-----C-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----G-----G-----C-----G-----G-----A-----T-----4374	
F1.AR.02.ARE933.....-G-----G-----T-----G-----C-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----4322	
F1.BE.93.VI850.....-G-----G-----T-----G-----C-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----G-----G-----4368	
F1.BR.01.01BR125.....-G-----G-----T-----G-----C-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----G-----G-----4473	
F1.ES.x.P1146.....-G-----G-----T-----G-----C-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----G-----G-----4305	
F1.FI.93.FIN9363.....-G-----G-----T-----G-----C-----A-----T-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----G-----G-----4357	
F2.CM.02.02CM_0016BBY.....-G-----CT-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----4218	
F2.CM.95.MP257.....-G-----CT-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----4237	
F2.CM.97.CM53657.....-G-----CT-----C-----T-----A-----G-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----T-----A-----4218	
G.BE.96.DRCBL.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----4985	
G.CM.01.01CM_4049HAN.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----4240	
G.CU.x.Cu74.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----G-----4632	
G.ES.00.X558.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----G-----4466	
G.ES.99.X138.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----G-----4469	
G.GH.03.03GH175G.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----G-----5068	
G.KE.93.HH18793_12_1.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----G-----4428	
G.NG.01.01NGPL0669.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----G-----4233	
G.PT.x.PT2695.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----G-----4970	
G.SE.93.SE6165.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----G-----4425	
H.BE.93.V1991.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----G-----4417	
H.BE.93.V1997.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----G-----4352	
H.CF.90.056.....-C-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----AC-----A-----A-----G-----G-----4375	
J.CD.97.J_97DC_KTB147.....-G-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----4222	
J.SE.93.SE7887.....-G-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----4342	
J.SE.94.SE7022.....-G-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----4343	
K.CD.97.EQTB11C.....-G-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----4220	
K.CM.96.MP535.....-G-----C-----C-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----G-----A-----4224	

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.96.96CMABB637
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.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS

Table with columns for amino acid positions (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) and corresponding nucleotide sequences (G, C, A, T) for each position across various HIV-1/SIVcpz strains.

	Vif start	Pol p31 integrase end		
B.FR.83.HXB2	TCATTAGGATTATGGAAACAGATGGCAGGTGATGATTGTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGATTAGAACATGGAAAGTTTAGTAAACACCATATGTATGTTTCAGGGAAAGCTAGGGGATGTTTATAGACATCACTATGAAAGCCCTCATCCAAGAAATAGTTC	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	4399
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.05.05CNMB_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.02.02YE511	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	4407
F2.CM.97.CM53657	4388
G.BE.96.DRCB1	5155
G.CM.01.01CM_4049HAN	4400
G.CU.x.Cu74	4802
G.ES.00.X558	4636
G.ES.99.X138	4639
G.GH.03.03GHI75G	5238
G.SE.93.HH8703_12_1	4598
G.NG.01.01NGPL0669	4403
G.PT.x.PT2695	5140
G.SE.93.SE6165	4595
H.BE.93.V1991	4587
H.BE.93.V1997	4522
H.CF.90.056	4545
J.CD.97.J_97DC_KTB147	4392
J.SE.93.SE7887	4520
J.SE.94.SE7022	4513
K.CD.97.EQTB11C	4390
K.CM.96.MP535	4394

	Vif start	Pol p31 integrase end	
B.FR.83.HXB2	TCATTAGGATTATGGAAACAGATGGCAGGTGATGATTGTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGATTAGAACATGGAAAGTTTGTAGTAAACACCATATGTATGTTTCAGGGAAGACTGGGGAGTGGTTTATAGACATCACTATGAAAGCCCTCATCCAAGAAATAAGTTC	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-----G-----T-----AG-----AG-----C-----4560		
01_AE.JP.93.93JP.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.02.01TH.7591	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----C-----AA-----AAAAG-----C-----T-----AG-----AG-----5297		
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-----T-----TAGG-----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-----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-----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-----CA-----T-----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-----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-----A-----AA-----AA-----A-----C-----TAGG-----C-----A-----G-----4564		
05_DF.BE.x.VII310	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----C-----T-----C-----AA-----ACA-----G-----T-----TAGAAA-----4580		
06_cpx.AU.96.BFP90	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----AA-----AAA-----AA-----C-----AA-----A-----5226		
06_cpx.RU.05.04RU001	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----AA-----AAAAT-----C-----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-----A-----C-----AA-----AAA-----T-----T-----AA-----A-----C-----4400		
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----A-----A-----AT-----C-----T-----AGA-----A-----4577		
11_cpx.GR.x.GR17	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----C-----AA-----AA-----G-----G-----C-----G-----T-----G-----AGG-----G-----C-----4500		
12_BF.AR.99.ARMA159	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----C-----GT-----C-----AA-----C-----AAA-----G-----T-----AGG-----G-----5203		
13_cpx.CM.96.1849	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----AT-----T-----C-----AA-----G-----AA-----G-----C-----AA-----A-----4603		
14_BG.DE.01.9196_01	T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----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-----T-----GGG-----A-----G-----4639		
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	T-----G-----G-----A-----T-----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-----C-----AA-----AA-----AT-----GC-----T-----ATAA-----G-----4561		
18_cpx.CU.99.CU76	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----T-----T-----C-----AA-----AAAAT-----T-----TAGA-----A-----G-----C-----4503		
19_cpx.CU.99.CU7	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----A-----C-----AA-----ACAA-----G-----T-----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-----T-----A-----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-----T-----A-----C-----AA-----AA-----AC-----G-----A-----T-----AGAA-----A-----G-----C-----4623		
25_cpx.CM.01.101BA	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----T-----A-----T-----C-----C-----AA-----AAAA-----C-----T-----AA-----C-----4406		
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----T-----T-----A-----A-----AA-----AA-----G-----G-----G-----C-----AA-----C-----4406		
28_BFBR.99.BREPM12609	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----A-----A-----A-----AA-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----4564		
29_BFBR.02.BREPM119	T-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----C-----AC-----A-----AA-----C-----AAA-----G-----T-----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-----C-----G-----T-----T-----A-----A-----C-----AA-----AA-----G-----G-----T-----T-----AA-----AGG-----4577		
34_01B.TH.99.OUR2478P	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----CA-----T-----T-----C-----AA-----AAAA-----C-----T-----T-----AG-----A-----G-----4400		
35_AD.AF.05.05AF095	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----A-----A-----AA-----A-----AA-----T-----G-----A-----AGG-----A-----G-----4391		
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	T-----G-----G-----A-----T-----C-----T-----G-----T-----C-----A-----TAAA-----C-----AA-----AT-----T-----AGA-----A-----G-----4403		
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----T-----C-----A-----A-----AA-----AA-----C-----AGGG-----G-----4388		
42_BFLU.03.luBF_05_03	T-----G-----G-----A-----T-----C-----C-----A-----A-----AA-----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-----G-----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-----A-----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.ANT170	T-----G-----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-----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-----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-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----ACA-----AAG-----G-----A-----GTG-----C-----CC-----G-----G-----T-----T-----AA-----CAGG-----TA-----A-----G-----CA-----AC-----AC-----C-----T-----MTCTAGAA-----G-----C-----4684		
O.CM.99.99CMU1122	T-----G-----G-----G-----A-----A-----AA-----G-----RCA-----AAG-----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-----G-----A-----C-----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-----G-----A-----A-----A-----G-----ACA-----AAG-----G-----A-----G-----C-----YC-----G-----T-----T-----AA-----CAGG-----TAA-----G-----C-----A-----AC-----A-----C-----T-----CTAGAA-----C-----4681		
O.FR.92.VAU	T-----G-----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-----G-----T-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----AGA-----GA-----T-----G-----A-----AT-----TC-----TCC-----G-----C-----A-----GG-----AGA-----TAAAGT-----CT-----AAACC-----AAG-----T-----ATGA-----C-----AG-----A-----G-----AGA-----4637		
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	T-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----G-----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-----G-----A-----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-----G-----A-----C-----A-----C-----GA-----A-----C-----A-----G-----C-----G-----T-----T-----C-----A-----C-----T-----G-----TGAA-----A-----G-----4753		
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	T-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----CA-----A-----A-----AG-----A-----C-----T-----CC-----G-----T-----C-----G-----TA-----C-----AAAT-----C-----C-----TG-----A-----A-----A-----4744		
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	T-----G-----G-----G-----A-----A-----A-----AG-----A-----C-----T-----G-----T-----T-----CAGA-----AA-----A-----AAAAT-----C-----C-----TG-----A-----CA-----C-----T-----G-----GGC-----4740		
CPZ.GA.88.GAB1	T-----G-----G-----G-----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-----G-----A-----AA-----G-----CA-----G-----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-----G-----A-----A-----A-----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
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.BREPM12609
29_BF.BR.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.96.96CMA104
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.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 representing nucleotide positions and rows for various HIV-1/SIVcpz strains. The first row shows the reference sequence: AGAAGTACACATCCCTAGGGGAT...GCTAGATTGGTAATAACAACATATTTGGGGTCTGCATACAGGAGAAAGAGACTGGCATTGGGTGAGGGAGTCTCCATAGAATGGAGAAAAAGAGATATAGCACACAAGTAGACCTGAACTAGCAGACCACTAATTC 5362. Subsequent rows show the sequence for each strain, with dashes indicating gaps or deletions. The rightmost column contains the corresponding strain identifier and a numerical value (e.g., 5311, 5372, 5387).

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	ATCTGTATTACTTTGACTGTTTTCAGACTCTGCTATAAGAAAGGCCCTTTATAGGACACATAGTAGCCCTAGGTGTGAATATCAAGCAGGCATAAAC...AAGGTAGGATCTCTACAATACTTGGCACTAGCAGCATTATAACACCAAAA...	514
A1.GE.99.99GEMZ011C-G	4698
A1.KE.00.KER2008C-G	4713
A1.HI.00.HI1144C-G	4719
A1.KE.00.KSM4024C-G	4710
A1.KE.00.MSA4069C-G	4713
A1.KE.00.NKU3005C-G	4713
A1.RU.00.RU00051C-G	4815
A1.RU.03.03RW_020_06_13C-G	4719
A1.RW.93.93RW_024C-G	4716
A1.SE.95.SE8891C-G	4703
A1.SE.95.UGSE8131C-G	4885
A1.TZ.01.A173C-G	4713
A1.UA.01.01UADN139C-G	4713
A1.UG.92.92UG037C-G	4988
A1.UG.99.99UGA07072C-G	4713
A1.UZ.02.02UZ0659C-G	4713
A2.CD.97.97CDKS10C-G	1631
A2.CD.97.97CDKTB48C-G	4854
A2.CY.94.94CY017_41C-G	4871
B.AR.04.04AR151516C-G	4736
B.AL.87.MB025C-G	5525
B.BO.99.BOL0122C-G	4734
B.BR.03.BREP2012C-G	4939
B.CA.97.CANB3FULLC-G	4803
B.CN.05.05CNBH_hp3C-G	5513
B.CO.01.PCM001C-G	4719
B.GB.83.CAM1C-G	5516
B.GB.86.GB8C-G	5534
B.GE.03.03GEMZ010C-G	4719
B.IT.05.SG1C-G	5316
B.JP.05.DR6538C-G	5518
B.KR.05.05KRS3C-G	5529
B.NL.00.671_00T36C-G	5079
B.RU.04.04RU128005C-G	5005
B.TH.00.00TH_C3198C-G	4728
B.UA.01.01UAUV167C-G	4740
B.US.04.ES10_53C-G	5523
B.US.99.PRB959_03C-G	4734
C.AR.01.ARG4006C-G	4698
C.BR.04.04BR013C-G	4978
C.BW.00.00BW07621C-G	4867
C.CN.98.YNRL9840C-G	4701
C.ET.02.02ET_288C-G	4716
C.GE.03.03GEMZ033C-G	4695
C.HI.99.99ET7C-G	4695
C.IN.99.01INS565_10C-G	4895
C.KE.00.KER2010C-G	4695
C.MM.99.mIDU101_3C-G	4868
C.MW.93.93MW_965C-G	4701
C.SN.90.90SE_364C-G	4683
C.SO.89.89SM_145C-G	4733
C.TZ.02.C0178C-G	4695
C.UY.01.TRA3011C-G	4685
C.YE.02.02YE511C-G	4689
C.ZA.04.04ZASK164B1C-G	4988
C.ZA.05.05ZAPSZ40B1C-G	4918
C.ZM.02.02ZM108C-G	5483
D.CD.83.ELIC-G	5060
D.CM.01.01CM_0009BBYC-G	4713
D.KE.01.NKU3006C-G	4719
D.KR.04.04KBH8C-G	5473
D.TD.99.MN011C-G	4738
D.TZ.01.A280C-G	4715
D.UG.99.99UGK09259C-G	4719
D.YE.01.01YE386C-G	4713
D.YE.02.02YE516C-G	4725
D.ZA.90.R1C-G	4863
F1.AR.02.ARE933C-G	4808
F1.BE.93.V1850C-G	4854
F1.BR.01.01BR125C-G	4959
F1.ES.x.P1146C-G	4791
F1.FI.93.FIN9363C-G	4843
F2.CM.02.02CM_0016BBYC-G	4707
F2.CM.95.MP257C-G	4726
F2.CM.97.CM53657C-G	4707
G.BE.96.DRCB1C-G	5471
G.CM.01.01CM_4049HANC-G	4716
G.CLU.x.Cu74C-G	5118
G.ES.00.X558C-G	4952
G.ES.99.X138C-G	4955
G.GH.03.03GH175GC-G	5554
G.KE.93.HH18793_12_1C-G	4844
G.NG.01.01NGPL0669C-G	4719
G.PTX.PT2695C-G	5456
G.SE.93.SE6165C-G	4911
H.BE.93.V1991C-G	4903
H.BE.93.V1997C-G	4838
H.CF.90.056C-G	4861
J.CD.97.J_97DC_KTB147C-G	4708
J.SE.93.SE7887C-G	4828
J.SE.94.SE7022C-G	4829
K.CD.97.EQTB11CC-G	4706
K.CM.96.MP535C-G	4710

B.FR.83.HXB2	ATCTGTATTACTTTGACTGTTTTTCAGACTCTGCTATAAGAAAGGCCCTTTATTAGGACACATAGTTAGCCCTAGGTGTGAATATCAAGCAGGCAGATAAC...AAGGTAGATCTCTACAATACTTGGCACTAGCAGCATTATAACACCAAAA...AAG 5514	
Vif	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	
01_AE.CF.90.90CF11697	---C-A-T-----	5463
01_AE.CN.05.F1051	---AAC-A-T-----	5524
01_AE.CN.06.F1054	---AC-A-T-----	5539
01_AE.HK.x.HK001	---AC-A-T-----	4876
01_AE.JP.93.93JP_NH1	---AC-A-T-----	5516
01_AE.TH.01.01TH_R2184	---AC-A-T-----	4714
01_AE.TH.02.OUR7691	---AC-A-T-----	4713
01_AE.TH.90.CM240	---AC-A-T-----	5089
01_AE.US.00.00US_MSC1164	---AC-A-T-----	4719
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	---C-C-C-T-----	4713
02_AG.EC.x.ECU41	---CT-C-T-----	4610
02_AG.FR.91.DJ264	---CT-C-T-----	4863
02_AG.GH.03.GHNJ196	---CT-C-T-----	5543
02_AG.NG.01.PL0710	---C-C-C-T-----	4698
02_AG.NG.x.IBNG	---C-C-C-T-----	5039
02_AG.SE.94.SE7812	---C-C-C-T-----	4886
02_AG.SN.98.MP1211	---C-C-C-T-----	4711
02_AG.UZ.02.02UZ710	---C-C-C-T-----	4704
03_AB.RU.97.KAL153_2	---C-C-C-T-----	4740
04_cpx.CY.94.CY032	---A-C-----	4880
05_DF.BE.x.VII310	---G-----	4896
06_cpx.AU.96.BFP90	---A-AC-----	5542
06_cpx.RU.05.04RU001	---A-C-----	5169
07_BC.CN.97.CNS4	---T-----	4879
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	---A-AC-----	4697
09_cpx.GH.96.96GH2911	---A-AC-----	4716
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	---A-C-----	4893
11_cpx.GR.x.GR17	---A-C-C-----	4816
12_BF.AR.99.ARMA159	---A-A-----	5519
13_cpx.CM.96.1849	---AC-C-----	4919
14_BG.DE.01.9196_01	---C-----	5031
14_BG.ES.99.X397	---C-C-T-----	4955
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	---AC-A-T-----	4910
16_A2D.KR.97.97KR004	---C-----	4877
18_cpx.CU.99.CU76	---C-----	4819
19_cpx.CU.99.CU7	---C-----	4740
20_BG.CU.03.CB471	---A-C-----	4954
21_A2D.KE.91.KNH1254	---C-----	4719
23_BG.CU.03.CB118	---AA-----	4957
24_BG.CU.03.CB378	---A-C-----	4939
25_cpx.CM.01.101BA	---A-C-----	4722
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	---AC-C-----	4722
28_BF.BR.99.BREPM12609	---TCAC-----	4880
29_BF.BR.02.BREPM119	---TCAC-----	4688
31_BC.BR.02.110PA	---A-C-----	4948
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	---AA-----	4893
34_01B.TH.99.OUR2478P	---AC-A-T-----	4716
35_AD.AF.05.05AF095	---C-----	4707
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	---C-C-----	4719
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	---C-----	4704
42_BFLU.03.luBF_05_03	---C-----	5052
N.CM.02.DJO0131	---T-----	5020
N.CM.04.04CM_1015_04	---T-----	5019
N.CM.04.04CM_1131_03	---T-----	5018
N.CM.95.YBF30	---TC-----	5108
N.CM.97.YBF106	---TGT-----	5106
O.BE.87.ANT70	---C-----	5569
O.CM.91.MVP5180	---C-----	5544
O.CM.96.96CMAAB637	---C-----	4998
O.CM.98.98CMA104	---T-----	5000
O.CM.99.99CMU4122	---AAC-----	4999
O.SN.99.SEMP1299	---A-A-----	5568
O.US.99.UUSTWLA	---C-C-----	4997
O.FR.92.VAU	---C-----	5080
CPZ.CD.90.ANT	---C-AA-----	4971
CPZ.CM.01.SIVcpzCAMA13	---CTCTA-----	5097
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	---CTCTA-----	5086
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	---T-A-----	5069
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66	---T-C-----	5069
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	---C-TC-----	5056
CPZ.GA.88.GAB1	---CTCTA-----	5578
CPZ.TZ.01.TANI	---CACTAG-----	5176
CPZ.US.85.CPZUS	---CPZ-----	5574

B.FR.83.HXB2
Vif

ATAAAGCCACCTTTGGCTAGTGTACGAACTGACAGAGGATAGATGGAACAAGCCCAAGCCAGAGACCAAGGGCCACAGAGGGGACCCACCAATGAATGGACACTAGAGCTTTAGAGAGGCTTAAAGAAAGAGCTTTAGACATTTTCTAGGATTGG. CTCCATGGCTT 5683
I K P P L P S V T K L T E D R W N K P Q K T K G H R G S H T M N G H *
M E Q A P E D Q G P Q R E P H N E W T L E L L E E L K N E A V R H F P R I W # L H G L

Table with columns for sequence identifiers (e.g., 01_AE.CF.90.CF11697, 02_AG.CM.02.CM_4082STN) and corresponding nucleotide alignments. The alignments are presented in a grid format with gaps represented by dashes. The table ends with a column of accession numbers ranging from 5632 to 5743.

B.FR.83.HXB2
Vpr (frameshifted)
Vpr exon 1
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.JP.93.93JP.NH1
02_AG.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.VII310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04RU001
07_BC.CN.97.CN54
08_BC.CN.97.97CN.GX_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.05.05MY.KL007_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.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

Table with columns for Vpr end, A S R S #, E P V D P # R L E P W K H P G S Q P K T A C T N C Y C K K C C F H C Q V C F I T K A L G I S Y G R K K R R . . . Q R R R, and Rev exon 1 start. The table contains multiple rows of sequence alignments for various HIV-1/SIVcpz strains, showing nucleotide differences and gaps relative to the reference sequence.

B.FR.83.HXB2
Tat exon 1
Vpu
Rev exon 1
A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.KNHI144
A1.KE.00.KSM4024
A1.KE.00.MSA4069
A1.KE.00.KK15085
A1.RU.00.RU00051
A1.RU.03.03RU20_06_13
A1.RW.93.93RW_024
A1.SE.95.SE8891
A1.SE.95.UGSE8131
A1.TZ.01.A175
A1.UA.01.01UADN139
A1.UG.92.92UG037
A1.UG.99.99UGA07072
A1.UZ.02.02UZ0659
A2.CD.97.97CDK510
A2.CD.97.97CDK1B48
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.05.05CN1B_hp3
B.CO.01.PCM001
B.GB.83.CAM1
B.GB.86.GB8
B.GE.03.03GEMZ010
B.HI.05.SG1
B.IP.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.PRB959_03
C.AR.01.ARG4006
C.BR.04.04BR013
C.BW.00.00BW07621
C.CN.98.YNRL9840
C.ET.02.02ET_2885
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.02.02YE146
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.04.04KRB8
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.FI.93.FIN9363
F2.CM.02.02CM_0016BBY
F2.CM.02.02CM_0016BBY
F2.CM.02.02CM_0016BBY
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.HH8793_12_1
G.NG.01.01NGPL0669
G.PT.x.PT2695
G.SE.93.SE6165
H.BE.93.V1991
H.BE.93.V1997
H.CE.90.90CE
I.CD.97.1.97CD_KTB147
J.SE.93.SE787
J.SE.94.SE7022
K.CD.97.EQTB11C
K.CM.96.MP535

Table with columns for sequence alignment (AAGA...), Tat Rev exon 1 end_intron start, Vpu start (ACG in HXB2), and HIV-1/SIVcpz Complete Genomes. The table contains multiple rows of nucleotide sequences and accession numbers.

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.VII310
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.SIVcpzLBT7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI1
CPZ.US.85.CPZUS

Tat Rev exon 1 end_intron start
Vpu start (ACG in HXB2)
AAGA.....GCTCATCAGAACAGCTCAGACTCATCAAGCTCTCTATCAAGACGATAA.....GTAGTACATGTAAACCGAACCTATACCAATAGTACCAATAGTACGATAGTACGCAATAAATAGCAATAGTTGTGGTCCATAGTA 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.90.90CF11697
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.VII310
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.SIVcpzLBT7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI1
CPZ.US.85.CPZUS

	ATCATAGAATATAGGAAATATTAAGCAA	AGAAAAATAGACAGGTTAATTGATAGACTAATAGAAAGACAGAGACAGTGGCAATGAGAGTGAAGGAG	Env start	AAATATCAGCACTTGTTG	AGATGGGGTGGG	6270
Vpu	I T E Y R K I L R Q	R K I D R L I D R L I E R A E D S G N E S E G	M R V K E	E I S A L L V	E M G V E	
Env						
A1.GE.99.99GEMZ011	GGT		A G A	G	G	5454
A1.KE.00.KER2008	GGT		G A G	A C G	G	5479
A1.KE.00.KNH1144	GGT		C G A	T G	C A T	5484
A1.KE.00.KSM4024	GGA		A G G C G A C	T G	A C A T	5487
A1.KE.00.MSA4069	GGT		A G T G C A	T G	A G C A T	5487
A1.KE.00.NKU3005	GGT		A T G C A G	T G	A C A G T	5472
A1.RU.00.RU00531	GGT		A T G C A G	A C G	A G A T	5471
A1.RU.03.03RU20_06_13	GGT		A T G C A	A C G	A A A	5744
A1.RW.93.93RW_024	GGA		A G G C A G	T G	A T A	5472
A1.SE.95.SE889T	GGT		A T G C A G	T G	A A A	5465
A1.SE.95.UGSE8131	GGGC		A T A A G	T G	A A A T	5621
A1.TZ.01.A173	GG		A G T G A	T G	A C A T	5470
A1.UA.01.01UADN139	GGT		A T G C G A	A C G	A A A	5469
A1.UG.92.92UG037	GGT		A T G C A G	T G	A T A G G T	6295
A1.UG.99.99UGA07072	GGT		A G T A G A G	T G	A A A	5476
A1.UZ.02.02UZ0659	GGT		T C A	T G	A A A	5469
A2.CD.97.97CDK510	T T		A G T A G A G	T G	A A A G	2389
A2.CD.97.97CDK1B48	T T		A G T A G A G	T G	A A A G	5616
A2.CY.94.94CY017_41	T		A G T A G A G	T G	A A A G	5633
B.AR.04.04AR151516	C T		T C A	T G	A A A G	5488
B.AU.87.MBC925			T C A	T G	A A A G	6277
B.BO.99.BOL0122	T		C	T G	A A A G	5489
B.BR.03.BREPM2012	C		G	T G	A A A G	5700
B.CA.97.CANB3FULL	GG		A G A T	T G	A A A G	5558
B.CN.05.05CNMB_hp3	GG T AC		A G A T	T G	A A A G	6271
B.CO.01.PCM001	GG T		A T	T G	A A A G	5468
B.GB.83.CAM1	T		A G	T G	A A A G	6268
B.GB.86.GB8	T		A A A	T G	A A A G	6279
B.GE.03.GEMZ010	T T		A G G A	T G	A A A G	5471
B.IT.05.SG1	T A		A G G A	T G	A A A G	6075
B.JP.05.DR6538	T		C	T G	A A A G	6276
B.KR.05.05CSR3	T T		A G G	T G	A A A G	6291
B.NL.00.671_00T36	T		A G	T G	A A A G	5831
B.RU.04.04RU128005	T A		AA MT	T G	A A A G	5757
B.TH.00.00TH_C3198	T		A G	T G	A A A G	5480
B.UA.01.01UAKV167	T A		A G	T G	A A A G	5504
B.US.ES10_53	T		AT	T G	A A A G	6290
B.US.99.PRB959_03	T		A G	T G	A A A G	5486
C.AR.01.ARG4006	TAT		T G G	T G	A A A G	5458
C.BR.04.04BR013	TAT		T G G	T G	A A A G	5752
C.BW.00.00BW07621	TAT		G T G A	T G	A A A G	5641
C.CN.98.YNRL9840	TAT		G T G G	T G	A A A G	5453
C.ET.02.02ET_288	TAT		A T G	T G	A A A G	5490
C.GE.03.03GEMZ033	TAT		A T G G	T G	A A A G	5468
C.IL.99.99E17	TAT		T G	T G	A A A G	5463
C.IN.99.01IN565_10	TAT		G T G G	T G	A A A G	5650
C.KE.00.KER2010	TAT		T G	T G	A A A G	5459
C.MM.99.mIDU101_3	TAT		T G G A	T G	A A A G	5620
C.MW.93.93MW_965	TAT		T G G	T G	A A A G	5475
C.SN.90.90SE_364	TAT		T G G	T G	A A A G	5457
C.SO.89.89SM_145	TAT		T G	T G	A A A G	5499
C.TZ.02.CO178	TATT		T G G	T G	A A A G	5453
C.UY.01.TRA3011	TAT		A T G G	T G	A A A G	5459
C.YE.02.02YE511	TAT		T G G T	T G	A A A G	5462
C.ZA.04.04ZAK164B1	TATC		A G G	T G	A A A G	5693
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	TAT		T G	T G	A A A G	5692
C.ZM.02.02ZM108	TATC		A T G G	T G	A A A G	6256
D.CD.83.ELJ	T		A G G A A A G	T G	A A A G	5812
D.CM.01.01CM_0009BBY	TA		G A A G G	T G	A A A G	5465
D.KE.01.NKU3006	T A		G A A G G C A G G	T G	A A A G	5471
D.KR.04.04KBH8	T		G G C T G T G A G A G	T G	A A A G	6222
D.TD.99.MNO11	TA		G A A G G	T G	A A A G	5490
D.TZ.01.A280	TA		G A A A G	T G	A A A G	5467
D.UG.99.99UGK09259	T		G G A G G A G G	T G	A A A G	5471
D.YE.01.01YE386	T		G G A G T A G G	T G	A A A G	5465
D.YE.02.02YE516	TA		G A G G G	T G	A A A G	5477
D.ZA.90.R1	T		G A G A G	T G	A A A G	5615
F1.AR.02.ARE933	TAT		AA C G G G	T G	A A A G	5570
F1.BE.93.V1850	TAT		A C G G G	T G	A A A G	5616
F1.BR.01.01BR125	TAT		C G G G	T G	A A A G	5721
F1.ES.x.P1146	TAT		G G G	T G	A A A G	5559
F1.FI.93.FIN9363	T T		A G C G G	T G	A A A G	5605
F2.CM.02.02CM_0016BBY	TAT		A C A G G	T G	A A A G	5459
F2.CM.95.MP257	TAT		A G A T A	T G	A A A G	5678
F2.CM.97.CM53657	TAT		A G C G G	T G	A A A G	5459
G.BE.96.DRCB1	T T		A A G A G	T G	A A A G	6233
G.CM.01.01CM_4049HAN	T T		G A A G A G	T G	A A A G	5477
G.CU.x.Cu74	T T		C A G A G A G	T G	A A A G	5880
G.ES.00.X558	T T		C A G A G A G	T G	A A A G	5714
G.ES.99.X138	T T		C A G A G A G	T G	A A A G	5717
G.GH.03.03GH175G	T T		C A G A G A G	T G	A A A G	6316
G.GE.93.HH8793_12_1	C T G C		A G A G A G	T G	A A A G	5676
G.NG.01.01NGPLD669	T T		C A G A G A G	T G	A A A G	5481
G.PT.x.PT2695	T T		C A G A G A G	T G	A A A G	6218
G.SE.93.SE6165	T T		G A G A G A G	T G	A A A G	5673
H.BE.93.V1991	TAT		C G A G G	T G	A A A G	5648
H.BE.93.V1997	TAT		GT GG AG	T G	A A A G	5575
H.CF.90.056	TAT		AA T GG G	T G	A A A G	5610
J.CD.97.J_97DC_KTB147	T T		A G G G G	T G	A A A G	5470
J.SE.93.SE787	TAT		A C G	T G	A A A G	5389
J.SE.94.SE7022	TAT		A C G	T G	A A A G	5390
K.CD.97.EQTB11C	TATC		A G G G	T G	A A A G	5465
K.CM.96.MP535	TAT		T G G A	T G	A A A G	5469

	Vpu end	Env signal peptide end	Env gp120 start
B.FR.83.HXB2	GATGGGGCACCCTGCTCCTTGGGTGTTGATG ATCTGTAGTGTACTACAGAAAAA TTGTGGGTCACAGCTATATTGGGGTACTGTGTGGAAGGAAACCAACCACCTCTATTTTGTGCATCAGATGCTAAGAATATGATACAGAGGTCACATAATGTT 6428		
Vpu	M G H A P W D	L C S A T E K	L W V T V Y Y G V P V W K E A T T T L F C A S D A K A Y D T E V H N V
Env	R W G T M L L G M L M		
A1.GE.99.99GEMZ011	G---A-T-T-T-T-A-A-A	---G-AG-G-C-C	---T-G-A-C
A1.KE.00.KER2008	---A-T-A-T-G	---C-A-	---T-GAG-CT-C
A1.KE.00.KNH1144	---A-T-A-T-G-AT-A-A-A	---G-A-A	---T-GAG-CT-A-A-AAA
A1.KE.00.KSM4024	---A-TT-A-AT-G-AA-A-A	---T-A-C-C	---A-T-GAG-CT-A-A-AAAG
A1.KE.00.MSA4069	---C-G-TT-G-T-G-AA-A-A	---G-A-G	---A-T-GAG-CT-A-A-AAAG
A1.KE.00.NKU3005	---G---A-T-T-G-A-A-A-A	---G---G-	---T-TA-C
A1.RU.00.RU00051	---G---A-G---TT-T-A-A-A	---G-AG-G-C	---C---G-A-C
A1.RU.03.03RU20_06_13	---G---A-Y---TT-T-R-A-A-A	---G-AG-CG-C	---G-A-C
A1.RW.93.93RW_024	A---A-T-T-A-T-G-AA-A-A	---T-GT-C	---T-T-C
A1.SE.95.SE8891	---A-T-A-T-G-AA-A-A	---T-G-C	---T-T-C
A1.SE.95.UGSE8131	AC---G-TT-A-T-G-AA-A-A	---A-G-C	---T-T-T-C
A1.TZ.01.A172	---A-T-A-T-G-AT-AA-A-A	---G-C-C	---A-T-GAG-CT-G
A1.UA.01.01UADN139	---G---A-T---T---T---A-A-A	---G-AG-G	---G-A-C
A1.UG.92.92UG037	C---G-TT-A-T-G-AA-A-A	---T-A-A-G	---T-T-C
A1.UG.99.99UGA07072	---T-T-A-T-G-AA-A-A	---T-A-G	---T-T-C
A1.UZ.02.02UZ0659	---G---A-T---T---T---A-A-A	---G-AG-G	---G-A-C
A2.CD.97.97CDKS10	A---A-T-T-AA-TT-G-C-A-A	---T-AG-G	---G-A-C
A2.CD.97.97CDKTB48	A---A-T-G-T-G-TT-T-A-A	---G-AA-G	---G-A-C
A2.CY.94.94CY017_41	---G---T-T-A-TT-G-AA-A	---G-AA-G	---T-GAT-TC
B.AR.04.04AR151516	---	---ACC-	---G-
B.AU.87.MBC925	---	---	---
B.BO.99.BOL0122	---GA-CAC-TG	---	---
B.BR.03.BREPM2012	---	---	---
B.CA.97.CANB3FULL	---	---ATG	---
B.CN.05.05CNWB_hp3	---	---	---
B.CO.01.PCM001	---	---	---
B.GB.83.CAM1	---	---	---
B.GB.86.GB8	---	---	---
B.GE.03.03GEMZ010	---	---	---
B.IT.05.SG1	---	---	---
B.MD.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.PRB959_03	A-GA---T-T	---	---
C.AR.01.ARG4006	T---T-T-AGG-T-T-C	---M---	---
C.BR.04.04BR013	T---A-T-T-AGG-T-T	---CC---	---
C.BW.00.00BW07621	T---T-T-T-AGG-T-T	---C-A-	---
C.CN.98.YNRL9840	T---A-T-T-AGG-T-T	---	---
C.GL.02.02GL_288	T---ACT-T-AGG-T-T	---	---
C.GE.03.03GEMZ033	T---A-T-T-AGG-T-T	---C-C	---
C.LL.99.99LE17	T---A-T-T-AGG-T-T	---C-A-	---
C.IN.99.01IN565_10	T---A-T-T-AGG-T-T	---A---	---
C.KE.00.KER2010	T---T-T-AGG-TC-T	---A-	---
C.MM.99.mIDU101_3	T---GT-T-AGG-T-T	---A-	---
C.MW.93.93MW_965	T---T-T-AGG-T-T	---G-	---
C.SN.90.90SE_364	T---T-T-AGG-T-T	---C-AT	---
C.SO.89.89SM_145	T---T-T-AGG-T-T	---A-	---
C.TZ.02.CO178	T---A-T-T-AGG-T-T	---A-	---
C.UY.01.TRA3011	T---T-T-GG-T-T	---C-A-	---
C.YE.02.02YE511	T---T-T-AGG-T-T	---A-	---
C.ZA.04.04ZAPSK64B1	T---G-T-AGG-G-T-T	---A-	---
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	T---A-T-T-AGG-T-T	---T-A-A-A	---
C.ZM.02.02ZM108	C---T-T-AGG-T-T	---C-A-	---
D.CD.83.ELJ	A---T---	---	---
D.CM.01.01CM_0009BBY	A---A---T---	---ATA-CA-A	---
D.KE.01.NKU3006	A---A---T---	---	---
D.KR.04.04KBH8	A---A---C---	---	---
D.TD.99.MNO11	C---C---	---	---
D.TZ.01.A280	---	---	---
D.UG.99.99UGK09259	A---T---	---	---
D.YE.01.01YE386	---	---	---
D.YE.02.02YE516	A---T-GC---	---	---
D.ZA.90.R1	A---A-T-G	---	---
F1.AR.02.ARE933	A---C-TT-AT	---	---
F1.BE.93.VI850	A---C-TT-AT	---	---
F1.BR.01.01BR125	A---C-TT-AT	---	---
F1.ES.x.P1146	AG---CTTT-AT	---	---
F1.FI.93.FIN9363	A---C-TTT-AT	---	---
F2.CM.02.02CM_0016BBY	AG---TTTT-AT	---	---
F2.CM.95.MP25	A---G-TT-AT	---	---
F2.CM.97.CM53657	A---C-TTT-AT	---	---
G.BE.96.DRCBI	AC---G-TTT-A	---	---
G.CM.01.01CM_4049HAN	A---A-TT-A	---	---
G.CU.x.Cu74	A---G-TT-A	---	---
G.ES.00.X558	A---G-TTT-A	---	---
G.ES.99.X138	A---G-TTT-A	---	---
G.GH.03.03GH175G	A---G-TT-A	---	---
G.GK.93.HI813_12_1	A---G-TT-AT	---	---
G.NG.01.01NGPLD669	C---T---TT-A	---	---
G.PT.x.PT2695	A---G-TT-A	---	---
G.SE.93.SE6165	A---G-TT-A	---	---
H.BE.93.V1991	---	---	---
H.BE.93.V1997	---	---	---
H.CF.90.056	---	---	---
J.CD.97.J97DC_KTB147	A---CT---AT	---	---
J.SE.93.SE787	---	---	---
J.SE.94.SE7022	---	---	---
K.CD.97.EQTB11C	A-C---	---	---
K.CM.96.MP535	AC---	---	---

Vpu end Env signal peptide end Env gp120 start

B.FR.83.HXB2
Vpu
Env
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.IBN9
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.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKYL007_1
34_01B.TH.99.09R2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU26
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.SIVcpzCAME13
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

GATGGGGCCACCTGCTCTGGGATGTTGATG...ATCTGTAGTGCTACAGAAAA...TTGTGGGTACAGCTATTATGGGGTACTGTGTGGAAGAAACAACCACCTCTATTTTGTGCATCAGTCTAAAGCATATGATACAGAGGTACATAATGTT 6428
M G H A P W D V D L S * A T E K . L W V T V Y Y G V P V W K E A T T T L F C A S D A K A Y D T E V H N V
AG---G---TT---A---T---G---A---T---T---A---CT---C---CC---T---T---T---T---GA---T---GAT---C---C---C---A---G---C---C---6377
A---G---T---A---T---T---G---A---T---T---A---CT---C---C---T---T---T---T---A---T---GAT---C---G---C---A---G---A---G---C---6431
A---G---T---A---T---T---G---A---T---T---A---CT---C---C---T---T---T---T---A---T---GA---C---C---C---G---C---G---A---G---A---G---C---6452
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.IBN9
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.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MYKYL007_1
34_01B.TH.99.09R2478P
35_AD.AF.05.05AF095
36_cpx.CM.00.00CMNYU830
37_cpx.CM.00.00CMNYU26
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.SIVcpzCAME13
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

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.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.96.96CMABB637
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.TANI1
CPZ.US.85.CPZUS

Table with 20 columns (W-A) and 1000+ rows of sequence alignments. Each row corresponds to a specific HIV-1/SIVcpz isolate. The columns represent nucleotide positions, and the rows show the sequence at those positions for each isolate, with dashes indicating gaps or missing data.

B.FR.83.HXB2
Env
A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER0008
A1.KE.00.G.H1144
A1.KE.00.KSM4024
A1.KE.00.MSA4069
A1.KE.00.NKU3005
A1.RU.00.RU0005
A1.RU.03.03R20_06_13
A1.RW.93.93RW_024
A1.SE.95.SE889J
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.97.97CDKT848
A2.CY.94.94CY017_41
B.AR.04.04AR151516
B.AG.87.87MBC925
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.IN.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.KM.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.E5.X.P1146
F1.F1.93.FIN9363
F2.CM.02.02CM_0016BBY
F2.CM.95.MP257
F2.CM.97.CM53657
G.BE.96.DRCB1
G.CM.01.01CM_4049HAN
G.GLU.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.EOTB11C
K.CM.96.MP535

Table with columns for sequence alignment (P, L, C, V, S, #, L, K, C, T, D, L, K, N, D) and corresponding nucleotide sequences. Includes a V1 loop start marker and a reference sequence at the top right.

ACTAATACCAATAGTAGTCGGGAGAATGATAATGGAGAA 6676
T N T N S S S G R M I M E K
-GCTC-A--C--CGTTAAC--ACGAT-GCAT-GT 5860
AACACCAAGCTCAAT-C-GC-GTGGCC-CC-C-CTGCT-CTG-C-ACA-TG- 5900
ACAGATGTT-G-GG--G-GGG-C-AC-T-AC-TC--A-GA-T- 5902
-G--GTC-AC-T-ACA--GAAGAGGAA--A-T 5887
-ATGCC-CAG-G-A-T-GAC-AC-GC-CAAT-G 5887
ACCAATGCCAAC-ACTG--C-GCC-AC--A-C-TC-C-ATGACAT-GC 5890
AGCTCT-AC-C-AT-GCGT-AC--AAC--GGGA-GT-TT 5974
-A-TC-AC-CTAG-T-ACAT-G 6701
TC-GTC-CTAAT-TC-C-GTGACAT-GC 5859
AC-CC-A-GC-CG--GC-AACCTC-C-GAT-GC-T- 6027
ACTGACAGTGACAA-C-G-C-ATGCC-CC-A-TC-ACC-TC-C-GGGAAT--T 5891
ACTTTAAATTG-C-G-ATCC-ACT-C-CTAATCT-AC-GC-GCTT-T 5884
-A-TC-AC-CTAG-T-ACAT-G 6701
AATTTA--GT--C-CC-C-GT-ATC-CCGAGGACAT-- 5888
AGCTCT-AC-C-GT-GGT-AC--AAC-C-GGAT-GTTT-TT 5881
-G-CC-A--C-CTA-CGCCCT-GC--GCC 2786
CCCAT-GC-A--C-TA-C-CCA--GCCCAT-- 6033
GCTACT-A-G--GA-TC-AC-ATA-T-TT-GG-C-AT-G- 5897
GCTACTAATACCCTAGTAGT-CGG-G-AGTG-TGGAG-AG-AGA--AT-ATAGT-C 6704
CT-CC-A-GATA-C-GTG-GA-GATAT-- 6127
-C-A--A-GA--GG--G- 5964
ATAAC-T-GT-C-CA-- 6671
G-G-G-A-T-TGG-C-A--C 5865
AGGACC-A-G-GTG-T-GGAC-GA-GA-GGAGA-A-A-T- 6880
-C-A-C-AT-AT-GT--GG 6673
-CA-CC-ATA-T-T-AT-GTTG-A-AG- 5865
AGCACTGAGACT-A--GA-C-A-CC-TACC-CT-GTG-CCA-T-G 6694
ACTACT--GG-C-TC-AGT-GAATG-TGAT-AT-GCACT-T 6903
AGTTCCAATAAT-T-C-GGTTCC-A-A-ATA-T-ATT-GA-CA-AT-GC 6249
CGGA--C-C-ATAAT-T-CA--G- 6163
-AT-G--CG-C-AAT-T-GT-G-A-G-GG 5880
GTCACTAATACCAATGGTACCATTACCAGT-A-G--A-G-CTA-TT-GGAATC--GG 5940
-C-C-CTA-CTG-C-ATAT--C 6672
C-C-TAECT-GGA-AG--GC 5883
ATT-GCRGA-T-T--C-A-GATACC-TTC-TGATGACT-- 5867
ATTATTGGCTAC--A-C-A-C-T-AATAC-ATGA-CC--GT 6167
CC-ATG-TACT-- 6020
GC-G-ATGG--CCTAC-ATAT-TCCAC-ATGA-ACCT- 5859
AGTAATTCTAATGTTACCAGTAATC-GTT-CC--TCTACTGATGCC-GT-AA-TT-T 5917
GT-CC-A-GC-AAATT-AT-GT-CTCC-TAGG 5865
GTT-C--A-GTACC-TC-AT-GAAT-ACCT- 5863
-GT--CTCGAAT--TGAT-GAC-ATAC-T- 6047
GCTACCAGCAATAGC--GGG-CAG-C-A-GATACCTACGA-ATGACAT-C 5880
AACGACTACTGGTAGAAATGTT-GC-G-AT-T-CTCCT-TGG-A-CT- 6047
AT-G--C-GTAAATGTC-ATGAT-CCAT-T- 5875
A-A-GC-ACC-T-ATGAT-ACCT- 5851
G-GT-G-C-AT-TT-CC-GT-ATGACA-T- 5902
GCTACCATTAGAGAGTA-GT-G-CT-GAAC-AT-CT-CC-TGG-ATT-T-G 5874
GA-C-AA-A-AACCACTGTGAT-ACAT-- 5856
GTT-CC-A-GA-GTACCCT-ATGAT-CCAT-G- 5865
GTTACCAGAATAATACCAGTAATGGTACT--CCC-T-G-C-C-CT-CCCC-AT--C 6129
-AT-GCATG- 6041
ACCAGTAGTGTTAAAGAG-A-CC--C-A-GC-T-TTT-AC-A-C-GAAATA- 6680
-ATGGC-C-TGG-GAAC-ATG-C-CT-CA--G- 6212
GC-C-GAG-CT-AATTG-AC-AC-GCAGC-C 5865
ACTACTCTCAAACCTTCAATGAGACCATGAAAATGAGACCATGAAAATGAG-C-TG-A-ACCTC-AT-AC-CC-A-A-ACCTC- 5928
ACT-TC-AC-AC-ACAGC-C 6607
AACAGTGGG--GGG-C-AC-GC-CT-ATCCCTGCC-T-T-A-- 5879
GATGCCAGC-A--G-ATGCC-C-A-ATACT-T-ATG-C-CTA-TG- 5886
AATACC--G-GG--A-CC-CTAAT-AT-C-CT-AT--G- 5877
CA-TAGAC-AC-AC-GCACA-G 5868
TCCG-G--ACC-CC-CTGAG-A-CCA-C 6027
CG-CA-A-AAC-CCC-GCGGAT--CC 5964
GTCAGGAA--CC 5995
CAA-AC-GC--CTG-AGGAAG-A-ACGCC--AGGAA--CC 6127
GAGCAA-A-C-CCC--AGGAA--G- 5974
AATGAC-C-CT-TC-GACCAA--A-T-CCC--AGGAA--ACC 6011
GCT-A--CAGCC-ATAAC-TC-CCC-GGAA--C 5868
GTCACCT-TC-AT--CC-CTTG-CTCCT-ATG-T-CCATCTC 5890
ATCACT-A-GGG-A-GC-CCCTGGATAAC-TC-CCC-GGAA--AC- 5871
TACTC-G-AT-C-CT--G- 6618
ACTAATGG-C-TAG--A--C-ATAAT-TC-C-GAAT-GT-- 5889
-A-GC-C-G-G-AAATT-CTCTG-GGAAA-AGG 6280
-C-GTA-C-AAC-AT-AC-CTG-A-C- 6111
GC-T--AA-CAGA-AAC-T-GC-CTG-A-C- 6120
AATTGTACTAGAAAGCATCCCAATGGC-C-GTGG-TAC-A--ACTGTGGAT-AC-GTAGCTG 6746
CAGTA-CC-ACGAA-GCG-AGTGC 6067
TGTACTAAG-AC-C-A-C-G-G-C-GAATGT-CTGT-ATA-G- 5886
-G-C-C-GTG-T-T-CTGGGGT-C-G 6702
GGCAACAAAAGAAATAGGACTGA--G-C-GAA-CC-A-AAT-C-CTG-GGATA-CCC 6103
AATGTA-A-A-GT--AC--CA-AT-TC-AT--GGA--T 6060
GATACT-AC-G-G-GC-C-GTC-AT-CC-CT-GC-GTCTTCAGC 5987
CCTC-AC--ACT-C-GT--GGA-CAGG 6007
CC-C--CCTA-TCCT-CT-C-CTA-TCC 5888
CA-C--TAAC-T-GT--GTAGTCC 5989
-A-G-AG--A--TA-TGC-GC-AC-ATAGTCC 5996
CGTACCAATGCA-A--G-A-G--CC-A--T-AATGC-CTG-G-CATCA-C 5883
-G-CC-A-A-GCAACT-C-CTG-GG-AAGCC 5872

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.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS

V1 loop start
CACTCTGTGTTAGT.TTAAAGTGCACCTGATTGAAGAATGAT.....ACTAATACCAATAGTAGTCGGGAGAATGATAATGGAGAA 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 -AGG -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 -CC -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 -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 - 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 -A -G -CA -CT -C -AC -A -TACC -ATGGC -CTG -ATT - 6031
-T -C -C -C -C -C -T -T -G -CA -T -G -CA TCCACTG -C -T -C -CC -ACTC -ACT -CCC -A -GAA -C 6070
-T -C -C -C -CA -T -A -GCT -CATTG -A AACAAAACTTAGGTAACAAATAGTACTAAT -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 - 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 -C -CAA -A -AAC -CCC -GAGGAA -CC 6689
13_cpx.CM.96.1849 -GC -C -TC -ATA -C -C -C -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 GCTAACAAAACTAATGCTAACCAACTAATG -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 AACGTGTCT -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 -CAGACC -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 -AA -CA -CCT -T -A -ATGA -ACA -T 6699
O.CM.91.MVP5180 ICT -A -ACAA -A -G -C -TGTA -C -C -A -CAA ACAAGTAATAATACAC -A -GA -T -C -GCA -CAA -T -C -CAGGG -A -G 6180
O.CM.96.96CMABB637 TC -G -ACAA -A -G -T -T -A -G -C -TGCAACC ACAAGTAATAATACAC -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 -AA -CG -A -CG -CAACA -AATTAT -A -C -AT -GCTCC -TA -ACA -ACGCA -C -GC -GTCAG - 6741
O.SN.99.SEMP1299 TCT -A -GCAA -A -G -C -T -A -G -A -AG -CA ACAACA -AC -CA -A -CCGA -AG -CAACA -ACCCAGGAA - 6170
O.US.99.99USTWLA TCT -G -ACAA -A -G -T -T -A -A -C -A -AG -T -T -CC -CA -AC -TCCCTT -ACTC -ACA -T -C 6244
O.FR.92.VAU TCT -G -ACAA -A -G -T -T -A -A -C -A -AG -CCTACAACACCAAGTACAACA -G -CAGTA -CACCA -AG -CAACA -C -CCA -G -A -TG 6123
CPZ.CD.90.ANT -TT -A -A -CA -A -G -A -T -G -A -CG -T -CT -GACA AATAGCACTAGCAACTCAACAATAACCTT -CCTC -AG -C -A -T -AG -ATGA -CT -GAGT 6284
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13 -T -A -A -CC -C -TCA -T -GCTCA -G -G -G -TG -AC -ATA -TGTT -ACCA -CAA -CC 6210
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505 -T -T -C -C -T -G -ATCCCT -ATT -A -TCT -C -T -AT -GCTCT - 6223
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7 -TT -G -ACAA -A -G -T -T -AA -CG -A -CG -CAACA AAAGAAAAATGGCAACACCAACCACTGCACTGTTCAAATAGC -GG -ATG -C -GCTAAT -AT -T -CG -T -GC - 6300
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66 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 AATAAAACCTGAATGGGCAACA -A -CCTA -CACCA -CAGTAAATTTG -GTCT -ACCT - 6320
CPZ.TZ.01.TANI -T -T -CA -A -AG -A -G -CA -T -AATGACT -T -CCACA AATAAAACCTGAATGGGCAACA -A -CCTA -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 -ATTACT -C 6726

	V1 loop end_	V2 loop start		
B.FR.83.HXB2	AGGAGAGATAAAAACCTGCTCTTTCAATATCAGCACAAAGCATAAAGAGGTAAGGTCGACAAAGAATATGCATTTTTTATAAAGCTGATATAATACCAATAGATAAT			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-G	C-G-C-GAAC	A-AAG-A-CT-T	G-G-G-CT-G-T
A1.KE.00.KER2008	CA-T-C-G	G-C-GAAC	G-A-AAA	ATG-T-C-C
A1.KE.00.KNH1144	G-A-A	G-C-GAAT	A-AAG-A-CT-T	G-G-T-A-C-G
A1.KE.00.KSM4024	-AA-A-CT	-T-T-G-C	-GAAC-G-A	-AAGA-T-A-T-C
A1.KE.00.MSA4069	G-A-AG	-A-G-C-G	-GAG-T-G-A	-AGAA-G-C-T-C
A1.KE.00.NKU3005	-A-A	-G-C-GAAC	G-A-AAA	T-T-C-C
A1.RU.00.RU0005	T-A-A-G	-G-C-GAAT	A-G-AAAAG-A	G-T-C-T-C
A1.RU.03.03R720_06_13	A-T-A-G	-A-C-G	-GAG-A-CT-T	C-T-C-G
A1.RW.93.93RW_024	G-A-A-C	-G-C-GAAC	G-A-ACAA	T-C-T-C
A1.SE.95.SE8891	-A-A-G	-G-C-GAA	G-A-AG	T-C-T-C
A1.SE.95.UGSE8131	-A-G-G	-T-C-GAAC	G-A-AAAA	T-CT-C
A1.TZ.01.A173	T-A-A	-A-C-GAA	G-AC-AAA	T-T-C
A1.UA.01.01UADN139	T-A-A-G-G	-C-G-CA	GAAT-A-A-A	A-T-C-T-C
A1.UG.99.92UG037	-A-A	-G-C-GAAT	G-A-AG	G-T-T-C
A1.UG.99.99UGA07072	-A-A	-G-C-GAAT	G-A-AG	-ATGC-T-GC
A1.UZ.02.02UZ0659	TAA-A-G	-A-C-G	-GAAC-A-AAG-A-CT-T	C-T-C
A2.CD.97.97CDKS10	T-A-A	-T-T-G-T-C	GAAG-A-AAA	TC-C-G
A2.CD.97.97CDKTB48	T-A-A	-A-GCC	GAAC-A-AACA	TC-T-C-G
A2.CY.94.94CY017_41	T-A-A	-A-GTC	TAC-A-ACA	-A-TT-T-C-G
B.AR.04.04AR151516	G-C-A	-T-T-G	-GA-AA-A-GA	-Y-C-A-GC
B.AU.87.MBC925	-A	-G-C	-GA-AA-A-GA	-Y-C-A-GC
B.BO.99.BOL0122	T-T-G	-G-TG	-G-AG-A-AA	-AA-C-C
B.BR.03.BREP2012	G-A-A	-C-G	-A-A-A-A	-C-C-A-G
B.CA.97.CANB3FULL	-A	-G-C	-A-G-A-A-T	-C-C
B.CN.05.05CNHB_hp3	-A	-C-G	-AC-A-A	-G-C-C
B.CO.01.PCM001	-A-A	-G-C	-GAAC-A-A	-A-C-AC
B.GB.83.CAM1	-A	-G-C	-GAAC-A-A	-A-C-AC
B.GB.86.GB8	-A-G	-G-C	-G-A-A	-A-C
B.GE.03.03GEMZ010	G-TG-A-G	-T-G-C	-AC-A-G	-AAA-C-C
B.IT.05.SG1	-A-G	-G-C	-AC-A-G	-AAA-C-C
B.JP.05.DR6538	-A-CCA-G	-A-G	-G-C	-A-TACA
B.KR.05.05CSR3	-A	-G-C	-G-T-A	-A-G
B.NL.00.671_00T36	-A-A-GT	-A-A-CT	-G-C	-A-AA-AGA-G
B.RU.04.04RU128005	-A-A	-A-CT	-A-AA-AA	-AA-G-T
B.TH.00.00TH_C3198	-A-G-G	-G-C	-A-G-C	-A-C
B.UA.01.01UAKV167	-A-G-T	-G-C	-G-AA-G-AA	-A-G-T
B.US.04.ES10_53	G-A	-A-G	-C-G	-A-A-C
B.US.99.PRB959_03	-A	-G-C	-C-G	-A-A-C
C.AR.01.ARG4006	G-A	-T-T	-G-C	GAAC-A-CAAA
C.BR.04.04BR013	G-C	-A-T	-G-C	GAAC-A-AAAAG
C.BW.00.00BW07621	T-CT-CTAT	-T-T	-A-C	GAAC-A-AGAA
C.CN.98.YNRL9840	CAAG-A-G	-T-GCA	-GTAG-GA	-G-AA-TGC
C.ET.02.02ET_288	T-C-A-G	-T-A-C	-GAAG-A	-AACCA-C
C.GE.03.03GEMZ033	G-A-A-G	-T-G	-G-C	GAAT-A-AAA
C.IL.99.99ET7	CAAT-AC	-T-A-T	-A-C	GAAT-A-AAA
C.IN.99.01IN565_10	G-A	-GG-T	-A-T	-G-C
C.KE.00.KER2010	GA	-A-G	-T-CA	-C-GAA
C.MM.99.mIDU101_3	CACT	-T-T	-CA-C	GTIT-A-A
C.MW.93.93MW_965	T-A	-T-T	-G-C	GAAT-A-AAAA
C.SN.90.90SE_364	G-A	-A-T	-A-C	GAAT-A-AAAAG
C.SO.89.89SM_145	G-A	-A-T	-GCA-C	GAAT-T-A
C.TZ.02.C0178	T-AT	-A-T	-G-A-C	GAAC-AG-A
C.UY.01.TRA3011	G	-G-TA	-G-C	GTAC-A-AAAG
C.YE.02.02YE511	G-G	-A-T	-A-C	GAA-G-A
C.ZA.04.04ZASK164B1	G-GA	-G-T	-A-C	GAAC-A-AAA
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	GAA	-A-G	-T-GCA	-C-GAA
C.ZM.02.02ZM108	GAA	-A-GT	-T-G	-A-C
D.CD.83.ELI	GAA-GA	-G-T	-G-A-C	GTAC-A-AA
D.CM.01.01CM_0009BBY	T	-G-T	-T-A-C	GAAT-G-A
D.KE.01.NKU3006	T-AGACC	-G-C	-T-GGG	-A-C
D.KR.04.04KBH8	T-C	-A-G	-G-A-CT	GTGG-G-A
D.TD.99.MN011	-A	-G	-A-C	GTAG-G-A
D.UG.99.99UGK09259	D.TZ.01.A280	-A	-A-C	GAR-A-AGAA
D.YE.01.01YE386	D.YE.02.02YE516	-A	-G	-G
D.ZA.90.R1	-CT	-G-GC	-G-AGCT	GTAG-A-AGAA
F1.AR.02.ARE933	-G-CA	-C-T	-G-C	GAAG-A-AA
F1.BE.93.VI850	-G-CA	-GC	-T-T	-G-C
F1.BR.01.01BR125	-G-CA	-C-T	-T	-G-C
F1.ES.x.P1146	-G-CA	-C-T	-T	-G-C
F1.FI.93.FIN9363	-G-CA	-C-T	-T	-G-C
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-G-A	-T	-A-C	GAG-A-AG-A
F2.CM.95.MP257	G-AG	-A-G	-T	-A-C
F2.CM.97.CM53657	-G-A	-T	-A-C	GAG-AC-A
G.BE.96.DRCB1	GTACAGA	-G-C	-G-C	GAAC-G-A
G.CM.01.01CM_4049HAN	-A-A	-CC-T	-T-C	-A-C
G.CU.x.Cu74	-A	-A	-A-C	GAG-AG-A
G.ES.00.X558	-AC	-A	-A-C	GCA-A-A
G.ES.99.X138	-AC	-A	-A-C	GAA-A-A
G.GH.03.03GH175G	T-A-ATA	-A-CT	-GAAC	AC AAGTA
G.KE.93.HH8793_12_1	CCA	-A-C	-GAA	-A-GAA-AG
G.NG.01.01NGPL0669	-T-A	-G	-A-C	GAA-ACA-A
G.PT.x.PT2695	-A-AC	-A	-A-C	GAA-A-A
G.SE.93.SE6165	-A	-A	-A-C	GAA-A-AAAA
H.BE.93.V1991	-CAG	-ACA-G	-G	-A-AC
H.BE.93.V1997	-AAT	-AT-C	-T	-G-A-CT
H.CF.90.056	-G	-AC-T	-G	-GTAC
J.CD.97.J97DC_KTB147	TCCT	-G-G	-A-C	GAA-G-A
J.SE.93.SE7887	T-ATATC	-G-C	-A-CT	GAA-AA
J.SE.94.SE7022	T-A-ATC	-G	-A-CT	GAA-AA
K.CD.97.EOTB11C	T-AC	-A	-A-C	GAAC-AA
K.CM.96.MP535	-C-A	-A-T	-A-C	GAA-AA

	V1 loop end_	V2 loop start		
B.FR.83.HXB2	AGGAGAGATAAAAAC	TGCTCTTTCAATATCAGCAACAGCATAAAGAGGTAAGGTGCAGAAAGAATATGCATTTTTTATAAACTTGATATAATACCAATAGATAAT	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--			6756
01_AE.CN.05.F1051	--AG--G--G--T--A--C--T--G--C--G--AC--A--AA--G--C--C--G--G--C--G--A--G--A--			6792
01_AE.CN.06.F1054	--AG--G--G--T--A--C--T--G--C--G--AC--A--AA--G--C--C--G--G--C--G--A--G--A--			6831
01_AE.HK.x.HK001	--AT--AG--G--T--T--G--C--GAAC--C--A--CA--G--TC--C--G--G--G--GA--TA--			6164
01_AE.JP93.93JP_NH1	--AT--AG--G--TA--T--G--C--GAAC--AC--A--AA--TG--TCC--C--G--G--A--A--			6797
01_AE.TH.01.01TH_R2184	--AT--AG--G--T--T--G--C--GAAC--A--AAAA--A--GT--TCC--C--GG--G--GA--AGC--			6001
01_AE.TH.02.OUR7691	--AT--AG--G--T--T--G--C--GAAC--A--AA--G--TCC--C--GG--G--T--A--T--A--			5988
01_AE.TH.90.CM240	--AT--AG--G--T--T--G--C--GAAC--C--A--AA--G--TCC--C--GG--G--T--A--T--A--			6366
01_AE.US.00.00US_MSC1164	--AT--AG--G--T--T--G--C--GAAC--A--AA--T--G--TCC--C--GG--G--G--A--T--A--			5997
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	--A--A--A--A--C--GAAT--A--AAAA--G--C--G--G--AG--G--G--A--T--A--G--			5973
02_AG.EC.x.ECU41	--AG--A--A--G--C--GAAT--A--AAA--TG--C--C--G--G--G--A--TA--C--			5863
02_AG.FR.91.DJ264	--G--A--T--G--C--GAAC--A--AAA--C--TG--C--C--G--G--A--TA--G--A--			6138
02_AG.GH.03.GHNJ196	--G--A--T--G--C--GAAC--C--AC--AAT--G--ATGC--C--G--AA--G--GA--G--A--			6842
02_AG.NG.01.PL0710	--G--A--T--Y--G--C--GT--T--A--AAAA--T--TGC--C--C--G--G--A--TA--C--G--			5964
02_AG.NG.x.IBNG	T--G--A--A--C--GAAG--A--AAAA--GATGC--C--G--G--A--TA--G--A--			6310
02_AG.SE.94.SE7812	--G--A--T--G--C--GAAT--A--AAA--TG--C--C--G--TA--G--A--TA--G--A--			6152
02_AG.SN.98.MP1211	GCA--A--G--G--G--GTAT--A--AAAAA--GATGGCG--C--G--G--A--G--T--A--			5979
02_AG.UZ.02.02UZ710	--CA--T--T--G--C--GTAG--A--G--AAA--ATG--C--C--G--G--C--TAT--G--			5997
03_AB.RU.97.KAL153_2	GATG--A--G--C--G--A--C--G--A--A--A--A--C--C--G--G--A--			5986
04_cpx.CY.94.CY032	--A--GA--G--A--C--GAA--A--AAA--A--A--A--GC--C--G--A--TA--GC--			6174
05_DF.BE.x.VI1310	--G--CAG--C--T--G--CT--GAAG--AT--ACA--AAA--T--T--C--C--G--G--CAG--GC--			6189
06_cpx.AU.96.BFP90	CAAG--A--G--T--G--CA--GTAG--A--G--AA--C--TG--C--G--G--G--T--GGG--			6858
06_cpx.RU.05.04RU001	--A--A--C--A--C--GAA--A--AAAA--C--C--GC--C--G--G--T--GGG--			6449
07_BC.CN.97.CN54	GAAG--A--G--T--G--CA--GTAG--A--G--AA--C--TG--C--G--G--G--TAC--G--			6162
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	GAAG--A--C--T--G--CA--GTAG--A--G--AA--C--TG--C--G--G--G--TAC--G--			5974
09_cpx.GH.96.96GH2911	--T--AGA--GC--T--A--C--GAAT--A--ACAC--T--T--C--G--TC--G--T--CA--GCA--			5985
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	CCCCAGA--G--C--CA--C--GAAG--A--A--AA--C--C--G--G--G--A--G--G--			6159
11_cpx.GR.x.GR17	--AC--C--A--C--A--C--GAAC--GA--A--AA--C--AGA--GC--C--G--G--TA--G--			6059
12_BF.AR.99.ARMA159	--G--CA--C--T--G--C--GAA--A--ACA--T--T--C--C--G--G--G--C--G--			6799
13_cpx.CM.96.1849	--A--A--A--AT--G--C--G--AG--C--A--G--AGA--T--CT--C--C--G--G--GA--T--GGGA--			6208
14_BG.DE.01.9196_01	G--A--A--G--C--T--T--G--C--A--A--A--GC--C--A--T--G--A--GC--			6309
14_BG.ES.99.X397	--A--A--G--C--C--A--A--A--GC--C--G--G--A--G--C--			6242
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	--A--A--T--G--A--C--AC--A--A--C--C--G--G--GA--G--			6160
16_A2D.KR.97.97KR004	CAATA--C--CC--TG--TG--G--CT--G--GAAC--A--AAA--TCC--A--C--A--G--G--A--C--TA--G--			6155
18_cpx.CU.99.CU76	--A--A--G--TT--A--C--GAAG--AW--CA--A--C--G--C--C--W--A--G--T--TGGGG--			6094
19_cpx.CU.99.CU7	--C--C--G--G--C--GAAC--AC--AAA--AC--AT--T--C--C--G--G--T--G--G--			5941
20_BG.CU.03.CB471	T--A--C--GCA--C--GAA--AG--A--GACA--A--C--C--GC--C--G--G--G--A--TA--G--			6256
21_A2D.KE.91.KNH1254	G--C--G--GC--G--A--C--GTAG--A--ACA--AC--C--G--G--C--G--C--			6005
23_BG.CU.03.CB118	T--C--T--A--C--GAG--G--A--AAGTA--C--GC--C--G--T--G--			6256
24_BG.CU.03.CB378	TAA--A--A--A--C--GAGC--CAG--ACA--AAA--A--C--GC--C--A--G--G--TA--			6244
25_cpx.CM.01.101BA	CCA--AGA--A--C--GAAT--A--AAA--A--A--G--C--GC--C--G--G--T--GG--			6048
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	--G--AC--T--T--G--G--CT--GCA--A--A--CA--A--A--T--C--C--G--G--A--T--G--			6002
28_BFBR.99.BREPM12609	G--A--A--G--G--C--G--A--A--A--A--A--C--C--G--G--C--			6160
29_BFBR.02.BREPM119	--A--G--T--C--GA--C--A--AA--G--G--G--G--C--GA--			5950
31_BC.BR.02.110PA	--A--A--T--G--C--GAAC--A--AA--AAG--G--T--C--C--G--G--C--TA--G--A--			6276
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	--AG--A--GC--T--T--CA--C--GAAC--A--AA--G--G--TC--C--G--T--T--GAGG--			6186
34_01B.TH.99.OUR2478P	--A--A--G--T--T--G--C--GAA--A--AA--G--TC--C--C--G--A--TA--GG--			5979
35_AD.AF.05.05AF095	C--A--A--A--C--GAAC--G--A--AAGA--T--T--C--G--G--A--T--GG--			5964
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	G--G--A--CA--C--GT--C--A--A--A--TG--T--C--G--G--T--GCAAGT--			5998
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	--AT--A--A--G--C--GAAC--AC--AAA--A--AT--T--C--G--G--G--T--G--G--			5980
42_BFLU.03.luBF_05_03	NNNN--A--G--T--C--TT--G--A--A--A--A--C--G--TC--G--G--AATAGTA--			6326
N.CM.02.DJO0131	--A--C--G--T--T--A--A--C--TGAA--CAT--AC--AAA--A--C--CT--CT--TC--G--GT--GAA--G--G--C--CA--G--			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--G--G--A--C--CA--G--C--			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--G--G--A--C--CA--G--C--			6298
N.CM.95.YBF30	CAA--C--A--G--T--T--A--G--A--C--TGAG--C--A--AAA--A--C--TT--CT--TC--G--GT--GAA--G--G--CA--GCC--			6379
N.CM.97.YBF106	CAA--C--A--G--T--T--A--G--A--C--TGAG--C--A--AAA--A--C--TT--CT--TC--G--GT--GAA--G--G--CA--GCC--			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--T--G--GGA--C--GA--G--G--			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--T--G--GTAAGG--TA--G--C--			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--T--G--GTAAGG--TA--G--C--			6308
O.CM.98.98CMA104	--CC--C--G--C--G--TAA--T--G--A--C--GTT--C--A--AC--AAA--G--A--C--G--TC--A--C--GT--TCA--T--G--CAAGT--TA--G--G--			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--T--ATAA--G--G--C--			6258
O.SN.99.SEMP1299	GAACTTG--G--C--G--TGA--T--G--A--C--GTTT--C--A--AC--AAA--G--A--C--G--TC--A--C--GT--TCA--T--G--GAA--A--G--A--			6860
O.US.99.99USTWLA	CAATCC--G--G--A--TGA--T--G--A--CT--GTTT--G--A--AC--ACA--G--A--C--G--TC--A--C--GT--TCA--T--GC--TAAG--T--GA--G--			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--T--GG--TAAG--TA--GCC--			6360
CPZ.CD.90.ANT	CATGA--C--C--G--A--TAAC--T--CAG--G--AT--T--A--A--A--A--ATGA--A--CA--A--GGA--C--T--GAAGTGT--GG--C--			6239
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	TTT--C--A--G--TA--T--C--CA--GAAT--G--A--A--A--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--CT--C--C--			6335
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	T--AGACT--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--G--G--T--TAGC--T--G--C--TGAAC--A--AAA--TG--T--C--A--C--GTGGAG--C--G--G--GG--			6316
CPZ.GA.88.GAB1	TCTC--A--G--T--A--T--G--G--CA--GAAT--A--AA--A--AC--G--TC--T--C--A--GTGGAG--C--G--AA--GG--			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--T--T--A--CT--TGAAT--AC--AAA--A--AC--TG--T--C--A--GT--GA--C--GCT--AT--CA--			6832

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.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.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.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. Header: ACAGTACAATGTACACATGGAAATAGGCCAGTAGTATCAACTCAACTGCTGTTAAATGGCCAGCTACAGCAAGAAGAG... GTAGTAAATAGACTGTCAATTTCCAGGCACAATGCTAAAAACCAATAGTACAGCTGAACACATCTGTGAAAATTAATTTGTCAAGAAC 7120. Columns: T, V, Q, C, T, H, G, I, R, P, V, V, S, T, Q, L, L, L, N, G, S, L, A, E, E, E, V, V, I, R, S, V, N, F, T, D, N, A, K, T, I, I, V, Q, L, N, T, S, V, E, I, N, C, T, R, P. Rows: 7120-7155. Includes sequence logos and accession numbers.

_V3 loop start

	CAACAACAATAACAAGAAAAAAGATCCGTG...ATCCAG...AGAGACCAGGGAGAGCATTGTGTACA...ATAGGA...AAAATAGGAAATATG...AGACAAGCACATTGTAACATT...AGTAGAGCAAATGGAATAACACTTTAAAACAGA 7257																																																												
Env	N N N T R K R I R I Q I G R G P G R A F V T I G K I G N M R Q A H C N I S R A K W N N T L K Q																																																												
A1.GE.99.99GEMZ011	TGG-----T-----C--T-A-----T-----ACA-A-C-CTA-GG-----C--TGATGT-----GG--A-----A--T-----TG-C--AC--A-G-----C-A--6441	6441																																																											
A1.KE.00.KER2008	T-----G-G-TG-A-----T-----G-T-----AG-CTA-G-----C--CAGGT-----G-----A-----TG-C--A--T-----G-G-T-----C-A--AG-6484	6484																																																											
A1.KE.00.KNHI144	T-----G-G-----T-----G-----A-----CT-G-----C--TGAT-----G-----A-----TG-C--A--T-----G-G-T-----C-A--AG-6498	6498																																																											
A1.KE.00.KSM4024	T-----T-----TG-TA-----T-----G-----CT-G-----C--TGAT-----G-----A-----TG-C--A--T-----G-G-T-----C-A--AG-6441	6441																																																											
A1.KE.00.MSA4069	T-----G-GAT-AG-----T-----ACA-A-CTA-G-----GC-TGCC-T-----G-A-----G-----T-----TG-C--A--G-----C-G-G-6480	6480																																																											
A1.KE.00.NKU3005	TGG-----T-----TG-A-----T-----ACA-A-CTA-G-----C--AT-----TG-----G-----A-----TG-C--A--T-----G-G-T-----C-A--AG-6483	6483																																																											
A1.RU.00.RU00051	TGG-----C--T-A-----T-----ACA-A-CTA-G-----C--TGAT-----GG-C-CA-----A-----A-----TG-C--A--G-----GGA--G-AC-G--6555	6555																																																											
A1.RU.03.03R20_06_13	TGG-----C--T-A-----T-----ACA-A-CTA-G-----C--KAGT-----GG-C-A-----A-----A-----TG-C--A--G-----GGA--G-AC-G--6577	6577																																																											
A1.RW.93.93RW_024	IT-T-----TTC-G--GG-A-----T-----ACA-T-CCA-G-----TC-ATAA-T-G-----GG-A-----A-----T-----MTG-C--T-----G-A-----C-A--6465	6465																																																											
A1.SE.95.SE8891	T-----G-----T-A-----T-----ACA-CTA-G-----C--GAC-T-----GG-A-----A-----T-----G-TG-C--A--A-G-----G-AG-C-A-G-6437	6437																																																											
A1.SE.95.UGSE8131	T-----G-----T-A-----T-----ACA-CTA-GG-----G-TGAC-T-----GG-A-----A-----A-----T-----TG-C--A--T-----G-A-----C-A--6644	6644																																																											
A1.TZ.01.A173	T-----G-----GG-A-A-----T-----ACAGA-CTA-G-----C--GAC-T-----GG-A-----A-----A-----T-----CTG-C--A--A-G-----CA--GC-A--G-6469	6469																																																											
A1.UA.01.01UADN139	TGG-----C--T-A-----T-----ACA-A-C-CTA-G-----C--TGAA-----G--C-CCA-----A-----A-----TG-C--C--T-----G-C-----C-A--6465	6465																																																											
A1.UG.92.92UG037	T-----T-----TG-A-----T-----ACA-A-CTA-G-----C--TGAT-----GG-A-----A-----A-----T-----TG-C--C--T-----G-C-----C-A--6728	6728																																																											
A1.UG.99.99UGA07072	T-----C-----TG-A-----T-----ACA-A-CTA-G-----C--TAAC-T-----GG-A-----A-----T-----G-TG-C--A--A-G-----A--GC-G--G-6478	6478																																																											
A1.UZ.02.02UZ0659	TGG-----C--T-A-----T-----ACA-A-C-CTA-G-----C--TGAT-----GG-C-A-----A-----A-----T-----TG-C--C--G-----C-A--6462	6462																																																											
A2.CD.97.97CDKS10	T-----G-----G-T-A-C-----T-----ACA-TC-CTA-G-----C--A-TGAC-T-----GG-A-----A-----A-----T-----GT-C--AC-A-A-G--G-GC-T--C-A--G-3382	3382																																																											
A2.CD.97.97CDKTB48	T-----T-----T-A-C-----T-----ACAG-C-CTA-----C--ATAAAC-T-----GG-A-----A-----A-----T-----T-----C--C-T-A-G--G-C--C-A--G-6582	6582																																																											
A2.CY.94.94CY01771	T-----T-----T-A-C-----T-----ACA-C-CTA-----C--AATGAA-T-----GG-C-A-----A-----A-----T-----T-----C--AC-A-A-TT-----G-----C-A--G-6635	6635																																																											
B.AR.04.04AR151516	--G-----TG-A-A-----T-----G-----TA-G-----C--GAA-T-----G-A-----A-----G-----T-----C-C--A--A-G-----C-----G-----G-6472	6472																																																											
B.AU.87.MBC925	--T-----T-----AAA-----T-----C-----TA-G-----C--GAA-T-----C-A-----A-----G-----T-----C-C--A--A-G-----G-----G-----G-6449	6449																																																											
B.BO.99.BOL0122	--T-----T-----A-A-----TG-TGG-----TA-G-----C--GAA-T-----C-A-----A-----A-----T-----G-A--T-----C-----GG-G-6717	6717																																																											
B.CA.97.CANB3FULL	T-----T-----A-A-----T-----C-----TA-G-----C--GAA-T-----C-G-A-----A-----A-----T-----G-A--T-----C-----GG-G-6542	6542																																																											
B.CN.05.05CNHB_hp3	T-----G-----AAC-----TG-----T-----GTA-----C--CAA-T-----G-G-A-----A-----A-----T-----C-C--C-----G-G-A-C-----G-----G-6729	6729																																																											
B.CO.01.PCM001	--T-----G-----A-----CT-----A-----CTA-G-----TC-----ACAGAT-----G-C-A-----A-----A-----CAC-----A--A--G-----G-----G-----G-6758	6758																																																											
B.GB.83.CAM1	T-----G-----ATAC-----T-----A-----AG-TA-----C--AGA-T-----G-A-----A-----A-----T-----A-----C-----T-----C-C--7251	7251																																																											
B.GB.86.GB8	T-----T-----A-A-----T-----C-----TA-G-----C--GAA-T-----G-A-----A-----A-----T-----T-----ATC-----G-----C-----C-6446	6446																																																											
B.GE.03.03GEMZ010	T-----G-----T-----A-A-----T-----C-----GGTA-----C--GAA-T-----G-G-A-----A-----A-----T-----C-----A-----G-----C-----T-G-7002	7002																																																											
B.IT.05.SG1	GG-T-----C-----T-----GG-ATCG-----ATAGGAC-----AG-----A-----A-----G-----C--AA-AAG-T-----GA-----G-CA-----A-A-T-----CAC-----A--A-A-C-----G-----G-----G-7299	7299																																																											
B.JP.05.DR6538	T-----T-----A-A-----T-----A-----TA-G-----GC-----GAC-T-----G-C-A-----A-----A-----T-----C-----C-----GAA--GC-----C-----A--7314	7314																																																											
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.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.II.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.C0178	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.J_97DC_KTB147	J.SE.93.SE7887	J.SE.94.SE7022	K.CD.97.EOTB11C	K.CM.96.MP535

B.FR.83.HXB2 Env

Table of HIV-1/SIVcpz Complete Genomes alignments. Columns include sequence identifiers (e.g., 01_AE.CF.90.90CF11697) and nucleotide sequences. A reference sequence is shown at the top. The table is organized into groups by sequence type (e.g., AE, AG, AB, etc.).

V3 loop end

Table with columns: Accession ID, Nucleotide Sequence (aligned), Reference Sequence (V4 loop start), and Position. Accession IDs include B.FR.83.HXB2, A1.GE.99.99GEMZ011, B.AR.04.04AR151516, etc. The reference sequence starts at position 7409 and ends at 7408. The table shows multiple sequence alignments with gaps represented by dashes.

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, 6380, 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, 7057, 6921, 7470, 7047, 7438).

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2TTTAATAGTACTTGGAGTACTGAAGGGTCAAATAACACTGAAGGAAGTGACACAATCCCTCCPCATGC.....AGAATAAAACAAATTA...AACATGTGGCAG...AAAGTAGGAAAAAGCAATGTATGCCCCCTCCC...7538	
EnvF N S T W S T E G S N N T E G S D T I L P Q.....R I K Q I I.....A N M W Q.....K V G K A M Y A P P.....	
01_AE.CF.90.90CF11697CA-AAATGAA-T-ATG-A-GAGTT-...GGGAC-AACTCAAG-...T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...7496	
01_AE.CN.05.F1051A-GAACCAT-GAGGG-...TGGCACT-AT-A-G-...T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...7520	
01_AE.CN.06.F1034G-A-C-G-A-TAATG-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-GAACC-AGT-ATT-...TA-T-...-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6890	
01_AE.JP93.93JP.NH1TAAG-AATGA-CC-GGAG-GGT-T-A-G-T-...-A-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...7525	
01_AE.TH.01.01TH.R2184TA-A-GAC-CCGGGA-CAATGA-CC-AGGG-GT-TGAAA-AC-...TA-T-...-AG-...-G-...-G-...-T-...6738	
01_AE.TH.02.OUR7691ACA-A-GGAACCAT-GA-C-T-T-TAC-TAAT-ACACTGAC-...T-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6725	
01_AE.TH.90.CM240GA-AAT-C-A-AGCACTG-C-CC-...A-GTC-A-...-T-A-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...7047	
01_AE.US.00.00US_MSC1164AG-A-A-GAAGCA-GATGGTGT-A-...GCAT-CGTGT-AG-...-T-A-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6731	
02_AG.CM.02.02CM_4082STNGA-GCAAT-C-...-G-AAA-C-...-TT-A-...-AAT-A-C-T-...-A-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6716	
02_AG.EC.x.ECU41GA-GT-AAC-A-GCAC-AA-...-CT-...-AATGCC-A-...-T-A-T-...-A-T-...-G-...-C-...-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6603	
02_AG.FR.91.DJ264GA-AAC-CTTAA-TCACA-G-GTCA-A-C-CAC-GAA-...AT-A-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6872	
02_AG.GH.03.GHNJ196AAA-ACGG-ACT-CCAGCTCA-TGGCACT-C-A-...TT-A-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...7579	
02_AG.NG.01.PL0710GA-AAT-C-A-AGCACTG-C-CC-...A-GTC-A-...-T-A-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6689	
02_AG.NG.x.IBNGAATCATAATGGCACTTGGAAATGCA...CCAGGACGTT-...A-GAC-C-GAG-TAAAA-...TA-TGGCACT-AGGA-A-A-...-T-A-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6925	
02_AG.SE.94.SE7812GCTAGCAAT...ACT...AATGGC-T-T-GG-A-C-A-TAA-T-CTAGC-...AG-C-C-A-...-T-A-T-...-AA-...A-...-G-...-G-...-G-...-T-...6740	
02_AG.SN.98.MP1211AAT-C-...TGGAATAGC-C-GGGGAGA-TATC-C-...-C-T-...-A-AA-...-G-...-G-...-G-...-T-...6731	
02_AG.UZ.02.02UZ710A-GG-ACT-AAGAGTTA-T-ACACT-A-G-A-T-T-G-...-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...6715	
03_AB.RU.97.KAL153_2TGCAAAATG-...AA-CATTA-...G-CAGA-TCTAC-A-TCA-C-...-A-A-...-A-...-C-...-T-G-...-GG-...-G-...-G-...-G-...-T-...6914	
04_cpx.CY.94.CY032GA-...AGT-TT-A-CCACAATGTT-...T-A-...CA-TGACA-G-AT-...TT-...T-A-...-AG-...-AG-...-GG-...-G-...-G-...-G-...-T-...6935	
05_DF.BE.x.V11310CTGTT-A-CACC-...GGGT-A-...CACC-ACAC-...-T-A-...-T-...-AG-...-G-...-G-...-G-...-T-...7589	
06_cpx.AU.96.BFP90AAG-AA-A-...TG-T-...-A-...-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...7159	
06_cpx.RU.05.04RU001GCCTAATGGT-CA-A-G-A-TTC-CTCA-TC-...AA-...-G-...-G-...-G-...-T-...6890	
07_BC.CN.97.CNS4A-GG-ACATAC-CTGTAATGGT-CA-GAGA-A-TTC-CTCA-TC-...AA-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...6714	
08_BC.CN.97.97CNGX_6FA-GG-ACCTT-GA-...A-A-TA-C-TA-A-ATTA-TA-AC-...-G-...-G-...-G-...-T-...6716	
09_cpx.GH.96.96GH291ICAT-AA-TAATA-G-CAGGG-T-AATG-GAGT-...A-...-G-...-G-...-G-...-T-...6876	
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061T-GCA-A-GAC-A-CAGCACACA-...G-TGC-GTC-A-...-T-A-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6799	
11_cpx.GR.x.GR17TCC-A-...T-T-T-T-TT-...T-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...7500	
12_BF.AR.99.ARMA159GAA-...GAC-...GTC-...C-...-G-...-G-...-G-...-T-...6957	
13_cpx.CM.96.1849AA-TC-...A-AGTACTGAG-...G-T-...-GAAC-A-AG-TT-...-A-...-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...7046	
14_BG.DE.01.9196_01GGTC-...A-A-T-C-TGGA-T-ATAAT-CAG-G-AA-TAAC-C-...-CT-...-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...6985	
14_BG.ES.99.X397TT-CAGAATG-...A-AGTACT-GG-...G-T-...-C-...-A-...-G-...-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6898	
15_01B.TH.99.99TH_MU2079CTGCC-A-C-TCAAGGG-G-TGAG-GAA-GA-CG-ATG-G-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6904	
16_A2D.KR.97.97KR004AAT...C-...TA-AACT-ATAAC-C-CA-A-RGGCA-A-GT-T-T-A-G-A-...-C-...-G-...-G-...-G-...-T-...6846	
18_cpx.CU.99.CU76G-T-A-T-AG-...-G-...-G-...-G-...-T-...6616	
19_cpx.CU.99.CU7T-G-AGT-AG-AG-GG-AT-...-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...6978	
20_BG.CU.03.CB471TA-...GGAATG-...ACT-ATAATG-CA-AGTC-ATT-A-G-...-A-A-...-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...6745	
21_A2D.KE.91.KNH1254A-TAAT-...AGT-AT-...-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...6969	
23_BG.CU.03.CB118CT-A-TA-TAGC-GG-TGA-AGTAAG-A-...-T-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6978	
24_BG.CU.03.CB378CA-A-GAC-C-G-...TAATGGG-CAG-A-...AGCAAT-A-T-T-A-T-...G-...-G-...-G-...-T-...6788	
25_cpx.CM.01.101BAA-GA-ACCACTAAGGGG-G-A-...-GACC-A-AGT-T-T-A-G-...-G-...-G-...-G-...-T-...6736	
27_cpx.CD.97.97CDKTB49AGTGGAA-AC-...TGGAAAC-C-GGG-AG-GT-CTGA-A-G-AT-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6930	
28_BFBR.99.BREPM12609A-GCT-C-ACATG-AAGG-...TC-...-A-TCT-AT-...-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...6684	
29_BFBR.02.BREPM119TTT...AAT...AGTAC-KC-CACCTKAAT-...ARGTAAACG-T-GGA-...ACWTCAAC-TC-...GGTAA-...-G-...-G-...-G-...-T-...7031	
31_BC.BR.02.110PATA-G-AATGA-CC-TGGGA-GGT-T-A-A-T-...-TA-...-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...6914	
33_01B.MY.05.05MYKL007_1GG-CC-TGGAG-GGA-T-A-G-T-...-TA-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6704	
34_01B.TH.99.OUR2478PGCCAAT-GC-CA-A-AGCAC-...-A-...-T-...-A-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6701	
35_AD.AF.05.05AF095A-C-T-A-...GGTTA-A-A-CAGC-A-...-T-A-TT-...G-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...6735	
36_cpx.CM.00.00CMNYU830ACGCA-ATTCCA-T-GGACTAC-GA-GG-AT-A-T-...T-...-G-...-G-...-G-...-T-...6720	
37_cpx.CM.00.00CMNYU926TCCAAT-ACACT-TC-T-T-...-T-...-C-...-G-...-G-...-G-...-T-...7030	
42_BFLU.03.luBF_05_03CA-A-GGACT-A-GG-T-T-T-G-C-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...TT-ACA-...-G-...-G-...-G-...-T-...6971	
N.CM.02.DJO0131GATG-G-...GGACT-T-A-GG-T-T-T-T-G-C-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...TT-ACA-...-G-...-G-...-G-...-T-...6955	
N.CM.04.04CM_1015_04A-AGC-G-...GAGACTAC-A-GG-T-T-TT-G-C-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...TT-ACA-...-G-...-G-...-G-...-T-...7011	
N.CM.04.04CM_1131_03CTT-AC-GAC-G-...GC-T-T-...G-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...TT-ACA-...-G-...-G-...-G-...-T-...7086	
N.CM.95.YBF30ACA-GACT-A-A-G-T-T-TT-G-C-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...R-TT-ACA-...-G-...-K-...-G-...-T-...A-A-...7047	
N.CM.97.YBF106TGCTGTAACGGAACCCACTGTAGT...TTAGT-...TGT-AGTCA-G-A-...-ATGG-...T-A-T-...-A-C-G-G-...-GG-GG-...-GGTCA-ATA-...-GG-G-CAGTCG-G-C-C-...-A-...7577	
O.BE.87.ANT70ATCAACTGTACAAAGTCGGATGCCAG...GATCAA-GGG-G-A-...-GACC-A-A-A-ATGGT-TA-A-T-...-AGT-G-...-GC-AG-...-GATCA-AT-...-G-G-AGTCGAG-C-C-...-A-...7594	
O.CM.91.MVP5180AAGTGTACCCCGACCAAATGTAA...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.96.96CMA6B637ACATGTAAACAAAACCACTGCCACT...AACAA-...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.98.98CMA104TCATGTAAACGGAACCACTGTACT...A-TAAC-G-G-K-ACA-GAATG-CACATTG-CAGAGA-A-T-...-AG-...-GG-AG-...-GGTCA-ATA-...-GG-GR-AGTCG-G-C-C-...-A-...7040	
O.CM.99.99CMU4122TCATGTAAACGGAACCACTGTACT...A-TAAC-C-A-...CGAGAAC-A-TGAC-CTCGGA-ATAT-...-G-...-GG-GG-...-GGTCA-ATA-...-C-G-G-GTC-G-C-C-...-A-...7624	
O.SN.99.SEMP1299GAATGTAAACTCCAACGTAGG...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.US.99.99USTWLATCCTGCAAGAAGAATATGACTAAT...ACAA-TC-A-TGTACTAAT-T-G-A-A-TA-C-A-G-...TCAGG-AA-A-T-...-GT-G-G-...-G-AG-...-GGAC-AT-...-GG-G-TCG-G-C-T-...-A-...7136	
O.FR.92.VAUA-GGGA-...CTCATCAC-AC-GAG-CC-...TAGCA-AT-...-T-G-...-G-AG-T-...TCAT-GGC-...-T-TTC-...GC-T-CTTAG-C-T-...6973	
CPZ.CD.90.ANTG-A-GTGAACCTTTTCAC-G-AC-G-AA-A-...-T-G-...-A-G-...-TTCA-AT-...-G-...-GG-G-C-A-A-...-A-...7119	
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13GGCA-CAC-C-G-AT-...-T-A-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...TT-ACA-...-G-...-G-...-G-...-T-...7024	
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505TAC-C-A-A-ACC-TGCTC-TGAACCTTGCACA-T-ACT-G-A-A-T-...-G-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...-C-A-...-TA-...-G-...-G-...-G-...-T-...7058	
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7ATCTT-...TGAGCTAAGGA-T-AT-...-TA-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...GG-...-G-...-G-...-G-...-T-...7159	
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66TA-ACA-...ACTGAGA-T-TG-CA-TAA-...-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...TTCC-AT-...CGT-...G-...-G-...-G-...-T-...A-A-...7017	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145AC-A-G-...TT-A-TA-G-...-T-G-...-G-AG-T-...-G-...-G-...-G-...-T-...GTCA-AT-...GG-...G-G-A-A-...-C-A-...7557	
CPZ.GA.88.GAB1CCTGGAC-CTAAT-GA-C-A-A-TACTCA-GT-TC-TGTTGCA-...-C-G-...-G-AG-...-TCAT-GGT-...-T-GTC-...GGG-T-CCTT-C-A-...7161	
CPZ.TZ.01.TANIA-A-ACC-AC-ACAC-T-T-A-TAAG-T-...-A-...-G-...-G-...-G-...-T-...TCA-AT-...-G-...-G-...-G-...-T-...7534	

Accession	Sequence	Position
B.FR.83.HXB2	...ATCAGTGGACAAATTAGATGTTTCATCAAATATTACAGGGCTGCTATTAAACAAGAGATGGTGGT...	567
B.AL.87.MBC925	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
B.BO.99.BOL0122	...N S N N E S E I F R P G G G D M R D N W R S E L Y	567
B.BR.03.BREP2012	...GGTGGG-CT-T-GCAGCAAT-CT-AT-A-C-6852	6852
B.CA.97.CANB3FULL	...GATTG-CT-GT-CGCAAT-CT-AT-A-C-6853	6853
B.CN.05.05CNCB_hp3	...GAGG-G-AG-T-G-CAAAAT-CT-AT-A-C-6859	6859
B.CO.01.PCM001	...CCAA-GT-A-T-GT-C-AT-AA-GT-A-G-6806	6806
B.GB.86.GA81	...CCAA-AT-A-GAC-C-AT-A-C-6885	6885
B.GE.03.03GEMZ010	...ACAA-GT-A-G-GA-C-A-A-A-6888	6888
B.IT.05.SG1	...AA-ATC-A-G-GA-C-A-A-A-6951	6951
B.JP.05.DR6538	...AA-AGT-A-G-GA-C-A-A-A-6879	6879
B.KR.05.05CSR3	...CAA-GT-A-G-GA-C-A-A-A-6842	6842
B.NL.00.671.00T36	...CAA-GT-A-G-GA-C-A-A-A-6842	6842
B.RU.04.04RU128005	...CAA-GT-A-G-GA-C-A-A-A-6842	6842
B.TH.00.00TH_C3198	...CAA-GT-A-G-GA-C-A-A-A-6842	6842
B.UA.01.01UAKV167	...CAA-GT-A-G-GA-C-A-A-A-6842	6842
B.US.04.ES10_53	...CAA-GT-A-G-GA-C-A-A-A-6842	6842
B.US.99.PRB959_03	...CAA-GT-A-G-GA-C-A-A-A-6842	6842
C.AR.01.ARG4006	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.BR.04.04BR013	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.BW.00.00BW07621	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.CN.98.YNRL9840	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.ET.02.02ET_288	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.GE.03.03GEMZ033	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.HL.99.99ET7	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.IN.99.01IN565_10	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.KE.00.KER2010	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.MM.99.mIDU101_3	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.MW.93.93MW_965	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.SN.90.90SE_364	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.SO.89.89SM_145	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.TZ.02.C0178	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.UY.01.TRA3011	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.YE.02.02YE511	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.ZA.04.04ZASK164B1	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.ZA.05.05ZASK240B1	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
C.ZM.02.02ZM108	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
D.CD.83.ELI	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
D.CM.01.01CM_0009BBY	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
D.KE.01.NKU3006	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
D.KR.04.04KBH8	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
D.TD.99.MN011	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
D.UG.99.99UGK09259	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
D.YE.01.01YE386	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
D.YE.02.02YE516	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
D.ZA.90.R1	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
F1.AR.02.ARE933	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
F1.BE.93.VI850	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
F1.BR.01.01BR125	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
F1.ES.x.P1146	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
F1.FI.93.FIN9363	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
F2.CM.02.02CM_0016BBY	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
F2.CM.95.MP257	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
F2.CM.97.CM53657	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
G.BE.96.DRCBL	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
G.CM.01.01CM_4049HAN	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
G.CU.x.Cu74	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
G.ES.00.X558	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
G.ES.99.X138	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
G.GH.03.03GH175G	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
G.KE.93.HF18793_12_1	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
G.NG.01.01NGPL0669	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
G.PT.x.PT2695	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
G.SE.93.SE6165	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
H.BE.93.V1991	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
H.BE.93.V1997	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
H.CF.90.056	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
J.CD.97.J_97DC_KTB147	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
J.SE.93.SE7887	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
J.SE.94.SE7022	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
K.CD.97.EOTB11C	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567
K.CM.96.MP535	...TAAATGCAACAAATGAGTCGAGACTCTTCAGACCTGGAGGAGGAGATATGAGGGACAATTGGAGAAAGTGAATTATATA...	567

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.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 3 columns: Accession ID, Nucleotide sequence (I S G Q I R C S S N I T G L L L T R D G G), and GenBank accession number. The table lists various HIV-1/SIVcpz sequences and their corresponding accession numbers.

Table with columns for sample ID, Rev Responsive Element (RRE) region, Env gp120 end, Env gp41 start, and alignment positions. The table lists numerous HIV-1/SIVcpz strains and their corresponding nucleotide sequences across these regions.

	Rev Responsive Element (RRE) region																		Env gp120_end Env gp41 start																		
B.FR.83.HXB2 Env	AATATAAAGTAGTAAAAATTGAACCATTAGGAGTAGCACCACCAAGCAAGAGAGAGAGTGGT																	CAGAGAGAAAAAGAGCA	. . . GTGGGAATAGGAGCTTTGTCTCTGGTCTCTGGGAGCAGCAGGAAGCACTATGGCGCGACGCTCA																7826		
	K Y K V V K I E P L G V A P T A K R R V V																	Q R E K R A	V G I G A L F L G F L G A A G S T M G A A S																		
01_AE.CF.90.CF11697C.....C.....A.....G.....CG.....																	G..A..G.....	..A..A..T.....A.....G.....G.....																7778		
01_AE.CN.05.F1051C.....C.....A.....G.....CG.....																	G..A..G.....	..A..A..T.....A.....G.....G.....																7808		
01_AE.CN.06.F1054C.....C.....C.....A.....G.....CG.....																	G..A..G.....	..A..A..T.....A.....G.....G.....																7835		
01_AE.HK.x.HK001C.....C.....C.....A.....G.....CG.....																	G.....GTA.....	..A..A..T.....A.....G.....G.....																7187		
01_AE.JP.93.93P_NH1C.....C.....C.....A.....G.....CG.....																	G.....G.....	..AT..A..A..T.....A.....G.....G.....																7813		
01_AE.TH.01.01TH_R2184C.....C.....C.....A.....G.....G.....																	G.....G.....	..A..A..T.....A.....G.....G.....																7029		
01_AE.TH.02.OUR7691C.....C.....C.....A.....G.....G.....																	G.....G.....	..A..A..T.....A.....G.....G.....																7010		
01_AE.TH.90.CM240C.....C.....C.....A.....G.....G.....																	G.....G.....	..A..A..T.....A.....G.....G.....																7379		
01_AE.US.00.00US_MSC1164C.....C.....C.....A.....G.....G.....																	G.....G.....	..A..A..T.....A.....G.....G.....																7022		
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	..G.....A.....T.....C.....T.....A.....																	G.....G.....	..T..C..G.....G.....C.....G.....G.....G.....																7004		
02_AG.EC.x.ECU41C.....C.....T.....C.....T.....A.....																	G.....G.....	..CT..C..G.....G.....C.....G.....G.....G.....																6888		
02_AG.FR.91.DJ264	..G.....A.....C.....TA.....C.....T.....A.....																	G.....G.....	..T..C..G.....G.....C.....T.....A.....G.....G.....																7160		
02_AG.GH.03.GHNJ196	..G.....A.....C.....T.....CGT.....GA.....																	GGA.....	..ATA..GT..C..G.....GCC.....C.....A.....G.....G.....																7873		
02_AG.NG.01.PL0710	..G.....A.....C.....T.....A.....A.....A.....																	G.....G.....	..C.....G.....T.....C.....G.....G.....G.....																6974		
02_AG.NG.x.IBNG	..G.....A.....C.....T.....CGT.....A.....																	G.....G.....	..T.....C.....G.....G.....C.....G.....G.....																7332		
02_AG.SE.94.SE7812	..G.....A.....C.....T.....T.....C.....T.....A.....																	G.....G.....	..CTT.....T.....C.....G.....G.....C.....T.....A.....G.....G.....																7216		
02_AG.SN.98.MP1211	..G.....A.....C.....T.....T.....C.....T.....A.....																	G.....G.....	..T.....C.....T.....C.....G.....G.....C.....A.....A.....G.....G.....																7028		
02_AG.UZ.02.02UZ710	..G.....A.....C.....T.....GG.....AC.....																	A.....G.....	..C.....C.....G.....G.....C.....A.....A.....AG.....G.....																7016		
03_AB.RU.97.KAL153_2T.....G.....A.....AT.....G.....C.....																	A.....G.....	..T.....G.....CA.....G.....G.....G.....G.....																7003		
04_cpx.CY.94.CY032G.....A.....A.....AT.....G.....C.....																	A.....G.....	..T.....G.....CA.....G.....G.....G.....G.....																7196		
05_DF.BE.x.VI1310	..G..G..C.....C.....A.....G.....A.....CA.....																	A.....G.....	..A.....A.....C.....A.....G.....G.....G.....																7232		
06_cpx.AU.96.BFP90	..G.....G.....A.....C.....A.....TG.....G.....A.....																	GG.....	..T.....C.....G.....A.....T.....A.....A.....G.....G.....																7874		
06_cpx.RU.05.04RU001	..G.....G.....A.....C.....CA.....T.....G.....A.....																	GGA.....G.....	..GTA.....T.....C.....G.....G.....T.....T.....A.....A.....G.....G.....																7444		
07_BC.CN.97.CN54	..G.....G.....A.....G.....G.....T.....CAA.....A.....G.....																	G.....G.....	..T.....C.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....																7178		
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	..G.....G.....A.....G.....G.....TGCA.....A.....G.....																	G.....G.....	..T.....C.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....																7005		
09_cpx.GH.96.96GH2911	..G.....G.....A.....C.....G.....G.....G.....																	G.....G.....	..T.....C.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....																6998		
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	..G.....G.....A.....TC.....C.....G.....																	G.....G.....	..A.....A.....C.....G.....G.....A.....G.....G.....G.....																7178		
11_cpx.GR.x.GR17	..G.....G.....G.....A.....C.....T.....A.....																	G.....G.....	..T.....C.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....																7093		
12_BF.AR.99.ARMA159	..G.....G.....G.....C.....G.....A.....CA.....																	AC.....G.....	..T.....C.....G.....G.....A.....T.....G.....G.....																7791		
13_cpx.CM.96.1849	..G.....G.....G.....GA.....G.....G.....CA.....																	GCA.....G.....	..GTA.....T.....C.....G.....G.....C.....A.....TG.....G.....																7251		
14_BG.DE.01.9196_01G.....G.....G.....G.....G.....G.....																	G.....G.....	..C.....T.....C.....T.....G.....G.....G.....																7331		
14_BG.ES.99.X397G.....G.....G.....G.....G.....G.....																	G.....G.....	..C.....T.....C.....T.....G.....G.....G.....																7282		
15_01B.TH.99.99TH_MU2079A.....G.....G.....G.....G.....G.....																	G.....G.....	..GTG..GAACG.....A.....A.....G.....G.....																7198		
16_A2D.KR.97.97KR004	..G.....G.....C.....A.....C.....T.....G.....GA.....																	G.....G.....	..CA.....G..T..CTG.....C.....A.....G.....G.....																7192		
18_cpx.CU.99.CU76	..G.....G.....G.....C.....T.....G.....A.....																	GG.....G.....	..T.....C.....G.....G.....C.....A.....A.....G.....G.....																7134		
19_cpx.CU.99.CU7	..G.....G.....G.....C.....C.....G.....																	G.....G.....	..A.....C.....G.....G.....C.....A.....A.....G.....G.....																6892		
20_BG.CU.03.CB471	..G.....CA.....C.....C.....G.....G.....																	GG.....G.....	..T.....C.....G.....G.....G.....A.....G.....G.....																7272		
21_A2D.KE.91.KNH1254	..G.....G.....G.....C.....G.....A.....G.....																	ACA.....G.....	..A.....A.....C.....A.....A.....G.....G.....																7048		
23_BG.CU.03.CB118	..G.....G.....A.....C.....C.....A.....G.....																	G.....G.....	..T.....C.....G.....G.....C.....A.....A.....G.....G.....																7254		
24_BG.CU.03.CB378	..G.....A.....G.....CA.....C.....A.....G.....																	G.....G.....	..C.....C.....G.....G.....A.....A.....G.....G.....																7269		
25_cpx.CM.01.101BA	..G.....G.....G.....C.....C.....A.....G.....																	G.....G.....	..T.....G.....G.....C.....A.....A.....G.....R.....																7076		
27_cpx.CD.97.97CDKTB49C.....G.....A.....A.....A.....A.....																	G.....C.....	..CA.....A.....T.....G.....C.....A.....G.....																7030		
28_BFBR.99.BREP12609G.....G.....G.....T.....G.....G.....																	G.....G.....	..GTG..GA..C..C.....C.....G.....G.....																7227		
29_BFBR.02.BREP1119A.....G.....G.....A.....A.....T.....A.....G.....																	G.....G.....	..GTG..GAAC..C.....G.....C.....G.....																6978		
31_BC.BR.02.110PAG.....G.....G.....A.....A.....T.....A.....G.....																	G.....G.....	..CA.....C.....T.....A.....A.....T.....A.....G.....																7319		
33_01B.MY.05.05MYKL007_1C.....C.....C.....A.....G.....G.....																	G.....G.....	..C.....T.....A.....A.....T.....A.....G.....C.....																7208		
34_01B.TH.99.OUR2478PGC.....C.....C.....A.....G.....A.....																	G.....G.....	..C.....A.....A.....T.....A.....A.....G.....G.....																6992		
35_AD.AF.05.05AF095G.....C.....C.....C.....G.....G.....																	G.....G.....	..C.....C.....G.....A.....A.....A.....G.....G.....																6992		
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	..G.....G.....C.....C.....T.....G.....CGA.....G.....																	G.....G.....	..T.....C.....G.....G.....C.....A.....G.....G.....																7023		
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	..G.....G.....C.....C.....T.....G.....G.....																	G.....G.....	..T.....C.....G.....G.....C.....A.....G.....T.....G.....																7008		
42_BFLU.03.luBF_05_03G.....G.....G.....A.....CA.....																	G.....G.....	..TG.....G.....G.....G.....G.....G.....																7288		
N.CM.02.DJO0131	..G..C..AC..C..GT..A..CA.....AGGT..A..T..A..C..CACA																	AGT.....G.....	..GCCT..T..C..T..GC..T..G..TC..T.....G.....																7250		
N.CM.04.04CM_1015_04	..G..C..AC..C..GT..A..CA.....AGGT..A..T..A..C..CACA																	AGT.....G.....	..GCCT..T..C..T..GC..T..G..TC..T.....G.....																7228		
N.CM.04.04CM_1131_03	..G..C..AC..C..GT..A..CA.....AGGT..A..T..A..C..CACA																	AGT.....G.....	..GCCT..T..C..T..GC..T..G..TC..T.....G.....																7293		
N.CM.95.YBF30	..G..C..AC..C..GT..A..CA.....AGGT..A..T..A..C..CACA																	AGT.....G.....	..GCCT..T..C..T..GC..T..G..TC..T.....G.....																7374		
N.CM.97.YBF106	..G..C..AC..C..GT..A..CA.....AGGT..A..T..A..C..CACA																	AGT.....G.....	..GCCT..T..C..T..GC..T..G..TC..T.....G.....																7329		
O.BE.87.ANT70	..C..C.....GGG..AA..T..TA..T..G.....ACGTATTGCA..GCC..CA..AAGCACT.....AGAACT..T.....																	G.....G.....	..A..T..G..ATGC..A..T..G..G..TC..AA..T.....T.....																7880		
O.CM.91.MVP5180	..C..C.....G..G..AA..T..TA..T..G.....T..A..AATGTCA..CC..A..AAACATT.....CACACCCCT..C..G.....																	G.....G.....	..A..T..G..ATGC..A..T..G..G..GC..AA..T.....T.....																7897		
O.CM.96.96CMABB637	..T..C.....AA..T..TA..T..G.....T..A..AATT..CA..GCC..CA..AAGCACT.....GGCAAT..T..A..G.....																	G.....G.....	..A..T..G..ATGC..A..T..A..G..TC..AA..T.....T.....																7369		
O.CM.98.98CMA104	..C..C.....G..G..GGG..GA..T..TA..T..G.....T..A..AATTGCA..GCC..CA..AGGCATGGGCACTGGTACT..T..G..G.....																	G.....G.....	..A..T..G..ATGC..A..T..A..G..TC..AA..T.....T.....																7374		
O.CM.99.99CMU4122	..C..C.....GGG..AA..T..TA..T..G.....T..A..AATTGCA..GCC..CA..AGGCAT.....GGTACT..T..G..G.....																	G.....G.....	..A..T..G..ATGC..A..T..A..G..TC..AA..T.....T.....																7346		
O.SN.99.SEM1299	..C..C.....GG..AA..T..TA..T..G.....T..A..AATTGCA..GCC..CA..AGGCAT.....GGCACT..A.....																	G.....G.....	..A..T..G..ATGC..A..T..A..G..TC..AA..T.....T.....																7930		
O.US.99.99USTWLA	..T..C.....G..G..AA..T..TA..T..G.....T..T..ATTGT..CC..TA..AGGCAT.....AACCAT..A.....																	G.....G.....	..A..T..G..ATGC..A..T..G..TC..AA..T.....T.....																7356		
O.FR.92.VAU	..G..G..AA..T..TA..T..G.....T..A..A..AATTGCA..GCC..ACTA..AGGACT.....AGCACT..T..G.....																	G.....G.....	..CA..TT..G..C..ATGC..A..T..G..A..TC..AA..T.....T.....																7442		
CPZ.CD.90.ANT	GG..CC..G..G..G..G.....RT..C..GTC.....C..A..A..CA..GN..A..GCC..AAA..AAAA.....CAACTCTC.....C..G.....																	GC.....A.....T.....	..GCTG..C.....T..G..TC..TC..CA..T.....T..C..T..A.....																7258		
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	..C..C.....G..GCGC..A.....TCT..G.....A.....A.....CA..GCATA..CA..AGCA..GAAAG.....GAAAG.....C..G.....																	G.....G.....	..GCCT..T..CC..G.....TC.....T.....G.....A.....G.....																7410		
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	..G.....G..G..C..GC..A.....CA.....AGGA..A..T..A.....CACACA..ACT.....GAAAG.....C.....																	G.....G.....	..GCCT..C.....T.....G.....TC.....T.....G.....A.....G.....																7309		
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	..C.....A.....G.....G.....G.....T.....T.....G.....G.....G.....GACT.....GAT.....																	G.....G.....	..CA..GC..G.....TG.....T.....G.....																7337		
CPZ.CM.05.SIVcpzNB66	..C.....A.....TG..G..AC.....C.....T.....T.....AAGT..GA..TAT..CA..AGAAAAACAA.....CACCAT.....G.....																	G.....G.....	..C.....C.....T.....G.....AC.....T.....C.....																7450		
CPZ.GA.88.GAB1	..G.....TCG..A..G..T..TC..G..A..A..A..GA..GCATA..CA..GCAAGA.....CAGAAAG..C..G.....																	G.....G.....	..GCCT..C..TC..G.....AC.....T.....A.....C.....T.....																7335		
CPZ.TZ.01.TANI	..G.....G..GG..C..G..C..GTC..G..T..A..GGCCA..G..A..GCCT..AAA..TAAGGCC.....AATCATACT..GTC..G.....																	AT.....G.....	..C.....CTG.....T.....A.....TC..TA..T.....T.....A.....																7452		
CPZ.US.85.CPZUS	..G.....G..G..C..GC..A.....TA.....G.....AGGT.....C..A..GCATA..CA.....A.....A.....																	G.....G.....	..GCCT..C.....T..AC.....G.....TC..T.....A.....																7831		

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.90.01CM240
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.96.96CMAB637
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.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS

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

B.FR.83.HXB2 Env	AAGGATCAACAGCTCCTGGGGATTGGGGTTGCTCTGGAAAACCTATTTGCACCACTGCTGTGCTTGGAAATGCT...AGTTGG	RRE_end	AGTAATAAATCTCTGGAACAGATTTGGAATCAC	ACGACCTGGATGGAGTGGGA	8119	
	K D Q Q L L G I W G C S G G K L I C T T A V P W N A S S W		S N K S L E Q I W N H	T T W M E W D		
A1.GE.99.99GEMZ011G.....C.....AA.....C.....T.....	7294
A1.KE.00.KER2008A.....C.....AA.....C.....T.....	7325
A1.KE.00.KNH1144A.....C.....AA.....C.....T.....	7351
A1.KE.00.KSM4024A.....C.....AA.....C.....T.....	7248
A1.KE.00.MSA4069A.....C.....AA.....C.....T.....	7327
A1.KE.00.NKU3005A.....C.....AA.....C.....T.....	7330
A1.RU.00.RU00057A.....C.....AA.....C.....T.....	7393
A1.RU.03.03R20_06_13G.....A.....A.....C.....CT.....	7340
A1.RW.93.93RW_024A.....G.....AA.....C.....A.....	7324
A1.SE.95.SE889JA.....C.....AA.....C.....A.....	7284
A1.SE.95.UGSE8131T.....A.....GA.....C.....CT.....	7497
A1.TZ.01.A173A.....C.....AA.....C.....T.....	7328
A1.UA.01.01UADN139G.....A.....C.....AA.....C.....	7315
A1.UG.99.92UG037G.....A.....C.....AA.....C.....	8129
A1.UG.99.99UGA07072A.....C.....AA.....C.....T.....	7325
A1.UZ.02.02UZ0659G.....A.....C.....AA.....C.....	7309
A2.CD.97.97CDKS10A.....C.....AA.....C.....T.....	4235
A2.CD.97.97CDKTB48A.....C.....AA.....C.....T.....	7429
A2.CY.94.94CY017_41A.....C.....AA.....C.....T.....	7491
B.AR.04.04AR151516A.....C.....AA.....C.....T.....	7328
B.AU.87.MBC925A.....C.....AA.....C.....T.....	8138
B.BO.99.BOL0122A.....A.....AA.....C.....AG.....	7320
B.BR.03.BREP2012A.....C.....AA.....C.....T.....	7564
B.CA.97.CANB3FULLA.....A.....AA.....C.....AG.....	7392
B.CN.05.05CNHB_hp3A.....C.....AA.....C.....T.....	8135
B.CO.01.PCM001A.....G.....AA.....C.....T.....	7302
B.GB.93.CAM1A.....C.....AA.....C.....T.....	8120
B.GB.86.GB8A.....C.....AA.....C.....T.....	8110
B.GE.03.03GEMZ010G.....A.....C.....AA.....T.....	7296
B.IT.05.SG1A.....C.....AA.....C.....T.....	7804
B.JP.05.DR6538A.....C.....AA.....C.....T.....	8152
B.KR.05.05KSR3A.....C.....AA.....C.....T.....	8182
B.NL.00.671_00T36A.....C.....AA.....C.....T.....	7680
B.RU.04.04RU128005A.....G.....AA.....C.....T.....	7591
B.TH.00.00TH_C3198A.....C.....AA.....C.....T.....	7320
B.UA.01.01UAKV167G.....A.....G.....C.....AA.....	7383
B.US.04.ES10_53A.....C.....AA.....C.....T.....	8097
B.US.99.PRB959_03A.....C.....AA.....C.....T.....	7317
C.AR.01.ARG4006A.....C.....AA.....C.....T.....	7310
C.BR.04.04BR013A.....C.....AA.....C.....T.....	7610
C.BW.00.00BW07621A.....C.....AA.....C.....T.....	7454
C.CN.98.YNRL9840A.....C.....AA.....C.....T.....	7320
C.ET.02.02ET_288A.....C.....AA.....C.....T.....	7324
C.GE.03.03GEMZ033A.....AC.....C.....T.....CTT.....	7326
C.HI.99.99ETA.....C.....AA.....C.....T.....	7325
C.IN.99.01IN565_10A.....C.....AA.....C.....T.....	7496
C.KE.00.KER2010A.....C.....AA.....C.....T.....	7308
C.MM.99.mIDU101_3A.....C.....AA.....C.....T.....	7478
C.MW.93.93MW_965A.....G.....C.....A.....C.....	7294
C.SN.90.90SE_364A.....C.....AA.....C.....T.....	7264
C.SO.89.89SM_145A.....C.....AA.....C.....T.....	7345
C.TZ.02.C0178A.....C.....AA.....C.....T.....	7323
C.UY.01.TRA3011A.....G.....C.....A.....C.....	7296
C.YE.02.02YE511A.....C.....AA.....C.....T.....	7311
C.ZA.04.04ZASK164B1A.....T.....G.....C.....CT.....	7369
C.ZA.05.05ZASK240B1A.....G.....C.....AA.....C.....	7485
C.ZM.02.02ZM108A.....C.....AA.....C.....T.....	8156
D.CD.83.ELIA.....A.....AA.....C.....CT.....	7655
D.CM.01.01CM_0009BBYA.....A.....AA.....C.....T.....	7344
D.KE.01.NKU3006A.....A.....AA.....C.....C.....	7362
D.KR.04.04KBH8A.....A.....AA.....C.....T.....	8032
D.TD.99.MN011A.....A.....AA.....C.....CT.....	7309
D.TZ.01.A280A.....A.....AA.....C.....T.....	7307
D.UG.99.99UGK09259A.....A.....AA.....C.....T.....	7320
D.YE.01.01YE386A.....A.....AA.....C.....T.....	7275
D.YE.02.02YE516A.....A.....AA.....C.....T.....	7299
D.ZA.90.R1A.....A.....AA.....C.....G.....	7473
F1.AR.02.ARE933A.....C.....AA.....C.....CT.....	7389
F1.BE.93.VI850A.....C.....AA.....C.....CT.....	7396
F1.BR.01.01BR125A.....C.....AA.....C.....CT.....	7555
F1.ES.x.P1146A.....C.....AA.....C.....CT.....	7426
F1.FI.93.FIN9363A.....C.....AA.....C.....CT.....	7415
F2.CM.02.02CM_0016BBYA.....G.....AA.....C.....T.....	7278
F2.CM.95.MP257A.....C.....AA.....C.....T.....	7312
F2.CM.97.CM53657A.....A.....AA.....C.....T.....	7290
G.BE.96.DRCB1A.....C.....AA.....C.....CA.....	8058
G.CM.01.01CM_4049HANA.....C.....AA.....C.....CA.....	7308
G.CU.x.Cu74A.....C.....AA.....C.....CA.....	7738
G.ES.00.X558A.....G.....AA.....C.....CA.....	7548
G.ES.99.X138A.....A.....AA.....C.....CA.....	7554
G.GH.03.03GH175GA.....A.....AA.....C.....CA.....	8165
G.KE.93.HH18793_12_1A.....C.....AA.....C.....CA.....	7489
G.NG.01.01NGPL0669A.....C.....AA.....C.....CA.....	7312
G.PT.x.PT2695A.....GG.....C.....T.....AA.....	8130
G.SE.93.SE6165A.....C.....AA.....C.....T.....	7537
H.BE.93.V1991A.....C.....AA.....C.....CT.....	7518
H.BE.93.V1997A.....C.....AA.....C.....CT.....	7433
H.CF.90.056A.....C.....AA.....C.....CT.....	7438
J.CD.97.J_97DC_KTB147A.....A.....AA.....C.....CT.....	7322
J.SE.93.SE7887A.....A.....AA.....C.....CT.....	7426
J.SE.94.SE7022A.....A.....AA.....C.....CT.....	7433
K.CD.97.EQTB11CA.....A.....AA.....C.....CT.....	7302
K.CM.96.MP535A.....C.....AA.....C.....CT.....	7279

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.99.99UR2478P
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.96.96CMA8B637
O.CM.98.98CMA104
O.CM.99.99CMA4122
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

CAGAGAAATTAACAATTAACAAGCTTAATCACTCTTAATTAAGAATCGCAAACAGCAAGAAAAGATGAACAAGAAATTTGGAATTAGATAAATGGGCAAGTTTGGAAATGGTTTAAACATAACAAATGGCTGGTATATAAAATTTATTCATAATGATAG 8289

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 20 rows representing different HIV-1/SIVcpz Complete Genomes. Each cell contains a single-letter amino acid code (e.g., A, G, C, T, Y, Q, K, R, H, D, E, F, L, I, M, N, P, S, V, W) or a dash (-) indicating a missing or unknown residue.

8241
8271
8298
7650
8276
7492
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
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
 A1.GE.99.99GEMZ011
 A1.KE.00.KER2008
 A1.KE.00.KNH1144
 A1.KE.00.KSM4024
 A1.KE.00.MSA4069
 A1.KE.00.NK01405
 A1.RU.00.RU00051
 A1.RU.03.03RU20_06_13
 A1.RW.93.93RW_024
 A1.SE.95.SE8891
 A1.SE.95.UGSE8131
 A1.TZ.01.A175
 A1.UA.01.01UADN139
 A1.UG.92.92UG037
 A1.UG.99.99UGA07072
 A1.UZ.02.02UZ0659
 A2.CD.97.97CDK510
 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.CANB3FUL
 B.CN.05.05CNH1B_hp3
 B.CO.01.PCM001
 B.GB.83.CAM1
 B.GB.86.GB8
 B.GE.03.03GEMZ010
 B.IT.05.SG1
 B.IP.05.DR6538
 B.KR.05.05CSR3
 B.NL.00.671_00T36
 B.RU.04.04RU128005
 B.TH.00.00TH_C3198
 B.UA.01.01UA15167
 B.US.04.ES10_53
 B.US.99.PRB959_03
 C.AR.01.ARG4006
 C.BR.04.04BR013
 C.BW.00.00BW07621
 C.ON.98.YNRL9840
 C.FI.02.02FI_2838
 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.02.02YE571
 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.04.04KR88
 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.FI.93.FIN9363
 F2.CM.02.02CM_0016BBY
 F2.CM.93.MF2
 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.HH8793_12_1
 G.NG.01.01NGPL0669
 G.PT.x.PT2695
 G.SE.93.SE6165
 H.BE.93.V1991
 H.BE.93.V1997
 H.BE.90.0561
 I.CD.97.1.97DC_KTB147
 J.SE.93.SE7887
 J.SE.94.SE7022
 K.CD.97.EQTB11C
 K.CM.96.MP535

```

TAGGAGGCTTGGTAGGTTAAGAATAGTTCCTGCTACTTTCATAGTGAATAGAGTTAGGACGGGATATCCACCATTATCGTTTCAGACCCACCTCCCAACC . . . CCGAGGGGA . . . CCCGACAGGCCGGAAGGAATAGAGAAAGAGTGGAGAGAGACAGA 8450
             N P P P N           P E G D T R Q A R R N R R R R W E R E R Q
             P R G D P T G P K E * K K K V W E R E T E
V  G  G  L  V  G  L  R  I  V  F  A  V  L  S  I  V  N  R  V  R  Q  G  Y  S  P  L  S  F  Q  T  H  L  P  T   P  R  G  P  D  R  P  E  G  I  E  E  E  G  G  E  R  D  R
V  G  G  L  V  G  L  R  I  V  F  A  V  L  S  I  V  N  R  V  R  Q  G  Y  S  P  L  S  F  Q  T  H  L  P  T   P  R  G  P  D  R  P  E  G  I  E  E  E  G  G  E  R  D  R
---AA-A-----G-----A-A-A-----C-----C-G-A-G-----TTGC-CA-A-----G-A-CA-----CA-G-----7625
---T-AA-A-----G-----G-G-A-A-----C-----C-T-G-C-----TTAC-CA-A-----G-A-C-----CA-----7656
---AA-A-----G-----G-G-A-A-A-G-----C-----C-TG-G-A-----TG-C-A-----AG-T-----T-----G-A-C-----CC-G-----7682
---AA-A-----G-----G-----TTC-G-----A-----T-----T-----A-C-----G-A-----CA-G-----7579
---AA-A-----G-----G-A-A-A-----C-----C-T-G-A-C-----TAC-A-----A-----T-----A-C-----C-----G-A-----CA-G-----7658
---AA-A-----G-----G-A-----C-----C-----T-G-A-----TAC-A-----G-----A-----AT-----T-----G-A-----C-----G-----7659
---AA-A-----G-----G-A-A-----C-----C-C-G-A-K-----TTAC-CA-A-----AGA-W-----A-----G-A-C-----C-G-----YA-G-----7724
A- -AA-A-----K-----G-A-A-A-----CC-----C-C-G-A-G-----TTAC-CA-A-----AG-A-----A-----G-A-CA-----CA-G-----7921
---AA-A-----G-----G-A-G-A-A-----C-----C-T-G-A-----T-----TAC-A-----AG-AT-----T-----G-A-C-----CA-----7655
A1.SE.95.SE8891---AA-A-----A-----GA-----A-A-A-----C-----C-T-G-C-----T-----TAC-A-----AG-----T-----G-A-C-----CA-----7615
A1.SE.95.UGSE8131---AA-C-----A-----G-A-G-A-A-----C-----C-TC-G-----C-----TAC-C-----A-----AT-----T-----G-A-C-----CA-----7828
A1.TZ.01.A175---AA-A-----A-----G-----A-A-----C-----C-T-G-A-----T-----TAC-A-----A-----AT-----T-----G-A-----C-----G-----7659
A1.UA.01.01UADN139---AA-A-----A-----G-----A-A-----C-----C-C-G-A-G-----TTAC-CA-A-----AGA-----A-----T-----G-A-C-----G-----7646
A1.UG.92.92UG037---C-AA-A-----G-----G-A-A-----C-----C-CC-----T-----TAC-G-----A-----A-----T-----G-A-C-----CA-----8460
A1.UG.99.99UGA07072---AA-A-----A-----G-----C-A-A-----CC-----C-T-G-C-----T-----TAC-A-----A-----T-----A-G-A-C-----CA-----7656
A1.UZ.02.02UZ0659---AA-A-----A-----G-----A-A-----CC-----C-G-A-G-----TTAC-CA-A-----AGA-----A-----A-G-A-CA-C-----A-----CA-G-----7640
A2.CD.97.97CDK510---A-A-----A-----G-A-G-A-A-----C-----C-T-G-A-----T-----CTAC-A-----AGA-----T-----A-G-A-C-----G-----CA-----4566
A2.CD.97.97CDKTB48---A-A-----A-----A-A-A-G-A-----C-----C-G-A-----T-----CTAC-A-----AGA-----T-----A-G-A-C-----G-----CA-G-----7760
A2.CY.94.94CY017_41---A-A-----A-----A-A-A-G-A-----C-----C-TG-G-A-----T-----CTAC-G-----AGA-----T-----AG-----CC-----G-----CA-G-----7822
B.AR.04.04AR151516---AA-A-----A-----A-----R-----C-----C-A-C-----T-----G-T-----G-----A-----G-R-C-----G-----7659
B.AU.87.MBC925---A-C-----AT-----G-----R-----C-----C-----A-----G-T-----G-----G-----C-----C-----8469
B.BO.99.BOL0122---T-A-----C-----G-----A-----C-----C-----A-----G-T-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----7651
B.BR.03.BREP2012---T-A-----A-----G-----A-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----7895
B.CA.97.CANB3FUL---AA-A-----A-----G-----A-----C-----C-----A-----C-----T-----G-T-----G-----A-----A-----G-----C-----C-----7723
B.CN.05.05CNH1B_hp3---AA-A-----A-----G-----A-----C-----C-----G-A-G-----T-----G-T-----G-----A-----GA-----C-----C-----8466
B.CO.01.PCM001---A-A-----A-----A-----T-----C-----C-----G-A-G-----T-----G-----G-----G-----C-----G-----7633
B.GB.83.CAM1---T-AA-A-----A-----A-----T-----C-----C-----G-A-G-----T-----G-T-----GTT-----A-----C-----C-----G-----8451
B.GB.86.GB8---T-AA-A-----A-----A-----T-----C-----C-----G-A-G-----T-----G-----G-----A-----C-----CA-----8441
B.GE.03.03GEMZ010---T-AA-A-----A-----CA-----G-----C-----C-----G-A-C-----G-----G-----A-----C-----C-----CA-----7627
B.IT.05.SG1---T-A-C-----G-----T-----G-C-----G-----G-----C-----T-----G-A-----TT-----G-----A-----C-----C-----A-----8135
B.IP.05.DR6538---T-A-----G-----T-----GA-----G-----G-----C-----T-----A-G-----TTA-----G-----T-----CCA-----C-----C-----8486
B.KR.05.05CSR3---T-A-----C-----A-----AT-----A-----C-----C-----T-----G-A-----T-----G-----T-----C-----C-----8513
B.NL.00.671_00T36---T-A-----G-----AT-----A-----C-----C-----G-A-C-----T-----G-----G-----T-----C-----C-----8011
B.RU.04.04RU128005---AA-A-----A-----G-----G-----A-----G-----C-----C-----G-A-A-----T-----G-----AG-----G-----C-----7922
B.TH.00.00TH_C3198---AA-A-----A-----T-----G-----A-----G-----C-----C-----G-A-C-----G-----G-----A-----G-----CA-----7651
B.UA.01.01UA15167---T-AA-A-----A-----A-----T-----C-----C-----G-A-C-----T-----G-----G-----AG-----C-----G-----AC-----8428
B.US.04.ES10_53---A-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----T-----G-----C-----G-----AG-----C-----G-----CA-----7648
B.US.99.PRB959_03---A-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----T-----G-----T-----G-----C-----G-----CA-----7648
C.AR.01.ARG4006---A-A-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----G-A-----TTA-----A-----A-G-G-----T-----G-----C-----A-----7641
C.BR.04.04BR013---A-C-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----G-A-----TTAC-----A-----A-G-----T-----G-----C-----CA-----7941
C.BW.00.00BW07621---A-C-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----A-----TTAC-----A-----A-----T-----G-----C-----CA-----7785
C.ON.98.YNRL9840---A-A-----A-----C-----G-----A-----C-----C-----T-----G-----TTAC-----G-----A-----AG-----T-----G-----C-----A-----7651
C.FI.02.02FI_2838---A-A-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----G-----TTAC-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----CA-----7658
C.GE.03.03GEMZ033---A-C-----A-----G-----A-----C-----C-----TC-----TTAC-----G-----A-----A-----T-----T-----AG-----C-----7657
C.IL.99.99ET7---A-A-----A-----C-----CA-----C-----C-----T-----TTA-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----C-----G-----7616
C.IN.99.01IN565_10---A-A-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-T-----TTAC-----G-----A-----C-----T-----AG-----C-----A-----7827
C.KE.00.KER2010---T-A-----A-----A-----T-----GT-----C-----C-----T-----G-----TTAC-----G-----A-----AG-----T-----G-----A-----CA-----7639
C.MM.99.midu101_3---AA-A-----A-----A-----C-----G-----C-----C-----T-----G-----TTAC-----G-----A-----AGA-----T-----T-----G-----A-----CA-----7609
C.MW.93.93MW_965---A-A-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----T-----TTAC-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----C-----7625
C.SN.90.90SE_364---A-A-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----T-----G-----C-----TTA-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----CA-----7595
C.SO.89.89SM_145---A-A-----A-----T-----G-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----C-----TTAC-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----CA-----7676
C.TZ.02.CO178---A-A-----A-----A-----C-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----C-----T-----TTAC-----G-----A-----A-----T-----G-----C-----CA-----7654
C.UY.01.TRA3011---A-A-----A-----A-----G-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----TTAC-----G-----A-----A-----T-----G-----A-----CA-----7627
C.YE.02.02YE571---A-A-----G-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----TTAC-----G-----A-----T-----T-----G-----CA-----7622
C.ZA.04.04ZASK164B1---A-A-----G-----A-----G-----AG-----A-----C-----C-----TC-----G-----T-----G-----T-----CTTC-----AG-----A-----A-----T-----T-----G-----A-----CA-----7900
C.ZA.05.05ZAPSK240B1---A-A-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----T-----G-----A-----TTA-----A-----CCAA-----A-----T-----T-----G-----CA-----7829
C.ZM.02.02ZM108---AA-A-----A-----G-----C-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----TTA-----A-----C-----T-----A-----C-----CA-----8487
D.CD.83.ELI---A-A-----C-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----TC-----G-----T-----T-----G-----C-----C-----G-----7986
D.CM.01.01CM_0009BBY---AA-A-----C-----G-----G-----T-----A-----G-----C-----TC-----A-----T-----T-----G-----C-----CA-----7675
D.KE.01.NKU3006---AA-A-----A-----GT-----T-----A-----G-----C-----TC-----G-----T-----T-----G-----C-----CA-----7693
D.KR.04.04KR88---A-A-----A-----G-----T-----A-----A-----C-----TC-----G-----T-----C-----T-----G-----C-----G-----8363
D.TD.99.MN011---AA-A-----A-----G-----T-----A-----A-----C-----CC-----G-----A-----T-----T-----G-----A-----C-----G-----7640
D.TZ.01.A280---A-A-----A-----A-----GT-----T-----A-----A-----C-----TC-----G-----G-----T-----G-----T-----A-----CA-----7638
D.UG.99.99UGK09259---AA-A-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----TC-----G-----A-----C-----T-----G-----T-----A-----CC-----7651
D.YE.01.01YE386---A-A-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----C-----TC-----G-----A-----T-----T-----G-----C-----CA-----7606
D.YE.02.02YE516---A-AA-----C-----G-----G-----A-----A-----C-----TC-----T-----A-----T-----T-----G-----C-----G-----7630
D.ZA.90.R1---A-A-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----TC-----G-----A-----TTA-----G-----A-----A-----A-----G-----CA-----7720
F1.AR.02.ARE933---G-----A-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----TTA-----G-----A-----A-----C-----G-----CA-----G-----7720
F1.BE.93.V1850---A-C-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----TTA-----G-----A-----A-----C-----G-----CA-----G-----7727
F1.BR.01.01BR125---A-C-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----GTA-----G-----AGA-----A-----C-----G-----AC-----G-----A-----7886
F1.ES.x.P1146---A-C-----G-----T-----T-----A-----A-----C-----TC-----A-----G-----TTA-----G-----C-----C-----G-----CA-----7757
F1.FI.93.FIN9363---A-C-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----A-----TTA-----G-----C-----A-----G-----CA-----7746
F2.CM.02.02CM_0016BBY---A-A-----A-----A-----G-----G-----T-----T-----G-----A-----A-----TTA-----G-----G-----C-----G-----CA-----7609
F2.CM.93.MF2---A-A-----A-----A-----G-----G-----C-----T-----G-----A-----A-----TTA-----G-----G-----G-----C-----CA-----7643
F2.CM.97.CM53657---A-A-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----G-----A-----TTAC-----G-----A-----A-----AC-----G-----C-----A-----7621
G.BE.96.DRCBL---AA-A-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----C-----T-----ACCA-----A-----A-----C-----C-----G-----CA-----8389
G.CM.01.01CM_4049HAN---G-AA-----A-----G-----T-----A-----A-----GA-----C-----T-----G-----A-----C-----TTAC-----ACCA-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----C-----A-----7639
G.CU.x.Cu74---AA-A-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----CTAC-----ACCA-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----CA-----8069
G.ES.00.X558---T-AA-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----TTAC-----ACCA-----A-----A-----G-----A-----C-----CA-----A-----7879
G.ES.99.X138---T-AA-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----TTAC-----ACCA-----A-----A-----G-----A-----C-----CA-----A-----7885
G.GH.03.03GHI75G---T-AA-----A-----A-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----TTAC-----ATCAG-----A-----A-----TA-----A-----C-----G-----A-----CA-----7757
G.KE.93.HH8793_12_1---TC-AA-----A-----A-----A-----G-----A-----G-----C-----T-----G-----T-----C-----TTAC-----ACCA-----A-----A-----A-----A-----C-----CA-----A-----7820
G.NG.01.01NGPL0669---T-AA-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----TTAC-----ACCA-----A-----A-----A-----A-----AG-----CA-----G-----7643
G.PT.x.PT2695---T-AA-----G-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----C-----TTAC-----ACCA-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----G-----7643
G.SE.93.SE6165---T-AA-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----TTAC-----ACCA-----A-----A-----A-----G-----A-----C-----G-----7868
H.BE.93.V1991---TA-AA-----C-----G-----A-----A-----A-----C-----TC-----G-----T-----A-----TTA-----G-----A-----A-----C-----AG-----A-----C-----CA-----7849
H.BE.93.V1997---CT-AA-----G-----A-----AGG-----A-----C-----C-----T-----G-----T-----TTA-----G-----A-----C-----C-----C-----CA-----7764
H.BE.90.0561---T-AA-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----T-----TTG-----G-----A-----AC-----C-----CA-----7769
I.CD.97.1.97DC_KTB147---T-AA-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----G-----A-----A-----TTA-----A-----A-----C-----GT-----A-----G-----A-----C-----G-----7653
J.SE.93.SE7887---T-AA-----A-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----TTA-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----G-----7577
J.SE.94.SE7022---AA-A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----A-----TTA-----T-----A-----G-----G-----C-----G-----7764
K.CD.97.EQTB11C---A-A-----A-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----TTAC-----G-----C-----G-----G-----CA-----7633
K.CM.96.MP535---A-A-----C-----A-----G-----G-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----TTA-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----CA-----7610

```

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.JP.93.93JP.NH1
01_AE.TH.01.01.TH.R2184
01_AE.TH.02.02.TH.7691
01_AE.TH.90.90.TH.240
01_AE.US.00.00.US_MSC1164
02_AG.CM.02.02.CM_4082STN
02_AG.EC.x.EC.U41
02_AG.FR.91.DJ264
02_AG.GH.03.GH.NJ196
02_AG.NG.01.PL0710
02_AG.NG.x.IBNG
02_AG.SE.94.SE.7812
02_AG.SN.98.MP1211
02_AG.UZ.02.02.UZ.710
03_AB.RU.97.KAL153_2
04_cpx.CY.94.CY.032
05_DF.BE.x.VI1310
06_cpx.AU.96.BFP90
06_cpx.RU.05.04.RU.001
07_BC.CN.97.CN.54
08_BC.CN.97.97.CN.GX_6F
09_cpx.GH.96.96.GH.2911
10_CD.TZ.96.96.TZ_BF061
11_cpx.GR.x.GR17
12_BF.AR.99.AR.MA159
13_cpx.CM.96.1849
14_BG.DE.01.9196_01
14_BG.ES.99.X397
15_01B.TH.99.99.TH_MU2079
16_A2D.KR.97.97.KR.004
18_cpx.CU.99.CU.76
19_cpx.CU.99.CU.7
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.97.97.CD.KTB49
28_BF.BR.99.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05.MY.KL007_1
34_01B.TH.99.99.TH.2478P
35_AD.AF.05.05.AF.095
36_cpx.CM.00.00.CM.NY.U830
37_cpx.CM.00.00.CM.NY.U926
42_BFLU.03.luBF_05_03
N.CM.02.DIO0131
N.CM.04.04.CM_1015_04
N.CM.04.04.CM_1131_03
N.CM.95.YBF30
N.CM.97.YBF106
O.BE.87.ANT70
O.CM.91.MVP5180
O.CM.96.96.CM.ABB637
O.CM.98.98.CM.A104
O.CM.99.99.CM.U4122
O.SN.99.SEMP1299
O.US.99.99.USTWLA
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

Sequence alignment table with columns for Tat Rev intron end, Tat Rev exon 2 start, and Tat premature stop in HXB2. Rows correspond to the accession numbers listed on the left. The table shows nucleotide sequences with gaps and alignment markers.

Tat end

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

GACAGATCCATTCGATTAGTGAACGGATCCTTGGCAGTATTCTGGGACGATCTGCGGAGCCTGTGCCCTTCCAGTACCACCGCTTGGAGAGACTACTCTTGTATGTAACG...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.96.96GH2911
 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.99.99TH_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.96.96CMAB637
 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

Table with columns for Rev end (TAA) in some lineages and Rev end. Rows list various HIV-1/SIVcpz strains and their corresponding nucleotide sequences. The table is a multiple sequence alignment of the Rev gene region.

Table with columns for accession numbers (e.g., B.FR.83.HXB2, O1_AE.CF.90.90CF11697), sequence alignments (e.g.,AGGGGTGGGAAGCCCTCAAATTTGGTGGAACTCTCTACAGTATTGGAGTCAGGAACATAAGAAATAGTCTGTTAGCTTGTCTCAATGCCACGCCATAGCAGTAGCTGAGGGGACAGATAGGGTTATAGAAAGTAGTACAAGGAGCCTGTAGAGCTATTCGCC 8748), and accession numbers (e.g., 8721, 8751, 8778, 8130, 8756, 7972, 7953, 8322, 7965, 7947, 7831, 8103, 8193, 8103, 7917, 8275, 8138, 7974, 7959, 7925, 8121, 8154, 8796, 8366, 8121, 7948, 7920, 8100, 8021, 8713, 8194, 8274, 8225, 8141, 8135, 8077, 7811, 8215, 7970, 8197, 8212, 8019, 7952, 8149, 7900, 8240, 8139, 7914, 7935, 7969, 7951, 8210, 8202, 8174, 8239, 8320, 8278, 8817, 8843, 8309, 8320, 8292, 8885, 8293, 8282, 8207, 8353, 8255, 8290, 8281, 8899, 8446, 8777).

	Env gp41, gp160 end	Nef start	
B.FR.83.HXB2	ACATACCTAGAAGAATAAGACAGGGCTTG. GAAAGGATTTTGGCTAT. AAG	ATGGGTGGCAAGTGGTCAAAAGTAGTGTGATGGTGGCCCTACTGTAAGGGAAAGATGAGACGA	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	
Env			
A1.GE.99.99GEMZ011G.....C.....GCA.....G-A-GC.....A-G.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....CAG-T.....-T-A.....	8058
A1.KE.00.KER2008T.....T.....GCA.....G-A-GC.....A-G.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....CAG-T.....-T-A.....	8068
A1.KE.00.KNH1144C.....T.....A.....GC.....G.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....CAG-T.....-T-A.....	8115
A1.KE.00.KSM4024C.....A.....GC.....G.....C.....GA.....-A-CACA.....-CA-AG-G.....GAG-C.....C.....T-T.....	8012
A1.KE.00.MSA4069C.....T.....A.....GC.....G.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....GAG-T.....G.....T.....	8091
A1.KE.00.NKU3005G.....C.....G.....C.....A.....GC.....A.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....GAG-T.....C-A.....	8094
A1.RU.00.RU0051K.....C.....G.....C.....A.....GCA.....A-A.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....GAG-T.....AG.....	8157
A1.RU.03.03RU20_06_13G.....C.....A.....GCA.....A-A.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....CAG-T.....AG.....	8354
A1.RW.93.93RW_024G.....G.....C.....T.....A.....GC.....A-A.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....GAG-T.....AG.....	8085
A1.SE.95.SE8897G.....C.....A.....A.....GC.....A.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....GAG-T.....AG.....	8046
A1.SE.95.UGSE8131T.....T.....T.....T.....GC.....A.....C.....AAT.....G.....-CA-AG-G.....GAG-T.....A-A.....A-A.....	8216
A1.TZ.01.A173C.....C.....GCA.....A.....GC.....A.....T.....G.....-A.....-CA-AG-G.....GAG-T.....A-A.....	8092
A1.UG.92.92UG037G.....C.....G.....C.....A.....GC.....A.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....GAG-T.....A-A.....	8079
A1.UG.99.99UGA07072C.....C.....C.....A.....GC.....A.....C.....AA.....T-CA-AG-G.....GAG-T.....A-A.....A-A.....	8893
A1.UZ.02.02UZ0659G.....C.....GCA.....A.....GC.....A.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....GAG-T.....G.....A.....	8089
A2.CD.97.97CDK310C.....C.....C.....AGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....GAG-T.....G.....A.....	8073
A2.CD.97.97CDKTB48C.....C.....C.....GC.....A.....A.....GAA.....-CCA-AG-G.....G-A-T.....G.....A.....A.....	ACT 5002
A2.CY.94.94CY017_41C.....C.....C.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....GAG-T.....G.....A.....	8193
B.AR.04.04AR151516C.....A.....TC.....A.....A.....T.....GTA-TCAGAGG.....G.....ATT-A.....	8071
B.AU.87.MBC925C.....T.....GC.....A.....A.....A.....A-AT.....A.....	8881
B.BO.99.BOL0122C.....A.....GC.....A.....A.....A.....AG.....G-G.....AA.....	8057
B.BR.03.BREPM2012G.....C.....C.....C.....AGC.....A.....A.....A.....T.....CA-T-G-GAG.....G.....A-C.....	8307
B.CA.97.CANB3FULLG.....C.....C.....C.....AGC.....A.....A.....A.....T.....C-C-A-GG-A.....G.....G.....CT.....	8132
B.CN.05.05CNB_hp3G.....C.....C.....C.....AGC.....A.....A.....G.....T.....A-AG-CAGC-AG.....G.....GA.....	8048
B.CO.01.PCM001G.....C.....A.....A.....GC.....A.....A.....G.....T.....C-C-GG.....T-G.....CA.....	8863
B.GB.83.CAM1C.....C.....A.....GC.....A.....A.....T.....C-A-T-C-T.....GG.....C-CA-A.....	8853
B.GB.86.GB8C.....T.....TC.....A.....A.....GC-GCT-AC-GG.....C.....G.....GA-A.....	8039
B.GE.03.03GEMZ010GT.....T.....TC.....A.....A.....T.....A.....C.....AGT-AGG.....G.....A.....	8898
B.IT.05.SG1G.....C.....C.....C.....AGC.....A.....A.....T.....A.....AGT-AGG.....G.....A.....	8916
B.JP.05.DR6538A.....A.....GC.....A.....A.....A.....A.....CA-AG-G-GG.....G-G-G.....GA-A.....	8423
B.KR.05.05KSR3A.....A.....GC.....A.....A.....W.....A.....T.....C-C-AAARG-A.....CG.....GA-AAG.....	8331
B.NL.00.671_00T36T.....C.....A.....C.....G.....C.....AC-GG.....G.....A.....GA.....	8063
B.RU.04.04RU128005C.....C.....C.....T.....G.....C.....AC-GG.....G.....A.....GA.....	8126
B.TH.00.00TH_C3198C.....C.....C.....T.....G.....C.....CA-GG.....A-G.....AA.....	8060
B.UA.01.01UAKV167C.....C.....C.....T.....G.....GAA.....-T-G.....T-G.....G.....	8044
B.US.04.ES10_83A.....A.....GC.....A.....A.....GAA.....-A.....T-CCCAG-G.....T-G-A.....A-A.....	8374
B.US.99.PRB959_03A.....A.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8218
C.AR.01.ARG4006G.....T.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8084
C.BR.04.04BR013A.....T.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8088
C.BW.00.00BW07621A.....T.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8090
C.CN.98.YNRL9840G.....T.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8049
C.ET.02.02ET_288G.....T.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8254
C.GE.03.03GEMZ033G.....T.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8072
C.IL.99.99E17G.....T.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8247
C.IN.99.01IN565_10T.....C.....C.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8007
C.KE.00.KER2010C.....C.....C.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8109
C.MM.99.mIDU101_3C.....C.....C.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8067
C.MW.93.93MW_965C.....C.....C.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8060
C.SN.90.90SE_364C.....A.....T.....GCAGCG.....A.....AA.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8075
C.SO.89.89SM_145C.....C.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8082
C.TZ.02.CO178C.....C.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8256
C.UY.01.TRA3011C.....C.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8908
C.YE.02.YE511C.....C.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8398
C.ZA.04.04ZAK164B1GC.....G.....T.....GCAGCA.....A.....AA.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8087
C.ZA.05.05ZAPSK240B1GC.....G.....T.....GCAGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8105
C.ZM.02.02ZM108C.....G.....T.....GCAGCG.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8760
D.CD.83.ELJC.....C.....A.....T.....A.....TC.....A.....T.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8052
D.CM.01.01CM_0009BBYT.....C.....C.....A.....T.....A.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8058
D.KE.01.NKU3006C.....C.....C.....A.....T.....A.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8050
D.KR.04.04KRBH8C.....C.....C.....A.....T.....A.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8058
D.TD.99.MNO11C.....C.....C.....A.....T.....A.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8058
D.TZ.01.A280C.....C.....C.....A.....T.....A.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8018
D.UG.99.99UGK09259G.....C.....G.....A.....GC.....GC.....A.....AA.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8042
D.YE.01.01YE386C.....C.....C.....A.....T.....A.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8216
D.YE.02.02YE516C.....C.....C.....A.....T.....A.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8132
D.ZA.90.R1G.....CGT.....C.....A.....C.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8139
F1.AR.02.ARE933G.....C.....GCA.....GC.....G.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8298
F1.BE.93.VI850G.....C.....ACA.....GC.....G.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8166
F1.BR.01.01BR125G.....C.....T.....ATC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8158
F1.ES.x.P1146G.....C.....A.....AG-A.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8021
F1.FI.93.FIN9363G.....C.....T.....C.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8052
F2.CM.02.02CM_0016BBYG.....C.....T.....C.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8033
F2.CM.95.MP257G.....C.....T.....C.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8822
F2.CM.97.CM53657G.....C.....T.....C.....GC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8072
G.BE.96.DRCB1G.....C.....A.....AGC.....AA.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8502
G.CM.01.01CM_4049HANG.....C.....A.....AGC.....AA.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8309
G.CU.x.Cu74G.....C.....A.....AGC.....AA.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8318
G.ES.00.X558GT.....G.....A.....A.....A.....A.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8929
G.ES.99.X138GT.....G.....R.....A.....A.....A.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8244
G.GH.03.03GH175GT.....C.....G.....A.....T.....A.....AGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8067
G.GE.93.HH83_12_1C.....C.....G.....A.....GCA.....AGC.....AA.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8894
G.NG.01.01NGPL0669C.....C.....G.....A.....GCA.....AGC.....AA.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8301
G.PT.x.PT2695GT.....G.....A.....A.....AC.....T.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8262
G.SE.93.SE6165C.....G.....A.....A.....AGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8177
H.BE.93.V1991C.....C.....T.....GC.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8182
H.BE.93.V1997C.....C.....T.....GC.....C.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8015
H.FE.90.056C.....C.....T.....A.....GC.....T.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8157
J.CD.97.J_97DC_KTB147A.....A.....AGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8164
J.SE.93.SE7887T.....A.....AGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8045
J.SE.94.SE7022T.....A.....AGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	8022
K.CD.97.EQTB11CT.....T.....A.....AGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	
K.CM.96.MP535TC.....C.....AGC.....A.....A.....G.....-A.....-CA-AG-G.....G-A.....A-A.....	

	Env gp41, gp160 end	Nef start	
B.FR.83.HXB2	ACATACCTAGAAGAATAAGACAGGGCTTG. GAAAGGATTTTGGCTAT. .AAG	.ATGGTGGCAAGTGGTCAAAAAGTAGTGTGATTGGATGGCCTACTGTAAGGGAAAGATGAGACGA	8862
Nef		M G G K W S K S S V I G W P T V R E R M R R	
Env	H I P R R I R Q G L # E R I L L ##		
01_AE.CF.90.CF11697C.....A.....GC.....A.....AA-AG-G.....CAG-C.....A-G.....	8835
01_AE.CN.05.F1051TC.....A.....AGC.....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.FJ054C.....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.....AA.....CA-AG-G.....CAG-C.....A-A-AG-A.....	8086
01_AE.TH.02.01U7591C.....A.....A.....GC.....CAA.....CA-AG-G.....CAGA-T.....A-G-A.....	8068
01_AE.TH.90.CM240C.....A.....A.....GC.....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.....G.....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.....GG-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.IBNCC.....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.....C.....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.....G.....A.....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.....C.....T.....GCAGC.....A.....AA.....G.....G.....CA-AG-G.....G.....A.....G.....	8235
08_BC.CN.97.97CNGX_6FG.....C.....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-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.....C.....T.....GC.....C.....A.....T.....CA-AG-G.....GAGA-T.....T-A.....C.....	8135
12_BF.AR.99.ARMA159GC.....G.....A.....A.....GC.....A.....C.....A.....AG.....GAGA.....T.....	8827
13_cpx.CM.96.1849G.....C.....C.....C.....GC.....A.....A.....C.....C.....CACAG-G.....AG.....A.....	8302
14_BG.DE.01.9196_01C.....C.....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.....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.....C.....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.....C.....A.....A.....GC.....AA.....G.....A.....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.....C.....GGCC.....A.....GAA.....A.....A.....G.....G.....G.....G.....	8299
24_BG.CU.03.CB378G.....G.....A.....C.....T.....T.....AC.....A.....GA.....A.....A.....ACC.....T.....GTGA.....A.....G.....ACCCCTCAACAAGA	8338
25_cpx.CM.01.101BAC.....C.....A.....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.....A.....GC.....A.....A.....C.....G.....AC-GG.....GAGG.....	8263
29_BF.BR.02.BREPM119C.....C.....A.....GC.....A.....A.....G.....A.....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.....C.....T.....A.....TC.....C.....G.....G.....A.....CA-AG-G.....AG-C.....A.....G-A.....	8253
34_01B.TH.99.OUR2478PC.....C.....A.....GC.....AA.....C.....A.....A.....CA-AG-G.....CAG-C.....A-A-AG-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.....C.....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.....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.....T.....C.....A.....CAC-TG.....GAAA-TT.....T.....G.....AC.....A.....AGCA.....T.....AGAAA-C.....A.....A.....G.....	8353
N.CM.95.YBF30C.....C.....A.....C.....A.....AGCAC-A.....AAAG-TT.....G.....C.....CC-AG-A.....AGAAA-C.....A.....A.....	8434
N.CM.97.YBF106C.....C.....C.....A.....AGCAC-TT.....A.....AAAA-TT.....G.....C.....CC-AG-A.....AGAAA-C.....A.....A.....	8392
O.BE.87.ANT170C.....A.....G.....T.....A.....A.....A.....AT-G.....C.....AAA-GCA-T-AG.....G.....AAT-TGAG.....G-AG-A.....A.....A.....	8931
O.CM.91.MVP5180C.....A.....T.....A.....TGCA.....A.....C.....AG-G.....C.....GAATGCA-AGC.....C-AAT-TGCA.....T-AGAA.....A.....T.....A.....	8957
O.CM.96.96CMAB637T.....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.....	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.....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.....GCAAGCAA-C-TTAGG-A.....A.....AT.....	8319
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13CC.....GC-C.....C.....A.....C.....A.....G.....A.....C.....A.....T.....ATCTTGCTTTAAAATAGTCTTGCTTTAAGA-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.....CA-GC-AT-G.....A.....AAA.....A.....C.....G.....G.....C.....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.....C-T-GA-G.....	8507
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145T.....C.....T.....A.....A.....AGC.....T.....A.....C.....C.....C.....AGAAA.....A.....G.....A-A-A.....	8395
CPZ.GA.88.GAB1C.....GC-C.....C.....A.....GC.....AGC.....A.....T.....CACTGCATTAAGAAC.....A.....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-T.....T.....G.....CA-AG-A.....AGAA-C.....AA-C-T.....A.....	8889

B.FR.83.HXB2
Nef
A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.HI1144
A1.KE.00.KSM4024
A1.KE.00.MSA4069
A1.KE.00.NKU3005
A1.RU.00.RU0005
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.MB025
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.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.HI.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.05.05ZAPS240B1
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.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.PTX.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

.....GCTGAGCCAGCAGCAGATAGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACTGGAAAACATGGAGCAATCACAAAGTAGCAATACAGCAGCTCAACATGCTGCTTGCCTGGCTAGAAGCAAGAGGAGGAGGAGG..... 8991
A E P A A D R V G A A S R D L E K H G A I T S S N T A A T A N A A C A W L E A Q E E E E E
.....GCTC.....CT.....CCAG-A-A-C-T-A-TT-T-GT.....G-T.....-T.....AC-C.....-G-G.....-A..... 8190
.....GCTC.....CT.....CCAG-A-A-T-T-A-TT-A-CT.....T.....T.....TA-ATC-CC-AG-CA.....-G-G.....GT-T..... 8191
.....ACTC.....CT-TC.....TAG-A-A-T.....-A-TT-A-CT.....T.....T.....TA-ATC-CC-AG-CA.....-G-G.....GT-T..... 8241
.....GCTC.....CT.....CCAG-A-A-T-T-A-TT-A-T-T-C.....G-T.....TG-ATC-CC-AG-T.....-G-G.....-A-A..... 8132
.....GCTC.....CT.....TCAG-A-A-T.....-A-TT-A-T-T.....G-T.....T.....TA-A-C-CC-AG-C-T.....-G-G.....-A..... 8214
.....A-CCTG.....A-G-A-A-G-T.....-A-TT-A-T-T.....G-T.....C-T.....A-A-ATC-CC-AG-C-T.....-G-G.....-A-C..... 8217
.....GCTC.....CT.....AGAG-A-A-C-T.....-A-TT-T-Y.....Y-G.....C-AT.....T.....C.....-G-G.....-A..... 8289
.....GCTC.....CT.....AGAG-A-A-C-T.....-A-TT-A-T-T-G.....G-T.....C-T.....A-C-ATC-CC-AG-C-T.....-G-G.....-A-A..... GAG 8217
.....GCTC.....CT.....AGAG-A-A-C-T.....-A-TT-A-T-T-G.....G-T.....C-T.....ATA-ATC-CC-AG-C.....-G-G.....-A..... 8169
.....GCTCGAGCTCCAGCTCATACTCCA.....CCTA.....ACAG-A-A-T.....-A-TT-A-T.....G-T.....C-T.....ATC-ATC-CC-AG-CA.....-G-G.....CAC-A-A-TGAGGA 8368
.....GCTC.....CT.....AGAG-A-A-T.....-A-TT-A-T.....G-T.....AC-T.....ATA-ATC-CC-AG-C-T.....-G-G.....-T..... 8215
.....ACTCCTACAGCAGCAAGGAAAGAACAGAGCAA.....CCTA.....ACAG-A-A-C-T.....-A-TT-T-G.....G-T.....C-T.....TA-ATC-CC-AG-C-T.....-G-G.....-A..... 9049
.....GCTC.....CT.....AGAG-A-A-C-T.....-A-TT-A-T-T-T.....G-T.....C-T.....ATA-ATC-CC-AG-C.....-G-G.....-A..... 8212
.....GCTC.....CT.....AGAG-A-A-C-T.....-A-TT-T-T-G.....G-T.....C-T.....CTAT.....C-A-A-C.....G-G.....-A..... GAA 5170
.....ACTCCTCCAGCAGCAGAAAGGAGTAAGACCAA.....CCTT.....AG-A-A-TG.....-A-TT-A-CC-G.....C-T.....A-C-A-C.....G-G.....-A..... AGTGA 8352
.....ACTCCTCAACAGCACAAGAAAGCAGAAGCA.....TGCT.....CCAG-A-A-TG.....-A-TT-A-CT-CT.....G-T.....C-T.....T-C-A-C.....G-G.....-A..... 8417
.....G.....G-T.....G-T.....C.....T.....A-C.....-A-C.....-G.....-GAG 8203
.....G.....G-A.....-AA-T.....-A-A-GTA.....-A-T.....-A-T.....-GAG 9010
.....GCTAGGCCAGCAGCAGAAAGAAGGAGACAA.....-G-A.....-T.....C-G-G-G.....-AA-T.....-A-A-GTA.....T-A-T.....-A..... 8186
.....G.....G-T.....G-G.....G.....T.....A-AG-A.....A-C.....TA.....T-A.....-A..... 8261
.....G.....G-T.....A.....A.....C.....-A.....-GAG 9001
.....GCTGAGCCACGA.....AG.....T.....A.....T.....C.....T.....A.....W.....T.....-A..... 8174
.....G.....G-T.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8982
.....CT.....AG.....T.....C.....-A.....-A.....GAG 8168
.....G.....G-T.....G-T.....C.....G.....AT.....C-A-TG.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8505
.....CG.....C-T.....T.....G.....C.....A.....AT.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8546
.....G.....G-T.....G.....C.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8463
.....G.....G-T.....G.....C.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8195
.....AG.....G-T.....T.....G.....G.....G.....T.....AT.....G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8249
.....GCTGAGCCAGGAATGAGACGA.....CAG.....T.....G.....G.....G.....T.....AT.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8894
.....C-G.....C-T.....T.....G.....G.....G.....C.....A.....T.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8195
.....GCTCCTCCTGGTGTAGGAGACAGMAGGAGACAA-A-CT-T.....GG-A-A-C-T.....-A-T-A-T-G-T.....G-T.....C-T.....C-T.....C-T.....AC.....-G.....-G-C.....-A.....-A..... 8209
.....G.....G-A-A-C.....-A-T-A-T-G.....G-C.....C-C.....C-C.....C-AT.....A.....-G.....-G-C.....-A.....-A..... 8503
.....G.....G-A-A-C.....-A-T-A-T-G.....G-T.....C-C.....GC-CA-C-T.....C.....-G.....-G.....-C-A.....-A..... 8347
.....G.....G-A-A-C.....G-A-T-A-T.....C-T.....C-T.....C.....C.....C-AG-AT.....-GC.....G.....-A.....-AGAG 8220
.....G.....G-A-A-C.....G-A-T-A-T.....G-T.....C.....C.....C.....C.....C-AG-A.....-GA.....G.....-A.....-AGAG 8222
.....G.....G-A-A-C.....G-A-T-A-T.....G-T.....C.....C.....C.....C.....C-AG-A.....-AAA.....A.....-GA.....G.....-A.....-AGAG 8181
.....GCTGAGCCACGA.....-A-A.....G-A-A-A.....G-A-T-A-T.....G-T.....C.....C.....C.....C.....ACA-CG-T.....C-AG-AG.....-C.....-A.....-AGAG 8391
.....G.....G-A-A-C.....G-A-T-A-T.....G-T.....C.....C.....C.....C.....C-T-GC-A.....AC.....-GC.....-A.....-AGAA 8204
.....G.....G-A-A-C.....G-A-T-A-T.....G-T.....C.....C.....C.....C.....ACA-CT-T.....A-AC.....T.....GAG.....-A.....-AGAA 8374
.....G.....G-A-A-C.....G-A-T-A-T.....G-T.....G-T.....C.....C.....C.....C.....TCAGC-A.....-G.....G.....-T.....GAGC 8190
.....G.....G-A-A-C.....ACGG-A-A-T.....G-A-T-A-T.....T.....G.....C.....C.....C.....C.....CA.....AG.....CA.....G.....-C.....-A.....-AGAG 8139
.....ACTAGGCCAGCAGCAGAG-GA-T.....GG-A-A-A.....G-AA-T-A-T.....T.....G.....C.....T.....AC.....C.....CA-C-AT.....-AG.....-T.....GC.....G.....-C.....-A.....-GAA 8241
.....GCTGAGCCACGA.....-A-A.....G-A-A-A.....G-A-T-A-T.....G-T.....G-T.....C.....C.....C.....C.....GC-C-T.....-A-A.....T.....GC.....-AGC.....GAA 8217
.....G.....G-A-A-C.....G-A-T-A-T.....T.....G.....C.....C.....C.....C.....C-T-C-AT.....A.....-G.....-G.....-C.....-CA.....-AGAG 8192
.....ACTAATCCAGCAGCAGCAGGAGTAGGAGACGCTCTCAA-A-CT.....CAG-A-A-C.....G-A-T-A-CT.....G-T.....C.....C.....C.....C.....CA-C-AT.....A.....-G.....-G.....-C.....-CA.....-AGAG 8243
.....ACTAGGCCAGCAGCAGAG-GA-CAGG.....AG-A-A-A.....A.....-A-T-A-C.....G-T.....C.....CC.....C.....CA-C-AT.....-C.....-G.....-G.....-T.....GAT 8462
.....ACTAGGCCA-A-AG.....G-A-A-A.....A-AG-T-A-T.....G.....G-T.....C.....C.....C.....C.....CAGC-A.....-A.....-AGAC 8392
.....ACTAGAACTGGGGCAGCAA.....GG-A-A-A.....C-A-T-A-C.....G-T.....T.....C.....C.....CA-C-A.....-A.....-G.....-A.....-AGAC 9055
.....A-A-T.....-G-A.....T.....G.....AG-T.....AC.....-A.....-AGC.....CGAG 8530
.....ACTAATC-ATT.....G-A.....T.....AA-T.....G.....G.....AG-T.....C.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8222
.....AT-T.....AG.....T.....G.....G.....G.....G.....CAG.....-C.....AC.....-G-G.....-A.....-A.....-A..... 8237
.....G.....G-A.....T.....G.....G.....G.....G.....A.....-T.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8892
.....G.....G-A.....T.....G.....G.....G.....G.....G.....-A.....-T.....C.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8181
.....T.....AG.....T.....G.....G.....G.....G.....T.....AG.....-T.....C.....AC.....-G.....-A.....-CA.....CGAA 8182
.....G.....G-A.....T.....G.....G.....G.....G.....CA.....CAG-T.....-C.....AG.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8190
.....A-A.....AG.....-G.....G.....G.....G.....CAG-T.....AG-AC.....-A.....-TA-TGCA 8150
.....G.....G-A.....T.....G.....T.....G.....G.....TAATAA-C-IGCC.....A.....-C.....-A..... 8165
.....A-T.....G.....G.....G.....G.....C.....CAG-T.....AC.....-A.....-AGT.....GAA 8348
.....A-CCCT.....AG.....TG.....A.....T-A-C-G-GG.....T.....C.....TAA-AA-AT.....-C-AC-TG.....-G.....-A.....-A..... 8261
.....A-CCCTA.....AG.....TG.....-A.....T-A-C-G-GG.....T.....C.....TAG-A-T.....-C-AC-TG.....-G.....-A.....-A..... 8268
.....ACTCCCTCAACAGCAGAAAGGTTGGAGAGAAGCAGAACCT.....AG.....T.....-A.....T-A-G-GA.....G.....T.....C.....TAG-A-AT.....-C-AC-TG.....-G.....-A..... 8427
.....A-CCCTA.....AG.....T.....-A.....CT-GTGA.....G.....T.....C.....G-G.....-T.....C-A-TG.....-G.....-T..... 8331
.....CCCC-CCAG.....AG.....TG.....A.....T-A-G-GG.....G.....T.....C.....T-G.....-T.....C-AC-TG.....-G.....-C.....-A..... 8290
.....A-CCCTGT.....AG.....AAG.....T.....A-T-T.....G.....G-T.....C.....T-GG.....-T-AA-ACATA.....-G.....-G.....-A.....-A..... 8150
.....A-CCCTG.....AG.....TG.....-A.....T-A-T.....G.....G-T.....AC.....T-GG.....-T-AA-AC-TG.....-G.....-T.....A..... 8169
.....CCAG.....TG.....-A.....T-A-T.....G.....G-T.....C.....C-G-TAGG-A.....-AG-AC-TG-A.....-G.....-T..... 8162
.....CACCTG.....AG-A-A-T.....A-TT-A-T-GG.....C.....A.....GC.....-C-A.....-G.....CTCAGAG 8954
.....ACCCCTATAGCAGCA-A-AGA.....CAG-A-A-T.....T.....T-A-CT-GG.....T.....C.....T.....C-AT.....-TT-CAGA 8167
.....A-CCCTA.....CAG-A-A-T.....T.....T-A-CT-GG.....T.....C.....T.....C-AT.....-C-CA.....-GC.....-A.....-TTCAGAA 8634
.....A-CCCTA.....TAG-A-A-T.....-A-TT-A-CT-GG.....T.....C.....C-AT.....-C-A.....-G.....-C-A-A.....-TTCTGAG 8441
.....R-CCCT.....TAG-A-R-T.....-A-TT-A-CT-GG.....T.....C.....C-AT.....-C-A.....-G.....-A-A.....-TTCAGAG 8450
.....A-CCCTG.....AG-A-A-C.....-A-TT-A-T-GG.....GC.....C.....A-AT.....-C-AC.....T.....-A.....-TTCAGAG 9061
.....ACCCCAATAAGACAAA-CCCA.....AG-A-A-T.....-A-TT-A-CT-GG.....T.....C.....A-C-AT.....-C-A.....-G.....-G.....-A.....-TTCAGAG 8391
.....ACCCCTCCACAGAGAAGA-A-GAG.....AG-A-A-T.....-A-TT-A-CT-GG.....T.....C.....C-AT.....-C-A.....-G.....-C.....-A.....-TTCAGAG 8220
.....CCCTT.....TAG-A-A-T.....-A-TT-A-CT-GG.....T.....C.....C-AT.....-C-A.....-G.....-A-T-A.....-TTCAGAG 9026
.....A-CCCTA.....AG-A-A-T.....-A-TT-A-T-GG.....T.....C.....C-AT.....-C-A.....-G.....-C.....-A.....-TTCAGAA 8433
.....A.....AG.....-A.....TG.....-A.....TT-A-T-G-G.....G.....TC-AT-C-T.....T-AT.....AC-CC.....-G.....-A.....-GAA 8394
.....C.....G-A.....T.....T.....T-G-GA.....G.....G.....T-AT.....T-AT.....-C-A-GT.....-G.....-A.....-GAG 8309
.....A.....AG-A.....TG.....TT-T-G-GC.....G.....G.....T-AT.....T-AT.....CG-A-GCC.....-G.....-C-G.....GAA 8314
.....GCTACTCT-A-CT.....AG-A-A.....G-A.....T-A-T-GG.....G.....T.....T-AA-A-AG-C.....-G-G.....ACA-A.....GAG 8156
.....GCTC-C-CT.....-G-A.....TG.....-A.....TT-CT-G.....G.....C.....-A.....AC.....-G.....ACA..... 8289
.....GCTGCTC.....-G-A.....TG.....-A.....TT-CT-G.....G.....C.....-A.....AC.....-G.....ACA..... 8299
.....A-CCCT.....G.....G-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8174
.....GCACGACCAGCAGCAGCAGGTTGGAA-A-C-A.....-G.....T.....-A.....-T.....G.....G.....C.....TTC-AT.....-C-A.....-G.....-A.....-C..... 8174
.....CG.....T.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 8178

B.FR.83.HXB2 Nef

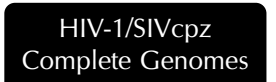
Table showing HIV-1/SIVcpz Complete Genomes alignments. It includes a reference sequence at the top (3' LTR U3 start) and multiple alignment rows with sample IDs on the left and positions on the right.

Nef premature end in HXB2

B.FR.83.HXB2		TC CCTGATTAGCAGAACTACACACCAGGGCCA .GGGGTCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCACTGGAGCCAGATAAGATAGAAGAG . .GCCAATAAAGAGAGAAC . .ACCAGCTGTTTACCCCTGTGAGCGCTGCATGGGATGGATG 9319	
Nef		F	D
	*	Q	N
A1.GE.99.99GEMZ011		G	T
A1.KE.00.KER2008		G	T
A1.KE.00.KNH1144		G	T
A1.KE.00.KSM4024		G	T
A1.KE.00.MSA4069		G	T
A1.KE.00.NKU3005		G	T
A1.RU.00.RU00057		G	T
A1.RU.02.03RU620_06_13		G	T
A1.RW.93.93RW_024		G	T
A1.SE.95.SE889J		G	T
A1.SE.95.UGSE8131		G	T
A1.TZ.01.A173		G	T
A1.UA.01.01UADN139		G	T
A1.UG.99.99UGA07072		G	T
A1.UZ.02.02UZ0659		G	T
A2.CD.97.97CDKS10		G	T
A2.CD.97.97CDKTB48		G	T
A2.CY.94.94CY017_41		G	T
B.AR.04.04AR151516		G	T
B.AU.87.MBC925		G	T
B.BO.99.BOL0122		G	T
B.BR.03.BREP2012		G	T
B.CA.97.CANB3FULL		G	T
B.CN.05.05CNHB_hp3		G	T
B.CO.01.PCM001		G	T
B.GB.83.CAM1		G	T
B.GB.86.GB8		G	T
B.GE.03.03GEMZ010		G	T
B.IT.05.SG1		G	T
B.JP.05.DR6538		G	T
B.KR.05.05KSR3		G	T
B.NL.00.671_00T36		G	T
B.RU.04.04RU128005		G	T
B.TH.00.00TH_C3198		G	T
B.UA.01.01UAKV167		G	T
B.US.04.ES10_53		G	T
B.US.99.PRB959_03		G	T
C.AR.01.ARG4006		G	T
C.BR.04.04BR013		G	T
C.BW.00.00BW07621		G	T
C.CN.98.YNRL9840		G	T
C.ET.02.02ET_288		G	T
C.GE.03.03GEMZ033		G	T
C.A.99.99ET7		G	T
C.IN.99.01IN565_10		G	T
C.KE.00.KER2010		G	T
C.MM.99.mIDU101_3		G	T
C.MW.93.93MW_965		G	T
C.SN.90.90SE_364		G	T
C.SO.89.89SM_145		G	T
C.TZ.02.CO178		G	T
C.UY.01.TRA3011		G	T
C.YE.02.02YE511		G	T
C.ZA.04.04ZASK164B1		G	T
C.ZA.05.05ZAPS240B1		G	T
C.ZM.02.02ZM108		G	T
D.CD.83.ELI		G	T
D.CM.01.01CM_0009BBY		G	T
D.KE.01.NKU3006		G	T
D.KR.04.04KBH8		G	T
D.KD.99.MN011		G	T
D.TZ.01.A280		G	T
D.UG.99.99UGK09259		G	T
D.YE.01.01YE386		G	T
D.YE.02.02YE516		G	T
D.ZA.90.R1		G	T
F1.AR.02.ARE933		G	T
F1.BE.93.V1850		G	T
F1.BR.01.01BR125		G	T
F1.ES.x.P1146		G	T
F1.FI.93.FIN9363		G	T
F2.CM.02.02CM_0016BBY		G	T
F2.CM.95.MP257		G	T
F2.CM.97.CM53657		G	T
G.BE.96.DRCBL		G	T
G.CM.01.01CM_4049HAN		G	T
G.GU.x.Cu74		G	T
G.ES.00.X558		G	T
G.ES.99.X138		G	T
G.GH.03.03GH175G		G	T
G.KE.93.HH18793_12_1		G	T
G.NG.01.01NGPL0669		G	T
G.PT.x.PT2695		G	T
G.SE.93.SE6165		G	T
H.BE.93.V1991		G	T
H.BE.93.V1997		G	T
H.CF.90.056		G	T
J.CD.97.J_97DC_KTB147		G	T
J.SE.93.SE7887		G	T
J.SE.94.SE7022		G	T
K.CD.97.EQTB11C		G	T
K.CM.96.MP535		G	T

Nef premature end in HXB2

B.FR.83.HXB2	TC_CCTGATTAGCAGAACTACACACCCAGGCCA.GGGGTCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTCTCAACAGCTAGTACCAGTTGGCCAGATAAGATAGAAG...GCCAATAAAGAGAGAAC...ACCAGCTGTTCACCCCTGTGAGCCTGCATGGGATGGATG	9319
Nef	F # P D * Q N Y T P G P # G V R Y P L T F G W C Y K L V P V E P D K I E E . A N K G E N . T S L L H P V S L H G M D	
01_AE.CF.90.90CF11697	...G A ...A ...C ...TGT	9286
01_AE.CN.05.F1051	...G A ...A ...C ...TGT	9325
01_AE.CN.06.F1054	...G C ...A ...C ...TATGT	9331
01_AE.HK.x.HK001	...G ...A ...A ...T ...TGT	8701
01_AE.JP.93.93JP_NH1	...G A ...C ...AC ...TC ...TGT	9321
01_AE.TH.01.01TH_R2184	...G G C ...G ...C ...TGT	8408
01_AE.TH.02.OUR7691	...G ...C ...A ...C ...TGT	8390
01_AE.TH.90.CM240	...G A ...G ...A ...C ...TGT	8847
01_AE.US.00.00US_MSC1164	...G ...C ...A ...C ...TGT	8395
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	...A ...G ...A ...C ...TGT	8413
02_AG.EC.x.ECU41	...A ...C ...G ...T ...A ...A ...A ...G ...T ...CAG ...G ...G ...A ...	8291
02_AG.FR.91.DJ264	...A ...G ...T ...AACT ...C ...G ...T ...A ...A ...A ...G ...T ...CAG ...G ...G ...A ...	8674
02_AG.GH.03.GHNJ196	...A ...G ...A ...A ...T ...C ...G ...T ...A ...A ...A ...G ...T ...CAG ...G ...G ...A ...	9432
02_AG.NG.01.PI.0710	...A ...G ...T ...AA ...T ...C ...C ...G ...T ...A ...A ...A ...G ...T ...CAG ...G ...G ...A ...	8503
02_AG.NG.x.IBNG	...A ...G ...A ...A ...T ...C ...G ...T ...A ...A ...A ...G ...T ...CAG ...G ...G ...A ...	8846
02_AG.SE.94.SE7812	...A ...G ...A ...A ...T ...C ...G ...T ...A ...A ...A ...G ...T ...CAG ...G ...G ...A ...	8709
02_AG.SN.98.MP1211	...A ...G ...T ...A ...T ...C ...G ...T ...A ...A ...A ...G ...T ...CAG ...G ...G ...A ...	8554
02_AG.UZ.02.02UZ710	...A ...G ...A ...A ...T ...C ...G ...T ...A ...A ...A ...G ...T ...CAG ...G ...G ...A ...	8530
03_AB.RU.97.KAL153_2	...A ...G ...G ...T ...A ...T ...TC ...A ...A ...G ...C ...C ...AG ...G ...CAG ...G ...A ...C ...A ...	8484
04_cpx.CY.94.CY032	...G ...G ...T ...A ...AG ...TC ...TG ...T ...T ...T ...A ...T ...C ...G ...G ...G ...G ...	8731
05_DF.BE.x.VI1310	...G ...G ...T ...A ...T ...TC ...G ...T ...T ...T ...T ...A ...T ...GG ...G ...GA ...G ...G ...	8728
06_cpx.AU.96.BFP90	...G ...A ...A ...AC ...TC ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...G ...G ...AG ...G ...A ...CTT ...C ...	9364
06_cpx.RU.05.04RU001	...G ...C ...T ...TC ...T ...T ...G ...T ...T ...T ...T ...G ...T ...AGGG ...G ...A ...T ...C ...	8940
07_BC.CN.97.CN54	...G ...C ...C ...A ...TC ...T ...G ...T ...T ...T ...T ...C ...AGGG ...AG ...CG ...G ...AG ...	8692
08_BC.CN.97.97CNX_6F	...C ...G ...C ...A ...TC ...T ...G ...T ...G ...T ...T ...G ...T ...AGGG ...AG ...CG ...G ...AG ...	8519
09_cpx.GH.96.96GH2911	...A ...G ...A ...A ...T ...TC ...T ...G ...T ...T ...G ...T ...A ...T ...AG ...AG ...G ...C ...GG ...	8494
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	...G ...A ...A ...AC ...G ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...C ...AGAG ...AG ...G ...T ...C ...	8674
11_cpx.GR.x.GR17	...G ...T ...A ...C ...TGT ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...C ...AGAG ...AG ...G ...T ...C ...	8598
12_BF.AR.99.ARMA159	...G ...A ...TG ...G ...T ...T ...C ...TGG ...G ...A ...G ...T ...C ...CA ...AA ...A ...A ...	9284
13_cpx.CM.96.1849	...G ...A ...G ...C ...TGT ...A ...T ...T ...A ...T ...CA ...AG ...AG ...G ...A ...T ...C ...	8744
14_BG.DE.01.9196_01	...A ...G ...A ...AYT ...TC ...G ...T ...A ...A ...G ...T ...CAG ...G ...A ...T ...C ...	8848
14_BG.ES.99.X397	...A ...G ...A ...ACT ...TC ...G ...T ...A ...A ...A ...G ...T ...CAG ...G ...A ...T ...C ...	8799
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	...G ...A ...A ...C ...TG ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...C ...AG ...G ...TG ...G ...AA ...C ...	8694
16_A2D.KR.97.97KR004	...G ...GGT ...AA ...T ...C ...A ...A ...T ...T ...T ...T ...CAGT ...C ...G ...G ...G ...T ...C ...G ...	8736
18_cpx.CU.99.CU76	...G ...T ...A ...TC ...C ...A ...A ...T ...T ...T ...T ...T ...A ...T ...A ...G ...AG ...G ...	8648
19_cpx.CU.99.CU7	...G ...T ...T ...A ...G ...T ...G ...G ...T ...A ...GG ...GC ...GA ...A ...A ...C ...G ...	8384
20_BG.CU.03.CB471	...A ...G ...T ...A ...A ...T ...G ...T ...A ...A ...G ...T ...CAG ...G ...G ...A ...T ...A ...G ...	8795
21_A2D.KE.91.KNH1254	...C ...G ...T ...A ...C ...A ...A ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...TC ...G ...T ...AG ...C ...C ...	8544
23_BG.CU.03.CB118	...A ...G ...A ...A ...G ...T ...A ...T ...T ...CAG ...TG ...G ...A ...G ...T ...A ...T ...A ...	8774
24_BG.CU.03.CB378	...A ...G ...A ...ACA ...C ...A ...G ...T ...A ...G ...T ...CAG ...G ...G ...A ...GG ...T ...A ...	8834
25_cpx.CM.01.101BA	...G ...A ...A ...A ...C ...A ...A ...G ...T ...A ...A ...G ...T ...AG ...G ...G ...A ...T ...A ...	8596
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	...C ...G ...A ...A ...G ...C ...A ...T ...C ...GG ...AG ...G ...T ...G ...T ...GT ...C ...T ...A ...	8526
28_BFBR.99.BREPM12609	...G ...A ...AC ...TC ...TT ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...AC ...G ...C ...G ...T ...A ...	8732
29_BFBR.02.BREPM119	...G ...A ...A ...C ...G ...T ...T ...G ...T ...T ...C ...G ...G ...G ...A ...C ...G ...T ...A ...	8471
31_BC.BR.02.110PA	...G ...A ...AC ...C ...T ...T ...G ...C ...AGGG ...AG ...G ...G ...A ...C ...C ...T ...A ...	8810
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	...C ...G ...A ...AC ...TC ...TGT ...T ...T ...T ...C ...A ...AG ...AG ...G ...C ...A ...A ...T ...	8710
34_01B.TH.99.OUR2478P	...G ...A ...AC ...TC ...TG ...T ...T ...T ...G ...G ...AG ...AG ...G ...T ...G ...A ...A ...	8473
35_AD.AF.05.05AF095	...G ...A ...T ...A ...T ...T ...A ...A ...T ...T ...G ...AG ...GA ...T ...CG ...G ...GAG ...GAAC ...	8500
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	...G ...A ...T ...A ...T ...T ...A ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...	8410
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	...G ...T ...C ...G ...G ...G ...A ...C ...G ...GAG ...GAAC ...A ...A ...A ...A ...	8396
42_BFLU.03.luBF_05_03	...G ...C ...C ...C ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...T ...	8781
N.CM.02.DJO0131	...C ...G ...AACT ...TC ...C ...A ...T ...T ...A ...T ...GTCAG ...T ...AGCAG ...T ...G ...C ...	8794
N.CM.04.04CM_1015_04	...C ...G ...A ...G ...C ...A ...T ...T ...A ...T ...GTCAG ...T ...AGCAG ...A ...T ...G ...C ...	8763
N.CM.04.04CM_1131_03	...C ...G ...A ...T ...C ...A ...T ...T ...A ...T ...GTCAG ...T ...AGCAG ...A ...T ...G ...C ...	8831
N.CM.95.YBF30	...C ...G ...T ...AA ...T ...C ...G ...A ...T ...T ...A ...T ...GTCAG ...T ...AGCAG ...A ...T ...G ...	8909
N.CM.97.YBF106	...C ...G ...T ...A ...T ...C ...CY ...TG ...T ...T ...A ...T ...GTCAGAG ...AGCAG ...A ...T ...G ...	8852
O.BE.87.ANT70	...G ...A ...AAC ...G ...TC ...A ...TG ...TT ...A ...GTCAGA ...AG ...GC ...AGACTA ...GA ...C ...T ...T ...	9409
O.CM.91.MVP5180	...G ...TGT ...G ...A ...ACCT ...TC ...A ...TG ...TT ...A ...G ...GTCAG ...AG ...GC ...GAGACTG ...GT ...C ...AAT ...	9432
O.CM.96.96CMAAB637	...G ...A ...AAC ...C ...A ...CCA ...T ...G ...GTCAGA ...C ...G ...GC ...AGACTG ...G ...CGT ...T ...A ...GG ...	8913
O.CM.98.98CMA104	...G ...A ...AAC ...TC ...C ...A ...ATG ...TT ...GTCAGA ...C ...G ...GC ...ATTG ...G ...GTCAT ...A ...GA ...	8912
O.CM.99.99CMAU122	...G ...A ...AAC ...TC ...C ...A ...G ...TA ...TT ...GTCAGA ...C ...G ...GC ...ACTA ...GA ...GT ...T ...T ...CA ...	8871
O.SN.99.SEMPI299	...G ...GG ...A ...CCA ...TC ...A ...G ...TA ...TT ...T ...GTCAGA ...C ...G ...GC ...ACTA ...GA ...GT ...T ...T ...	9471
O.US.99.99USTWLA	...G ...T ...A ...ACCT ...C ...A ...C ...CTA ...TT ...T ...GTCAGA ...C ...AG ...GC ...CACTG ...G ...GT ...T ...T ...	8879
O.FR.92.VAU	...G ...A ...T ...A ...AAC ...TC ...T ...A ...A ...CTA ...TT ...T ...GTCAGA ...C ...G ...GC ...CACTG ...G ...GT ...T ...T ...	8980
CPZ.CD.90.ANT	...G ...T ...GA ...A ...A ...T ...CTGTAGA ...T ...TT ...T ...A ...AT ...CCA ...CCT ...T ...T ...GG ...A ...TAC ...	8758
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	...C ...G ...C ...A ...A ...AG ...C ...CCTG ...TT ...A ...TT ...GACAA ...T ...GC ...AG ...CA ...T ...G ...G ...	8958
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	...C ...G ...T ...C ...A ...C ...C ...G ...TCA ...T ...GG ...G ...A ...T ...C ...C ...ATGT ...C ...T ...CA ...T ...	8826
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	...C ...G ...A ...T ...C ...A ...A ...CG ...T ...C ...AAC ...C ...AG ...G ...G ...A ...T ...C ...ATCTAC ...AC ...G ...	8851
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	...G ...A ...A ...A ...G ...C ...A ...C ...TA ...T ...T ...T ...A ...A ...AG ...AG ...G ...ACA ...T ...C ...ACAA ...	8964
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	...C ...G ...A ...A ...G ...C ...C ...A ...C ...G ...TT ...A ...G ...C ...TT ...GCCA ...T ...GG ...G ...GA ...A ...G ...	8852
CPZ.GA.88.GAB1	...C ...G ...A ...A ...A ...AAC ...TC ...CTGT ...T ...A ...G ...CC ...GACAGAG ...GC ...G ...C ...A ...G ...T ...T ...	8392
CPZ.TZ.01.TANI	...T ...A ...C ...G ...C ...T ...A ...AA ...C ...TGTAGG ...TA ...TT ...T ...G ...G ...A ...C ...CCAAG ...AGAT ...AAG ...	8990
CPZ.US.85.CPZUS	...C ...G ...T ...C ...T ...A ...A ...C ...A ...A ...A ...G ...TT ...T ...C ...TC ...CACAGA ...GG ...AG ...GC ...C ...A ...TAC ...	9358



TCF-1 alpha binding
 Nef end

B.FR.83.HXB2
 Nef

ACCCGGAGAGAAAGTGTAGAGTGGAGTTTGACAGCCGCATGCAATTCATCACTGGCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAGAAGTCTGCTGA	CATCGAGCTTGCTACAA	9434
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 *				
TGA - A - - - - AT - - - - - T - - - - - G - TC - AACA - - - - - AGA - - - - - CA - A - - - - GCTGCTG - CA	8634
TGA - A - - - - A - - - - CA - - - - - G - G - - - - ACA - - - - - CAA - - - - - A - - - - A - - - - - CA - AG - - - - - GACTG	8635
TGA - G - - - - C - AG - - - - - A - - - - G - C - AG - - - - - A - - - - C - TA - AAA - - - - - T - - - - - CA - AG - - - - - GACTG	8636
TGA - A - - - - A - C - - - - - A - - - - G - AGAA - - - - - AGA - T - TT - - - - - CA - AGC - - - - - GAC	8637
TGA - A - - - - A - GA - - - - - A - - - - G - C - AAGA - - - - - AGA - T - A - - - - - CA - AG - - - - - GAC	8657
TGA - T - - - - ACA - AT - - - - - A - - - - G - C - AA - - - - - AGA - A - - - - - T - A - - - - - CA - GAG - - - - - GAC	8660
TGAT - AG - - - - A - AT - - - - - T - - - - G - TC - AA - - - - - AGA - A - - - - - C - G - T - A - - - - - MCA - GAG - - - - - GMC	8732
A1.RU.03.03RU.20.06.13				
TGA - A - - - - A - - - - AT - - - - - T - W - - - - G - TC - AAAA - - - - - AGA - A - - - - - T - A - - - - - CACAGACTGCTGACAT - - - - - GAC	8941
A1.RW.93.93RW.024				
TGA - A - - - - A - - - - GT - - - - - A - - - - G - C - GA - - - - - AGA - A - - - - - T - A - - - - - A - - - - - TG - CAC - - - - - AAGATGCTG - CA	8660
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 - - - - - CACAGGCTGCTGACAT - - - - - GAC	8681
A1.UG.92.92UG037				
TGA - A - - - - ACA - AG - - - - - A - - - - A - - - - G - CGAGTA - - - - - AAA - AA - - - - - AAA - - - - - T - 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 - - - - - TC - AACA - - - - - AGA - - - - - T - A - - - - - CACAGACTGCTGACAT - - - - - GAC	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 - - - - - AA - - - - - G - CGGAGA - - - - - AGA - - - - - A - - - - - CA - AG - - - - - GAC	8810
A2.CY.94.94CY01741				
T - - - - - A - - - - - ATA - - - - - A - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - A - - - - - G - - - - - T - - - - - CA - AG - - - - - GACTG	8645
B.AR.04.04AR151516				
B.AL.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.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.90.90ET7				
C.IN.99.01IN565_10				
C.KE.00.KER2010				
C.MM.99.mIDU101_3				
C.MW.93.93MW_965				
C.NG.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.05.05ZAPSK240B1				
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.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.CLU.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				

TCF-1 alpha binding Nef end

Table with columns for sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2, Nef), 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 accession numbers (9434, 9408, 9457, 9454, 8816, 9443, 8408, 8390, 9008, 8395, 8413, 8291, 8790, 9547, 8619, 8961, 8845, 8670, 8646, 8611, 8848, 8880, 9491, 9054, 8810, 8624, 8606, 8779, 8734, 9419, 8853, 8976, 8928, 8809, 8866, 8763, 8499, 8912, 8680, 8891, 8951, 8713, 8642, 8854, 8586, 8908, 8825, 8588, 8615, 8410, 8396, 8896, 8910, 8898, 8947, 9044, 8966, 9538, 9537, 9041, 9025, 9005, 9599, 9010, 9108, 8903, 9085, 8941, 8968, 9597, 8997, 9519, 9133, 9480).

	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA box			
B.FR.83.HXB2	GGGACTTTCCGCTG	GGGACTTTCC	AGGGAGGC	GTGGCTGGGCGGGACTGGGG	AGTGGCGAG	CCCTCAGATCCGATATAAGCAGCTGCT	9525		
A1.GE.99.99GEMZ011		G		GT			8715		
A1.KE.00.KER2008			AG	T	TT	AGT	T-A	8727	
A1.KE.00.KNH1144	A		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	T-A	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			AG	T	TT	AGT	T-A	8705	
A1.SE.95.UGSE8131	G		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.99.99UZ07072			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	T				9545	
B.BO.99.BOL0122	A		AG	T	A			8748	
B.BR.03.BREPM2012			AG	T	A			9000	
B.CA.97.CANB3FULL				T	A			8687	
B.CN.05.05CNHB_hp3				T	A			9535	
B.CO.01.PCM001			AG	T	A		A	8709	
B.GB.83.CAM1			AG	T	A			9539	
B.GB.86.GB8				T	A			9515	
B.GE.03.03GEMZ010		G		T	A		C	8702	
B.IT.05.SG1	G		GG	A	C		AT	TGC	
B.JP.05.DR6538			AG	A				8694	
B.KR.05.05CSR3				T	AAAT	C	A	9562	
B.NL.00.671_00T36				T	A		A	9549	
B.RU.04.04RU128005			AG	T	A		A	9105	
B.TH.00.00TH_C3198				T	A			9025	
B.UA.01.01UAKV167			AG	T		A		8394	
B.US.04.ES10_53	A-C		AG	T		A		8784	
B.US.99.PRB959_03			AG	T	A			9519	
C.AR.01.ARG4006			AG	T	A			8752	
C.BR.04.04BR013			ACTG	G	G	G	G	TTC	
C.BW.00.00BW07621			ACTG	G	G	G	G	TTC	
C.CN.98.YNRL9840				T	A			8744	
C.ET.02.02ET_288	T-T			T	A			9037	
C.GE.03.03GEMZ033		GGGACTTTCCACTG	CG	AGG	GG		AGAA	C-A	
C.IL.99.99ET7		GGGACTTTCCACTAG	CG	AGG	GG		GAG	T	
C.IN.99.01INS565_10				ACTG	G	G	G	TTC	
C.KE.00.KER2010	T			ACTG	G	G	G	TTC	
C.MM.99.mmIDU101_3	TT-C			ACTG	G	G	G	TTC	
C.MW.93.93MW_965	G			ACTG	G	G	G	TTC	
C.MW.93.93MW_965		TGGGACTTTCCACTG	CG	AGG	AGG			T-C	
C.SN.90.90SE_364		TGGGACTTTCCACTG	CG	AGG	AGG			T-C	
C.SO.89.89SM_145		TGGGACTTTCCACTG	CG	AGG	AGG			T-C	
C.TZ.02.CO178				ACTG	G	G	G	TTC	
C.UY.01.TRA3011	A			ACCG	G	G	G	TTC	
C.YE.02.02YE511		ACACAGAAGGGACTTTCCGC	T	TGGGACTTTCCCTCTG	CG	AGG	AGG		
C.ZA.04.04ZASK164B1				TGGGACTTTCCACTG	CG	AGG	AGG		
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	CT			TGGGACTTTCCACTG	CG	AGG	AGG		
C.ZM.02.ZM108				ACTG	G	G	G	TTC	
D.CD.83.ELI	TCTACAA			ACTG	G	G	G	TTC	
D.CM.01.01CM_0009BBY							A	9589	
D.KE.01.NKU3006	TCTACAA						A	9064	
D.KR.04.04KBH8		GG-AC		AGAAGAGG			AC-AG	ACT	
D.TD.99.MN011	TCTACAA	A					AG	T	
D.TZ.01.A280	GCTACAA						G	AA	
D.UG.99.99UGK09259	TCTACAA						G	AA-AG	
D.YE.01.01YE386				GGGACTTTCCGCTGG	AC	AGGGGAGG		AGT	
D.YE.02.02YE516				AGGGACTTTCCGCTAG	AC	G	G	G	
D.ZA.90.R1							T	T	
F1.AR.02.ARE933							T	T	
F1.BE.93.V1850	A						A-G	CG-CCAGA	
F1.BR.01.01BR125	TCTACAA		A				A	CC-TCAGA	
F1.ES.x.P1146							A-G	CG-CCAGA	
F1.FL93.FIN9363	A						A	CG-CCAGA	
F2.CM.02.02CM_0016BBY							A	CG-CCAGA	
F2.CM.95.MP257							A	CG-CCAGA	
F2.CM.97.CM53657							A	CGT-CCAGA	
G.BE.96.DRCBL			AAGGACTTTCCGCCCCG	AC	AGGGGAGG			C	
G.CM.01.01CM_4049HAN								A-G	
G.CU.x.C674	CT							A	
G.ES.00.X558	CT							A	
G.ES.99.X138	CT							A	
G.GH.03.03GH175G	GCTGACAA	CT						A	
G.KE.93.HH8793_12_1								A	
G.NG.01.01NGPLD669			GGGGACTTTCCGCTCTG	AC	GGG	GAGG		CGCG-CATG	
G.PX.P2693	G	CT						C-T	
G.SE.93.SE6165	G	A-CT						C-T	
H.BE.93.V1991	A							T	
H.BE.93.V1997	A							T	
H.CF.90.056	A							T	
J.CD.97.J_97DC_KTB147	G							T	
J.SE.93.SE7887	G							T	
J.SE.94.SE7022	G							T	
K.CD.97.EQTB11C								T	
K.CM.96.MP535								T	

	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	Sp1-III	Sp1-II	Sp1-I	TATA box				
B.FR.83.HXB2	GGGACTTTCCGCTG	GGGACTTTCC	AGGGAGGC	GTGGCTGG	GGGACTGGGG	AGTGGCGAG	CCCTCAGATCCGATATAAGCAGCTGCT	9525		
01_AE.CF.90.90CF11697	CCGCTG		AG	T	T	AGT	T	A	9492	
01_AE.CN.05.FJ051	CCGCTG		AG	T	T	AGT	T	A	9541	
01_AE.CN.06.FJ054	CCGCTG		AG	T	T	AGT	T	A	9538	
01_AE.HK.x.HK001	CCGCTG	A	AG	A	T	C	G	C	AAGTGT	8907
01_AE.JP.93.93JP_NH1	CCGCTG	A	AG	T	T	AGT	T	A		9527
01_AE.TH.01.01TH_R2184	CCGCTG	A	AG	T	T	AGT	T	A		8408
01_AE.TH.02.OUR7691	CCGCTG		AG	T	T	AGT	T	A		8390
01_AE.TH.90.CM240	CCGCTG		AG	T	T	AGT	T	A		9092
01_AE.US.00.00US_MSC1164	CCGCTG		AG	T	T	AGT	T	A		8395
02_AG.CM.02.02CM_4082STN										8413
02_AG.EC.x.EC041										8291
02_AG.FR.91.DJ264	A		G	T	TG	A	AGT	TT	A	8881
02_AG.GH.03.GHNJ196	A	T	CTGGGA	CTTTCCGCTG						8652
02_AG.NG.01.PL0710	A									8710
02_AG.NG.x.IBNG	A		G		GGGGAGG					9052
02_AG.SE.94.SE7812	A		G	T	TT	A	AGT	T	A	8950
02_AG.SN.98.MP1211	A		G	T	TT	A	AGT	T	A	8751
02_AG.UZ.02.02UZ710	A		G	T	TT	A	AGT	T	A	8737
03_AB.RU.97.KAL153_2	G		AG	T	TT	A	AGT	T	A	8702
04_cpx.CY.94.CY032	CC		AG	T	TT	A	AGT	T	A	8940
05_DF.BE.x.VII310			G							8971
06_cpx.AU.96.BFP90			AG	T	TT	A	AGT	T	A	9582
06_cpx.RU.05.04RU001			AG	T	TT	A	AGT	T	A	9146
07_BC.CN.97.CN54	A		G	G	T	AGGAG				8897
08_BC.CN.97.97CNGX_6F			AG	T	TT	A	AGT	T	A	8724
09_cpx.GH.96.96GH2911	AA		AG	T	TT	A	AGT	T	A	8698
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061			AG	T	TT	A	AGT	T	A	8879
11_cpx.GR.x.GR17			AG	T	TT	A	AGT	T	A	8826
12_BF.AR.99.ARMA159			AG	T	TT	A	AGT	T	A	9510
13_cpx.CM.96.1849	AC	TCCGTT								8916
14_BG.DE.01.9196_01			AG	T	TT	A	AGT	T	A	9062
14_BG.ES.99.X397	CT		AG	T	TT	A	AGT	T	A	8997
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	C	GCTG								8900
16_A2D.KR.97.97KR004	A	C								8954
18_cpx.CU.99.CU76	C		AG	T	TT	A	AGT	T	A	8855
19_cpx.CU.99.CU7	G		AG	T	TT	A	AGT	T	A	8512
20_BG.CU.03.CB471	CT		G							8987
21_A2D.KE.91.KNH1254	A		G							8770
23_BG.CU.03.CB118	CT		G							8964
24_BG.CU.03.CB378	CT		G							9025
25_cpx.CM.01.101BA	A	CT	G							8804
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	CC		AG	T	TT	A	AGT	T	A	8735
28_BF.BR.99.BREPM12609			G	T	GGGGAGGA					8886
29_BF.BR.02.BREPM119										8677
31_BC.BR.02.110PA										8908
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	A	A	C	GCTG						8916
34_01B.TH.99.OUR2478P	A		C	GCTG						8650
35_AD.AF.05.05AF095			AG	T	TT	A	AGT	T	A	8703
36_cpx.CM.00.00CMNYU830			AG	T	TT	A	AGT	T	A	8410
37_cpx.CM.00.00CMNYU926			AG	T	TT	A	AGT	T	A	8396
42_BFLU.03.luBF_05_03										8975
N.CM.02.DJO0131	CA									8938
N.CM.04.04CM_1015_04	TCA									8926
N.CM.04.04CM_1131_03	C									8975
N.CM.95.YBF30	CA									1124
N.CM.97.YBF106	CA									9045
O.BE.87.ANT70	A		AGCA	AAGACTGCTGACACTGCG						9646
O.CM.91.MVP5180			AGA	CTGCTGACACTGCG						9642
O.CM.96.96CMABB637			AGC	GAGACTGCTGACACGGCG						9150
O.CM.98.98CMA104			AGCA	AAGACTGCTGACACTGCGAGGACGCGAAGACTGCTGACACTGCG						9161
O.CM.99.99CMU4122			AGC	AAGACTGCTGACACTGCG						9114
O.SN.99.SEMP1299			AGC	AAGACTGCTGACACTGCG						9708
O.US.99.99USTWLA			AGC	TTGCTGACACGGCA						9115
O.FR.92.VAU			AGC	AAAGACTGCTGACACTGCG						9217
CPZ.CD.90.ANT										8982
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13										9176
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	G		AGCA							9022
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7			A	G	GGGGAGG					9058
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	G		A	A	GGGGAGG					9169
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145										9097
CPZ.GA.88.GAB1										9618
CPZ.TZ.01.TAN1	GACTCTGC		AA							9211
CPZ.US.85.CPZUS										9591

	TAR element start 3' LTR U3 end 3' LTR repeat start	TAR element end	Poly-A signal 3' LTR R repeat end 3' LTR U5 start	Extensive secondary structure in this region?	
B.FR.83.HXB2	TTTTGCCTGACT.GGGTCTCTGGTT.AGACCAGATCTGAGCCT.GGGAGCTCTCTGG.CTAACTAGGGAAACCCACTGCTTAA.GCCTCAATAAAGCTTGCCTTGAGTGCTTCAAGTAGTGCTGCCCCTGTTGTGTGACTCTGGTAACTAGAGATCCCTC.CAGAC				9689
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.99.99UGA07072	---	---	---	---	9690
A1.UZ.02.02UZ0659	---	---	---	---	8824
A2.CD.97.97CDKS10	---	---	---	---	8818
A2.CD.97.97CDKTB48	---	---	---	---	5323
A2.CY.94.94CY017_41	---	---	---	---	8972
B.AR.04.04AR151516	---	---	---	---	9060
B.AU.87.MBC925	---	---	---	---	8815
B.BO.99.BOL0122	---	---	---	---	9710
B.BR.03.BREP2012	---	---	---	---	8829
B.CA.97.CANB3FULL	---	---	---	---	9003
B.CN.05.05CNHB_hp3	---	---	---	---	8687
B.CO.01.PCM001	---	---	---	---	9641
B.GB.83.CAM1	---	---	---	---	8787
B.GB.86.GB8	---	---	---	---	9591
B.GE.03.03GEMZ010	---	---	---	---	9679
B.IT.05.SG1	---	---	---	---	8780
B.JP.05.DR6538	---	---	---	---	8805
B.KR.05.05CSR3	---	---	---	---	9667
B.LI.00.67L1_00T36	---	---	---	---	9349
B.RU.04.04RU128005	---	---	---	---	9020
B.TH.00.00TH_C3198	---	---	---	---	9089
B.UA.01.01UAKV167	---	---	---	---	8394
B.US.04.ES10_53	---	---	---	---	8865
B.US.99.PRB959_03	---	---	---	---	9683
C.AR.01.ARG4006	---	---	---	---	8808
C.BR.04.04BR013	---	---	---	---	8822
C.BW.00.00BW07621	---	---	---	---	9050
C.CN.98.YNRL9840	---	---	---	---	9047
C.ET.02.02ET_288	---	---	---	---	8152
C.GE.03.03GEMZ033	---	---	---	---	8822
C.IL.99.99ET7	---	---	---	---	8835
C.IN.99.01INS565_10	---	---	---	---	8793
C.KE.00.KER2010	---	---	---	---	9054
C.MM.99.mIDU101_3	---	---	---	---	8817
C.MW.93.93MW_965	---	---	---	---	9073
C.SN.90.90SE_364	---	---	---	---	8771
C.SO.89.89SM145	---	---	---	---	8720
C.TZ.02.CO178	---	---	---	---	8822
C.UY.01.TRA3011	---	---	---	---	8637
C.YE.02.02YE511	---	---	---	---	8828
C.ZA.04.04ZASK164B1	---	---	---	---	8854
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	---	---	---	---	9112
C.ZM.02.02ZM108	---	---	---	---	9020
D.CD.83.ELI	---	---	---	---	9696
D.CM.01.01CM_0009BBY	---	---	---	---	9176
D.KE.01.NKU3006	---	---	---	---	8421
D.KR.04.04KBH8	---	---	---	---	8848
D.TD.99.MN011	---	---	---	---	9490
D.TZ.01.A280	---	---	---	---	8829
D.UG.99.99UGK09259	---	---	---	---	8775
D.YE.01.01YE386	---	---	---	---	8827
D.YE.02.02YE516	---	---	---	---	8765
D.ZA.90.R1	---	---	---	---	8797
F1.AR.02.ARE933	---	---	---	---	8916
F1.BE.93.V1850	---	---	---	---	8338
F1.BR.01.01BR125	---	---	---	---	8903
F1.ES.x.P1146	---	---	---	---	8968
F1.FL93.FIN9363	---	---	---	---	887
F2.CM.02.02CM_0016BBY	---	---	---	---	8925
F2.CM.95.MP257	---	---	---	---	8349
F2.CM.97.CM53657	---	---	---	---	8589
G.BE.96.DRCBL	---	---	---	---	8782
G.CM.01.01CM_4049HAN	---	---	---	---	9677
G.CU.x.C674	---	---	---	---	8367
G.ES.00.X558	---	---	---	---	9058
G.ES.99.X138	---	---	---	---	8950
G.GH.03.03GH175G	---	---	---	---	8978
G.KE.93.HH8793_12_1	---	---	---	---	9725
G.NG.01.01NGPLD669	---	---	---	---	9047
G.PX.P12695	---	---	---	---	8837
G.SE.93.SE6165	---	---	---	---	9055
H.BE.93.V1991	---	---	---	---	9074
H.BE.93.V1997	---	---	---	---	9056
H.CF.90.056	---	---	---	---	8955
J.CD.97.J_97DC_KTB147	---	---	---	---	8953
J.SE.93.SE7887	---	---	---	---	8739
J.SE.94.SE7022	---	---	---	---	8943
K.CD.97.EQTB11C	---	---	---	---	8953
K.CM.96.MP535	---	---	---	---	8600
	---	---	---	---	8604

Table with columns for sequence identifiers (e.g., B.FR.83.HXB2, 01_AE.CF.90.90CF11697), sequence alignment characters (C, T, G, A), and genomic coordinates (8495-9754). Annotations include TAR element start, TAR element end, Poly-A signal, and Extensive secondary structure in this region?.

	3' LTR U5 end_	
B.FR.83.HXB2	C. CTTTGTAGTCAGTGTGGAAATCTCTAGCA.....	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.SE8891	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.BO10122	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	9039
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.89.89SMT_145	8822
C.TZ.02.CO178	8637
C.UY.01.TRA3011	8828
C.YE.02.02YE511	8854
C.ZA.04.04ZASK164B1	9112
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	9030
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.FL93.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.XS58	8950
G.ES.99.X138	8978
G.GH.03.03GH175G	9725
G.KE.93.HH8793_12_1	9047
G.NG.01.01NGPLD669	8837
G.PL.x.P12695	9655
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

	3' LTR U5 end_	
B.FR.83.HXB2	C. CTTTGTAGTCAGTGTGGAAATCTCTAGCA	9719
01_AE.CF.90.90CF11697	9628
01_AE.CN.05.F1051	.A - C - AGACTGAGTAAA - TCTCTAGC	9733
01_AE.CN.06.F1054	ACTC - AGTT - G - - - CAAA - TCTCTAGC	9730
01_AE.HK.x.HK001	9056
01_AE.JP.93.93JP_NH1	ACTC - AG - C - G - A - AAAA - TCTCTAGC	9720
01_AE.TH.01.01TH_R2184	8408
01_AE.TH.02.OUR7691	8390
01_AE.TH.90.CM249	9203
01_AE.US.00.00US_MSC1164	8395
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	8413
02_AG.EC.x.EC141	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.VII310	9083
06_cpx.AU.96.BFP90	. . AC - C - - - A - - - - AA - - - - TCTCTAGCA	9775
06_cpx.RU.05.04RU001	9224
07_BC.CN.97.CN54	TTGGCGGCTGGC - ATC -	9078
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	8802
09_cpx.GH.96.96GH2911	.A - C - AGACG - - GTAAA - - TC - - - AGCAGTGGCGCCGAAACAGGGACTTAAAGCGAAAGTAAATAGGACTCGAAAGCGAAAGTTCAGAGAAGTTCTCTCGACGCGAGGACTCGGCTTGCTGAGGTGCACACAGCAAGAGGCCGAGAGCGGCAGCTGGTGAGTACGCCA	9031
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	8976
11_cpx.GR.x.GR17	8935
12_BF.AR.99.ARMA159	.AT - C - AGTCAGTGTG. - - - - - - - -	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	..AAA - - AGTCAGCGAG - A - - - - - - - - GTGGC	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.SIVcpzC13	9284
CPZ.CM.05.SIVcpzEKS05	9132
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	9170
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	9281
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	9208
CPZ.GA.88.GAB1	TAAA - - ATAGTCAA - GAA - - TC - - - AGCA	9811
CPZ.TZ.01.TAN1	9326
CPZ.US.85.CPZUS	..TAAAAGTAGGTGAAATCTC - AG - AGTGGCGC	9788

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.VI850	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.PT.x.PT2695	9625
G.SE.93.SE6165	9074
H.BE.93.VI991	9056
H.BE.93.VI997	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
 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.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.VII1310
 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 TAITTTTT
 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.SIVcpzCAM13
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
 CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
 CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
 CPZ.GA.88.GAB1
 CPZ.TZ.01.TAN1
 CPZ.US.85.CPZUS

9719
 9628
 9733
 9730
 9056
 9720
 8408
 8390
 9203
 8395
 8413
 8291
 8961
 9758
 8787
 9201
 9063
 8851
 8815
 8808
 9050
 9083
 9775
 9224
 9078
 8802
 9039
 8976
 8935
 9704
 8916
 9062
 8997
 8999
 9064
 8945
 8512
 8987
 8865
 8964
 9025
 8882
 8936
 8886
 8680
 8908
 9081
 8650
 8703
 8410
 8396
 9063
 8938
 8926
 8975
 9182
 9045
 9754
 9793
 9225
 9243
 9186
 9859
 9186
 9330
 9068
 9284
 9132
 9170
 9281
 9208
 9811
 9326
 9788

III

HIV-2/SIV Complete Genomes

Contents

III-1	Introduction	151
III-2	Annotated Features	153
III-3	Sequences	155
III-4	Alignments	157

III-1 Introduction

The HIV-2/SIVsmm alignment contains a non-redundant set of all HIV-2, SIVsmm, and related species (SIVmne, SIVstm and SIVmac). Because relatively to HIV-1 few HIV-2 complete genomes have been determined, this alignment contains all but a few duplicate sequences available in the database. This 2007 compendium alignment has not changed since the 2005 compendium. For a full HIV-2/SIVsmm alignment, the 2007 web-alignment has some additional sequences.

As with HIV-1/SIVcpz, this 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 III.1 shows a maximum likelihood tree based on the alignment with known recombinants removed.

The MAC239 sequence was chosen as master sequence in this set.

HIV-2/SIV Complete Genomes

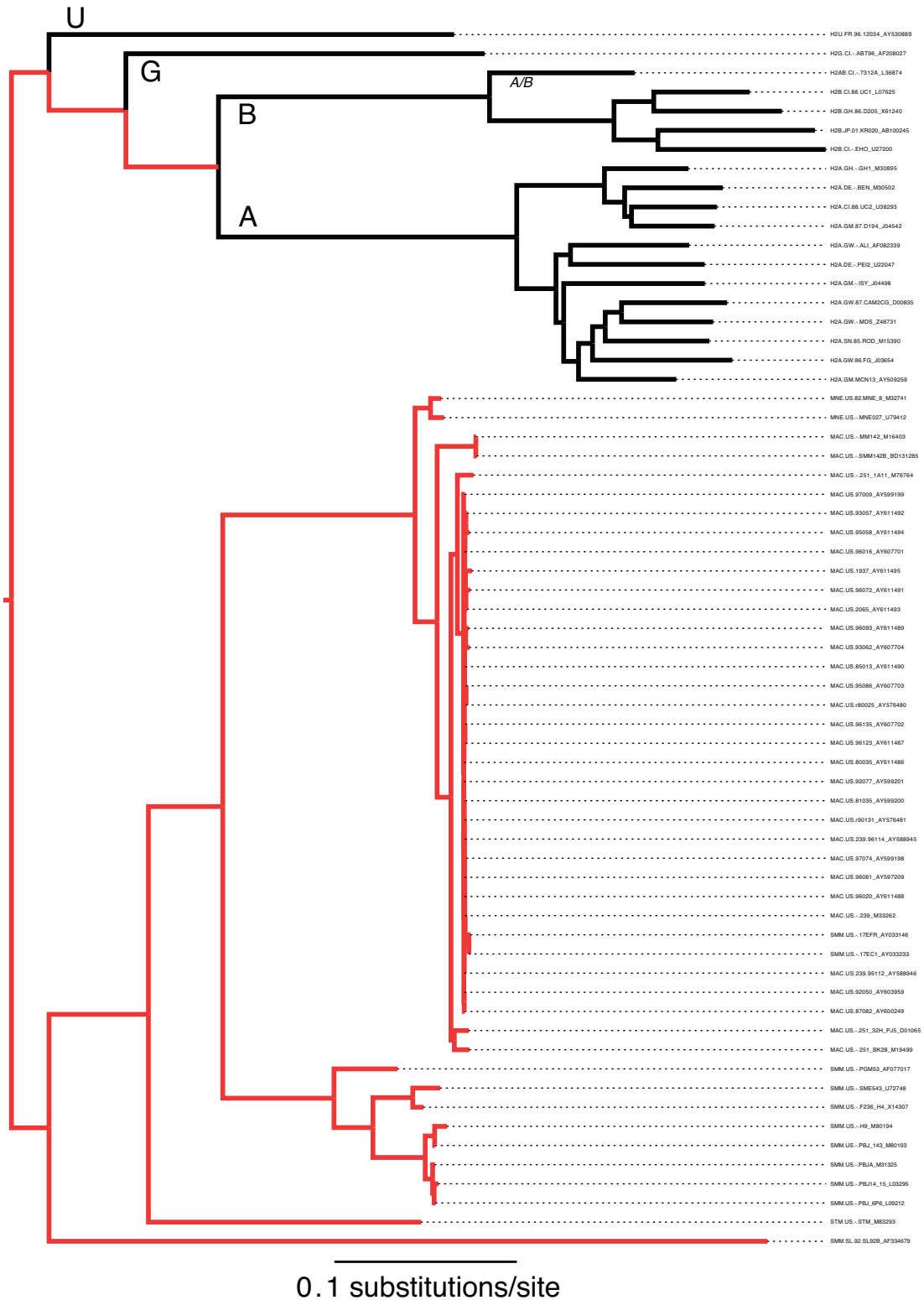


Figure III.1: Rooted maximum likelihood tree of HIV-2 and SIVmm (and SIVmac and SIVstm) lineages in the compendium alignment. SIVmm lineages are in red and HIV-2 in black. Believed cross species transmissions to humans are indicated by letters. Note that one HIV-2 A/B recombinant is included in the tree. The root is placed at the earliest possible point before HIV-2 lineages occur to reflect the origin in SIVmm. The tree was calculated under a general-time-reversible model with site rate variation (). Cosmetic changes were done using FigTree and Adobe Illustrator.

III-2 Annotated Features

Features of HIV-2 annotated in the alignment that follows.

Feature	Location	Page
5' LTR U3 start	1	157
TCF-1 alpha	309-324	158
NF- κ -B-II	415-424	159
NF- κ -B-I	441-449	160
TATA Box	488-493	160
TAR element start	518	160
5' LTR U3 end	520	160
+1 mRNA start site	521	160
5' LTR R repeat begin	521	160
TAR element end	642	161
Poly-A signal	671-676	161
5' LTR R repeat end	694	161
5' LTR U5 start	695	161
5' LTR U5 end	818	162
Lys tRNA primer binding site	821-839	162
Gag and Gag-Pol start	1053	164
Gag p17 Matrix end	1457	166
Gag p24 Capsid start	1458	166
Gag p24 Capsid end	2144	170
Gag p2 Spacer start	2145	170
Gag p2 Spacer end	2195	170
Gag p8 Nucleocapsid start	2196	170
Gag p8 Nucleocapsid end	2351	171
Gag p1 Spacer start	2352	171
Gag-Pol -1 ribosomal slip site	2354	171
Pol start	2354	171
Gag p1 spacer end	2393	172
Gag p6 start	2394	172
Pol Protease start	2555	173
Gag p6 end	2585	173
Gag end	2585	173
Pol Protease end	2851	175
Pol p66 and p51 RT start	2852	175
Pol RT end	4168	182
Pol p15 RNase H start	4169	182
Pol RNase H end	4528	185
Pol p31 Integrase start	4529	185
Vif start	5340	189
Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end	5410	190
Vpx start	5812	192
Vif end	5984	193
Vpx end	6150	194
Vpr start	6151	194
Tat exon 1 start	6302	195
Vpr end	6456	196
Rev exon 1 start	6528	196
Tat Rev exon 1 end	6597	197
Tat Rev intron start	6598	197

Feature	Location	Page
Env signal peptide start	6604	197
Env signal peptide end	6669	197
Env gp120 start	6670	197
V1 loop start	6733	198
V1 loop end	6774	198
V2 loop start	6904	199
V2 loop end	7074	200
V3 loop start	7183	200
V3 loop end	7392	202
V4 loop start	7534	203
V4 loop end	7635	203
V5 loop start	7786	204
V5 loop end	7980	205
Rev Responsive Element (RRE) start	8123	206
Env gp120 end	8178	207
Env gp41 start	8179	207
RRE end	8479	208
Tat Rev intron end	8805	210
Tat Rev exon 2 start	8806	210
Tat end	8902	211
Rev end	9059	212
Nef start	9077	212
Env gp41, gp160 end	9243	213
Premature stop in SMM239	9355	214
3' LTR U3 start	9462	214
TCF-1 alpha binding	9770-9785	216
Nef end	9868	217
NF- κ -B-II	9876-9884	217
NF- κ -B-I	9891-9900	217
TATA box	9949-9955	218
TAR element start	9980	218
3' LTR U3 end	9978	218
3' LTR repeat start	9979	218
TAR element end	10103	219
Poly-A signal	10132-10137	219
3' LTR R repeat end	10155	219
3' LTR U5 start	10156	219
3' LTR U5 end	10279	220

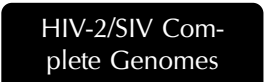
III-3 Sequences

Sequences included in the HIV-2/SIV complete genome alignment.

Name	Accession	Country	Author	Reference
MAC.US.-.239	M33262	United States	Kestler, H	<i>Science</i> 248 (4959); 1109-12 (1990)
H2A.GM.MCN13	AY509259	Gambia	Schmitz, C	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
H2A.CI.88.UC2	U38293	Cote D'Ivoire	Barnett, SW	<i>Virology</i> 222 (1); 257-61 (1996)
H2A.DE.-.BEN	M30502	Germany	Kirchhoff, F	<i>Virology</i> 177 (1); 305-11 (1990)
H2A.DE.-.PEI2	U22047	Germany	Talbot, R	<i>PNAS USA</i> 90 (9); 4226-30 (1993)
H2A.GH.-.GH1	M30895	Ghana	Hasegawa, A	<i>ARHR</i> 5 (6); 593-604 (1989)
H2A.GM.-.ISY	J04498	Gambia	Franchini, G	<i>PNAS USA</i> 86 (7); 2433-7 (1989)
H2A.GM.87.D194	J04542	Gambia	Kuehnel, H	<i>PNAS USA</i> 86 (7); 2383-7 (1989)
H2A.GW.-.ALI	AF082339	Guinea- Bissau	Azevedo-Pereira, JM	Unpublished (1998)
H2A.GW.-.MDS	Z48731	Guinea- Bissau	Becker, M	Unpublished (1995)
H2A.GW.86.FG	J03654	Guinea- Bissau	Zagury, JF	<i>PNAS USA</i> 85 (16); 5941-5 (1988)
H2A.GW.87.CAM2CG	D00835	Guinea- Bissau	Tristem, M	<i>J Gen Virol</i> 1991 Mar;72(Pt 3):721-4
H2A.SN.85.ROD	M15390	Senegal	Clavel, F	<i>Nature</i> 324 (6098); 691-5 (1986)
H2AB.CI.-.7312A	L36874	Cote D'Ivoire	Gao, F	Unpublished
H2B.CI.-.EHO	U27200	Cote D'Ivoire	Rey-Cuille, MA	<i>Virology</i> 202 (1); 471-6 (1994)
H2B.CI.88.UC1	L07625	Cote D'Ivoire	Barnett, SW	<i>J Virol</i> 67 (2); 1006-14 (1993)
H2B.GH.86.D205	X61240	Ghana	Kreutz, R	<i>ARHR</i> 8 (9); 1619-29 (1992)
H2B.JP.01.KR020	AB100245	Japan	Oka, S-I	<i>ARHR</i> 19 (11); 1045-9 (2003)
H2G.CI.-.ABT96	AF208027	Cote D'Ivoire	Brennan, CA	<i>ARHR</i> 13 (5); 401-4 (1997)
H2U.FR.96.12034	AY530889	France	Damond, F	<i>ARHR</i> 20 (6); 666-72 (2004)
MAC.US.-.251_1A11	M76764	United States	Planelles, V	<i>ARHR</i> 7 (11); 889-98 (1991)
MAC.US.-.251_32H_PJ5	D01065	United States	Rud, EW	<i>J Gen Virol</i> 1994 Mar;75(Pt 3):529-43
MAC.US.-.251_BK28	M19499	United States	Franchini, G	<i>Nature</i> 328 (6130); 539-43 (1987)
MAC.US.-.MM142	Y00277	United States	Chakrabarti, L	<i>Nature</i> 328 (6130); 543-7 (1987)
MAC.US.-.SMM142B	BD131285	United States	Alizon, M	Patent: JP 2002030099-A 2 29-JAN-2002; INSTITUT PASTEUR
MAC.US.1937	AY611495	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.2065	AY611493	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.239.95112	AY588946	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.239.96114	AY588945	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.80035	AY611486	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.81035	AY599200	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.85013	AY611490	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.87082	AY600249	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.92050	AY603959	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.92077	AY599201	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.93057	AY611492	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)

Name	Accession	Country	Author	Reference
MAC.US.93062	AY607704	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.95058	AY611494	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.95086	AY607703	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.96016	AY607701	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.96020	AY611488	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.96072	AY611491	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.96081	AY597209	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.96093	AY611489	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.96123	AY611487	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.96135	AY607702	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.97009	AY599199	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.97074	AY599198	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.r80025	AY576480	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.r90131	AY576481	United States	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MNE.US.-.MNE027	U79412	United States	Kimata, JT	<i>J Virol</i> 72 (1); 245-56 (1998)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	United States	Kimata, JT	<i>J Virol</i> 72 (1); 245-56 (1998)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z	<i>J Virol</i> 70 (6); 3617-27 (1996)
SMM.US.-.17EC1	AY033233	United States	Anderson, MG	<i>Virology</i> 195 (2); 616-26 (1993)
SMM.US.-.17EFR	AY033146	United States	Flaherty, MT	<i>J Virol</i> 71 (8); 5790-8 (1997)
SMM.US.-.F236_H4	X14307	United States	Hirsch, VM	<i>Nature</i> 339 (6223); 389-92 (1989)
SMM.US.-.H9	M80194	United States	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 66 (1); 414-9 (1992)
SMM.US.-.PBJ14_15	L03295	United States	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276); 636-40 (1990)
SMM.US.-.PBJA	M31325	United States	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276); 636-40 (1990)
SMM.US.-.PBJ_143	M80193	United States	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 66 (1); 414-9 (1992)
SMM.US.-.PBJ_6P6	L09212	United States	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> 67 (5); 2466-74 (1993)
SMM.US.-.PGM53	AF077017	United States	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> 72 (11); 8841-51 (1998)
SMM.US.-.SME543	U72748	United States	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 71 (2); 1608-20 (1997)
STM.US.-.STM	M83293	United States	Novembre, FJ	<i>Virology</i> 186 (2); 783-7 (1992)

	5' LTR U3 start	
MAC.US.-.239	TGGAAGGGATTATTACAGTCAAGA . AGACATAGAATCTTAGACATATACTTAGAAAAAGGAAGGCATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCAGGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGA	169
H2A.GM.MCN13G-T.....AGGGAT.....C.....T-G.....C.....G.....GG-A.....A.....T-TCAT-G.....G-G-G.....T-TGC-C-G-G.....C-A-A.....CA-G.....C-A.....	0
H2A.CI.88_UC2G-T.....AGG.....G.....C.....T-G.....C.....G.....G-A.....A.....T-TCAT-G.....G-A-G.....T-TAC-C-G-G.....GC-A-A.....G-AC-C.....C-A.....	169
H2A.DE.-.BENG-T.....AGG.....G.....C.....T-G.....C.....G.....G-A.....A.....T-TCAT-G.....G-A-G.....T-TAC-C-G-G.....GC-A-A.....G-AC-C.....C-A.....	169
H2A.DE.-.PEI2T.....G.....AG.....AG.....A.....G.....A.....G.....A.....T.....A.....C.....T.....TCAT.....G.....G.....A.....G.....TTC.....G.....GC.....A.....A.....G.....C.....CC.....C.....A.....G.....	170
H2A.GH.-.GH1T.....G.....AG.....AG.....A.....G.....A.....G.....A.....T.....A.....C.....T.....TCAT.....G.....G.....A.....G.....TTC.....G.....GC.....A.....A.....G.....C.....CC.....C.....A.....G.....	0
H2A.GM.-.ISYT.....G.....AG.....AG.....A.....G.....A.....G.....A.....T.....A.....C.....T.....TCAT.....G.....G.....A.....G.....TTC.....G.....GC.....A.....A.....G.....C.....CC.....C.....A.....G.....	0
H2A.GM.87.D194G-T.....AG.....A.....C.....T.....TCAT.....G.....A.....G.....G-T-TTC.....G.....G.....GC.....A.....A.....G.....CC.....C.....A.....	169
H2A.GW.-.AL1G-T.....AG.....A.....C.....T.....TCAT.....G.....A.....G.....G-T-TTC.....G.....G.....GC.....A.....A.....G.....CC.....C.....A.....	0
H2A.GW.-.MISC-G-T.....A.....C.....G-T.....A.....G.....A.....TG.....A.....C.....T.....TAGT.....G.....G.....A.....T-TTC.....G.....GC.....A.....A.....G.....ACC.....C.....A.....	169
H2A.GW.86.FGC-G-T.....A.....C.....G-T.....A.....G.....A.....TG.....A.....C.....T.....TAGT.....G.....G.....A.....T-TTC.....G.....GC.....A.....A.....G.....ACC.....C.....A.....	0
H2A.GW.87.CAM2C6C-G-T.....A.....C.....G-T.....A.....G.....A.....TG.....A.....C.....T.....TAGT.....G.....G.....A.....T-TTC.....G.....GC.....A.....A.....G.....ACC.....C.....A.....	169
H2A.SN.85.RODC-G-T.....A.....C.....G-T.....A.....G.....A.....TG.....A.....C.....T.....TAGT.....G.....G.....A.....T-TTC.....G.....GC.....A.....A.....G.....ACC.....C.....A.....	0
H2AB.CI.-.7312AT.....T.....A.....G.....A.....T.....C.....T.....T.....G.....T.....GAG.....T.....AG-TGGT-GA.....A.....C.....A.....AT.....G.....G.....A.....ACAC.....G.....C.....G.....A.....GG.....A.....GG.....CA.....T.....	169
H2B.CI.-.EHOTC.....T.....AG.....G.....A.....AC.....C.....T.....G.....T.....G.....TG-GT-T-GA.....A.....C.....ACAT.....G.....G.....A.....T.....C.....TTC.....G.....GC.....G.....AA.....A.....GAT.....CA.....	169
H2B.CI.88_UC1C.....T.....AG.....A.....C.....TC.....C.....T.....G.....T.....G.....TG-GT-T-GA.....AA.....C.....T.....A.....AT.....G.....G.....A.....G.....T.....G.....C.....G.....GC.....G.....A.....G.....A.....C.....G.....	169
H2B.GH.86.D205G.....T.....AG.....C.....A.....C.....T.....T.....G.....T.....TG-GT-T-GC.....AA.....C.....T.....TCAT.....G.....G.....A.....GC.....T.....C.....ATAC.....T.....G.....GC.....G.....A.....A.....G.....G.....GC.....CA.....C.....	169
H2B.JP01.KR020G.....T.....AG.....C.....A.....C.....T.....T.....G.....T.....TG-GT-T-GC.....AA.....C.....T.....TCAT.....G.....G.....A.....GC.....T.....C.....ATAC.....T.....G.....GC.....G.....A.....A.....G.....G.....GC.....CA.....C.....	169
H2G.CI.-.ABT96G.....T.....AG.....C.....A.....C.....T.....T.....G.....T.....TG-GT-T-GC.....AA.....C.....T.....TCAT.....G.....G.....A.....GC.....T.....C.....ATAC.....T.....G.....GC.....G.....A.....A.....G.....G.....GC.....CA.....C.....	0
H2U.FR.96.12034G.....T.....AG.....C.....A.....C.....T.....T.....G.....T.....TG-GT-T-GC.....AA.....C.....T.....TCAT.....G.....G.....A.....GC.....T.....C.....ATAC.....T.....G.....GC.....G.....A.....A.....G.....G.....GC.....CA.....C.....	0
MAC.US.-.251_1A11T.....G.....G.....C.....	169
MAC.US.-.251_32H_PJ5T.....G.....G.....C.....	169
MAC.US.-.263_BK28T.....G.....G.....C.....	169
MAC.US.-.MM142T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.-.SMM142BT.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.1937T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.2065T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.239.95112T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.239.96114T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.80035T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.81035T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.85013T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.87082T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.92050T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.92077T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.93057T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.93062T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.95058T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.95086T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.96016T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.96020T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.96072T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.96081T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.96093T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.96123T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.96135T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.97009T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.97074T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.r80025T.....G.....G.....C.....	0
MAC.US.r90131T.....G.....G.....C.....	0
MNE.US.-.MNE027T.....G.....G.....C.....	0
MNE.US.82.MNE_8T.....G.....G.....C.....	0
SMM.SL.92.SL92BT.....G.....G.....C.....	0
SMM.US.-.17EC1T.....G.....G.....C.....	169
SMM.US.-.17EFRT.....G.....G.....C.....	169
SMM.US.-.F236_H4A-AG.....A.....T-G.....G.....A-A.....AA.....A.....G.....T-T-CAC-A-G.....C.....A-G.....C.....	169
SMM.US.-.H9A-AG.....A.....T-G.....G.....A-A.....AA.....A.....G.....T-T-CAC-A-G.....C.....A-G.....C.....	0
SMM.US.-.PB114_15A-AG.....A.....T-G.....G.....A-A.....AA.....A.....G.....T-T-CAC-A-G.....C.....A-G.....C.....	0
SMM.US.-.PB1AA-AG.....A.....T-G.....G.....A-A.....AA.....A.....G.....T-T-CAC-A-G.....C.....A-G.....C.....	0
SMM.US.-.PB1_143AA.....A.....G.....C.....T-T-TTC.....A.....C.....G.....G.....C.....	95
SMM.US.-.PB1_6P6AA.....A.....G.....C.....T-T-TTC.....A.....C.....G.....G.....C.....	95
SMM.US.-.PGM53A-AG-A.....A.....T-G.....A-G.....A-A.....AA.....A.....T.....G.....C.....T-T-TAC.....G.....C.....G.....A.....G.....C.....	169
SMM.US.-.SME543A-AG-A.....A.....T-G.....A-G.....A-A.....AA.....A.....T.....G.....C.....T-T-TAC.....G.....C.....G.....A.....G.....C.....	169
STM.US.-.STMAG.....	28



TCF-1 alpha

MAC.US.-.239	GGCACAG...GAGGATGAGGAG.....CATTATTTAATGCATCCAGCTCAAACCTCCAGTGGGATGACCCTGGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGATCCAACCTCGCCCTACACTTATGAGGCATATGTTAGATACCCAGAAGATTTGGAAGCAAGT	324
H2A.GM.MCN13GAG-T-ACC.....A-C-GC-C-A-A-AAG-AGA-AT-ATACAT-G-ACA-TG-CG-A-CT-C-TG-TGAG-CA-C-TCAC-CT-A-GCA	0
H2A.CI.88.UC2GAG-A-CC.....A-C-GC-C-A-A-AAG-AGACAT-TGAGCAT-G-ACAT-TG-C-G-CT-C-TG-T-AC-CA-C-TCAC-CTG-A-GCA	324
H2A.DE-BENGAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	316
H2A.DE-PEI2GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
H2A.GH-GH1GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
H2A.GM-ISKYGAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
H2A.GM.87.D194GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
H2A.GW-AL1	A-GG...GAG-CAC-ACT.....C-GCC-GC-A-C-TA-AAG-AG-CAT-A-GCAT-G-ACAT-TT-GA-C-T-AG-TC-TGA-CA-A-C-T-A-CT-C-G-A-GTA	324
H2A.GW-MISGAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
H2A.GW.86.FGGAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
H2A.GW.87.CAM2CG	..G-G...CAC-ACTGACACTGAGACT..C-GC-T-A-C-A-AAG-AG-CAT-ATGCAT-G-ACA-G-TG-CT-C-TG-CTT-AG-C-T-AC-C-A-GCA	336
H2A.SN.85.RODGAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
H2AB.CI-.7312A	AA-C-G-GAG-A-G-ACC.....G-C-G-C-A-A-G-CG-GCA-T-CAT-GAGA-C-T-TC-C-T-CCTC-A-TT-AG-C-TCAAC-G-T-GTATC	326
H2B.CI-EHO	AC-G-..-C-G-AACC.....G-C-GG-A-A-G-C-GCA-CCAC-A-ACC-T-TC-C-CT-CCTC-A-A-TGAC-T-C-TCAGC-G-T-G-GTATC	324
H2B.CI.88.UC1	--A-AG-..GA-CG-AACC.....AG-G-C-GG-C-A-G-TC-TTCA-ATCCAC-G-ACC-T-C-CG-C-CCTC-AC-TGAC-TA-C-TCAAC-G-GTATC	324
H2B.GH.86.D205	-A-C-GAGAG--G-AACC.....GCC-C-G-A-G-TC-TCA-ATCCAT-G-AC-TATC-C-T-CCTC-A-TGA-T-T-TCAA-G-TT-C-GTA-C	327
H2B.JP01.KR020GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
H2G.CI-ABT96GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
H2U.FR.96.12034GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.-.251.1A11GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	324
MAC.US.-.251.32H.PJ5GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	324
MAC.US.-.251.BK28GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	323
MAC.US.-.SMM142GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.-.SMM142BGAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.1937GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.2065GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.239.95112GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.239.96114GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.80035GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.81035GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.85013GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.87082GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.92050GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.92077GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.93057GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.93062GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.95058GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.95086GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.96016GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.96020GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.96072GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.96081GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.96093GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.96123GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.96135GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.97009GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.97074GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.r80025GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MAC.US.r90131GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MNE.US.-.MNE027GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
MNE.US.82.MNE_8GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
SMM.SL.92.SL92BGAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
SMM.US.-.17EC1GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	324
SMM.US.-.17EFRGAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	324
SMM.US.-.F236_H4	A-T-..-A-C-ACA.....GCC-GG-G-A-G-AT-C-A-G-GAAT-A-T-T-GC-A-T-A-AG-T-T	324
SMM.US.-.H9GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
SMM.US.-.PB114_15GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	0
SMM.US.-.PB1AGAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	79
SMM.US.-.PB1_143GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	79
SMM.US.-.PB1_6P6	A-T-..-A-C-ACA.....C-G-A-T-T-C-A-G-A-G-AGT-A-T-T-AC-A-T-GAGC-T-T-C	0
SMM.US.-.PGM53	A-T-A-..-A-C-ACA.....C-G-G-TA-T-C-A-G-A-G-AGT-A-T-T-AC-A-T-T-A-C-T-T	250
SMM.US.-.SME543	A-C-..-A-C-ACA.....GCC-GG-A-G-CAT-C-A-G-GCC-GG-T-CAAT-A-GA-T-T-A-C-T-T	250
STM.US.-.STMGAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	324
GAG-A-A-C.....C-GC-C-A-C-A-AAG-GG-CT-TGAGCAT-G-AACAT-ATG-G-C-T-GG-TGAG-AC-T-AA-C-A-GTAT	28

	<u>NF-k-B-II</u>	
MAC.US.-.239	CAGGCCTGT CAGAGGAAGAGGTTAGAAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCTTCTTAACATGGCTGACAAG AAGGAACTCGCTGAAACAGCAGGGACTTCCACAA
H2A.GM.MCN13		
H2A.CI.88.UC2	---AT-C---A---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CAT-T-GT-AA..T-ACAGGAACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTA-GAA..A-A---G--T---G	428
H2A.DE.-BEN	---AT-C---A---ATGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CAT-T-GT-AA..T-ACAGGAACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACTA-GAA..ACA---GG-T---G	463
H2A.DE.-PEI2	---C---A---TGG-AGGC-AA-G-AA---GA-A-CATTT-GTTAA..GACAGGAACAGCTATATTTGGTCAGAACAGGAAGT..A..GAT-A---T---G	463
H2A.GH.-GH1		444
H2A.GM.-ISY		0
H2A.GM.87.D194		0
H2A.GW.-AL1	---C---A-T---TGG-AGGC--A-G-AA---GA-A-CATTT-GT-AA..G-ACAGGAACAGCT.GATTTGGTCAGGGCAGGAAGTAACTACT.G-AA..ACA---G--T---G	460
H2A.GW.-MIS		0
H2A.GW.86.FG		0
H2A.GW.87.CAM2CG	---AC---A-T---TGG-AGGCG-AA-G-AA---GA-A-CATTT-GTTAA..GG-CAGGAACAACCATACATGGCCAGGGCAGGAAGTAGCTACT.G-AA..ACA---G--T---G	474
H2A.SN.85.ROD		0
H2AB.CI.-.7312A	---AT-AC---A-G-ATGG-AGGCT--A---AA---A-A-C--CAGA-TAGCAGGAAAGCAGCAGCATAAAGAGGAACTAGCTGACGCTGCATAAGA---G---C--T---G	471
H2B.CI.-EHO	---AA-C---A---TGG-AGGCT-AA-G-GA---AA-A-C--CAGA-TAGCAG..AAATAACAGCACAAGAGGAACTAGCTAACACTGCATAGAG---A---T--T--A---G	467
H2B.CI.88.UC1	---AT-AC---A-G-TGA-AGGCT--A---AA---GA-A-C--CAGACTAG-CA--AGACAGCAGCATAAACAGGAACTAGCTGACACTGCACAAGA.G---A---C--C---A	467
H2B.GH.86.D205	---G-AC---G---TGG-AGGCT--A---AA---GA-A-C--CAGATTAG-CA--AGACAGCAGCATAAACAGGAACTAGCTGACACTGCACAAGA..A-A-C--T---A	470
H2B.JP01.KR020		0
H2G.CI.-ABT96		0
H2U.FR.96.12034		0
MAC.US.-.251_1A11		428
MAC.US.-.251_32H_PJ5	---C---G	428
MAC.US.-.251_BK28		427
MAC.US.-.SMM142		0
MAC.US.-.SMM142B		0
MAC.US.1937		0
MAC.US.2065		0
MAC.US.239.95112		0
MAC.US.239.96114		0
MAC.US.80035		0
MAC.US.81035		0
MAC.US.85013		0
MAC.US.87082		0
MAC.US.92050		0
MAC.US.92077		0
MAC.US.93057		0
MAC.US.93062		0
MAC.US.95058		0
MAC.US.95086		0
MAC.US.96016		0
MAC.US.96020		0
MAC.US.96072		0
MAC.US.96081		0
MAC.US.96093		0
MAC.US.96123		0
MAC.US.96135		0
MAC.US.97009		0
MAC.US.97074		0
MAC.US.r80025		0
MAC.US.r90131		0
MNE.US.-.MNE027		0
MNE.US.82.MNE_8		0
SMM.SL.92.SL92B		0
SMM.US.-.17EC1		428
SMM.US.-.17EFR		428
SMM.US.-.F236_H4	---T---A-AG---T-A---AA---G---	427
SMM.US.-.H9		0
SMM.US.-.PB114_15	---T---A---GCAG---T-A-A---A-AA-A-G---AGACAGCAGGGACTTTCCACAAA..	206
SMM.US.-.PB1A	---T---A---GCAG---T-A-A---A-AA-A-G---AGACAGCAGGGACTTTCCACAAA..	206
SMM.US.-.PB1_143	---T---A---GCAG---T-A-A---A-AA-A-G---AGACAGCAGGGACTTTCCACAAA..	0
SMM.US.-.PB1_6P6	---T---A---GCAG---T-A-A---A-AA-A-G---AGACAGCAGGGACTTTCCACAAA..	379
SMM.US.-.PGM53	---T---G---A-AG---T-A-A---G-AA-G---A..	355
SMM.US.-.SME543	---T---A-AG---A-TA-A---G-AA-G---A..	428
STM.US.-.STM	---A-G---A-G---	101

	<u>NF-κB-I</u>	<u>TATA Box</u>	+1 mRNA start site TAR element start 5' LTR U3 end, 5' LTR R repeat begin	
MAC.US.-.239GGGGATGTACG.GGGAGGTACTGGGAGGAGCCGGTCGGG..AACGCCCACTTCTTGATGT.ATAAATCACTGCATTTCCGCTCTGTA.TTCAGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACT			573
H2A.GM.MCN13			55
H2A.CI.88.UC2C--A--C-AA-G-AGGGACAT-G-AG-AGCTGGT--GG--T-A-A--AC--G-AC-C-T-CC--A--T-C--C--A--			610
H2A.DE.-.BENC--A--C-AA-G-AGGGACAT-G-AG-AGCTGGT--GG--T-A-A--AC--G-AC-C-T-C-T--AT--C--A--			610
H2A.DE.-.PEI2C--A--C-AA-G-AGGGAC-T-G-AG-AACCGGT--GG--T-A-A--C--G-AC-C-TGC-T-AT--C--			590
H2A.GH.-.GHI			55
H2A.GM.-.ISY			55
H2A.GM.87.D194			55
H2A.GW.-.ALIC--A--C-A-G-AAGGCAT-G-AG-AGCTGGT--GG--T-A-A--C-C--G-AC-C-TGC-T-AT--			606
H2A.GW.-.MDS			55
H2A.GW.86.FG			54
H2A.GW.87.CAM2CGC--AC-A--G-AGGGATAT-G-AG-AGCTGGT--GG--T-A-A-C-T-CTGT--TCAC-C-TGC-T-AT--C--G-C			621
H2A.SN.85.ROD			55
H2AB.CI.-.7312AC--A--A-T-G-AGGGACAT-G-AG-AGTTGGT--GG--T-AAGCCT-CTGT--G-AC-C-T-C-T-AT--G			618
H2B.CI.-.EHOC--A--A-T-G-AGGGACAT-G-AG-AGCA-G-AGG--TCAAGACT-CTGT--G-AC-C-T-GT-AT--C--			613
H2B.CI.88.UC1A-C--A--A-T-G-AGGGACAT-G-AG-AGTTGGTT-GG--T-AAA-CT-CTGT--G-AC-C-T-C-T-AT--C--			613
H2B.GH.86.D205A-C--A--A-T-G-AGGAGCAA-G-AG-GGTTGGTT-GG--T-AAA-CT-CTGT--G-AC-C-T-C--AT--			616
H2B.JP01.KR020			0
H2G.CI.-.ABT96			0
H2U.FR.96.12034			106
MAC.US.-.251.1A11			572
MAC.US.-.251.32H.PJ5			573
MAC.US.-.251.BK28T--AG--A--A--G			561
MAC.US.-.MM142			55
MAC.US.-.SMM142B			55
MAC.US.1937			0
MAC.US.2065			0
MAC.US.239.95112			0
MAC.US.239.96114			0
MAC.US.80035			0
MAC.US.81035			0
MAC.US.85013			0
MAC.US.87082			0
MAC.US.92050			0
MAC.US.92077			0
MAC.US.93057			0
MAC.US.93062			0
MAC.US.95058			0
MAC.US.95086			0
MAC.US.96016			0
MAC.US.96020			0
MAC.US.96072			0
MAC.US.96081			0
MAC.US.96093			0
MAC.US.96123			0
MAC.US.96135			0
MAC.US.97009			0
MAC.US.97074			0
MAC.US.r80025			0
MAC.US.r90131			0
MNE.US.-.MNE027			55
MNE.US.82.MNE_8			55
SMM.SI.92.SI.92B			573
SMM.US.-.17EC1			573
SMM.US.-.17EER			570
SMM.US.-.F236_H4C--C-T--T-CT--AT-CTC--CA--A--C--A--G			570
SMM.US.-.H9			56
SMM.US.-.PB114_15T-CT--G-AT-CTC--CA--A--			350
SMM.US.-.PB1ACT--G-AT-CTC--CA--A--			350
SMM.US.-.PB1_143			56
SMM.US.-.PB1_6P6	CAGCAGGGACTTTCCACAAA.....T-CT--G-AT-CTC--CA--A--			543
SMM.US.-.PGM53T--A-T-T-C--AT-TC--CA--G-C			499
SMM.US.-.SME543C-C-T--T-CT--CA--AT-CTC--CA--G			571
STM.US.-.STMC--A-AG--T-G--TT-A-T-C--CA-C-T-A-A--A--			246

	5' LTR US end_Lys tRNA primer binding site																							
MAC.US.-.239	AACTCGGTA	CTCAA	.TAA.TAAGAAGAC	CCCTTCTGCTTTGGGAACCGAAGCAGG AAAATCCCTAGCAGATTGGCGCTGAACAGGGACTTGA	AGGAGAGTGAGAGACTCTGA	.GTACGGCTGAGTGAAG	880																
H2A.GM.MCN13	T	.GT.	.TCTG.	.	C	.	AG.	A	.C.	A	.AG.	CTTG.	.AC.	362										
H2A.CI.88 UC2	T	.GT.	.TCTG.	G	.C.	.T.	A	G.	G	.C.	.AG.	C	.AG.	C	TG.	.AC.	916							
H2A.DE.-.BEN	T	.GT.	.TCTG.	G	.C.	CTC	.	G	.C.	.AG.	C	.AG.	C	TG.	.ACT.	917								
H2A.DE.-.PEI2	T	.GT.	.CCTA.	G	.G	.	A	.	G	.C.	.	AG.	C	.TG.	.AC.	885								
H2A.GH.-.GH1	T	.GT.	.TCTG.	.	C	.C	.	T	.A	G.	G	.	A	G.	C	.AG.	C	TG.	.AC.	358				
H2A.GM.-.ISY	T	.GT.	.TCCTG.	G	.C	.	CT	.	G	.C.	.	G	A	G.	C	.AG.	C	TTG.	.AC.	362				
H2A.GM.87.D194	T	.GT.	.TCTG.	G	.C	.C	.	A	T	A	G.	A	AG.	C	.AG.	C	TG.	.AC.	362					
H2A.GW.-.AL1	T	.GT.	.CCTG.	G	.C	.	CT	.	G	.G	.	A	C	.AGTCTAG.	.AC	912								
H2A.GW.-.MIS	T	.GT.	.GCTG.	.	C	.	CT	.	G	.G	.	A	C	.AGTCTTGA.	.AC	361								
H2A.GW.86.FG	T	.C	.GT.	.CCTGT	.C	.	CT	.	G	.CGG	.	A	C	.AG	CTTG	.ACA	G	.	G	363				
H2A.GW.87.CAM2CG	T	.GT.	.CCTG	.G	.C	.	CT	.	A	G	.G	A	G.	C	.A	AG	CTTG	.AC	G	927				
H2A.SN.85.ROD	T	.GT.	.CCTG	.G	.C	.	CT	.	G	.G	.	A	C	.AGTCTTG.	.AC	361								
H2AB.CL.-.7312A	C	.	GT.	.GCTG	.	.G	CT	.	G	.CTG	.T	.G	.AC	.A	.	922								
H2B.CI.-.EHO	T	.G	.C	.CTAG	.	.A	C	.	A	G	.G	C	.G	A	.T	T	G	G	.AC	913				
H2B.CI.88 UC1	T	.AA	G	.T	CTA	.A	.A	.	A	G	.G	C	.A	A	.T	T	G	.C	A	917				
H2B.GH.86.D205	C	.	G	.C	.CTG	.T	.	CT	.	G	.	C	.G	A	.T	T	AAGA	.C	A	914				
H2B.JP01.KR020							CT	.	G	.G	.	C	.G	A	.T	T	G	.C	A	59				
H2G.CI.-.ABT96	C	.	GT	.GCGTAGC	.	.	CT	.	RG	.AG	.G	.	C	.GAAG	.T	CTT	.AC	.A	.	285				
H2U.FR.96.12034			TTCG	.AG	.T	.	.CCT	.	A	.	A	.	CT	.	AG	.	G	.	AACT	.G	408			
MAC.US.-.251_1A11			GG	.																879				
MAC.US.-.251_32H_PJ5			GG	.	G				A	.										880				
MAC.US.-.251_BK28			GG	.					A	.										867				
MAC.US.-.SMM142			GG	.	A				CCCTGGTCTGTTAGGA											377				
MAC.US.-.SMM142B			GG	.	A				CCCTGGTCTGTTAGGA											377				
MAC.US.1937																				0				
MAC.US.2065																				0				
MAC.US.239.95112																				0				
MAC.US.239.96114																				0				
MAC.US.80035																				0				
MAC.US.81035																				0				
MAC.US.85013																				0				
MAC.US.87082																				0				
MAC.US.92050																				0				
MAC.US.92077																				0				
MAC.US.93057																				0				
MAC.US.93062																				0				
MAC.US.95058																				0				
MAC.US.95086																				0				
MAC.US.96016																				0				
MAC.US.96020																				0				
MAC.US.96072																				0				
MAC.US.96081																				0				
MAC.US.96093																				0				
MAC.US.96123																				0				
MAC.US.96135																				0				
MAC.US.97009																				0				
MAC.US.97074																				0				
MAC.US.r80025																				0				
MAC.US.r90131																				0				
MNE.US.-.MNE027																				361				
MNE.US.82.MNE_8			G	.																361				
SMM.SL.92.SL92B	T	.	GGTC	.CG	.G	.	.CG	.	A	.C	.A	.	C	.ACTC	.GGCAACTCCTGA	.TGA	.T	.G	.T	.C	.			343
SMM.US.-.17EC1																				880				
SMM.US.-.17EFL																				880				
SMM.US.-.F236_H4	T	.	G	.CAC	.										A	G	.	G	.C	876				
SMM.US.-.H9	T	.	G	.AC	.	S					Y				G	.C	.	G	.C	362				
SMM.US.-.PB114_15	T	.	GG	.AC	.	C									G	.C	.	G	.C	655				
SMM.US.-.PB1A	T	.	G	.AC	.	C					Y				G	.C	.	G	.C	655				
SMM.US.-.PB1_143	T	.	G	.AC	.	S									G	.C	.	G	.C	362				
SMM.US.-.PB1_6P6	T	.	G	.AC	.	C									G	.C	.	G	.C	847				
SMM.US.-.PGM53	T	.	G	.AC	.T	A									C	.G	.	G	.C	805				
SMM.US.-.SME543	T	.	G	.CAC	.T	A									G	.	G	.	G	.C	877			
STM.US.-.STM															CT	.T	.G	.A	.	C	.			544

MAC.US.-239
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-BEN
H2A.DE.-PEI2
H2A.GH.-GH1
H2A.GM.-ISY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-AL1
H2A.GW.-MIS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2CG
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-7312A
H2B.CI.-EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-251_1A11
MAC.US.-251_32H_PJ5
MAC.US.-251_BK28
MAC.US.-SMM142
MAC.US.-SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.739.95112
MAC.US.739.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-MNE027
MNE.US.82.MNE_8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.-17EFC1
SMM.US.-17EFR
SMM.US.-F236_H4
SMM.US.-H9
SMM.US.-PB114_15
SMM.US.-PB1A
SMM.US.-PB1_143
SMM.US.-PB1_6P6
SMM.US.-PGM53
SMM.US.-SME543
STM.US.-STM

```

GCAGTAAGGGCGGCGGAACCAACCACGACGGAGTCTCTATAAAGGCGGGGTC..GGTACCA...GACGGCGTGAGGAGC.GGGAGAGGAAGAGGCCTCC.GGTTGCA...GGTAAGTGCAACACAAAAA.AG.....AAATAGCTGTCTT.TTATCCAGG 1027
-----A-----G-----A--C-AA-----A.A-G-----T-----TA-----G-A-----A-CTACACC--A-ATTGTAGCC.AGG--GG--TGT-A--CC-A-CIT 523
-----A-----G-A-----C-AA-----AAA-G-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACACC--ACTGTAGCC.AG--AG--TGT-A--CC-A-TTT 1078
-----A-----G-----C-GA-----A.A-G-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACACC--ACTGTAGCCAGA--AG--TGT-A--CC-A-CIT 1046
-----A-----G-A-----C-GA-----A.A-G-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACACC--ACCGTAGCC.AG--AG--AGT-A--CC-ATCIT 518
-T-----A-----G-A-----C-AA-----A.A-G-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACACC--ACTGTAGCC.GG--AG--TGT-A--CC-A-CIT 522
-----A-----G-A-----C-GA-----GA.AG-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACACC--ACTGTAGCC.AG--AG--TGT-A--CC-A-CIT 522
-----A-----G-A-----C-AA-----AAG-C-----T-----T-----G-A-----A-CTACACC--ATTGTAGCC--G--GG--TGT-A--CC-A-CIT 1071
-----A-----G-A-----C-AA-----A.A-G-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACACC--ACTGTAGCC.AA--GG--TGT-A--CC-A-CIT 522
-----A--GC-----G-----C-GA-----A.AG-----T-----TC.G-----G-A--G-----A-CTACACC--ACTGTAGCC.AG--GG--TGT-A--CC-A-CIT 522
-----A-----AG-----A--C-GA-----A.A-G-----T-----TC.G-----G-A-----A-CTACACC--ACTGTAGCC.TG--GG--TGT-A--CC-A-CIT 1087
-----A-----G-----C-GA-----A.A-G-A-----T-----GA-----G-A-----A-CTACACC--ACTGTAGCC--G--GG--TG-A--CC-A-CIT 521
-----T-----A--G-----A--C-----G-A-----GA-----GA-T--A-----A-TC--A--TTT.T-----AACT.G-C--AC--T-A- 1060
-----T-----G--AA--A--C-----G-A-----GA-----GA-T-AAA-----A-TC--A--TTT.GC-----AA.TCG-C--AC--T-- 1056
-----T-----A--G-----A--C-----G-A-----GAA-----GA-G-AA--G-----A-TC--A--TTT.T-----AA.T.G-C--GC--T-A- 1059
-----T-----A--G-----A--C-----G-A-----GA-----GA-T--A-----A-TC--A--TTT.T-----CA-T.G-C--AC--T-AA 1054
-----T-----A--G-----A--C-----G-A-----GA-----GA-T--A--G-----A-TC--A--TTT.TA-----AA-T.G-C--AC--T-A- 200
-----T-----T-----G-----A-----A-----T-----G--G.CA-----C--A--TT.T-----TAGCCAAA--GGGCTGT.GAA--CC-A-CIT 440
-----A-----G-----A--CT-----AG-A-----T-----T-----G--G.CA-----C--A--T-----AACCA--GGG.T-----G.CCTCTG--A 557
-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G----- 1026
-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G----- 1028
-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G----- 1025
-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G----- 525
-----G-----G-----G-----G-----A-----G-----G-----G----- 525
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 133
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 133
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 123
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 129
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 133
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 134
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 67
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 104
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 127
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 134
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 132
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 119
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 121
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 0
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 134
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 126
-----G--A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 138
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 136
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 134
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 119
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 2
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 2
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 0
-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A----- 133
-----G-----G-----GG-----GG-----G-----G-----G-----G----- 507
-----G-----G-----GG-----GG-----G-----G-----G-----G----- 507
-----T--G-----TTGA-CCGGTGCCA-T-CTGA-CGGGAGT-ACA-TAA--AG--CT-T-G-AC--TAAGG-AAAA-GT--TG--TAT-CTAC-T-CGG.GA-----G----- 471
-----G-----G-----GG-----GG-----G-----G-----G-----G----- 1027
-----G-----G-----GG-----GG-----G-----G-----G-----G----- 1027
-----A-----A--G-----C-GG-----G-----TC-G-----G--G.TC-----T-GGA--AG--CCC-A-TTT 1023
-----C-----A-----C-GG-----G-----TC-G-----A-G.GC-----T-GGA--AG--CCC-A-TTT 509
-----C-----A-----C-GG-----G--A-----TC-G-----A-G.GT-----C-T-GGA--AG--CCC-A-TTT 803
-----C-----A-----C-GG-----G-----TC-G-----A-G.GC-----T-GGA--AG--CCC-A-TTT 802
-----C-----A-----C-GG-----G-----TC-G-----A-G.GT-----C-T-GGA--AG--CCC-A-TTT 509
-----C-----A-----C-GG-----G-----TC-G-----A-G.GT-----C-T-GGA--AG--CCC-A-TTT 995
-----A-----A-----C-GG-----G-----TC-G-----AG--GT-----C-T-GGA--AG--CCC-A-TTT 953
-----A-----A--G-----C-GG-----G-----A--TC-G-----A-GT.CA-----T-GGA--AG--CCC-A-TTT 1024
-----A-----G-----CG-----AG-----GC-----A-----AGTGAGTGC-ACA-GT-G.C-----C-G-GG-----AT-G--C-A-TCT 683

```

	Gag and Gag-Pol start																																														
MAC.US.-.239	AAGGGGTAATAAGATAGAGTGGGAGATGGCGTAGAGAACTCCGCTTGTCAGGGGAAGAAAGCAGATGAATTAGAAAAAATAGGCTACGACCCAAACGGAAAGAAAAAGTACATGTTGAAGCATGTAGTATGGGCAGCAATGAATTAGATAGATTGGATTAGCAGAAA	1197																																													
Gag	M G V R N S V L S G K K A D E L E K I R L R P N G K K K Y M L K H V V W A A N E L D R F G L A E																																														
H2A.GM.MCN13	T-.ACAGG-GA-G-TT-----C-----AA--A--C-----C--T--G--GG-----A--G-C-A--A-T-G-----G--G--C--C-----G--	692																																													
H2A.CI.88.UC2	T-.ACAGG-GA-G-TT-----C-----C-AG--A-G--C-----G--T--G--GG-----G--G--A--A--A-T-G-----G--C--G--C--CA-----G--	1247																																													
H2A.DE.-BEN	T-.ACAGG-GA-G-TT-----C-----AG--A--C-----G--T--G--GG-----G--G--A--A--A-T-G-----G--C--G--C--CA-----G--	1247																																													
H2A.DE.-PEI2	T-.ACAGG-GA-G-TT-----C--G-----AG--A--T-----G--T--G--GG-G-----A-T-GAC-A--A-T-G-----G--G--C--A--C-----G--	1215																																													
H2A.GH.-GH1	TTA-ACAGG-GA-G-TT-----C-----AG--A--G-----G--T--G--G-----G--C-A--A--A-T-G-----G--C--A--C-----G--	688																																													
H2A.GM.-JISY	T-.ACAGG-GA-G-TT-----C-A-----AG--A-G-----G--T--G--GG-G-----A-GA--A--A--A-T-G-----G--C--C--C-----A--G--	691																																													
H2A.GM.87.D194	T-.ACAGG-GA-G-TT-----C-----AG--A--C-----G--T--G--GG-----GA--G--A--A--T-G-----G--C--C--C-----G--G--	691																																													
H2A.GW.-AL1	T-.ACAGG-GA-G-TT-----C-----AG--GA--C-----G--T--G--GG-----A-TCA-C-A--A--A-T-G-----G--C--C--C-----G--	1240																																													
H2A.GW.-MDS	T-.ACAGG-GA-G-TT-----C--G-----AG--A--C-----G--T--G--GG-----A-G--A--A--A-T-G-----G--G--C--C-----G--	691																																													
H2A.GW.86.FG	T-.ACAGG-GA-G-TT-----C-----AG--A--C-----G--T--G--GG-----A-A--A--A--A-T-G-----G--G--C--C-----G--	691																																													
H2A.GW.87.CAM2CG	T-.ACAGG-GA-G-TT-----C-----AG--A--C-----G--T--G--GG-----A-A--A--A--A-T-G-----G--G--C--C-----G--	1256																																													
H2A.SN.85.ROD	T-.ACAGG-GA-G-TT-----C-----AG--A--G-----G-C--T--G--GG-----G-C-A--A--A-T-G-----G--A--G--C--C-----G--	690																																													
H2AB.CI.-7312A	-G.-A-AGTAGG-CATA-----C--GG--C-----A-GA-----G--T--G--GG-----A-A--A-----C--C--C-----G-----	1229																																													
H2B.CI.-EHO	-C.A--GTACG-ATA-----C--GG-----GA-----GG--T--G--GG-----GA--C-A--A--A-----TG-----G--C-----G--	1224																																													
H2B.CI.88.UC1	-A--AGTAGG-CATA-----C--G-----A-----G--T--G--GG-----G--TTGTC-A-A--A-----TG-C-----G--C-----G--	1228																																													
H2B.GH.86.D205	-A--AGTAGG-CATA-----C--GG--C-----A-----G--T--G--GG-----T--C-A--A-----TG-----G--C-----G--	1223																																													
H2B.JP01.KR020	-A--AGTAGG-CATA-----C--GG-----A-----G--T--G--GG-----A--A-----TG-C-----G--C-----A-----	369																																													
H2G.CI.-ABT96	G-ATA-C-GGTAGA-T-----C--G-----C-----A-T-----G--T--G--GG-----A--A--A--T-G-----G--C--G--C-----G--	610																																													
H2U.FR.96.12034	-A-AGG-GT-TT-----C-----G--T--G-----A--A--A--T-G-----G--C--G--C-----G-----	726																																													
MAC.US.-.251.1A11	-A-----C-----GG-----	1196																																													
MAC.US.-.251.32H.PI5	-A-----C-----GG-----	1198																																													
MAC.US.-.251.BK28	-A-----C-----GG-----	1185																																													
MAC.US.-.MM142	-A-----C-----GG-----	695																																													
MAC.US.-.SMM142B	-A-----C-----GG-----	695																																													
MAC.US.1937	-A-----C-----R-----	303																																													
MAC.US.2065	-A-----C-----	303																																													
MAC.US.239.95112	-A-----C-----	293																																													
MAC.US.239.96114	-A-----C-----	299																																													
MAC.US.80035	-A-----C-----	303																																													
MAC.US.81035	-A-----C-----	304																																													
MAC.US.85013	-A-----C-----	237																																													
MAC.US.87082	-A-----C-----	274																																													
MAC.US.92050	-A-----C-----G-----	297																																													
MAC.US.92077	-A-----C-----	304																																													
MAC.US.93057	-A-----C-----	302																																													
MAC.US.93062	-A-----C-----	289																																													
MAC.US.95058	-A-----C-----	291																																													
MAC.US.95086	-A-----C-----	160																																													
MAC.US.96016	-A-----C-----	304																																													
MAC.US.96020	-A-----C-----	296																																													
MAC.US.96072	-A-----C-----	308																																													
MAC.US.96081	-A-----C-----	306																																													
MAC.US.96093	-A-----C-----	304																																													
MAC.US.96123	-A-----C-----	193																																													
MAC.US.96135	-A-----C-----Y-----	289																																													
MAC.US.97009	-A-----C-----A-----	172																																													
MAC.US.97074	-A-----C-----	172																																													
MAC.US.r80025	-A-----C-----	160																																													
MAC.US.r90131	-A-----C-----	303																																													
MNE.US.-.MNE027	-A-----C-----GG-G-----	677																																													
MNE.US.82.MNE_8	-A-----C-----GG-G-----	677																																													
SMM.SL.92.SL92B	...TAGGTAG-AG-A-C-----C--GG-----A-----G--T--G--GG-G-----C-T--A-TA-----C-GA-----C-----CG-----	637																																													
SMM.US.-.17EC1	-A-----C-----	1197																																													
SMM.US.-.17EFR	-A-----C-----	1197																																													
SMM.US.-.F236_H4	TGA--AA-GAGTAGG-----C-----G-----G--T--G-----T-----T-----G--C-----G--C-----	1193																																													
SMM.US.-.H9	TGA-AAA-GAGTAGG-----T-----G--GG-----G-----C-----A-----G--C-----G--C-----	679																																													
SMM.US.-.PB114_15	TGA-AAA-GAGTAGG-----C-----C-----T-----G--GG-----G-----A-C-----A-----G--C-----	973																																													
SMM.US.-.PB1A	TGA-AAA-GAGTAGG-----T-----G--GG-----G-----CA-C-----A-----G--C-----	972																																													
SMM.US.-.PB1_143	TGA-AAA-GAGTAGG-----T-----G--GG-----G-----A-C-----A-----G--C-----	679																																													
SMM.US.-.PB1_6P6	TGA-AAA-GAGTAGG-----C-----T-----G--GG-----G-----A-C-----A-----G--C-----	1165																																													
SMM.US.-.PGM53	TGA--AA-GAGTAGG-----C-----G-----T-----G-----T-----C-----G--C-----	1123																																													
SMM.US.-.SME543	TGA--AA-GAGTAGG-----C-----G-----T-----G-----T-----C-----G--C-----	1194																																													
STM.US.-.STM	TGA--A-GAGGT-G-AG-----C--G-----A-----G--T--G--GG-G-----A-----G-----C-----G-----	853																																													

MAC.US.-.239
Gag
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-.BEN
H2A.DE.-.PEI2
H2A.GH.-.GH1
H2A.GM.-.ISY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-.AL1
H2A.GW.-.MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2CQ
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-.7312A
H2B.CI.-.EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-.AB196
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-.251.1A11
MAC.US.-.251.32H.PI5
MAC.US.-.251.BK28
MAC.US.-.MM142
MAC.US.-.SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-.MNE027
MNE.US.82.MNE.8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.-.17EC1
SMM.US.-.17EFR
SMM.US.-.F236_H4
SMM.US.-.H9
SMM.US.-.PB114_15
SMM.US.-.PB1A
SMM.US.-.PBJ_143
SMM.US.-.PBJ_6P6
SMM.US.-.PGM53
SMM.US.-.SME543
STM.US.-.STM

GCCTGTTGGAGAACAAGAGGATGTCAAAAATACCTTTCGGTCTTAGCTCCATTAGTGCCAAAGCTCAGAAAAATTTAAAAAGCCCTTTATAACTGTCTCGCTCATCTGGTGCATTCACGCGAGAAGAGAAAGTGAACACACTGAGGAAGCAAAAACAGATAGTGCAG 1367
S L L E N K E G C Q K I L S V L A P L V P T G S E N L K S L Y N T V C V I W C I H A E E K V K H T E E A K Q I V Q
ATCA.....T..C..G..T..-A..A..T..-G.....-A..G..T.....T.....C.....-A.....-G..T..-A..G.....-A.....-A..... 862
.....TCA.....T..C..G..T..-C..A..A..T..-A.....-A.....G.....T.....C.....-T.....T..G.....-A.....G.....-A.....-A..... 1417
.....TCA.....T..C..G..T..-C..A..A..T..-A.....-A.....G.....T.....C.....-T.....T..G.....-A.....G.....-A.....-A..... 1417
.....TCA.....T..C..-TA..-A..A..T..-A.....-A.....G.....T.....T..G.....-A.....-A.....-A.....-A..... 1385
.....TCA.....T..C..G..T..-C..A..A..T..-A.....-A.....G.....T.....-C..A.....-T.....T..G.....-A.....-A.....-A..... 858
.....TCA.....T..C..-TA..-A..T..-AA.....-A.....G.....T.....AC.....-T.....T..G.....-A.....-A.....-A.....-AGG... 861
.....ATCA.....T..C..G..T..-AAA..T..-AA.....-A.....G.....T.....C.....-AG..T.....T..G.....-A.....-A.....-A.....-CA... 861
.....TCA.....T..C..G..T..-AAA..T..-AA.....-A.....G.....T.....-AG..T.....G.....-A.....-A.....-A.....-A..... 1410
.....ATCA.....G..T..C..G..T..-A..A..T..-A.....-A.....G.....T.....-T..TT.....A.....G.....-A.....-A.....-T..C..CA..G... 861
.....TCA.....T..C..G..T..-A..A..T..-A.....-A.....G.....T.....-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 861
.....ATCA.....T..C..G..T..-AAA..T..-A.....-A.....G.....T.....-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-CA..T... 1426
.....TCA.....G..T..-C..G..T..-A..A..T..-A.....-A.....G.....T.....-T.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-G..... 860
A.....ATCA.....G.....T..A.....-A.....-G.....G.....T.....T.....A.....A.....-G..T..C.....-A..C..CA..... 1399
-G.....GATCA.....C..GG..T..GGAAA.....GA.....-A.....T.....T.....C.....-TT..C..G.....-G..T.....-A.....-CA..... 1394
.....ATCA.....C.....T..A.....-A.....-A.....-A.....-T.....AC..T..G.....-G..T.....-A.....-CA..... 1398
.....ATCA.....C.....T..AAA.....-A.....-G.....-T.....TC.....-TT..C..G.....-G..T.....-A.....-CA..... 1393
.....TCA.....C.....T..A.....AA.....-A.....-A.....-T.....AC..TC..G.....-T.....-A.....-T..T.....-A.....-CA..... 339
.....ATCA.....T..C.....T..A..A..A.....-A.....-G.....G.....TT..G.....-C..C.....A.....T.....A.....-AG..... 780
.....GC.....TT..A.....G.....T.....T.....G.....T.....TT..G.....-T.....G.....-A.....-A.....-A.....-A..... 896
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 1366
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 1368
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 1355
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 865
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 865
.....R.....G.....-A.....-M.....R.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 473
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 473
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 463
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 469
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 473
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 474
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 407
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 444
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 467
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 474
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 472
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 459
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 461
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 474
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 466
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 478
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 476
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 474
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 363
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 459
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 342
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 342
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 330
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 473
.....C.....G.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 847
.....A..G.....G.....-T..AG..A..AC.....-A.....G.....-T..G..T..G.....-AG..T.....TC..G.....-AT.....G.....A.....-T..GA..A..C.....A..... 807
.....A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 1367
.....T.....T.....T.....A..T.....T..G.....T.....C.....G.....-T.....T.....A.....-A.....-A.....-A.....-A..... 1367
.....T.....T.....T.....A..T.....T..G.....T.....G.....-C.....C.....C..T.....T.....A.....-A.....-A.....-A..... 849
.....T.....T.....T.....A..T.....T..G.....T.....G.....-C.....C.....C..T.....T.....A.....-A.....-A.....-A..... 1143
.....T.....T.....T.....A..T.....T..G.....T.....G.....-C.....C.....C..T.....T.....A.....-A.....-A.....-A..... 1142
.....T.....T.....T.....A..T.....T..G.....T.....G.....-C.....C.....C..T.....T.....A.....-A.....-A.....-A..... 849
.....C.....T.....TA..A..T.....T..G.....T.....G.....-C.....C.....C..T.....T.....A.....-A.....-A.....-A..... 1335
.....T.....T.....T.....A..T.....T..G.....T.....G.....-C.....C.....C..T.....T.....A.....-A.....-A.....-A..... 1293
.....T.....T.....T.....A..T.....T..G.....T.....G.....-C.....C.....C..T.....T.....A.....-A.....-A.....-A..... 1364
.....TCA.....G.....TA..AA.....AA.....T..G.....T.....G.....T.....T.....T.....C.....-T.....-A.....-A.....-A.....-AA... 1023

	Gag p17 Matrix end_Gag p24 Capsid start																				
	AGACACCTAGTGGTGGAAACAGGAACAAACAGAAACTATGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGCACCCTAGCGGC	AGAGGAGGAATTCACAGTACAACA	ATAGGTGGTAACTATGTCACCTGCCATTAAGCCCGAGAACATTAAATGCCTGGGTAAAATT	1531																	
	R H L V V E T G T T E T M P K T S R P T A P S S G	R G G N Y P V Q Q	I G G N Y V H L P L S P R T L N A W V K L																		
MAC.US.-.239	1530																	
Gag	1529																	
H2A.GM.MCN13	1528																	
H2A.CI.88.UC2	1527																	
H2A.DE.-.BEN	1526																	
H2A.DE.-.PEI2	1525																	
H2A.GH.-.GH1	1524																	
H2A.GM.-.ISY	1523																	
H2A.GM.87.D194	1522																	
H2A.GW.-.AL1	1521																	
H2A.GW.-.MDS	1520																	
H2A.GW.86.FG	1519																	
H2A.GW.87.CAM2CG	1518																	
H2A.SN.85.ROD	1517																	
H2AB.CI.-.7312A	1516																	
H2B.CI.-.EHO	1515																	
H2B.CI.88.UC1	1514																	
H2B.GH.86.D205	1513																	
H2B.JP01.KR020	1512																	
H2G.CI.-.ABT96	1511																	
H2U.FR.96.12034	1510																	
MAC.US.-.251.1A11	1509																	
MAC.US.-.251.32H.P15	1508																	
MAC.US.-.251.BK28	1507																	
MAC.US.-.MM142	1506																	
MAC.US.-.SMM142B	1505																	
MAC.US.1937	1504																	
MAC.US.2065	1503																	
MAC.US.239.95112	1502																	
MAC.US.239.96114	1501																	
MAC.US.80035	1500																	
MAC.US.81035	1499																	
MAC.US.85013	1498																	
MAC.US.87082	1497																	
MAC.US.92050	1496																	
MAC.US.92077	1495																	
MAC.US.93057	1494																	
MAC.US.93062	1493																	
MAC.US.95058	1492																	
MAC.US.95086	1491																	
MAC.US.96016	1490																	
MAC.US.96020	1489																	
MAC.US.96072	1488																	
MAC.US.96081	1487																	
MAC.US.96093	1486																	
MAC.US.96123	1485																	
MAC.US.96135	1484																	
MAC.US.97009	1483																	
MAC.US.97074	1482																	
MAC.US.r80025	1481																	
MAC.US.r90131	1480																	
MNE.US.-.MNE027	1479																	
MNE.US.82.MNE_8	1478																	
SMM.SL.92.SL92B	1477																	
SMM.US.-.17EC1	1476																	
SMM.US.-.17EFR	1475																	
SMM.US.-.F236_H4	1474																	
SMM.US.-.H9	1473																	
SMM.US.-.PB114_15	1472																	
SMM.US.-.PB1A	1471																	
SMM.US.-.PBJ_143	1470																	
SMM.US.-.PBJ_6P6	1469																	
SMM.US.-.PGM53	1468																	
SMM.US.-.SME543	1467																	
STM.US.-.STM	1466																	

MAC.US.-239
Gag
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-BEN
H2A.DE.-PEI2
H2A.GH.-GH1
H2A.GM.-ISY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-AL1
H2A.GW.-MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2C
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-7312A
H2B.CI.-EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-251_1A11
MAC.US.-251_32H_PI5
MAC.US.-251_BK28
MAC.US.-MM142
MAC.US.-SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-MNE027
MNE.US.82.MNE_8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.-17EC1
SMM.US.-17EFR
SMM.US.-F236_H4
SMM.US.-H9
SMM.US.-PB114_15
SMM.US.-PBJA
SMM.US.-PBJ_143
SMM.US.-PBJ_6P6
SMM.US.-PGM53
SMM.US.-SME543
STM.US.-STM

```
GATAGAGGAAAAAGAAATTTGGAGCAGAAGTAGTCCAGGATTCAGGCACTGTGAGAAAGTTGCACCCCTATGACATTAATCAGATGTTAAATGTGTGGAGACCATCAAGCGGCTATGCAGATTATCAGAGATATTATAAACGAGGAGCTGCAGATTGGGACTTCC 1701  
I E E K K F G A E V V P G F Q A L S E G C T P Y D I N Q M L N C V G D H Q A A M O I I R D I I N E E A A D W D L  
AG-----G-C-G-G-----C-----C-G-----T-C-C-A-C-T-----C-----A-A-----A-A-----G-G-CG-T-T-A-A-A-A-----TG--- 1196  
AG-----G-C-G-----C-----C-G-----T-C-A-C-T-----C-----A-C-----A-A-----G-----C-T-A-A-A-A-----TG--- 1751  
AG-G-----G-C-G-----C-----C-G-----T-C-----C-T-C-A-C-----C-----A-A-----A-A-----G-----T-T-A-A-A-A-----TG--- 1751  
AG-G--A-----G-C-G-----G-----A-----C-----C-G-----T-C-A-C-T-----C-----A-A-----A-A-----G-----C-T-A-A-A-A-----TG--- 1719  
AG-----C-G-C-G-----C-----C-G-----T-C-C-A-C-T-----C-----T-C-A-----A-A-----G-----C-T-C-A-A-A-----TGCA- 1195  
AG-----G-A-G-C-G-----G-----C-----C-G-----T-C-A-C-T-----C-----T-C-A-----A-A-----A-----T-T-A-A-A-A-----TG-A- 1195  
AG-----G-C-G-----C-----C-G-----T-C-A-C-T-----C-----T-C-A-----A-A-----A-----T-T-A-A-A-A-----TG--- 1195  
AG-A-----G-C-G-----C-----C-G-----T-C-A-C-T-----C-----T-C-A-----A-A-----G-A-----G-A-C-T-T-A-A-A-----TG-TG 1744  
AG-----G-C-G-----C-----C-G-----T-C-A-C-T-----C-----T-C-----A-C-----A-A-----G-A-----G-A-C-T-T-A-A-A-----TG--- 195  
AG-G-----C-G-G-----C-----C-G-----T-----C-T-----C-----A-----A-A-----G-A-----T-T-A-A-A-A-----TG-TG 1189  
AG-----A-G-C-G-----C-----C-G-----T-C-C-A-C-T-----C-----A-----A-A-----G-G-----T-T-A-A-A-A-----TGCCA 1760  
AG-----A-G-C-G-----C-----C-G-----T-C-C-A-C-T-----C-----C-----A-C-----A-A-----G-G-----C-T-A-A-A-A-----TG--- 1194  
AG-G-----A-G-----A-A-G-A-T-----T-----C-----A-A-G-A-C-----AG-C-T-G-A-A-C-T-----G-C-----CAA- 1718  
AG-A-G-----G-C-G-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----A-----A-----G-A-C-----A-T-G-G-A-A-T-T-----A-A-----CAA- 1713  
AG-A-----G-C-G-----A-----C-----A-----A-----T-----T-A-----C-----A-----G-A-C-----A-T-G-G-A-A-C-T-----G-C-----CAA- 1717  
AG-----A-G-C-G-----A-----C-----A-----A-----T-----T-A-----C-----A-----A-----G-A-C-----A-T-G-A-C-T-----A-A-----CAA- 1712  
AG-----C-G-----A-----C-----A-----A-----T-----T-A-----C-----A-----A-----A-----T-G-A-A-T-T-----A-A-----CA- 858  
-G-A-----G-C-G-----G-----G-----C-CTA-A-----T-C-A-C-----A-A-----A-C-----A-A-T-----A-A-T-----A-K-----TC-T 1114  
-G-----G-A-----C-----G-C-----G-----T-----A-----C-----A-----T-----A-----G-A-A-T-T-T-A-A-----ACA- 1230  
-----C-----C-----T-----1700  
-----C-----T-----1702  
-----C-----T-----1689  
A-----G-----T-----C-CT-----C-----T-----1199  
A-----G-----T-----C-CT-----C-----T-----1199  
-G-----G-----T-----TG-----G-----T-----807  
-----G-----807  
-----807  
-----807  
-----803  
-----808  
-----G-----G-----741  
-----808  
-----801  
-----808  
-----T-T-----G-----806  
-----T-----Y-----R-----793  
-----T-----795  
-----864  
-----808  
-----800  
-----812  
-----810  
-----808  
-----697  
-----793  
-----676  
-----676  
-----807  
-----807  
-----G-----C-T-----A-----A-----A-----C-----1181  
-----G-----C-----1181  
-G--A-----A-----C-T-A-----C-T-----A-T-A-----G-A-C-----A-----A-A-T-T-----A-A-----C-----C-A- 1135  
-----1701  
-----1701  
AG-A-G-A-----G-G-----A-G-A-----C-----T-----T-----A-C-----A-A-----G-A-C-----A-----T-----G-----T-A-A-----C-----T-A- 1697  
-G-A-G-A-----G-G-----A-G-A-----C-----T-----Y-T-----C-----A-C-----A-A-----G-A-C-----A-----T-----A-----T-A-A-----T-----T-A- 1183  
-A-G-A-----G-G-----A-G-A-----C-----T-----C-----A-C-----A-A-----G-A-C-----A-----T-----A-----T-A-A-----T-----T-A- 1477  
-----A-G-A-----G-G-----A-G-A-----C-----T-----Y-----C-----A-C-----A-A-----G-A-C-----A-----T-----A-----T-A-A-----T-----T-A- 1476  
-G--A-G-A-----G-G-----A-G-A-----C-----T-----Y-----C-----A-C-----A-A-----G-A-C-----A-----T-----A-----T-A-A-----T-----T-A- 1183  
-A-G-A-----G-G-----A-G-A-----C-----T-----C-----A-C-----A-A-----G-A-C-----A-----T-----A-----T-A-A-----T-----T-A- 1669  
-G-A-G-A-----G-G-----A-G-A-----C-----T-----C-----A-C-----A-A-----G-A-C-----A-----T-----A-----T-A-A-----T-----T-A- 1627  
-G-A-G-A-----G-G-----A-G-A-----C-----T-----C-----A-C-----A-A-----G-A-C-----A-----T-----G-----T-A-A-----C-----T-A- 1698  
AG-G-----T-----G-----STM.US.-STM
```

MAC.US.-239 Gag	AGCAC.....CCACAA.....CCAGCTCCACAAAGGACAACCTTAGGGAGCCGTGAGGATCAGATATTGCAGGAACAACCTAGTTCCAGTAGATGAACAAATCCAGTGGATGTACAGACAAACAGAACCCCATACAGTAGGCAACATTTACAGGAGATGGATCCAACGTG	1859
A-T	-AT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.GM.MCN13	-AT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.CI.88.UC2	-AT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.DE.-BEN	-AT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.DE.-PEI2	-A-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.GH.-GH1	-AT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.GM.-ISY	-A-T-AT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.GM.87.D194	-AT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.GW.-AL1	CA-T-CAT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.GW.-MDS	-T-AT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.GW.86.FG	CA-T-CAT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.GW.87.CAM2CG	-T-T-AT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2A.SN.85.ROD	-A-T-AT-CCAGGTC-CTT-C-GCG-G-G-A-A-AAG-G-T-C-A-G-A-CA	1857
H2AB.CI.-7312A	GGTG..CCAGGTC-A-TG-C-GC-C-CAG-C-A-G-C-CA	1879
H2B.CI.-EHO	-T-T-CG..CCAGGTC-A-TG-C-GC-C-CAG-C-A-G-C-CA	1874
H2B.CI.88.UC1	-GAT-CCAGGTC-A-TG-C-GC-C-CAG-C-A-G-C-CA	1878
H2B.GH.86.D205	-A-GTC-CCAGGTC-AATG-C-GC-C-AAG-G-C-A-C-CA	1873
H2B.JP01.KR020	-GTC-CCAGGTC-AATG-C-GC-C-AAG-G-C-A-C-CA	1019
H2G.CI.-ABT96	-A-T-CAAGGCC-G-G-C-GC-M-C-A-A-A-G-C-A-A-G-T	1275
H2U.FR.96.12034	..A-C-CAAGGCC-A-C-GC-G-G-A-A-AAG-T-T-CA-G-A-G-G-A	1391
MAC.US.-251.1A11G.....	1858
MAC.US.-251.32H.PI5G.....	1860
MAC.US.-251.BK28G.....	1847
MAC.US.-MM142A.....	1357
MAC.US.-SMM142BA.....	1357
MAC.US.1937	965
MAC.US.2065	965
MAC.US.239.95112	965
MAC.US.239.96114	961
MAC.US.80035	965
MAC.US.81035	966
MAC.US.85013W-R.....	899
MAC.US.87082	936
MAC.US.92050	959
MAC.US.92077	966
MAC.US.93057	964
MAC.US.93062C.....	951
MAC.US.95058C-G.....C.....	953
MAC.US.95086	822
MAC.US.96016	966
MAC.US.96020	958
MAC.US.96072	970
MAC.US.96081	968
MAC.US.96093	966
MAC.US.96123	855
MAC.US.96135	951
MAC.US.97009	834
MAC.US.97074	834
MAC.US.r80025	822
MAC.US.r90131	965
MNE.US.-MNE027A.....G.....C.....A.....T.....	1339
MNE.US.82.MNE.8A.....G.....C.....A.....T.....	1339
SMM.SL.92.SL92B	-A-CCAAAGAGG...CAG-G-G-A-CGGCT-...GGG-A-A-A-C-A-G-CA-CCC-AG...G-AG-A-T-GGC-A-AG-C-G-AG-C-T-A-G-G...	1302
SMM.US.-17EC1	1859
SMM.US.-17EFR	1859
SMM.US.-F236_H4	-A-.....G-CCAGGTC-A-T-C-GC-G-A-AAG-C-T-A-A-G-A-T-A-G-T-A-G.....T-A	1858
SMM.US.-H9	-A-.....R-G-CCAGGTC-AAT-C-GC-A-AAGR-C-C-T-CA-S-C-T-A-Y-G-G-A-T-C-R-G-T-A	1344
SMM.US.-PB114_15	-A-.....G-G-CCAGGTC-GAT-C-C-A-AAG-C-C-T-CA-C-T-A-T-G-G-A-T-T-C-A-G-T-A	1638
SMM.US.-PB1A	-A-.....G-G-CCAGGTC-GAT-C-C-A-AAG-C-C-T-CA-C-T-A-T-G-G-A-T-T-C-A-G-T-A	1637
SMM.US.-PB1_143	-A-.....R-G-CCAGGTC-AAT-C-GC-A-AAGR-C-C-T-CA-S-C-T-A-Y-G-G-A-T-T-C-R-G-T-A	1344
SMM.US.-PB1_6P6	-A-.....G-G-CCAGGTC-GAT-C-C-A-AAG-C-C-T-CA-C-T-A-T-G-G-A-T-T-C-A-G-T-A	1830
SMM.US.-PGM53	-A-.....G-G-CCAGGTC-AAT-C-GC-C-A-T-AAG-C-T-A-G-A-G-T-A-T-G-G-A-G-A-C-A-G-T	1788
SMM.US.-SME543	-A-.....G-G-CCAGGTC-A-T-C-GC-G-A-AAG-C-T-A-G-A-G-A-G-A-A-T-T-G-T-A	1859
STM.US.-STM	-T.....CCACGGGTC-G-TG-C-GC-G-A-A-AAG-G-A-G-T-C-CC-G-T-A-C-G-G-A-T-T-G-A-C-T-A	1521

MAC.US.-.239
 Gag
 H2A.GM.MCN13
 H2A.CI.88.UC2
 H2A.DE.-BEN
 H2A.DE.-PEI2
 H2A.GH.-GH1
 H2A.GM.-ISY
 H2A.GM.87.D194
 H2A.GW.-AL1
 H2A.GW.-MDS
 H2A.GW.86.FG
 H2A.GW.87.CAM2CG
 H2A.SN.85.ROD
 H2AB.CI.-.7312A
 H2B.CI.-EHO
 H2B.CI.88.UC1
 H2B.GH.86.D205
 H2B.JP01.KR020
 H2G.CI.-ABT96
 H2U.FR.96.12034
 MAC.US.-.251.1A11
 MAC.US.-.251.32H.PI5
 MAC.US.-.251.BK28
 MAC.US.-.MM142
 MAC.US.-.SMM142B
 MAC.US.1937
 MAC.US.2065
 MAC.US.239.95112
 MAC.US.239.96114
 MAC.US.80035
 MAC.US.81035
 MAC.US.85013
 MAC.US.87082
 MAC.US.92050
 MAC.US.92077
 MAC.US.93057
 MAC.US.93062
 MAC.US.95058
 MAC.US.95086
 MAC.US.96016
 MAC.US.96020
 MAC.US.96072
 MAC.US.96081
 MAC.US.96093
 MAC.US.96123
 MAC.US.96135
 MAC.US.97009
 MAC.US.97074
 MAC.US.r80025
 MAC.US.r90131
 MNE.US.-.MNE027
 MNE.US.82.MNE.8
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.-.17EC1
 SMM.US.-.17EFR
 SMM.US.-.F236_H4
 SMM.US.-.H9
 SMM.US.-.PB114_15
 SMM.US.-.PB114
 SMM.US.-.PB1_143
 SMM.US.-.PB1_6P6
 SMM.US.-.PGM53
 SMM.US.-.SME543
 STM.US.-.STM

G G T T G C A A A A T G T G C A G A A T G T A T A C C C A A C A A A C T T C T A G A T G T A A A C A A G G C C A A A A G A G C C A T T C A G A C T A T G T A G A C A G G T T C T A C A A A A G T T T A A G A G C A G A C A G A C A G A T G C A G C A G T A A A G A A T T G G A T G A C T C A A A C A C T G C T G A T T C A A A A
 G L Q K C V R M Y N P T N I L D V K Q G P K E P F Q S Y V D R F Y K S L R A E Q T D A A V K N W M T Q T L L I Q N
 -AC---G--G--C---G--C---G--C---CA---G--A---C--A--T---T--A---C--G--G---A---C---G---A---G---1527
 -C---G--G---A---C---T---C---G---CA---G--G--A---AT---C--A--T---T---C---G---G---G---AG---CC---G---A---G---A---G---2082
 -AC---G--G--C---G---C---T---C---C---CA---G--G--A---G--G--C--A---G---G--C---A---T---A---CC---G---A---CC---G---A---G---2050
 -C--A--G--G---G---C---T---CT---C--G--G--A---G--A--G--C---A---G---T---A---T---C--G--G---A---C--G---A---C--G---1526
 -AC---G--G---G---C---T---C---CA---G--G--A---G--AT--G--C--A---G--T--A---C---G---G---A---CC---G---T---G---C---G---A---G---1524
 -C--A--G---G---C---T---CT---G--G--G--A---G--AT--G--C--A---G--T--A---C---G---G---A---CC---G---T---A---C---G---A---G---1526
 -C--A--G---G---C---T---C---C---CA---G--G--A---G---G---C--A---T---A---C---G---G---A---C---G---A---C---G---G---A---G---2075
 -C--G--G---G---C---T---C---C---CA---G--G--A---G---G---G--C--A---T---A---C---G---G---A---C---G---G---A---C---G---A---G---1526
 -AC---G--G--C---G---C---T---C---C---CA---T---A---G--A---C--A---T---A---C---G---G---A---C---G---A---C---G---A---G---1520
 -C--G--G---G---C---G---C---C---CA---G--G--A---G--T---C--A---T---A---C---G---G---A---C---G---A---C---G---A---G---2091
 -A---G--G---C---G---C---C---CA---G--G--A---G---G---G--C--A---T---A---C---G---G---A---C---G---A---C---G---A---G---1525
 A---G--G---C--G--C---T--T--T--A---A---C--C--A---G--T--A---G--C--G---AG-G-CA-G-GAGCG---AG-G---A---G--C--G---2049
 -C--A--G---C--G--C---T--T--T--A---G--CA---G---A---C--C--A---T---A---C---G--G---G--A---CC---G---A---A---G---G---2044
 -C--G---C--G--C---T--T--C---AT---CA---G--G--A---A---T--C--A---C---T--A---C---G--G---G--A---CC---G---A---A---G---G---2048
 -A---G---C--G--C---T--T--C---AT---CA---G--G--A---G---G--C--A---T---A---C---G--G---G--A---CC---G---A---G---A---G---2043
 -C---G---C--G--C---T--C---T---A---G--CA---G--G--A---G---A--C--C--A---A---C--G---A---CC--G---A---G---G---1189
 -AC-T---G---G---Y--T---C---T---A---G---A---C---TCT---T---A---G---C--R---A---T---C---A---G---A---G---A---G---1445
 -CC-A---T---C---T---T--T--CT---A---G---G---G---A---T---T---A---G---A---C---G---A---C---G---A---C---G---A---G---G---1561
A.....C.....A.....C.....G.....A.....C.....G.....A.....C.....G.....A.....G.....G.....G.....2028
A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....2017
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1135
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1135
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1131
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1136
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1069
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1106
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1129
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1136
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1134
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1121
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1123
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....992
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1136
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1128
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1140
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1138
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1136
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1025
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1121
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1004
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1004
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....992
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1135
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1509
R.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....A.....C.....1509
 -AC-C---C---G---G---C---G---T---T---G---C---A---T---T---G---G---G---C---G---G---A---G---G---1472
 SMM.US.-.17EC1
 SMM.US.-.17EFR
 SMM.US.-.F236_H4
 SMM.US.-.H9
 SMM.US.-.PB114_15
 SMM.US.-.PB114
 SMM.US.-.PB1_143
 SMM.US.-.PB1_6P6
 SMM.US.-.PGM53
 SMM.US.-.SME543
 STM.US.-.STM

MAC.US.-239
Pol
Gag
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-BEN
H2A.DE.-PE12
H2A.GH.-GH1
H2A.GM.-J5Y
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-ALI
H2A.GW.-MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2CG
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-7312A
H2B.CI.-EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-251.A11
MAC.US.-251.32H.P15
MAC.US.-251.BK28
MAC.US.-SMM142
MAC.US.-SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-MNE027
MNE.US.82.MNE_8
SMM.SL.92.SL.92B
SMM.US.-17EC1
SMM.US.-17EFC
SMM.US.-F236_H4
SMM.US.-H9
SMM.US.-PBJ14_15
SMM.US.-PBJA
SMM.US.-PBJ_143
SMM.US.-PBJ_6P6
SMM.US.-PGM53
SMM.US.-SME543
STM.US.-STM

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

Gag-Pol -1 ribosomal slip site
Pol start
Gag p8 Nucleocapsid end Gag p1 Spacer start

Gag p1 spacer end_Gag p6 start

MAC.US.-239	CTTGGTCCATGGGAAAGAACCCCGCAATTTCCCATGGCTCAAGTCATCAGGGGCTGATGCCAACTGCTCC...CCAGAGGACCCAGCTGGATGCTCTAAAGAATACATGCAGTTGGGCAAGCAGCAGAG..	2494
Pol	R P W S M G K E A P Q F P H G S S A S G A D A N C S P R G P S C G S A K E L H A V G Q A A	
Gag	L G P W G K K P R N F P M A Q V H Q G L M P T A P P E D P A V D L L K N Y M Q L G K Q R	
H2A.GM.MCN13	A-G-C-CC-----C-G-C-----C-CG-----A-CA-----A-A-CCC-----TA-----C-A--GG-----T-T-----CAA-A-AAGA-A-AGAACAGAGAGAGACCATACAAGAAGGTGAC	2016
H2A.CI.88.UC2	A-G-CT-C-----C-----CT-C-----A-A-ACC-----CA-T-G-A-C-C-T-G-A-TT-----CA-G-GAA-----GGAGCAGAGGAGAGACCATACAAGGAGGTGAC	2571
H2A.DE.-BEN	T-G-C-C-----T-C-G-A-C-CC-C-----A-A-A-TCC--G-CA-T-A-C-A-T-GG-GA-T-----CAA-G-GAA-----GGAGCAGAGGAGAGACCATACAAGGAGGTGAC	2571
H2A.DE.-PEI2	A--C-----T-C-G-A-C-G-C-CG-----CA-A-A-ACC-----CA--A-CA-C-----G-G-T-----CAA-G-G-A-----AAGAGCAGAAAATGAGACCATACAAGGAGGTGAC	2539
H2A.GH.-GH1	A-G-----T-C-G-C-----CT-C-C-----A-A-A-CCC-----CA-T-A-----AT-GG-A-GA-T-----CA-G-GAG-----GGAGCAGAGGAGAGACCATACAAGAAGGTGAC	2015
H2A.GM.-J5	A--A-----C-----G-TC-AGTTG-----A-CA-----A-A-CCC-----AT-----A-----C-A--GG-----G-----CAA-G-GAA-A-----AGAGCAGAGACAAGACCATACAAGAAGGTGAC	2012
H2A.GM.87.D194	A-G-C-C-----C-----G-C-CT-C-----A-A-A-ACC-----ATA-T-----A-----C-T-GG--A-T-----CAA-G-GAA-----AGAGCAGAGAGAGACCATACAAGGAGGTGAC	2015
H2A.GW.-ALI	A--C-----T-C-G-AA-C-G-----CT-CG-----AT-A-CA-----A-A-CCC-----CA-G-----A-C-C-----GG-C-G-T-----CA-G-GAA-----AGAGCAGAGAGAGACCATACAAGAAGGTGAC	2564
H2A.GW.-MDS	A--C-C-----C-----G-C-G-T-CG-----A-CA-----A-A-CCC-----CA-T-----A-----C-A--GG-----A-T-----CAA-G-GAA-----GGAGCAGAGAGAGACCATACAAGAAGGTGAC	2015
H2A.GW.86.FG	A--C-AC-----G-----C-GC-----C-CG-----A-CA-----A-A-CCC-----TT-----A-----C-A--GG-----A-T-----CAA-A-AAG-A-----GGAGCAGAGAGAGACCCTACAAGGAGGTGAC	2009
H2A.GW.87.CAM2CG	A--C-C-----C-----G-C-----T-CA-----A-CA-----A-A-ACC-----TT-----T-----A-----A-GG-----A-T-----CAA-G-AAG-----GGAGCAGAGACAGACCATACAAGGAGGTGAC	2580
H2A.SN.85.ROD	G-C-T-----C-----G-C-----T-CG-----A-CA-----A-A-CCC-----T-----T-----A-----A-GG-----A-T-----CAA-G-AAGA-----AGAGCAGAGAGAGACCATACAAGGAGGTGAC	2014
H2AB.CI.-7312A	--A-C-----T-C-----C-----C-----A-A-AG-----T-----G-CCCGATGA-CACAG--AG-GCA-GACA-ATC--GGAGCG--A-CA-CT-CGCCC-CTGCAGATCCGGCAGTGGAGATGCTGAAAAGCTACATGCA	2553
H2B.CI.-EHO	T-C-C-----T-----G--C-G-CA-CC-----A-AG-----T-----G-CCCGATGA-CCCAG--TTC-GCATGACA-CTC--GGTGCG--T-CA-CT-CACCC-CTGCAGATCCAGCAGAGGAGATGCTAAAGAACTACATGCA	2542
H2B.CI.88.UC1	T-A-A-C-----T-C-----A-C-----C-----AG-CA-----T-----A-CCCGATG-CCCAG--AG-GCATGACA-CTCG--GGGCGG-CA-CA-CT-CGCCC-CTGCAGATCCAGCAGTGGAGATGCTGAAAAGCTACATGAA	2552
H2B.GH.86.D205	T-A-A-C-----T-C-----A-C-----C-----AG-CA-----T-----A-CCCGATGA-CCCAG--AG-GCATGACA-CTCG--GGGCGG-CA-CA-CT-CGCCC-CTGCAGATCCAGCAGTGGAGATGCTGAAAAGCTACATGCA	2547
H2B.JP.01.KR.020	T--C-C-----T-C-----TG-A-C-----CA-CC-----A-AC-----T-----A-ACCAATGA-CCCAG--AGAATGACA-CTC--GGTGCA--CA-CT-CGCCC-CTGCAGATCCAGCAGTGGAGATGTTGAAGGACTACATGCA	1693
H2G.CI.-ABT96	T--A-T-----T-C-----A-C-----C-C-----T-----CT-T-A-A-----A-GAT-----A-A-C-A-G-----T-----RC--G-G-A-----A-A-----G-CCCGACAGCC-CTCCA-CGG-C-CAGCAGTGA	1916
H2U.FR.96.12034	--C-T--A--A-----T-----C-----C-CG-----A--CC--A-C-----T-----CA-A-----A-----G-CCCGACAGCC-CTCCA-CGG-C-CAGCAGTGA.....TCTGTAAGAAGCTACATGCA	2053
MAC.US.-251_1A11		2493
MAC.US.-251_32H_P15		2495
MAC.US.-251_BK28		2482
MAC.US.-MM142		1992
MAC.US.-SMM142B		1992
MAC.US.1937		1600
MAC.US.2065		1600
MAC.US.239.95112		1590
MAC.US.239.96114		1596
MAC.US.80035		1600
MAC.US.81035		1601
MAC.US.85013		1534
MAC.US.87082		1571
MAC.US.92050		1594
MAC.US.92077		1601
MAC.US.93057		1599
MAC.US.93062		1586
MAC.US.95058		1588
MAC.US.95086		1457
MAC.US.96016		1601
MAC.US.96020		1593
MAC.US.96072		1605
MAC.US.96081		1603
MAC.US.96093		1601
MAC.US.96123		1490
MAC.US.96135		1586
MAC.US.97009		1469
MAC.US.97074		1469
MAC.US.r80025		1457
MAC.US.r90131		600
MNE.US.-MNE027		1974
MNE.US.82.MNE_8		1974
SMM.SL.92.SL.92B		1937
SMM.US.-17EC1		2494
SMM.US.-17EFR		2494
SMM.US.-F236_H4		2493
SMM.US.-H9		1979
SMM.US.-PB114_15		2273
SMM.US.-PB1A		2272
SMM.US.-PB1_143		1979
SMM.US.-PB1_6P6		2465
SMM.US.-PGM53		2423
SMM.US.-SME543		2494
STM.US.-STM		2153

MAC.US.-.239 Pol	AGGAATAGAGTTAGGTCACATTATACCCAAAAATAGTAGGAGGAATAGGAGGTTTTATTAATACTAAAGAATACAAAAATGTAGAAATAGAAGTTTTAGGCAAAAGGATTAAGGGACAATCATGACAGGGGACACCCCGATTAAACATTTTTGGTAGAAATTTGCTAA	2825
H2A.GM.MCN13	..G.....GAGCA...GT...G.....G...A...C...A...C...G...T...A...A...T...A...G...A...GG...CC...C...A...T...A...C...C...C...A...T...G...2353	
H2A.CI.88.LUC2GAGCA...C...T...G...G...G...A...C...A...C...C...T...G...A...A...AC...AAT...AG...A...G...CC...C...A...A...T...A...C...C...C...A...T...G...2358	
H2A.DE.-.BEN	..A.....GGACA...C...T...G...G...G...A...C...A...C...C...T...G...A...A...AC...AAT...AG...A...G...CC...C...A...A...T...A...C...C...C...A...T...G...2908	
H2A.DE.-.PEI2G...GAGCA...GT...G...G...G...A...C...A...C...C...G...T...A...A...AC...AAT...AG...A...G...CC...C...A...T...T...A...C...C...C...A...T...G...2876	
H2A.GH.-.GH1C...GGACA...CGTT...G...G...G...A...C...A...C...C...GATT...A...A...AC...AAT...AG...A...G...CC...C...A...A...T...A...C...C...C...A...T...G...2352	
H2A.GM.-.ISYGAGCA...GT...G...G...G...A...C...A...C...C...T...G...A...A...AG...GC...AAT...A...G...A...G...CC...C...A...T...T...A...C...C...C...A...T...G...2349	
H2A.GM.87.D194GGACA...C...T...G...G...G...A...C...A...C...C...T...G...A...A...AG...GC...AAT...AG...A...G...CC...C...A...A...T...A...C...C...C...A...T...G...2352	
H2A.GW.-.AL1GAGCA...C...T...G...G...G...A...C...A...C...C...T...G...G...A...A...AC...AAT...AG...A...G...CC...C...A...T...T...A...C...T...C...A...T...G...2901	
H2A.GW.-.MDSA...AAGCA...GT...G...G...G...A...C...A...C...C...G...T...G...A...A...CC...T...G...A...G...CC...C...A...T...T...A...C...T...C...A...T...G...2352	
H2A.GW.86.FGGAGCA...GT...G...G...G...A...C...A...C...C...G...T...T...G...A...A...CC...T...G...A...G...CC...C...A...T...T...A...C...C...C...G...T...G...2346	
H2A.GW.87.CAM2CGA...GAGCA...G...G...G...G...A...C...A...C...C...G...T...G...A...A...CC...T...G...A...G...CC...C...A...C...A...C...C...A...T...G...2917	
H2A.SN.85.RODGAACA...G...G...G...G...A...C...A...C...C...G...T...T...G...A...A...CC...T...G...A...G...CC...C...A...C...A...C...C...A...T...G...2354	
H2AB.CI.-.7312AA...AAGCA...C...G...G...G...C...A...A...G...G...CA...A...AG...A...A...G...A...GGTCA...T...A...A...A...A...T...C...A...CT...2890	
H2B.CI.-.EHO	..G...A...CAGCA...C...T...G...G...A...A...A...C...T...A...A...AG...A...AG...A...G...CA...G...A...A...A...A...C...A...TT...2879	
H2B.CI.88.UC1A...AGCA...C...G...G...G...C...A...A...C...T...G...G...A...G...A...AG...A...GG...CA...T...A...A...A...A...A...C...A...TT...2889	
H2B.GH.86.D205	..G...A...AGCA...C...G...G...G...C...A...A...C...T...G...G...A...G...A...AG...A...AG...A...GG...CA...T...A...A...T...A...A...C...A...TT...2884	
H2B.JP01.KR020A...AGTG...C...G...G...G...C...A...A...C...T...G...G...A...A...AG...A...A...A...G...CA...T...A...A...T...A...A...C...A...T...2030	
H2G.CI.-.ABT96A...AAGTA...GT...G...G...G...A...A...A...A...A...TA...GG...A...A...AC...G...CT...TG...T...A...T...A...T...C...A...G...CA...TT...G...2235	
H2U.FR.96.12034	..G...TA...A...AA...T...T...CT...G...A...A...G...C...A...A...TTC...C...A...C...A...A...G...A...G...CA...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...2390	
MAC.US.-.251.1A11T...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...2824	
MAC.US.-.251.32H.PI5T...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...2826	
MAC.US.-.251.BK28A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...2801	
MAC.US.-.MM142A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...2311	
MAC.US.-.SMM142BA...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...2311	
MAC.US.1937Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1931	
MAC.US.2065Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1931	
MAC.US.239.95112Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1921	
MAC.US.239.96114Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1927	
MAC.US.80035Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1931	
MAC.US.81035Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1932	
MAC.US.85013Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1865	
MAC.US.87082Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1902	
MAC.US.92050Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1925	
MAC.US.92077Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1932	
MAC.US.93057Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1930	
MAC.US.93062Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1917	
MAC.US.95058Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1919	
MAC.US.95086Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1788	
MAC.US.96016Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1932	
MAC.US.96020Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1924	
MAC.US.96072Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1936	
MAC.US.96081Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1934	
MAC.US.96093Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1932	
MAC.US.96123Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...821	
MAC.US.96135Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1917	
MAC.US.97009Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1800	
MAC.US.97074Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1800	
MAC.US.r80025Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1788	
MAC.US.r90131Y...A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...1931	
MNE.US.-.MNE027A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...2293	
MNE.US.82.MNE.8A...G...A...G...T...C...A...A...G...T...C...A...A...A...C...T...G...C...TT...G...A...2293	
SMM.SL.92.SL92B	..G.....GGG...C...A...G...T...G...G...T...A...C...A...A...T...G...CA...A...A...GGTA...A...G...AA...C...A...A...T...A...T...C...A...T...G...2256	
SMM.US.-.17EC1GGG...C...A...G...T...G...G...T...A...C...A...A...T...G...CA...A...A...GGTA...A...G...AA...C...A...A...T...A...T...C...A...T...G...2825	
SMM.US.-.17EFRGGG...C...A...G...T...G...G...T...A...C...A...A...T...G...CA...A...A...GGTA...A...G...AA...C...A...A...T...A...T...C...A...T...G...2825	
SMM.US.-.F236_H4	..G...A...G...A...T...C...C...C...C...T...G...A...A...A...C...GGTA...G...A...T...G...A...T...A...T...C...C...2812	
SMM.US.-.H9	..G...A...G...A...T...C...C...C...C...T...G...A...A...A...A...GTA...G...A...T...A...T...A...T...C...C...2298	
SMM.US.-.PB114_15	..G...T...A...G...A...T...C...C...C...C...T...G...A...A...A...A...GTA...G...A...T...A...T...A...T...C...C...2592	
SMM.US.-.PB1A	..G...T...A...G...A...T...C...C...C...C...T...G...A...A...A...A...GTA...G...A...T...A...T...A...T...C...C...2591	
SMM.US.-.PBJ_143	..G...T...A...G...A...T...C...C...C...C...T...G...A...A...A...A...GTA...G...A...T...A...T...A...T...C...C...2298	
SMM.US.-.PBJ_6P6	..G...T...A...G...A...T...C...C...C...C...T...G...A...A...A...A...GTA...G...A...T...A...T...A...T...C...C...2784	
SMM.US.-.PGM53	..G...AC...A...T...C...C...C...C...G...T...G...A...A...A...C...GGTA...G...A...T...A...T...A...T...C...C...T...2742	
SMM.US.-.SME543	..G...A...G...A...T...C...C...C...C...T...G...GA...A...C...GGTA...G...A...T...G...A...T...A...T...C...C...2813	
STM.US.-.STM	..G...G...C...G...T...A...C...GG...T...A...A...G...TT...G...A...C...G...A...G...AA...A...A...T...T...A...A...C...G...CC...AT...G...2472	

MAC.US.-.239	GGAAGCTCCCCGACCAATTCATACAACACCCCCACATTTGCTATAAAGAAAAAGGATAAAGACAATGGAGAATGCTGTAGATTTTAGGGAACATAATAGGGTCACTCAGGACTTTACGGAAGTCCAATTAGGAATACCACACCTCGAGGACTAGCAAAAAGGAAAA	3164
Pol	E E A P P T N P Y N T P T F A I K K K D K N K W R M L I D F R E L N R V T Q D F T E V Q L G I P H P A G L A K R	
H2A.GM.MCN13	---G-T-A-T---T-T-----A-C---A-T---G-A---A-T-C-A---A-T-G---T-----A---T-G-C-G-AA---	2692
H2A.CI.88.UC2	A-G-A-T-A-T---T-T-----A-T-----C-A---G-A---A-T-C-A---A-T-GC---T-----T---C-A---	3247
H2A.DE.-.BEN	A-G-A-T-A-T---T-T-----A-T-----C-A---G-A---A-T-C-A---A-T-GC---T-----T---C-A---	3247
H2A.DE.-.PEI2	---A-T---T-T---T-T-----A-T---C-A---A---A-G-C-A---A-T-G---T-----A---T-C-G-AA-G---	3215
H2A.GH.-.GH1	A-G-A-T-A-T---T-T---T-T---A-T---C-A---G-A---C-A---C-A---G-A---T-C-A---A-T-GC---T-----G---T---C-A---	2691
H2A.GM.-.ISY	A---G-T-A-T---C-T-T---T-T---A-T---C-A---G-A---A---A-T-C-A---A-T-GC---T-----T---A---T-C-G-AA-G---	2688
H2A.GM.87.D194	A---A-T-A-T---T-T---T-T---A-T---C-A---G-A---A---A-T-C-A---A-T-GC---T-----T---G---T---C-A---	2691
H2A.GW.-.AL1	---G-A-T-A-T---C-T-T---T-T---A-T---C-G---G---C-A---T---G-A---A---A-T-C-A---A-T-GA-T-G---G---T---A---T---C-G-AA-G---	3240
H2A.GW.-.MDS	A---A-T-A-T---T-T---T-T---A-C---C-A---C-A---T---G-A---A---A-T-C-A---A-T-G---T-----A---G---T-C-G-A-G---	2691
H2A.GW.86.FG	A---A-T-A-T---T-T---T-T---A-C---C-A---C-A---T---G-A---C---G-C-A-A---A---T-C-A---A-T-G---T-----A---T-G-C-C-A-GG---	2685
H2A.GW.87.CAM2CC	---A-T-A-T---T-T---T-T---A-C-G---C-A---G-A---A-G---C-AA---A-C-A---T-C-A---A-T-G---T-----A---T-C-A-G---	3256
H2A.SN.85.ROD	A-T-A-T-A-T-T-T-T-T---A-C---C-A---G-A---C-A---C-A---A-T-C-A---A-T-G---T-----A---GT-G-C-G-A-G---	2693
H2AB.CI.-.7312A	A---AT-T-C-T---A---C---A---A---C-C---T---A---A-C-A-A---A---C---T-T-C---G---G---G-AA-GG---	3229
H2B.CI.-.EHO	A-G-G-T-T---TT-G---C-C---A-G-A-C-A---G-A---C-A---C-A-A---A-G---GC-G-T-T-T---A---G---TC-A---	3218
H2B.CI.88.UC1	A---G-T-T---A---C---C-A-G-GA---A---A---A---A---C-A-G-C-A---A---C-G-T-T-C---G---GT-G-G-AA-GG---	3228
H2B.GH.86.D205	A---A-T-T---A---C---C-A-G-A---A---A---C---A-GT---C-A-A-C---A---A-C-GG-T-T-C---A---CCGGCAGG-G-G-AA-GG---	3270
H2B.JP01.KR020	---G-T-T---C---A---C-C-A-G-GA---C-A---T---A---C---A---A---A---A---GC-G-C-T-C---G---G---G---A---	2370
H2G.CI.-.ABT96	A---A-C---G-T---A---C-A-C---C-A---C-A---T-A-C-C-A---T-C---A-C---T---G-G-C---T---TT-G---G-AA-GG---	2574
H2U.FR.96.12034	A---C-T---T---C---C---G---C-A---C-A---A-GT---C-A-A---A-T---GT---G---T---C---A---TG-G-AA-G-	2729
MAC.US.-.251.1A11	-----A-----A-----A-----G-----	3163
MAC.US.-.251.32H.PI5	-----C-----A-----A-----	3165
MAC.US.-.251.BK28	-----C-----A-----A-----	3140
MAC.US.-.MM142	-----T-----A-----A-----	2650
MAC.US.-.SMM142B	-----T-----A-----A-----	2650
MAC.US.1937	-----	2270
MAC.US.2065	-----	2270
MAC.US.239.95112	-----	2260
MAC.US.239.96114	-----	2266
MAC.US.80035	-----	2270
MAC.US.81035	-----	2271
MAC.US.85013	-----	2204
MAC.US.87082	-----	2241
MAC.US.92050	-----	2264
MAC.US.92077	-----	2271
MAC.US.93057	-----	2269
MAC.US.93062	-----	2256
MAC.US.95058	-----	2258
MAC.US.95086	-----	2127
MAC.US.96016	-----	2271
MAC.US.96020	-----	2263
MAC.US.96072	-----	2275
MAC.US.96081	-----	2273
MAC.US.96093	-----	2271
MAC.US.96123	-----	2160
MAC.US.96135	-----	2256
MAC.US.97009	-----	2139
MAC.US.97074	-----	2139
MAC.US.r80025	-----	2127
MAC.US.r90131	-----	2270
MNE.US.-.MNE027	-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----	2632
MNE.US.82.MNE.8	-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----	2632
SMM.SL.92.SL92B	ACG-C-T-T-A---T-T-T-A-G-C---T---A---G-G---A---C---A---T---C-AAA-G-A-A-A-C-A---A-A-GC-G-T-C---T-G---C---AAGG---T-G---	2595
SMM.US.-.17EC1	-----	3164
SMM.US.-.17EFR	-----	3164
SMM.US.-.F236_H4	---C-T-A---G-T---T---G-A-C-A-T---G-A---A-T-G---A---A---A-A-G---G-A-GG---	3151
SMM.US.-.H9	R---T-A---T---T---R-GR-A-CGGA-T---G-A---A-T-C-A---A-T-A---A-G---G---R---G-A-G-	2637
SMM.US.-.PB114_15	---C-T-A---T---T---G-A-C---T---G-A---A-T-C-A---A-T-A---A-G---G---G-A-G-	2931
SMM.US.-.PB1A	---C-T-A---T---T---G-A-C---T---G-A---A-T-C-A---A-T-A---A-G---G---G-A-G-	2930
SMM.US.-.PBJ_143	R---C-T-A---T---TT---R-GR-A-C-GA-T---G-A---A-T-C-A---A-T-A---A-G---G---R---G-A-G-	2637
SMM.US.-.PBJ_6P6	---C-T-A---T---T---G-A-C---T---G-A---A-T-C-A---A-T-A---A-G---G---G-A-G-	3123
SMM.US.-.PGM53	---C-T-A---T---A-G-A-C-A-T---G-A---A-T-G---A-T-A-T-A---A-G---G---G-A-G-	3081
SMM.US.-.SME543	---C-T-A---G-T---T---G-A-C-A-T---G-A---A-T---A---A---A-A-G---G-A-GG---	3152
STM.US.-.STM	A---T-A-A---T-T---T---C-A---G-G---C-A---AA-G-A-A-T---A-A-T-GC---T---G---G-	2811

MAC.US.-239
Pol
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.LUC2
H2A.DE.-BEN
H2A.DE.-PEI2
H2A.GH.-GH1
H2A.GM.-ISY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-AL1
H2A.GW.-MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2C6
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-7312A
H2B.CI.-EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-251.1A11
MAC.US.-251.32H.PI5
MAC.US.-251.BK28
MAC.US.-MM142
MAC.US.-SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-MNE027
MNE.US.82.MNE.8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.-17EC1
SMM.US.-17EFR
SMM.US.-F236_H4
SMM.US.-H9
SMM.US.-PB114_15
SMM.US.-PB1A
SMM.US.-PB1_143
SMM.US.-PB1_6P6
SMM.US.-PGM53
SMM.US.-SME543
STM.US.-STM

GAATTACAGTACTGGATATAGGTGATGCATTTTCCACACCTCTAGATGAAGAATTAGGCAGTACACTGCCTTTACTTTACCATCAGTAAATAATGCAGAGCCAGGAAAACGATACATTTATAAGGTTCTGCCTCAGGGATGGAAGGGTCCACGACCATCTTCCAA 3334
K R I T V L D I G D A Y F S I P L D E E F R Q Y T A F T L P S V N N A E P G K R Y I Y K V L P Q G W K G S P A I F
...T...A...G...T...C...T...A...C...C...A...T...A...C...T...A...C...T...A...A...G...A...T...T... 2862
...CT...TA...T...A...G...G...C...T...A...C...T...A...C...CC...G...C...ATG...A...T...A...A...CT...A...A...G...A...A...T...T... 3417
...T...A...G...G...C...T...A...C...G...C...A...A...T...A...C...A...G...C...A...G...A...T...T... 3385
...G...C...T...A...G...G...C...C...T...G...C...T...A...T...A...CC...A...G...C...A...T...A...A...T...T... 2861
...T...GT...A...G...A...C...C...T...C...T...G...T...A...T...A...C...G...C...A...T...A...C...A...T...T... 2858
...G...T...A...G...G...C...C...T...A...C...GAGC...A...T...A...CC...A...A...TG...A...CT...A...A...A...A...T...T... 2861
...C...T...G...A...G...G...T...C...T...A...GC...A...T...A...CC...G...C...A...T...A...A...CT...A...G...A...A...T...T... 3410
...T...A...G...G...T...C...T...A...C...G...C...A...T...A...C...C...C...A...T...A...C...A...C...A...G...A...T...T... 2861
...T...A...G...G...T...C...T...AT...C...A...C...G...C...A...A...C...G...C...A...T...A...C...A...G...A...T...T...G 2855
...T...A...G...G...T...C...T...A...C...G...C...A...CA...T...A...C...G...C...A...A...A...A...CT...A...G...A...T...T...G 2863
...A...GA...A...G...A...C...C...AGTG...C...A...CCC...C...C...A...T...A...A...C...G...A...A...G...A...A...A...A...A...C...A...T...T... 3399
...A...A...G...A...C...C...AGTG...C...A...CC...C...C...A...A...T...A...A...C...G...G...A...A...GA...TC...C...A...C...A...A...C...A...T...G 3388
...A...A...G...G...A...C...C...AGT...C...A...CC...A...C...A...T...A...A...C...G...A...C...A...GA...A...A...A...A...C...A...T...T... 3398
...A...A...A...G...A...C...C...AGT...C...A...CC...A...C...A...T...A...A...C...G...A...C...GA...A...A...A...A...G...A...C...AGT...A...T...GT... 3390
...A...A...A...A...C...C...AGT...C...A...CC...T...C...A...A...A...A...C...G...A...C...A...A...A...G...A...C...A...T...T... 2540
...A...A...G...G...C...C...AG...T...T...T...C...A...A...T...C...C...A...A...G...A...C...C...A...G...A...C...T...T... 2744
...G...A...T...A...G...G...C...C...AG...C...G...GTG...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2899
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2899
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 3333
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 3335
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 3310
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2820
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2820
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2440
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2440
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2441
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2374
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2411
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2434
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2441
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2439
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2426
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2428
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2297
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2441
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2433
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2445
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2443
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2441
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2330
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2426
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2309
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2309
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2297
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2440
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2802
...G...C...C...C...A...T...T...CA...T...A...C...C...GT...A...C...A...A...A...A...T...T...G 2802
...G...A...G...A...G...G...C...T...AG...C...CCCG...A...A...A...A...C...A...G...C...CCA...A...GA...G...T...C...C...A...A...A...T...T...A...T...G 2765
...G...A...G...A...G...G...C...T...AG...C...CCCG...A...A...A...A...C...A...G...C...CCA...A...GA...G...T...C...C...A...A...A...T...T...A...T...G 3334
...G...A...G...A...G...G...C...T...AG...C...CCCG...A...A...A...A...C...A...G...C...CCA...A...GA...G...T...C...C...A...A...A...T...T...A...T...G 3334
...G...C...T...G...G...C...G...C...A...A...C...A...A...C...AT...A...A...G...A...A...T...T...T...G 3321
...G...C...GT...G...G...C...T...G...C...A...A...C...A...A...C...AT...A...A...G...A...A...T...T...T...R 2807
...G...C...GT...G...G...C...T...G...C...A...A...C...A...A...C...AT...A...A...G...A...A...T...T...T...G 3101
...G...C...GT...G...G...C...T...G...C...A...A...C...A...A...C...AT...A...A...G...A...A...T...T...T...G 3100
...G...C...GT...G...G...C...T...G...C...A...A...C...A...A...C...AT...A...A...G...A...A...T...T...T...R 2807
...G...C...GT...G...G...C...T...G...C...A...A...C...A...A...C...AT...A...A...G...A...A...T...T...T...G 3293
...G...C...T...G...G...C...T...G...C...A...A...C...A...A...C...AT...A...A...G...A...A...T...T...T...G 3251
...G...C...T...G...G...C...T...G...C...A...A...C...A...A...C...AT...A...A...G...A...A...T...T...T...G 3322
...C...T...G...G...G...T...C...G...GC...T...T...C...C...C...A...A...C...C...AT...A...A...G...A...A...T...T...G 2981

MAC.US.-.239
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-.BEN
H2A.DE.-.PEI2
H2A.GH.-.GH1
H2A.GM.-.ISY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-.AL1
H2A.GW.-.MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2C3
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-.7312A
H2B.CI.-.EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-.ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-.251.1A11
MAC.US.-.251.32H.PI5
MAC.US.-.251.BK28
MAC.US.-.MM142
MAC.US.-.SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-.MNE027
MNE.US.82.MNE.8
SMM.SL.92.SL.92B
SMM.US.-.17EC1
SMM.US.-.17EFR
SMM.US.-.F236_H4
SMM.US.-.H9
SMM.US.-.PB114_15
SMM.US.-.PB1A
SMM.US.-.PB1_143
SMM.US.-.PB1_6P6
SMM.US.-.PGM53
SMM.US.-.SME543
STM.US.-.STM

AGAGAAATCCAAAAAGATCCCCATTCAATGGATGGGGTACGAATTGTGGCCAAACAAAATGGAAGTTGCCAAAAGATAGATTGCCACAAAGAGAGACTGGACAGTGAATGATATACAGAAGTTAGTAGGAGTATTAATTTGGCAGCTCAAAATTTATCCAGGTATAA 3674
E E K F Q K D P P F Q W M G Y E L W P T K W K L Q K I E L P Q R E T W T V N D I O K L V G V L N W A A Q I Y P G
T---G---G---C---T---AC---C---C---T---C---G---C---G---C---A---TGTA---A---C---C---A---G---T---C---C---A---C---C---G---3202
G---G---C---T---G---C---G---AC---C---AC---C---G---A---A---A---C---C---A---AC---G---A---C---G---A---C---T---A---3203
T---G---C---AC---A---C---A---C---T---C---A---C---C---A---C---A---AGTA---C---C---A---C---C---T---CC---G---A---C---C---G---3204
C---A---G---C---T---GC---C---T---C---A---T---C---G---AT---C---AC---C---G---A---A---TA---C---C---C---A---C---G---G---G---A---C---C---A---3205
T---G---G---C---T---G---C---T---G---C---T---G---C---T---G---AC---G---A---C---A---T---G---A---A---TA---C---C---C---A---AC---G---T---G---C---G---G---G---3206
T---A---G---C---T---ACA---C---T---G---C---T---G---C---T---G---C---A---C---A---C---G---A---AGTA---C---C---A---ACAT---G---T---CC---G---A---C---C---A---3207
T---A---G---C---T---AC---GC---C---T---C---C---T---G---C---A---C---A---C---C---A---AGTA---C---C---A---AC---G---T---CC---G---A---C---C---A---3208
T---G---G---C---T---A---GC---C---T---A---T---T---G---A---C---C---C---A---AGTA---C---C---A---C---G---T---CC---G---A---C---C---G---3209
H2A.SN.85.ROD T---G---G---C---T---AC---GC---C---T---C---A---T---G---A---C---A---C---AG---GTG---C---C---A---C---G---T---CC---G---A---C---C---G---3210
H2AB.CI.-.7312A --A---G---C---T---C---G---T---T---GC---C---AG---G---C---A---C---AA---A---G---G---GTT---GC---C---C---AC---G---C---TC---C---A---C---3211
H2B.CI.-.EHO --A---G---C---T---CA---T---T---GC---C---AG---AC---A---C---C---A---G---A---GTT---A---C---T---AC---G---C---TC---G---G---T---3212
H2B.CI.88.UC1 --A---G---C---T---G---CA---T---T---GC---C---A---GG---AC---A---C---AC---G---AG---AGTT---GC---C---T---A---AC---G---C---TC---T---A---T---3213
H2B.GH.86.D205 --A---G---C---T---G---CA---T---T---GC---C---A---G---AC---A---C---AC---G---A---AGTT---CA---T---A---AC---G---C---TC---T---A---T---3214
H2B.JP01.KR020 --A---G---C---T---CA---T---T---GC---C---A---G---AC---A---C---C---G---A---GA---A---T---AC---G---C---TC---T---G---T---3215
H2G.CI.-.ABT96 T---A---G---C---T---A---C---T---R---A---G---AC---A---TA---CC---MG---A---T---A---T---A---AC---G---C---G---Y---GC---A---A---C---3216
H2U.FR.96.12034 C---A---T---G---C---A---CACA---C---T---C---A---T---A---G---A---G---A---T---C---C---G---TGTT---A---C---T---C---G---A---G---A---C---3217
MAC.US.-.251.1A11 3673
MAC.US.-.251.32H.PI5 3675
MAC.US.-.251.BK28 G 3650
MAC.US.-.MM142 G 3160
MAC.US.-.SMM142B G 3160
MAC.US.1937 R 2780
MAC.US.2065 2780
MAC.US.239.95112 2770
MAC.US.239.96114 2776
MAC.US.80035 2780
MAC.US.81035 R Y 2781
MAC.US.85013 2714
MAC.US.87082 2751
MAC.US.92050 2774
MAC.US.92077 2781
MAC.US.93057 2779
MAC.US.93062 2766
MAC.US.95058 2768
MAC.US.95086 2637
MAC.US.96016 2781
MAC.US.96020 2773
MAC.US.96072 2785
MAC.US.96081 2783
MAC.US.96093 2781
MAC.US.96123 2670
MAC.US.96135 2766
MAC.US.97009 2649
MAC.US.97074 2649
MAC.US.r80025 2637
MAC.US.r90131 2780
MNE.US.-.MNE027 G T A A 3142
MNE.US.82.MNE.8 G A 3142
SMM.SL.92.SL.92B C---G---T---GA---A---A---G---A---TTTG---A---AC---C---AG---G---A---A---G---A---AC---C---TG---AG---CGA---A---C---A---AC---G---TC---A---G---A---G---T---3105
SMM.US.-.17EC1 3674
SMM.US.-.17EFR 3674
SMM.US.-.F236_H4 G---G---C---G---A---T---C---AC---G---A---A---C---A---A---GC---A---A---3661
SMM.US.-.H9 G---G---C---G---A---T---C---C---AC---A---G---A---A---A---GC---A---A---3147
SMM.US.-.PB114_15 G---G---C---G---A---T---C---C---AC---A---G---A---A---A---GC---A---A---3441
SMM.US.-.PB1A G---G---C---G---A---T---C---C---AC---A---G---A---A---A---GC---A---A---3440
SMM.US.-.PB1_143 G---G---C---G---A---T---C---C---AC---A---G---A---A---A---GC---A---A---3147
SMM.US.-.PB1_6P6 G---G---C---G---A---T---C---C---AC---A---G---A---A---A---GC---A---A---3633
SMM.US.-.PGM53 G---G---C---G---A---T---C---AC---G---A---A---C---A---A---C---A---A---3591
SMM.US.-.SME543 G---G---C---G---A---T---C---AC---G---A---A---C---A---A---GC---A---A---3662
STM.US.-.STM T---G---G---T---A---T---G---A---G---AC---A---A---A---T---G---CGTT---C---A---AC---G---G---C---C---A---A---T---3321

Pol RT end_Pol p15 RNase H start

MAC.US.-.239 Pol	TCCACTTACCAGTTGAGAAGGATGTATGGGAACAGTGGTGGACAGACTATTGGCAGGTAACCTGGATACCCGGAAATGGGATTTTCTCTCAACACCACCCGTAGTAAGATTAGTCTTCAATCTAGTGAAGGACCTATAGAGGGGAGAAGAACCTATTATACAGATGGATCA 4183	
	K F H L P V E K D V W E Q W W T D Y W Q V T W I P E W D F I S T P L V R L V F N L V K D P I E G E E T Y Y T D G	
H2A.GM.MCN13-A--A-GA--GAC-----GAT--C-----G--A--C--T--C-----C--CG--A--T--C--G-----G--C--C--CA--T--C--G--A--A--T-----CCAA--AC--G--T--TC--C-----C 3711	
H2A.CI.88.UC2-G--G--GA--GACC-----GATA--C-----G--A--C--A-----C--CG--A--T--C-----A--G--C--G--GACA--T--C-----AGGA--T-----CCA--CAC--G--TC--C-----C 3766	
H2A.DE.-BEN-G--G--GA--GACC-----GATA--C-----G--A--C--A-----C--CG--A--T--C-----A--G--C--G--GACA--T--C-----AGGA--T-----CCA--CAC--G--TC--C-----C 4266	
H2A.DE.-PEI2-A--A-GA--AACC-----GATA-----A--G--A--C--A--C-----C--CG--A--T--T-----A--G--C--G--G--CA--T--C-----A--A--T--C-----CCA--T--G--TC--C-----C 4234	
H2A.GH.-GH1-G--G--GA--GACC-----GATA--C-----G--A--C--A-----C--CG--A--T--C-----A--G--C--G--ACA--T--C-----AGGA--T-----CCA--CAC--G--TC--C-----C 3710	
H2A.GM.-ISY-A--A-GA--GACC-----GATA-----A--G--A--C--A--C-----C--CG--A--C--C-----T--G--C--G--G--CA--T--C-----G--A--A--T-----CCA--C--C--G--TC--C--G-----T 3707	
H2A.GM.87.D194-G--A--GA--GACC-----GATA--C-----A--G--A--G--C--A--G-----C--CG--A--T--C-----A--G--C--G--GACA--T--CT--G--AGGA--T-----CCA--CAC--G--T--C-----C 3710	
H2A.GW.-AL1-A--A-GA--AACC-----GAT--C-----A--G--A--C--A--C-----C--G--A--T--C-----A--G--C--G--CA--T--C-----A--A--T-----CTA--C--C--G--TC--C-----C GC 4239	
H2A.GW.-MDS-G--A--GA--AA--C-----GAT-----C-----A--C--A--C-----C--G--A--T--C-----A--G--C--G--G--CA--T--C-----A--A--T-----CCA--T--C--TC--C-----C 3710	
H2A.GW.86.FG-A--A-GA--ACC-----GATA--C-----A--A--C--A--C-----C--G--A--T--C-----A--G--C--G--CA--T--C--G--AGGA--G--G-----C--C--C--T--TC--C-----C 3704	
H2A.GW.87.CAM2CG-A--A-GA--G--C-----GATA--C-----G--A--C--A--C-----C--CG--A--T--C-----A--G--C--C--CA--T--CT--AGG--T-----CCA--CAC--G--TC--C-----C 4275	
H2A.SN.85.ROD-A--A-GA--AA--C-----GATA-----A--G--A--C--A--C-----C--CG--G--T--C-----A--G--C--G--CG--T--C--G--AGG--T-----CCA--T--C--G--TC--C-----C 3712	
H2AB.CI.-7312A-C--G-----A--GA--GAC-----C--A-----T--C--A--G--T--C--A-----C--G-----C--AT--G--GC--C--A--C-----C--CC--AAAG--T-----C--C-----G--C 4248	
H2B.CI.-EHO-A--A-GA--GAC-----T--C-----A-----C--A-----C--A-----G--C-----C--AT--A--G-----C--AT--C--G--C--A--CC--A-----T-----C--C-----C 4237	
H2B.CI.88.UC1-A--A-GA--GAC-----C-----T--C-----A-----T--C-----A-----C-----G-----G-----C-----AT-----C-----C-----A-----CC-----AAAG--TG-----C--C-----C 4247	
H2B.GH.86.D205-A--A-GA--GAC-----C-----T--C-----A-----C-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----TT--GA-----C-----C-----AT-----C-----A-----CC-----A-----GAG-----C-----C-----G-----C 4239	
H2B.JP01.KR020-C--G-----A--A--GA--GAC-----T--A-----T--C-----A-----C-----A-----G-----C-----G-----G-----C-----TT--GA-----C-----C-----AT-----C-----C-----A-----CC--G-----T-----G-----C-----C-----C 3389	
H2G.CI.-ABT96-TC--G-----A--A--G--CAAC-----A-----A-----T-----C-----A-----T-----C-----G--G--T-----G--AT-----G-----G-----A-----C-----C-----A-----A-----C-----CAGAC--G-----C--G-----C 3593	
H2U.FR.96.12034-TC--G-----A--A--GA--G--C-----A-----T-----C-----G--C--TA--C-----G--A--C-----C-----G--C--CA--AT-----A-----A-----A-----AT--CTA-----G--A-----C-----C-----T 3745	
MAC.US.-.251.1A11-A-----A-----A-----A-----G-----	4182
MAC.US.-.251.32H.P15-G-----	4159
MAC.US.-.251.BK28-G-----	3669
MAC.US.-.MM142-C-----AT-----	GT
MAC.US.-.SMM142B-R-----C-----AT-----	GT
MAC.US.1937-R-----	3289
MAC.US.2065	3289
MAC.US.239.95112	3279
MAC.US.239.96114	3285
MAC.US.80035	3289
MAC.US.81035	3290
MAC.US.85013	3273
MAC.US.87082	3260
MAC.US.92050	3283
MAC.US.92077	3290
MAC.US.93057	3288
MAC.US.93062	3275
MAC.US.95058	3277
MAC.US.95086	3146
MAC.US.96016	3290
MAC.US.96020	3282
MAC.US.96072	3294
MAC.US.96081	3292
MAC.US.96093	3290
MAC.US.96123	3179
MAC.US.96135-R-----	3275
MAC.US.97009	3158
MAC.US.97074	3158
MAC.US.r80025	3146
MAC.US.r90131	3289
MNE.US.-.MNE027-C-----	GT
MNE.US.82.MNE_8-A-----	GT
SMM.SL.92.SL92B-T--C--T-----A--A--G--G--T-----T--A-----T-----A--CT--T-----T--A--G-----C--C-----C-----T--A--C--G-----G--T--T-----A--A--T--A-----AAAG--G--GTA-----C--TT-----C--C 3614	
SMM.US.-.17EC1	4183
SMM.US.-.17EFR	4183
SMM.US.-.F236_H4-T--G-----A--A--GA--AA--T-----A-----T-----A-----A--T-----C--G--G-----T--CT--C-----C-----A--A--G-----C-----C-----A--T-----GT-----C 4170	
SMM.US.-.H9-T--T--G-----A--RA--AA--T-----A-----T-----A-----A-----C--G--G-----T--CT--C-----C-----A--A--G-----C-----C-----A--T-----GT-----A--C 3656	
SMM.US.-.PB114_15-T--T--G-----A--GA--AA--T-----A-----T-----A-----A-----C--G--G-----T--CT--C-----C-----A--A--G-----C-----C-----A--T-----GT-----C 3950	
SMM.US.-.PBJ_143-T--T--G-----A--RA--AA--T-----A-----T-----A-----A-----C--G--G-----T--CT--C-----C-----A--A--G-----C-----C-----A--T-----GT-----A--C 3656	
SMM.US.-.PBJ_6P6-T--T--G-----A--GA--AA--T-----A-----T-----A-----A-----C--G--G-----T--CT--C-----C-----A--A--G-----C-----C-----A--T-----GT-----C 4142	
SMM.US.-.PGM53-T--T--G-----A--G--AA--T-----A-----T-----A-----A-----C--G--G-----T--CT--C-----C-----A--A--G-----C-----C-----G--A--T-----GT-----C 4100	
SMM.US.-.SME543-T--G-----A--A--GA--AA--T-----A-----T-----A-----A-----T-----C--G--G-----T--CT--C-----C-----A--A--G-----C-----C-----A--T-----GT-----C 4171	
STM.US.-.STM-G-----A-----GA--G--C-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----G--A--C-----T--TT-----T-----T-----A--A--A--CT--G--A--AC-----A--T-----GTG-----C-----C 3830	

MAC.US.-239
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.LUC2
H2A.DE.-BEN
H2A.DE.-PEI2
H2A.GH.-GH1
H2A.GM.-ISY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-AL1
H2A.GW.-MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2C6
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-7312A
H2B.CI.-EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-AB196
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-251.1A11
MAC.US.-251.32H.1P5
MAC.US.-251.BK28
MAC.US.-MM142
MAC.US.-SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-MNE027
MNE.US.82.MNE.8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.-17EC1
SMM.US.-17EFR
SMM.US.-F236_H4
SMM.US.-H9
SMM.US.-PB114_15
SMM.US.-PB1A
SMM.US.-PBJ_143
SMM.US.-PBJ_6P6
SMM.US.-PGM53
SMM.US.-SME543
STM.US.-STM

Table with 48 columns representing amino acid positions (S, C, N, K, Q, S, K, E, G, K, A, G, Y, I, T, D, R, G, K, D, K, V, K, V, L, E, Q, T, T, N, Q, Q, A, E, L, E, A, F, L, M, A, L, T, D, S, G, P, K, A, N, I, I, V, D, S, Q, Y) and rows for various HIV-2/SIV sequences. The table shows sequence alignments with gaps and specific amino acid substitutions.

MAC.US.-.239 Pol	TATGGGAATAAATACAGGATGCCCTACAGAATCAGAGAGCAGGCTAGTTAATCAAAATAAGAAGAAATGATTAAGAAAGTCAGAAATTTATGTAGCATGGGTACACAGCACACAAAGGTATAGGAGGAAACCAAGAAATAGACACACCTAGTTAGTCAAGGGATTAGACAAG 4523	
	V M G I I T G C P T E S E S R L V N Q I I E E M I K K S E I Y V A W V P A H K G I G G N Q E I D H L V S Q G I R	
H2A.GM.MCN13	A---G---G---G---CCAG-A---T---AA---A---C---G---G---A---GA-C---C---T---C---G---G---G---G---G---T---GT---A---G---C---C---C---4051	
H2A.CI.88.UC2	A---G---G---A---CCAA-A---G---T---AA---A---C---C---T---C---A---G---AGA-C---G---C---T---C---C---T---C---G---G---G---G---G---T---A---G---C---C---C---4006	
H2A.DE.-BEN	A---G---G---G---CCAG-A---G---A---AT---AA---G---C---G---C---A---G---GA-C---G---C---T---C---C---T---C---G---G---G---G---G---T---A---G---C---C---C---4006	
H2A.DE.-PEI2	A---G---G---G---CCAG-A---T---AA---A---C---C---C---A---G---AC-C---C---T---C---C---C---T---G---G---G---T---TT---A---G---C---C---C---4574	
H2A.GH.-GH1	A---G---G---GT---CCAA-A---G---A---T---AA---A---C---C---T---G---C---A---G---AGA-C---G---C---C---G---C---C---T---C---G---G---G---T---TT---A---G---C---C---C---4050	
H2A.GM.-JSY	A---G---G---G---CCAA-GG-T---T---AA---A---A---A---T---G---A---GA-C---C---C---T---C---G---C---C---T---C---G---G---G---T---A---G---C---C---C---4047	
H2A.GM.87.D194	A---G---G---G---CCAA-A---G---A---AT---AA---A---C---C---T---G---C---A---G---AGA-C---G---C---T---C---C---C---T---C---G---G---G---T---TT---A---G---C---C---C---4050	
H2A.GW.-AL1	A---G---G---G---CCAG-A---A---AT---AA---A---C---C---T---G---C---A---G---GA-C---C---C---T---G---C---C---C---G---G---G---T---TT---A---G---C---C---C---4599	
H2A.GW.-MDS	A---G---G---GGT---CCAA-A---G---A---AT---AA---A---G---C---G---A---G---GA-C---C---C---T---G---C---C---C---T---G---G---G---T---TT---A---G---C---C---C---4050	
H2A.GW.86.FG	A---G---G---G---CCAA-A---G---A---AT---AA---A---G---C---G---A---G---AGA-C---C---C---T---G---C---C---C---C---G---G---G---T---TT---A---G---C---C---C---4044	
H2A.GW.87.CAM2CG	A---G---G---GG---CCAA-A---G---A---AT---AA---A---C---C---T---G---C---A---G---GA-C---C---C---T---C---C---G---G---G---T---TT---A---G---C---C---C---4615	
H2A.SN.85.ROD	A---G---C---GTG---A---CCAA-A---G---A---T---AAA---G---C---G---C---A---GA-C---C---C---T---C---C---C---G---G---G---T---TT---A---G---G---T---C---C---4052	
H2AB.CI.-.7312A	C---G---G---T---CAG-A---A---A---TCACC-A---A---A---G---T---C---G---GA-C---A---A---G---G---T---AC-T-T-T-G-G-G---A---A---G---G---4588	
H2B.CI.-EHO	C---G---G---T---CAA-A---A---A---ATCACC-A---A---GAG---T---C---G---GA-A---A---G---T---G---AC-G-T-T-T-G-G-G---G---C---A---A---G---4577	
H2B.CI.88.UC1	C---G---G---T---CAG-A---A---G---TCACCA-A---A---G---T---C---G---AGA-C---A---A---G---G---T---G---AC-T-T-T-G-G-G---A---A---G---G---4587	
H2B.GH.86.D205	C---G---G---T---CAG-A---A---A---ATCACC-A---AGCAA---G---T---C---G---AGAG-C---G---A---G---G---T---G---AC-G-T-T-T-G-G-G---A---A---C---G---4579	
H2B.JP01.KR020	C---G---T---C---CAG-A---A---A---ATCACC-A---A---GAC---G---T---C---G---GA-C---A---C---G---G---T---T---AC-G-T-T-T-G-G-G---A---C---CA---3729	
H2G.CI.-ABT96	C---R---C---G---RCAA-A---G---A---ATC-CC-T---A---A---T---R---R---AGA-RCTC-A---G---G---T---T---A---T---T---G---G---RT---A---C---G---A---3933	
H2U.FR.96.12034	A---G---G---G---CAG-A---A---A---TC-CCA-A---A---G---A---C---C---T---A---GG-AGA-C-G-G---T-GC---T-T-T-G---T-T-C-T---G---T---TT-G-G---G---A---G---4085	
MAC.US.-.251.1A11		4522
MAC.US.-.251.32H.PI5		4524
MAC.US.-.251.BK28		4499
MAC.US.-.MM142		4009
MAC.US.-.SMM142B		4009
MAC.US.1937		3629
MAC.US.2065		3629
MAC.US.239.95112		3619
MAC.US.239.96114		3625
MAC.US.80035		3629
MAC.US.81035		3630
MAC.US.85013		3563
MAC.US.87082		3600
MAC.US.92050		3623
MAC.US.92077		3630
MAC.US.93057		3628
MAC.US.93062		3615
MAC.US.95058		3617
MAC.US.95086		3486
MAC.US.96016		3630
MAC.US.96020		3622
MAC.US.96072		3634
MAC.US.96081		3632
MAC.US.96093		3630
MAC.US.96123		3519
MAC.US.96135		3615
MAC.US.97009		3498
MAC.US.97074		3498
MAC.US.r80025		3486
MAC.US.r90131		3629
MNE.US.-.MNE027		3991
MNE.US.82.MNE_8		3991
SMM.SL.92.SL92B	CT-AAC---CAG-AT---G-TTCAGATA---GGCA---T-T---C-C-AG-C-G-AGA-C-G-A-CA-G---T---T-T---C---G---A-T-GG---GTT---A-A---G---3954	
SMM.US.-.17EC1		4523
SMM.US.-.17EFR		4523
SMM.US.-.F236_H4	C---G---TCAG-C-T---A-T-AT---A-C-G---G---GA-C---T---T---A---C-T---G---T---G---C-G-A---4510	
SMM.US.-.H9	C---G---TCAA-C-T---A-T-AT---A-C-G---GA---GA-C---T---T---RRA---A-T---G---T---T---AA---4510	
SMM.US.-.PB114_15	C---G---TCAA-C-T---A-T-AT---A-C-G---GA---GA-C---T---T---A---T---G---T---G---A---4290	
SMM.US.-.PB1A	C---G---TCAA-C-T---A-T-AT---A-C-G---GA---GA-C---T---T---A---T---G---T---G---A---4289	
SMM.US.-.PB1_143	C---G---TCAA-C-T---A-T-AT---A-C-G---G---GA-C---T---T---RRA---T---G---T---T---A---4396	
SMM.US.-.PB1_6P6	C---G---TCAA-C-T---A-T-AT---A-C-G---G---GA-C---T---T---A---T---G---T---G---A---4482	
SMM.US.-.PGM53	C---G---TCAA-C-T---A-T-AT---A-C-G---G---GA-C---G---T---T---A---T---G---T---G---A---4440	
SMM.US.-.SME543	C---G---TCAG-C-T---A-T-T---A-C-G---G---GA-C---G---T---T---A---T---G---T---G---C-G-A---4511	
STM.US.-.STM	G---C---CAG-C---G---A-T---A---G---G---GA-C---T---T---A---T---G-GG---T-TT-G-A---G-A---G---4170	

Pol RNase H end_Pol p31 Integrase start

MAC.US.-.239 Pol TTCTCTTCTTG...GAAAAGATAGAGCCAGCCACAAGAAGAACATGATAAATACCATAGTAATGTAAGAAGATGGTATTCAAATTTGGATTACCCAGAATAGTGGCCAGACAGATAGACACACCTGTGATAAATGTTCATCAGAAAGGAGAGGCTATACATGGCCAGGCCAAA 4692
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-BEN
H2A.DE.-PEI2
H2A.GH.-GH1
H2A.GM.-JISY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-AL1
H2A.GW.-MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2CG
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-7312A
H2B.CI.-EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-.251.1A11
MAC.US.-.251.32H.P15
MAC.US.-.251.BK28
MAC.US.-.MM142
MAC.US.-.SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-.MNE027
MNE.US.82.MNE.8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.-.17EC1
SMM.US.-.17EFR
SMM.US.-.F236_H4
SMM.US.-.H9
SMM.US.-.PB114_15
SMM.US.-.PB1A
SMM.US.-.PB1_143
SMM.US.-.PB1_6P6
SMM.US.-.PGM53
SMM.US.-.SME543
STM.US.-.STM

MAC.US.-239	TTTCAGATCTAGGGACTTGCCAAATGGATTGTACCCATCTAGAGGGAAAAATAATCATAGTTGCAGTACATGTAGTACTGGATTATAGAACGAGAGGTAAATCCACAGAGACAGGAAGACAGACAGCACTATTCTGTATAAAATGGCAGGCGAGATGGCCTATTACAC	4862
Pol	N S D L G T W Q M D C T H L E G K I I I V A V H V A S G F I E A E V I P Q E T G R Q T A L F L L K L A G R W P I T	
H2A.GM.MCN13-AT-C-.....-C-C-A-CT-.....-A-G-C-T-.....-A-.....T-A-.....T-A-.....G-AT-.....G-.....-C-C-A-.....-C-CA-T-G-.....-A-A-.....4390	
H2A.CI.88.UC2AA-CGT-.....C-C-A-CT-.....-A-G-C-T-.....T-A-.....T-A-.....C-C-G-AT-.....G-.....-C-C-A-.....-C-CA-T-G-.....-A-A-.....G-4945	
H2A.DE.-BEN-A-G-C-.....-C-C-A-CT-.....-C-T-.....-A-.....T-A-.....T-A-.....C-C-G-AT-.....G-.....-C-C-A-.....-C-CA-T-G-.....-A-A-.....4945	
H2A.DE.-PEI2AA-TGTC-.....C-C-A-CT-.....-A-G-C-T-.....-A-.....T-A-.....T-A-.....C-C-G-AT-.....G-.....-C-C-A-.....-C-CA-T-G-.....-A-A-.....4913	
H2A.GM.-ISY-A-C-C-.....C-C-A-CT-.....-A-G-C-T-.....-A-.....T-A-.....T-A-.....A-C-C-.....G-AT-.....G-A-.....-C-C-A-.....-C-CA-T-G-.....-A-A-.....4389	
H2A.GM.87.D194AA-CGT-.....C-C-A-CT-.....-A-G-C-T-.....-A-.....T-A-.....T-A-.....A-C-C-.....G-AT-.....G-.....-C-C-A-.....-C-CA-T-G-.....-A-A-.....4389	
H2A.GW.-ALI-A-C-.....C-C-T-CT-.....-A-G-C-T-.....-A-.....T-A-.....T-A-.....G-.....C-C-G-AT-.....G-A-.....-C-C-A-.....-C-CA-T-G-.....-A-A-.....4938	
H2A.GW.-MDS-A-C-.....C-C-A-T-.....-A-G-C-T-.....-A-.....T-A-.....T-A-.....G-.....A-T-C-.....G-AT-.....G-A-.....-G-CT-AC-G-.....-C-CA-T-G-.....-A-A-.....4389	
H2A.GW.86.FGAG-G-C-C-.....C-C-A-.....T-A-.....G-C-T-.....-A-.....T-A-.....T-A-.....A-C-C-.....G-AT-.....G-A-.....-C-C-A-.....-C-CA-T-G-.....-A-A-.....4954	
H2A.SN.85.ROD-A-C-.....C-C-A-T-.....-A-G-C-T-.....-A-.....T-A-.....T-A-.....A-C-C-.....G-AT-.....G-A-.....-C-C-A-.....-C-CA-T-G-.....-A-A-.....4391	
H2AB.CI.-7312A-A-A-.....-A-.....C-A-T-.....-A-G-G-C-A-.....A-.....C-.....C-G-T-.....A-.....A-C-A-.....A-.....T-C-C-.....GC-A-.....C-.....4927	
H2B.CI.-EHO-A-A-.....-A-.....C-A-T-.....-A-GG-T-.....-A-.....G-.....T-.....C-.....-C-.....-A-.....A-C-A-.....A-.....T-C-C-.....GC-CA-.....C-.....4916	
H2B.CI.88.UC1-A-A-A-G-.....C-A-CT-.....-A-GG-C-A-.....G-.....C-.....-C-.....-T-.....G-.....A-.....A-C-A-.....A-.....T-C-C-.....CA-.....C-.....4926	
H2B.GH.86.D205-A-A-.....-A-.....G-C-.....A-T-.....-A-.....G-.....C-.....-C-.....-G-.....T-.....-C-.....-C-.....-G-.....T-C-C-AC-.....G-.....CA-.....C-.....4918	
H2B.JP01.KR020-A-.....-A-.....C-.....A-CT-.....-A-.....T-.....A-.....G-.....C-.....-C-.....-T-.....-C-.....-T-.....A-.....A-C-.....A-.....-C-.....CA-.....C-.....4068	
H2G.CI.-ABT96AT-G-T-.....C-C-.....T-A-.....-A-.....G-.....T-.....-A-.....T-.....G-C-.....C-TG-.....-A-.....C-.....-A-.....-G-A-.....T-.....-C-.....-A-.....G-.....C-.....4272	
H2U.FR.96.12034-AG-.....-A-.....C-.....CT-.....-A-G-TG-.....C-G-.....-C-.....T-.....-A-.....G-C-G-G-A-.....T-T-G-A-.....C-G-.....C-AC-.....GC-A-.....A-G-.....C-T-.....4424	
MAC.US.-251_1A11-.....4861	
MAC.US.-251_32H_P15-.....G-.....4863	
MAC.US.-251_BK28C-.....4838	
MAC.US.-MM142C-.....A-.....4348	
MAC.US.-SMM142BC-.....A-.....4348	
MAC.US.1937Y-.....3968	
MAC.US.2065-.....3968	
MAC.US.239.95112-.....3958	
MAC.US.239.96114-.....3964	
MAC.US.80035-.....3968	
MAC.US.81035-.....3969	
MAC.US.85013-.....3902	
MAC.US.87082-.....3939	
MAC.US.92050-.....3962	
MAC.US.92077-.....3969	
MAC.US.93057-.....3967	
MAC.US.93062-.....Y-.....3954	
MAC.US.95058-.....3956	
MAC.US.95086C-.....3825	
MAC.US.96016-.....3969	
MAC.US.96020-.....3961	
MAC.US.96072-.....3973	
MAC.US.96081-.....3971	
MAC.US.96093-.....3969	
MAC.US.96123-.....3858	
MAC.US.96135-.....3954	
MAC.US.97009-.....3837	
MAC.US.97074-.....3837	
MAC.US.r80025C-.....3825	
MAC.US.r90131-.....3968	
MNE.US.-MNE027-.....A-.....G-.....4330	
MNE.US.82.MNE_8-.....A-.....G-.....4330	
SMM.SL.92.SL92B-GG-.....C-A-.....G-.....-C-C-.....CT-.....-A-.....GG-T-.....-A-.....-.....-.....G-.....-C-T-.....-A-.....TAGG-.....A-.....-.....T-G-C-.....C-.....A-A-.....TCA-.....-A-AG-.....4293	
SMM.US.-17EC1-.....4862	
SMM.US.-17EFR-.....4862	
SMM.US.-F236_H4-A-.....-.....-.....-.....C-G-C-.....-A-C-.....T-.....-.....-.....G-.....-.....T-.....-G-.....A-.....C-G-G-A-.....A-.....G-.....-.....G-A-T-.....-C-C-.....4850	
SMM.US.-H9-R-RA-.....C-A-C-.....C-.....-T-.....-.....-.....G-G-.....-.....G-A-.....C-G-RG-A-.....A-.....G-.....C-.....A-CA-.....-C-C-.....4335	
SMM.US.-PB114_15-A-.....C-A-C-.....C-.....-T-.....-.....-.....G-.....-.....G-A-.....C-G-G-A-.....A-.....G-.....C-.....A-CA-.....-C-C-.....4629	
SMM.US.-PBJA-A-.....C-A-C-.....C-.....-T-.....-.....-.....G-.....-.....G-A-.....C-G-G-A-.....A-.....G-.....C-.....A-CA-.....-C-C-.....4628	
SMM.US.-PBJ_143-R-RA-.....C-A-C-.....C-.....-T-.....-.....-.....G-G-.....-.....G-A-.....C-GRGG-A-.....A-.....G-.....C-.....A-CA-.....-C-C-.....4335	
SMM.US.-PBJ_6P6-A-.....C-A-C-.....C-.....-T-.....-.....-.....G-.....-.....G-A-.....C-G-G-A-.....A-.....G-.....C-.....A-CA-.....-C-C-.....4821	
SMM.US.-PGM53-A-.....C-A-C-.....C-.....-T-.....-.....-.....G-.....-.....G-A-.....C-G-G-A-.....G-A-.....G-.....C-.....A-TA-.....-C-C-.....4779	
SMM.US.-SME543-A-.....C-G-C-.....A-C-.....T-.....-.....-.....G-.....-.....T-.....G-A-.....C-G-G-A-.....A-.....G-.....GC-A-T-.....-C-C-.....4850	
STM.US.-STM-GT-.....G-.....C-A-.....-A-C-G-.....T-.....-A-.....-.....-.....G-T-.....G-.....-A-.....C-.....G-A-.....-G-.....-.....T-G-.....G-G-A-.....A-.....-.....G-C-.....4509	

MAC.US.-239
Pol
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-BEN
H2A.DE.-PEI2
H2A.GH.-GH1
H2A.GM.-JSY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-AL1
H2A.GW.-MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2CB
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-7312A
H2B.CI.-EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-251.1A11
MAC.US.-251.32H.P15
MAC.US.-251.BK28
MAC.US.-MM142
MAC.US.-SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-MNE027
MNE.US.82.MNE.8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.-17EC1
SMM.US.-17EFR
SMM.US.-F236_H4
SMM.US.-H9
SMM.US.-PB114_15
SMM.US.-PB1A
SMM.US.-PBJ_143
SMM.US.-PBJ_6P6
SMM.US.-PGM53
SMM.US.-SME543
STM.US.-STM

ATCTACACACAGATAATGGTGCTAACTTTGCTTCGCAAGAAGTAAAGATGGTTGCATGGTGGGAGGATAGAGCACACCTTTGGGGTACCATAACAATCCACAGAGTCAGGGAGTAGTGGAAAGCAATGAATCACCACCTGAAAAATCAAATAGATAGAAATCAGGGAAACAA
T H L H T D N G A N F A S Q E V K M V A W W A G I E H T F G V P Y N P Q S Q G V V E A M N H L K N Q I D R I R E
CT-G-----C-----CA-A-A-G-----A-A-----T-T-----A-AT-T-C-A-----T-----A-C-A-----A-----A-----G-AG-----T-A-----G-4560
CT-G-----C-----CC-C-----CA-A-A-G-----A-A-----T-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-----A-----A-----A-----G-AG-----T-A-----G-5115
CT-G-----C-----C-----CA-A-A-G-----G-----G-----T-----T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-----A-----A-----A-----G-AG-----T-A-----G-5113
C-G-----C-----C-----CA-C-A-G-----A-G-----A-G-----A-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-A-----A-----A-----T-A-----C-G-AGC-----T-A-G-----G-5083
CT-G-----C-----CT-C-----CA-A-A-G-----G-----G-----AT-----T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-----A-----A-----A-----T-A-G-----G-AG-----T-A-----G-4559
CT-G-----C-----C-----CA-A-A-G-----G-----A-----A-----T-----C-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-----A-----A-----A-----T-A-G-----G-AG-----T-A-----G-4556
CT-G-----C-----CC-C-----CA-A-A-G-----G-----G-----AT-----T-----A-AT-----A-----T-----A-----T-----A-C-----A-----A-----A-----A-----G-AG-----T-A-----G-4559
CT-G-----G-----T-----CA-C-A-A-G-----G-----A-----A-----TT-----T-----A-AT-----A-----T-----A-----T-----A-C-A-----A-----A-----C-----A-----G-AG-----T-A-----G-5108
C-G-----C-----C-----CA-A-A-G-----G-----A-----A-----T-----T-----A-A-----A-----G-----T-----C-----A-C-A-----A-----A-----T-T-A-----G-----C-----T-A-----G-4553
CT-G-----C-----C-----CA-A-A-G-----G-----A-----A-----T-----C-----A-A-----A-----A-----T-----C-----A-C-A-----A-----A-----A-----T-A-----G-AG-----T-A-----G-5124
CT-G-----T-----C-----CA-A-A-G-----G-----G-----A-----A-----AT-----T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-A-----A-----A-----C-----A-----A-----T-A-----C-----AG-----T-A-----G-4561
CT-G-----C-----C-----A-A-A-----T-----G-----T-----T-----A-A-A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G-5097
C-G-----C-----C-----C-----CA-A-A-----T-----G-----A-----CA-C-----AT-----A-A-A-----C-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----A-----A-----C-----T-----T-----A-----G-----C-----T-----A-----T-----G-5086
C-G-----C-----C-----C-----CA-C-A-----C-----G-----CG-C-----AT-----A-A-A-----C-----C-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----C-----G-----5096
C-----C-----C-----C-----CA-C-A-----C-----AGT-----A-----C-----T-----A-----A-----A-----T-----A-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----C-----5088
C-----C-----C-----C-----CA-A-A-----C-----G-----A-----CA-C-----AT-----AG-----A-----G-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----C-----4238
C-----T-----C-----C-----CA-C-A-----G-----G-----A-----A-----C-----T-----C-----C-----AG-A-----A-----A-----T-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----A-----G-----A-----A-----T-----A-----T-----4442
-T-G-----C-----C-----CA-A-A-----G-----A-----A-----T-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----C-----T-----C-----G-----A-----C-----A-----G-----A-----C-----T-----A-----G-----C-----G-----A-----T-----G-4594

5032
5031
8023
5008
4518
4518
4138
4138
4128
4134
4138
4139
4072
4109
4132
4139
4137
4124
4126
3995
4139
4131
4143
4141
4139
4028
4124
4007
4007
3995
4138
4500
4500
4463
5032
5032
5020
4505
4799
4798
4505
4991
4949
5020
4679

MAC.US.-239 Pol	GCAAATT CAGTAGAACCATAGTATTAATGGCAGTTTCATTCGATGAATTTAAAAAGGGGAGGAATAGGGGATATGACTCCAGCAGAAAGATTAAATTAACATGATCACTACAGAACAAGAGATACAATTTCAACAATCAAAAACTCAAAATTTAAAAATTTTCGGGT	5202
H2A.GM.MCN13	Q A N S V E T I V L M A V H C M N F K R R G G I G D M T P A E R L I N M I T T E Q E I Q F Q O S K N S K F K N F R	
..-A-..-..-A-..-C-G-..ACA-..C-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..CG-C-..T-..A-..		4730
--T-..A-..G-..A-..C-G-..C-..G-..C-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..AG-..T-..T-..C-..A-..C-A-..		5285
..-A-..G-..A-..C-G-..C-..C-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..AG-..T-..T-..C-..A-..C-A-..		5285
..-A-..G-..A-..C-..C-..C-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..CG-..T-..A-..C-..A-..		5253
..-A-..A-..A-..C-..C-..C-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..AG-..T-..T-..C-..C-..A-..		4729
..-A-..A-..G-..A-..C-..C-..C-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..G-..T-..A-..C-..A-..		4726
..-A-..A-..A-..C-..C-..C-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..AG-..T-..T-..A-..C-..A-..		4729
..-A-..G-..A-..C-..C-..C-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..A-..T-..TG-..A-..C-..C-..		5278
..-A-..A-..A-..C-..C-..C-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..G-..C-..T-..A-..C-..A-..		4729
..-A-..A-..A-..C-..C-..C-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..G-..C-..T-..A-..C-..A-..		4723
..-A-..A-..A-..C-..A-..G-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..G-..C-..T-..A-..G-..		5294
..-A-..A-..A-..C-..A-..G-..C-..T-..C-..A-..C-TC-..G-..C-..T-..A-..G-..		4731
..GTA-..A-..AG-T-..GC-..C-..C-..T-..G-..C-..G-..A-..C-..A-..CTTC-..G-..T-..T-..C-..C-..A-..		5267
..GTA-..A-..G-AG-T-..G-..AC-..C-..C-..C-..T-..G-..A-..G-..C-..A-..A-..C-TC-..A-..T-..T-..CC-..C-..		5256
..GTA-..A-..G-AG-T-..C-..C-..C-..C-..C-..T-..G-..C-..G-..A-..C-..A-..G-CTTC-..G-..T-..T-..C-..C-..A-..		5266
..GTA-..A-..G-AG-T-..C-..AC-..C-..C-..C-..T-..C-..G-..A-..C-..A-..G-CTTC-..G-..T-..T-..C-..C-..A-..		5258
..GTA-..A-..G-AG-T-..C-..C-..C-..C-..C-..T-..A-..G-..G-..G-..G-CTTC-..G-..T-..T-..C-..C-..		4408
..-A-..A-..G-..A-..G-..A-..T-..A-..T-..A-..A-..A-..A-..A-..A-..T-..A-..		4612
..-A-..A-..G-..G-..CC-..C-..C-..CG-..C-..T-..A-..C-..AT-..C-..A-..C-TC-..T-..T-..		4764
MAC.US.-251_1A11		5201
MAC.US.-251_32H_P15		5203
MAC.US.-251_BK28		5178
MAC.US.-MM142		4688
MAC.US.-SMM142B		4688
MAC.US.1937		4308
MAC.US.2065		4308
MAC.US.239_95112		4298
MAC.US.239_96114		4304
MAC.US.80035		4308
MAC.US.81035		4309
MAC.US.85013		4242
MAC.US.87082		4279
MAC.US.92050		4302
MAC.US.92077		4309
MAC.US.93057		4307
MAC.US.93062		4294
MAC.US.95058		4296
MAC.US.95086		4165
MAC.US.96016		4309
MAC.US.96020		4301
MAC.US.96072		4313
MAC.US.96081		4311
MAC.US.96093		4309
MAC.US.96123		4198
MAC.US.96135		4294
MAC.US.97009		4177
MAC.US.97074		4177
MAC.US.r80025		4165
MAC.US.r90131		4308
MNE.US.-MNE027	..-A-..G-..G-..C-..C-..CA-..T-..A-..G-..A-..T-..C-..T-..A-..CC-..ACTT-..A-..T-..C-..T-..C-..	4670
MNE.US.82.MNE_8	..-A-..G-..G-..C-..C-..CA-..T-..A-..G-..A-..T-..C-..T-..A-..CC-..ACTT-..A-..T-..C-..T-..C-..	4670
SMM.SL.92.SL92B	..-G-..G-..G-..C-..C-..CA-..T-..A-..G-..A-..T-..C-..T-..A-..CC-..ACTT-..A-..T-..C-..T-..C-..	4633
SMM.US.-17EC1	..-G-..G-..G-..C-..C-..CA-..T-..A-..G-..A-..T-..C-..T-..A-..CC-..ACTT-..A-..T-..C-..T-..C-..	5202
SMM.US.-17EFR	..-G-..G-..G-..C-..C-..CA-..T-..A-..G-..A-..T-..C-..T-..A-..CC-..ACTT-..A-..T-..C-..T-..C-..	5202
SMM.US.-F236_H4	..-C-..A-..G-..T-..C-..A-..T-..G-..C-..T-..C-..A-..C-..T-..T-..	5190
SMM.US.-H9	..-A-..T-..T-..C-..A-..C-..G-..C-..T-..C-..A-..C-..T-..T-..	4675
SMM.US.-PB114_15	..-A-..TTT-..T-..C-..G-..C-..T-..C-..A-..C-..T-..T-..	4969
SMM.US.-PBJA	..-A-..T-..T-..C-..G-..C-..T-..C-..A-..C-..T-..T-..	4968
SMM.US.-PBJ_143	..-A-..T-..T-..C-..G-..C-..T-..C-..A-..C-..T-..T-..	4675
SMM.US.-PBJ_6P6	..-A-..TTT-..T-..C-..G-..C-..T-..C-..A-..C-..T-..T-..	5161
SMM.US.-PGM53	..-A-..G-..T-..C-..G-..C-..T-..C-..A-..C-..T-..T-..	5119
SMM.US.-SME543	..-C-..G-..T-..C-..G-..C-..T-..C-..A-..C-..T-..T-..	5190
STM.US.-STM	..-CA-..TG-..C-..C-..C-..G-..A-..C-..C-..C-..G-..T-..C-..A-..C-..T-..C-..	4849

MAC.US.-.239
Poi
Vif
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-BEN
H2A.DE.-PEI2
H2A.GH.-GH1
H2A.GM.-J57
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-ALI
H2A.GW.-MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2CG
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-7312A
H2B.CI.-EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-.251.A111
MAC.US.-.251.32H.P15
MAC.US.-.251.BK28
MAC.US.-.SMM142
MAC.US.-.SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-.MNE027
MNE.US.82.MNE_8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.-.17EC1
SMM.US.-.17EFR
SMM.US.-.F236_H4
SMM.US.-.H9
SMM.US.-.PBI14_15
SMM.US.-.PBIA
SMM.US.-.PBJ_143
SMM.US.-.PBJ_6P6
SMM.US.-.PGM53
SMM.US.-.SME543
STM.US.-.STM

Sequence alignment table with columns for amino acid positions (V, Y, Y, R, E, G, R, D, Q, L, W, K, G, P, G, E, L, L, W, K, G, E, G, A, V, I, L, K, V, G, T, D, I, K, V, V, P, R, R, R, K, A, K, I, I, K, D, Y, G, G, G, K, E, V, D, S, S) and corresponding nucleotide sequences for various HIV-2/SIV strains. Includes a 'Vif start' label above the sequence.

	Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end																																															
MAC.US.-.239	ACATGGAGGATACCGGAGAGGCTAGA...GAGGTGGCATAGCCTCATAAAAATCTGAAATATAAAACTAAAGCTACAAAAGGTTTGCTATGTGCCCATTTTAAAGTCGGATGGGATGGTGGACCTGCAGCAGAGTAATCTTCCCCTACAGGAAGGAACCCATTT 5539																																															
Pol	S H M E D T G E A R E V A																																															
Vif	T W R T P E R L E R W H S L I K Y L K Y K T K D L Q K V C Y V P H F K V G W A W W T C S R V I F P L Q E G S H L																																															
H2A.GM.MCN13	-T-----G-G--A-G--A-G--AA-----TG-C-----A--C-G--A-----G-G-C--G-----T-----CCA--A--A-----T-----G-----A-----T--A--G--AAC--T--C--5067																																															
H2A.CI.88.UC2	-C-----G-G--A-G--A-G-----TG-C-----C--A--C--G--A-----C--G--GGG--GC-----T-----CCAC--G-----T-----G-----A-----A--G--A-----T--C--5062																																															
H2A.DE.-BEN	-C-----G-G--A-G--A-G--AA-----GC--TG-C--G--C-----C--G--A-----C--G--GG--GC-----T-----CCAC--G-----T-----G-----A-----A--G--AA--T--C--5062																																															
H2A.DE.-PEI2	-T-----G--A-G--A-G--A-----TG-C-----G--C--G--A-----C--G--A-----GG--GG--G-----T-----CCA--G-----T-----G-----A-----T--A--G--AAT--T--C--5060																																															
H2A.GH.-GH1	TGGA--GT--CC--GG--AG--A-G--T-----TG-C--G--C--A-----C--G--A--G--C--G--GG--GC-----T-----CCAC--G-----G-----T-----G-----A-----T--A--A--G--A--T--C--5066																																															
H2A.GM.-J57	-C-----G-G--A-G--A-G--AA-----T-----C--G--C--A-----C--G--A-----G--C--G-----T-----CCA--G--G-----T-----G-----A-----T--A--A--G--AAC--T--C--5063																																															
H2A.GM.87.D194	-C-----G-G--A-G--A-G-----TG-C--G--C-----G--C--G--A-----CT--G--GG--GC-----T-----CAC--A-----G-----T-----G-----A-----G--A-----T--C--5066																																															
H2A.GW.-ALI	-T-----G-G--A-G--A-G--A-----TG-C--G--C--A--G--C--G--A-----C-----T-----CCA--G-----T-----G-----A-----T--A--G--A--T--C--5061																																															
H2A.GW.-MDS	-T-----G--A-G--A-G--A-----TG-C--G--T--A-----C--A-----G--G--G-----C-----CCA--G-----T-----G-----A-----T--GA--A--G--AAC--T--C--5066																																															
H2A.GW.86.FG	-TT-----G-G--A-G--A-G--A-----T--GG--C--G--CT-----C--G--A-----CT--G--G--A-----T-----CA--G--G-----T-----G-----A-----GA--A--GAAC--T--C--5060																																															
H2A.GW.87.CAM2CG	-C-----G-G--A-G--AA--G--A-----TG-C--G--A-----C--AGG-----G--C--G-----T-----CA--A-----T-----G-----A-----T--AGA--G--AC--T--G--C--5063																																															
H2A.SN.85.ROD	-C-----G-G--A-G--A-G--AA-----TG-C--G--A-----C--A--G-----G--C--G-----T-----CA--G-----T-----G-----A-----T--A--A--G--AAC--T--C--5068																																															
H2AB.CI.-7312A	-G-----A-----A--GC-----AA-----C--T--AG--C--G-----GC--G--AGG--AT--G--C--C--CT--C-----CCAC--G-----C-----T-----T-----A-----C--A--A--G-----GCATGCC--5604																																															
H2B.CI.-EHO	-G-----ATGC-----AA-----C--T--A--T-----C-----GG--A-----CT--G--C--C--CT--T-----CCA--A-----T-----T-----T-----A-----T--C--GA--A-----GCA--C--5593																																															
H2B.CI.88.UC1	-G-----A--GC-----AA-----C--T--GG--C--G--C-----GC--G--A-----GT--G--C--C--CT--C-----CCAC--G-----C-----T-----T-----A-----C--A--A-----GCAT--C--5603																																															
H2B.GH.86.D205	-G-----A--GC-----AA-----C--T--G--T-----T--G--G--AGG--GT--G--C--C--CT--C-----CCAC--A-----T-----T-----A-----A--T--C--A--CA-----GCATGCC--5595																																															
H2B.JP.01.KR202	-G-----A--GC-----AA-----C--AG--C-----C--G--A-----AT--GG--C-----CACT--T-----CCA--A-----T-----T-----A-----C--A--A-----GCAT--C--4745																																															
H2G.CI.-ABT96	-G-----A--GC--A--G-----A-----T--G-----TCT--A--G--T-----A-----C-----CGGT--T--T-----CAC--A--T-----T-----T-----G-----A-----T--ACAA--A--GCA-----4949																																															
H2U.FR.96.12034	-T-----G--G--AGA--T-----A-----CTC--G--C-----C--C-----G-----C--A-----G-----G--A--G--T-----CAC--A-----T-----T-----T-----G-----A--T--T--AA-----TCA-----5100																																															
MAC.US.-.251_1A11																																															
MAC.US.-.251_32H_P15																																															
MAC.US.-.251_BK28																																															
MAC.US.-.MM142																																															
MAC.US.-.SMM142B																																															
MAC.US.1937																																															
MAC.US.2065																																															
MAC.US.239.95112																																															
MAC.US.239.96114																																															
MAC.US.80035																																															
MAC.US.81035																																															
MAC.US.85013																																															
MAC.US.87082																																															
MAC.US.92050																																															
MAC.US.92077																																															
MAC.US.93057																																															
MAC.US.93062																																															
MAC.US.95058																																															
MAC.US.95086																																															
MAC.US.96016																																															
MAC.US.96020																																															
MAC.US.96072																																															
MAC.US.96081																																															
MAC.US.96093																																															
MAC.US.96123																																															
MAC.US.96135																																															
MAC.US.97009																																															
MAC.US.97074																																															
MAC.US.r80025																																															
MAC.US.r90131																																															
MNE.US.-.MNE027																																															
MNE.US.82.MNE_8																																															
SMM.SL.92.SL92B	GT-----CAGTAGA--AA--TGGA-C-C-----TG--T-----TC-AT--G-----A-G--G--G-G-A-CC-----A--CAC--A--A-----AC--AGC-TCT--G--G--T-----CT-GG-----G-----T--C--4973																																															
SMM.US.-.17EC1																																															
SMM.US.-.17EFR																																															
SMM.US.-.F236_H4	-T-----C-----C--C--C-----C-----C-----G--T--C--T-----CA--A--T-----T-----T-----T--AG--T--AG--CT-----5527																																															
SMM.US.-.H9	-T-----G-----A-----C--C--C-----C-----C-----G--C--T-----A-----CA--A--T-----T-----T-----GT--AG--T--AGGCT-----5012																																															
SMM.US.-.PBI14_15	-T-----G-----A-----C--C--C-----C-----C-----G--C--T-----A-----CA--A--T-----T-----T-----T--A-----T--A--GCT-----5306																																															
SMM.US.-.PBIA	-T-----G-----A-----C--C--C-----C-----C-----G--C--T-----A-----CA--A--T-----T-----T-----T--A-----T--A--GCT-----5305																																															
SMM.US.-.PBJ_143	-T-----G-----A-----C--C--C-----C-----C-----G--C--T-----A-----CA--A--T-----T-----T-----GT--AG--T--AGGCT-----5012																																															
SMM.US.-.PBJ_6P6	-T-----G-----A-----C--C--C-----C-----C-----G--C--T-----A-----CA--A--T-----T-----T-----T--A-----T--A--GCT-----5498																																															
SMM.US.-.PGM53	-T-----A-----G-----A-----C--CT-----T--G-----G--C-----G--C--T-----A-----CA--A--T-----T-----T-----AG--A--T--TCT-----5456																																															
SMM.US.-.SME543	-T-----C-----C-----C-----C-----G--C-----G--T-----C-----CA--A--T-----T-----T-----T--AG--T--AG--CT-----5527																																															
STM.US.-.STM	-C-----A--G-----G-----C--T--A--G-----C-----G--AGC--CA-----CCA-----T--G-----T-----T-----G--T--T--CT--G--A--G--A--GCA--CC--5186																																															

MAC.US.-239
Vif
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-BEN
H2A.DE.-PEI2
H2A.GH.-GH1
H2A.GM.-JSY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-AL1
H2A.GW.-MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2CB
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-7312A
H2B.CI.-EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-251.1A11
MAC.US.-251.32H.PI5
MAC.US.-251.BK28
MAC.US.-MM142
MAC.US.-SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-MNE027
MNE.US.82.MNE.8
SMM.SL.92.SL.92B
SMM.US.-17EC1
SMM.US.-17EFR
SMM.US.-F236_H4
SMM.US.-H9
SMM.US.-PB114_15
SMM.US.-PB1A
SMM.US.-PBJ_143
SMM.US.-PBJ_6P6
SMM.US.-PGM53
SMM.US.-SME543
STM.US.-STM

AGAAGTACAAGGGTATTGGCATTGACACCGAAAAAGGGTGGCTCAGTACTTATGCAGTGAGGATAACCTGGTACTCAAAGAACTTTGGACAGATGTAACCAAACTATGCAGACATTTTACTGCATAGCACTTATTTCCCTTGCCTTACAGCGGGAGAAGTGAGAA 5709
E V Q G Y W H L T P E K G W L S T Y A V R I T W Y S K N F W T D V T P N Y A D I L L H S T Y F P C F T A G E V R
--A--G-CA--A-CC-A--G-----A-----TCCT--T--A--A--G--T-----TA-GG-A-GG-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-A-----A-T-A-----5237
--GA--G-CA--A-CC-A--G-----A-----TCCT--C-T--A--AC-----TA-G-A--G-C-----T-C-G-G-----CC-A-A-A-----C-----TG-----G--A--T-----A-----5292
--A--G-CA--A-CC-A--G-----A-----TCCT--C-----A--AT-----TA-G-A--G-C-----T-C-G-G-----CC-A-A-A-----C-----TG-----G--A--T-----A-----5792
--GA--G-CA--A-CC-A--G-----A-----TCCT--T-----A--A-----TA-G-A--GG-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-A-----T-----T-----G--A--T-----A-----5760
--GA--G-CA--A-CC-A--G-----A-----TCCT--C-T--A--A-----TA-G-A--GG-C-----T-C-G-G-----CC-A-A-A-----T-----T-----G--A--T-----A-----5236
--GA--G-CA--A-CC-A--G-----A-----TCCT--T-----A--A--G--T-----TA-G-A--G-C-----T-C-G-G-----G-AGGG-C-----T-C-G-G-----CCC-A-A-A--C-----T-----G--A--T-----A-----5233
--GA--G-CA--A-CC-A--G-----A-----TCCT--C-T--A--T-----TA-G-A--G-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-A--C-----T-----T-----G--A--T-----A-----5236
--GA--G-CA--A-CC-A--G-----A-----TCCT--A-----A--C--G--T-----TA-G-A--A-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-A--G-----T-----A-----G--A--T-----A-----5785
--GA--G-CA--A-CC-A--G-----A-----TCCT--A-----A--C--G--T-----TA-G-A--A-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-A--G-----T-----A-----G--A--T-----CA-----5236
G--GA--CA--A-C-A--A-----A-----TCCT--C-CT--A--A--T-----TA-G-A--G-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-A-----T-----T-----G--A--T-----A-----5230
--GA--G-CA--A-C-A--A-----A-----TCCT--T-----A--A--G--T-----TA-G-A--G-C-----T-C-G-G-----CCC-A-A-A-----T-----T-----A-----G--A-----5801
--GA--G-CA--A-C-A--A-----A-----TCCT--T-----A--A--T-----TA-G-A--G-C-----T-C-G-G-----TG-CC-A-A-A-----T-----T-----A-----T-----A-----5238
--G--C-----A--C--C--G--GG--A-TCT-G--T-C--T--AT--A--TGA-G--G--AC-----TG-TGTG-----CAGC--T-----G-G-----T-----CAAT--A--G--5774
--C-----A--C--A-CC--C--GG--A-TCT-G--T-C--T--A--AC--A--TGA-G--G--AT-----T--TG-TGTA-----CGA-----G-GT-----T--CG-----TAAT--A--G--5763
--G--C-----A--C--C--G--GG--A-TCT-G--CT--C--T--A--AC--A--TAA--G--G--AT-----G--TG-TGTG-----CAGC-----G-GT-----T-----CAAT--A--G--5773
--C-----A--A-CC--A--C--GG--A-TCT-G--CT--C--T--A--AC--A--TGA-G--G--AT-----G--TG-TGTG-----CAGC-----G-GT-----T-----T-----CAAT--A--G--5765
--GA--C-----A--A-CC--C--G--GG--A-TC--G--G--C--T--A--AC--A--TAG--A--GT--C-AT-----G--TG-TGTA-----CACC--T-----G-GT-----T-----TAAT--A--G--4915
G--A-----A--C--C--T--G--A--T-A-CCAG-----A--AT-----A--GA--A--AT-----G--G-GACA-----TCAA--T-----G-AT-----TGA-----T--T--A-----5119
G--G--G--CC--A--C-----G--G--A--ATCCT-----A--T-----A--GAGGT-----TG-T-GC-----CAA-----G-G-G-----T-----T-----G-----5270
-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----5708
-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----5710
-----G-----T-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----5685
-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----5195
-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----5195
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4815
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4815
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4805
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4811
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4815
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4816
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4749
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4786
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4809
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4816
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4814
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4801
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4803
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4672
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4816
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4816
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4808
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4820
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4818
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4816
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4705
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4801
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4684
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4684
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4672
-----A-----G-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----R-----4815
-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----5177
-----A-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----5177
G--G-----T--C--A--C-----C-----A--T-ATCA-GC-----T--T--T-----G-A-A-----C--G-TGTA-----TCAG--GCA--T-----G-----CAC-CG-----C-5143
-----T-----C-----A-----C-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----A-----T-----A-----5709
-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----5709
G-----A-----A-----G-----GR-----A-----A-----A-----A-----C-GA--T-C-----G-T-----C-----T-----A-----AC-G-----5697
G-----A-----A-----G-----GR-----A-----A-----A-----A-----C-GA--T-C-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----5182
G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----C-GA--T-C-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----5476
G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----C-GA--T-C-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----5475
G-----G-----A-----A-----G-----GR-----A-----A-----A-----A-----C-GA--T-C-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----5182
G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----A-----A-----C-GA--T-C-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----5668
G-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----C-GA--A-C-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-----5626
G-----A-----A-----G-----A-----C-----A-----A-----A-----A-----C-GA--T-C-----G-T-G-----C-----G-----T-----A-----ACA-----5697
-----T-----A-----A-----A-----A-----GAA-----T-----T-----TA-C-GA--T-C-----T-----G--G-----TCAGC-----G-----T-----A-----5356

MAC.US.-239	GGGCCATCAGGGGAGAACAACCTGTCTTGCTGCAGGTTCCCGAGAGCTCATAAGTACCAGGTACCAAGCCTACAGTACTAGCACTGAAAGTAGTAAGC	GATGTAGTATCCAGGGAGAGAAATCCCACTGGAAACAGTGGAGAAGAGACAAATAGGAGAGGC	5873
Vif			^{vpx start}	
H2A.GLM.MCN13	A-----A-G-A-GT-AT-C-----AT-AT-CCA-C-----GAGC-----GTCA-C-A-TT-G-CT-AGTG-----GCAAG-----CAA-A-A-C-----A-A-CGG-A-C-A-----C-----T-C-A-----			5404
H2A.CI.88.UC2	A-----A-G-A-GT-AT-C-----AC-AT-CCA-----AGCA-----TCA-T-A-C-C-----AGTG-----GCAA-----CAA-A-A-C-----A-A-CGG-A-C-A-----C-----T-C-A-----			5959
H2A.DE.-BEN	A-----A-G-A-GT-AT-C-----AC-AT-CCA-----AGCA-----TCA-T-A-C-C-----AGT-----CAA-----CAA-A-C-----A-A-GG-A-G-A-----C-----T-C-A-----			5959
H2A.DE.-PEI2	A-----A-G-A-GT-A-----C-----AT-A-CCA-C-----GA-CTA-----GTTA-C-A-TTC-G-CT-AGT-----GCAA-----CAA-A-G-C-----AA-A-C-G-A-----A-----G-----C-----TA-T-----			5927
H2A.GH.-GH1	A-----A-G-A-GT-AT-C-----AC-AT-CCA-----AGTA-----TCA-T-A-C-C-----AGTG-----GCAA-----CAA-A-C-----A-A-GG-A-G-A-----C-----T-C-A-----			5403
H2A.GM.-J57	A-----A-G-A-GT-AT-C-----AT-AT-CCA-C-----C-A-----GTCA-C-A-TTC-G-CT-AGT-----CAG-----CAA-A-A-C-----A-A-C-----A-----C-----A-----T-----C-A-----			5400
H2A.GM.87.D194	A-----A-G-A-GT-AT-C-----AC-A-----AGCA-----TCA-T-A-C-C-----AGTG-----GCAA-----CAA-A-G-C-----A-A-CGG-A-G-A-----C-----T-C-A-----			5403
H2A.GW.-ALI	A-----A-G-A-GT-AT-C-----AT-AT-CCAG-C-----CA-----GTCA-C-A-TTC-G-CT-AGTG-----GCAA-----CAA-A-G-A-C-----A-A-C-G-A-----A-----C-----T-C-----			5952
H2A.GW.-MDS	A-----A-G-A-GT-AT-C-----AT-AT-CCAG-C-----A-CT-----GCA-T-A-TTC-G-CT-AGTG-----GCAA-----CAA-A-G-C-----A-C-G-A-----A-----C-----T-C-AGC-----			5403
H2A.GW.86.FG	A-----A-G-A-T-AT-C-----AA-A-----CC-G-----GA-C-----GTCA-T-A-TTC-G-CT-AGTG-----GCAA-----CAA-A-----A-----A-C-G-G-A-----A-----C-----C-----G-----T-----C-A-----			5397
H2A.GW.87.CAM2CG	A-----A-G-A-GT-AT-C-----AA-AT-CC-C-----GA-C-----TCA-T-A-TTC-G-CT-AGTG-----GCAA-----CAA-A-----C-----A-C-G-A-----A-----C-----C-----T-C-A-----			5968
H2A.SN.85.ROD	A-----A-G-A-GT-AT-C-----AT-AT-CC-----GAGC-----GTCA-T-A-TTC-G-CT-AGTG-----GCAA-----CAA-A-----C-----A-C-G-A-----A-----C-----C-----T-C-----			5405
H2AB.CI.-7312A	A-----A-GA-AT-C-A-----AC-A-ATC-----CG-GGG-----TT-----TTC-CT-A-G-T-----CAAGAAAGGAA-AAATG-----G-G-A-----C-AC-----G-----			5944
H2B.CI.-EHO	A-----A-GA-AT-CCA-----AC-A-ATC-----CAGG-----TT-----TTC-C-A-G-T-----CAAGAAAGGAA-A-ATG-----G-A-A-----C-C-----A-G-----			5933
H2B.CI.88.UC1	A-----A-GA-AT-C-A-----AC-AT-ATC-----CG-AGGG-----T-----TTC-C-A-GG-CA-CAGGAAGGAA-A-ATG-----G-G-A-----C-AC-----A-----A-----			5943
H2B.GH.86.D205	A-----A-GA-AT-C-A-----AC-AT-ATC-----CG-AGGG-----T-----TTC-C-A-GG-C-----CAGGAAGGAA-AAATG-----G-G-A-----C-AC-----A-----A-----			5935
H2B.JP01.KR020	A-----A-GA-AT-C-A-----AC-A-ATC-----GAGGA-----TT-----TTC-C-A-GG-T-----GCAAGAAAGGAA-GAATG-----G-G-G-----C-C-----A-----A-----			5085
H2G.CI.-ABT96	A-----G-GA-AT-C-----AC-AT-A-C-----AAGG-G-T-----T-G-A-TTC-CT-AC-----GCAA-----AAA-GACATG-----A-----G-M-----A-A-----C-AC-G-----C-----			5286
H2U.FR.96.12034	A-----A-----GT-AT-C-----AC-T-ATCG-----GAC-G-----TCCT-----A-TTC-----C-G-C-T-GCAA-----GG-----A-A-----A-----A-----TTC-A-----A-----T-G-----			5434
MAC.US.-251.A11				5872
MAC.US.-251.32H.P15	-T-----C-----A-----G-----T-----G-----T-----T-----			5874
MAC.US.-251.BK28				5849
MAC.US.-MM142				5359
MAC.US.-SMM142B				5359
MAC.US.1937				4979
MAC.US.2065				4979
MAC.US.239.95112				4969
MAC.US.239.96114				4975
MAC.US.80035				4979
MAC.US.81035				4980
MAC.US.85013				4913
MAC.US.87082				4950
MAC.US.92050				4973
MAC.US.92077				4980
MAC.US.93057				4978
MAC.US.93062				4965
MAC.US.95058				4967
MAC.US.95086				4836
MAC.US.96016				4980
MAC.US.96020				4972
MAC.US.96072				4984
MAC.US.96081				4982
MAC.US.96093				4980
MAC.US.96123				4869
MAC.US.96135				4965
MAC.US.97009				4848
MAC.US.97074				4848
MAC.US.r80025				4836
MAC.US.r90131				4979
MNE.US.-MNE027				5341
MNE.US.82.MNE.8				5341
SMM.SL.92.SL.92B	AA-----A-----G-GG-T-A-C-A-----TG-C-A-G-GT-----C-----C-C-CTAGT-C-A-----CTG-G-C-A-G-----TTA-----CAA-A-----C-A-----A-----A-----A-----			5310
SMM.US.-17EC1				5873
SMM.US.-17EFR				5873
SMM.US.-F236_H4	A-----GA-T-----A-----A-----AA-T-----TC-----A-C-----AGTC-----G-----A-----A-----			5861
SMM.US.-H9	A-----A-T-----A-----A-----A-T-----TC-----A-C-----AGTC-----RSR-----R-----A-----RR-----C-----			5346
SMM.US.-PB114_15	A-----A-T-----A-----A-----A-T-----TC-----A-C-----G-----AGCC-----A-----A-----C-----			5640
SMM.US.-PB1A	A-----A-T-----A-----A-----A-T-----TC-----A-C-----G-----AGCC-----A-----A-----C-----			5639
SMM.US.-PB1_143	A-----A-T-----A-----A-----A-T-----TC-----A-C-----G-----AGCC-----RSR-----R-----A-----RR-----C-----			5346
SMM.US.-PB1_6P6	A-----A-T-----A-----A-----A-T-----TC-----A-C-----G-----AGCC-----A-----A-----C-----			5832
SMM.US.-PGM53	A-----GA-T-----A-----A-----A-----TC-----A-C-----G-----AGTC-----A-----G-----A-----			5790
SMM.US.-SME543	A-----GA-T-----A-----A-----AA-T-----TC-----A-C-----G-----AGTC-----A-----G-----A-----G-----A-----			5861
STM.US.-STM	A-----A-GT-A-----A-----A-----A-----T-----TT-A-----G-----GAAC-----A-----A-----G-----C-----G-----AG-----A-----			5520

MAC.US.-.239
Vif
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-.BEN
H2A.DE.-.PEI2
H2A.GH.-.GH1
H2A.GM.-.J51
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-.ALI
H2A.GW.-.MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2CG
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-.7312A
H2B.CI.-.EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP.01.KR020
H2G.CI.-.ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-.251.IA11
MAC.US.-.251.32H.P15
MAC.US.-.251.BK28
MAC.US.-.MM142
MAC.US.-.SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-.MNE027
MNE.US.82.MNE.8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.-.17EC1
SMM.US.-.17EFR
SMM.US.-.F236_H4
SMM.US.-.H9
SMM.US.-.PBI14_15
SMM.US.-.PBIA
SMM.US.-.PBJ_143
SMM.US.-.PBJ_6P6
SMM.US.-.PGM53
SMM.US.-.SME543
STM.US.-.STM

Sequence alignment table with columns for amino acid positions (L, R, M, A, K, Q, N, S, R, G, D, K, Q, R, G, G, K, P, P, T, K, G, A, N, F, P, G, L, A, K, V, L, G, I, L, A, ...) and corresponding nucleotide sequences (CTTCGAATGGCTAAACAGAACAGTAGAGGAGATAAACAGAGAGGGCGTAAACCACCTACCAAGGGAGCTAATTTCCAGGTTTGGCAAAGGCTTGGGAATCTGGCATGATGAACAAGGGATGTCACCAAGCTATGTAAAATACAGATACTTGTGTTTAATACAAAAGG 6043). The table shows various mutations and insertions across different HIV-2/SIV strains.

MAC.US.-239
 V pr
 Tat exon 1
 H2A.GM.MCN13
 H2A.CI.88.UC2
 H2A.DE.-BEN
 H2A.DE.-PEI2
 H2A.GH.-GH1
 H2A.GM.-J57
 H2A.GM.87.D194
 H2A.GW.-ALI
 H2A.GW.-MDS
 H2A.GW.86.FG
 H2A.GW.87.CAM2CG
 H2A.SN.85.ROD
 H2AB.CI.-7312A
 H2B.CI.-EHO
 H2B.CI.88.UC1
 H2B.GH.86.D205
 H2B.JP01.KR020
 H2G.CI.-ABT96
 H2U.FR.96.12034
 MAC.US.-251.1A11
 MAC.US.-251.32H.P15
 MAC.US.-251.BK28
 MAC.US.-MM142
 MAC.US.-SMM142B
 MAC.US.1937
 MAC.US.2065
 MAC.US.239.95112
 MAC.US.239.96114
 MAC.US.80035
 MAC.US.81035
 MAC.US.85013
 MAC.US.87082
 MAC.US.92050
 MAC.US.92077
 MAC.US.93057
 MAC.US.93062
 MAC.US.95058
 MAC.US.95086
 MAC.US.96016
 MAC.US.96020
 MAC.US.96072
 MAC.US.96081
 MAC.US.96093
 MAC.US.96123
 MAC.US.96135
 MAC.US.97009
 MAC.US.97074
 MAC.US.r80025
 MAC.US.r90131
 MNE.US.-MNE027
 MNE.US.82.MNE_8
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.-17EC1
 SMM.US.-17EFR
 SMM.US.-F236_H4
 SMM.US.-H9
 SMM.US.-PBI14_15
 SMM.US.-PBIA
 SMM.US.-PBJ_143
 SMM.US.-PBJ_6P6
 SMM.US.-PGM53
 SMM.US.-SME543
 STM.US.-STM

		Tat exon 1 start																													
		GGATGAATGGGTAGTGGAGGTTCTGGAAGAAGCTTTAAACATTTTGTATCCTCGCTTGTCACTGCACCTTGGTAATCATATCTATAATAGACATGGAGACACCTTGGAGGAGCAGGAGAAGCTATTAGAACTCTCCAACGAGCGCTTCTCATGCATT																												6367	
		D E W V V E V L E E L K E E A L K H F D P R L L T A L G N H I Y N R H G D T L E G A G E L I R I L Q R A L F M H																													
-----	G--A--A--AA--C--AG--A--A--GA-----	G-----	C-----	T-----	C--CT--	C--C--	M E T P L R E Q E N S L E S S N E R L S S C T	A--C--CA--G--	ATG--A--	C-----	C-----	CC	5909																		
T-----	G-A--AGCTA--A-GA-T-TGT--A-A-----	C--A--GG-----	C-----	T-----	AC--CT--	C-----	A-----	A--C--CA--G--	A-----	C-----	C-----	CC	6406																		
-AG--C-----	A--A--AAC--AGG--A--A--G-----	C--G-----	C-----	T-----	CT--CT--	C-----	A-----	A--C--CA--G--	A--C--A--	C-----	C--G--	C-----	6467																		
-G--C-----	A--A--GAA--C--AG--T--A--G-----	G-----	C-----	A--T-----	C--CT--	C--GC--	C--AA--C--CA--G--	ATG--G--	C-----	C-----	G--C--	C-----	6429																		
-G--C-----	A--AAGAA-----	G--A--A--G-----	C--G-----	C-----	TC--T--	C--CT--	C--G--	A--C--A--C--CA--G--	A-----	C-----	C--G--	CC	5908																		
-G-----	A--A--AA--AG--A--A--G-----	G-----	C-----	C-----	T-----	CT--CT--	C-----	A--C--CA--G--	GG--A--	C-----	C--G--	C-----	5905																		
-AG--ACC-----	A--A--AAC--A--G--A--C--G-----	C-----	C-----	CT-----	T-----	C--CT--	C-----	A--C--CA--G--	G--A--	C-----	C-----	CA	5908																		
A-----	A--A--A--C--AG--A--A--C-----	C--GG-----	C--GCA--A-----	T-----	T-----	CGGCT--	C-----	AA--C--CA--G--	ATGC--A--	C-----	C-----	G--	6457																		
-G-----	A--A--AA--AG--GA--A--C-----	C--T--G-----	C--GCA--A-----	T-----	T-----	C--GA--	C-----	A--C--CA--G--	T--A--	C-----	C--CA--C--	C-----	5908																		
-C-----	A--A--AA--C--AG--A--AG-----	CC--GG-----	C-----	T-----	T-----	C--GAT--	C--G--	A--C--CA--G--	G-----	C-----	GC--C--	C-----	5902																		
-A--A--AA--C--AG--CA--A-----	CC--G--C-----	C-----	C-----	T-----	T-----	CGGA--	GC-----	AA--C--CA--G--	GG--G--	C-----	C--C--	C-----	6473																		
-G--A--A--AA--CT--AG--A--A-----	G--G-----	C-----	C-----	T-----	T-----	C--AT--	C-----	A--C--CA--G--	A--G--G--	C-----	C--T--	C-----	5910																		
-A--G-----	A--C--C--G--A--A--GC-----	C--G-----	C-----	G-----	CTT--T--C--G--G--	T-----	CA--G--	A--G--T--G--	C-----	C--C--	C-----	6449																			
-AC--G-----	C--C--G--A--A--C-----	C--G-----	C-----	AT-----	C--TT--	C--G--G--	A--T-----	A-----	G--A--C--	G--G--A--	C--C--	C-----	6438																		
-A--G-----	A--C--CA--G--A--A--GC-----	C--GG-----	C-----	G-----	T-----	C--G--G--	T-----	CA-----	G--A--	G-----	C--C--	C-----	6448																		
-A--G--A--G--A--C--G--A--A--GC-----	C--G-----	C-----	C-----	G-----	CTT--C--G--G--	T-----	CA-----	G-----	A-----	C-----	C--C--	C-----	6440																		
-A--G-----	A--C--C--G--T--A--GC-----	C--GG-----	C-----	G-----	T-----	CGG--G--G--T--A--CA-----	T-----	G-----	T--G--	C-----	C--C--	C-----	5590																		
H2G.CI.-ABT96	A--A--AA--A--C-----	C-----	C-----	G-----	CT--G--G--	C-----	A-----	A--G--G--T--C--	C-----	C--C--	C-----	5783																			
H2U.FR.96.12034	-C--G--GAGA--AA--A--G--A-----	G--GG-----	C-----	G-----	CT-----	G-----	T-----	A-----	G--A--G--A--AA--	C--C--	C-----	5927																			
MAC.US.-251.1A11	-----	G-----	G-----	-----	-----	-----	-----	-----	G--G--A--	C-----	C-----	6366																			
MAC.US.-251.32H.P15	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	6368																			
MAC.US.-251.BK28	-----	T-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	6343																			
MAC.US.-MM142	G-----	A-----	A-----	G-----	GC--T--C--	C-----	-----	-----	-----	A-----	-----	5853																			
MAC.US.-SMM142B	G-----	A-----	Y-----	R-----	GC--T--C--	C-----	-----	-----	-----	A-----	-----	5853																			
MAC.US.1937	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5473																			
MAC.US.2065	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5473																			
MAC.US.239.95112	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5463																			
MAC.US.239.96114	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5469																			
MAC.US.80035	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5473																			
MAC.US.81035	-----	-----	-----	-----	-----	-----	K-----	-----	G-----	-----	-----	5474																			
MAC.US.85013	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5474																			
MAC.US.87082	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5407																			
MAC.US.92050	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5444																			
MAC.US.92077	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5467																			
MAC.US.93057	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5474																			
MAC.US.93062	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5472																			
MAC.US.95058	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5459																			
MAC.US.95086	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5481																			
MAC.US.96016	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5330																			
MAC.US.96020	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5474																			
MAC.US.96072	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5478																			
MAC.US.96081	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	R-----	-----	5466																			
MAC.US.96093	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5476																			
MAC.US.96123	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5474																			
MAC.US.96135	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5363																			
MAC.US.97009	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5459																			
MAC.US.97074	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5342																			
MAC.US.r80025	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5342																			
MAC.US.r90131	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	5330																			
MNE.US.-MNE027	-----	G-----	-----	-----	G-----	T-----	G-----	-----	A-----	G-----	C-----	5835																			
MNE.US.82.MNE_8	-----	G-----	-----	-----	G-----	-----	-----	-----	A-----	G-----	C-----	5835																			
SMM.SL.92.SL92B	-G--A--AGA--T--A-----	T-----	G--AC--G-----	C-----	T-----	TT--A--A--T--CG--A--G--	CTT--C--G--T--AA--A--A--G--G--	A--A--	AG--AT--A--AAG--AT--G--T--A--C--	-----	-----	5800																			
SMM.US.-17EC1	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	6367																			
SMM.US.-17EFR	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	6367																			
SMM.US.-F236_H4	-----	A-----	A--G--T--A-----	CC--G-----	G-----	CT--T--G-----	A-----	G--GA--A--	C-----	C-----	-----	6356																			
SMM.US.-H9	R--A--A-----	G--A--KA-----	CC--G--C--K-----	TY--G-----	CT-----	G-----	A-----	G--G--A--	C-----	-----	-----	5841																			
SMM.US.-PBI14_15	-----	A--A-----	G--A--A-----	CC--G--C-----	G-----	CT-----	G-----	A-----	G--A--	C-----	-----	6135																			
SMM.US.-PBIA	-----	A--A-----	G--A--A-----	CC--G--C--K-----	Y--G-----	CT-----	G-----	A-----	G--A--	C-----	-----	6134																			
SMM.US.-PBJ_143	R--A--A-----	G--AGA-----	CC--G--C--K-----	Y--G-----	CT-----	G-----	A-----	G--A--	C-----	-----	-----	5841																			
SMM.US.-PBJ_6P6	-----	A--A-----	G--A--A-----	CC--G--C-----	G-----	CT-----	G-----	A-----	G--A--	C-----	-----	6327																			
SMM.US.-PGM53	-----	AA--A-----	G--G--A-----	C--G--C-----	G-----	CT-----	G-----	A-----	G-----	A--C--	-----	6286																			
SMM.US.-SME543	-----	A-----	G--A--A-----	CC--G-----	G-----	CT-----	T--G-----	A-----	A--GA--A--	C-----	-----	6356																			
STM.US.-STM	-G-----	A-----	G--A--A--C-----	CC--GCGG-----	GC--G-----	CT-----	G-----	A-----	G--AG--G--C-----	C-----	-----	6015																			

Table of HIV-2/SIV alignments. Columns include sequence identifiers (e.g., MAC.US.-239, H2A.CL88.UC2), amino acid sequences (e.g., R K R R R T P K K A K A N T S S A S N K), and accession numbers (e.g., 6243, 6740, 6801). The table shows conserved regions across various HIV-2 and SIV strains.

Strain Name	Sequence	Position
MAC.US.-.239 Env	TATGGCAACTCTTTGAGACCTCAATAAGCCTTGTTGAAAAATATCCCCATTATGCCTACTACTGAGATGCAATAAAAGTGAGACAGATAGATGGGGATTGACAAAAATCAATAACAACAACAGCATCAACAACATCAACGACAGCATCAGAA	7023
H2A.GM.MCN13	C--A-T-A-----A--A-A-C-----A-G-T-----TG-AG-A-----T--C--C-CA--TG--AGG-ACACAAACACAC--C-C-A--GC-T-CC-GCGTA	6541
H2A.CI.88.UC2	C--AGG-A-----A--G--A-A-----C--GC-AG-A--TC-----TG-GG-A-----AT--T--CG-GT-ACAGGGA--ACACCAATGCC--GCCAA--C--CG--GG-CAG--C	7050
H2A.DE.-BEN	C---T-A-----A--A--A-A-----C--GC-A-A-TC-----TG-GG-A-----AT--T--GC-GGT-C-AGGGA--CCAC-AGCC--ATCCGAGG-CCT-G-GTT-CA--A-CT-G-G-C-C-C	7114
H2A.DE.-PEI2	C--A-T-A-----A--G--A-A-----C-----A-A-C-----TG-GCAA--GA--T--C--GC-CAAGT---G--CA-TAACAGC---GTGAGGGG-GC--GTCC	7058
H2A.GH.-GH1	C--AGT-A-----A--A-A-C-----C--C-A-A-TC-----TG-AG-A-----T--T--C-GC-CCAAC-ACA-C-C-ACCAC-ACAGGG-GCA--C-GGG-TG	6531
H2A.GM.-JISY	C--A-T-A-----A--A-A-C-----C--A-G-T-----TG-AG-A-----AC-T--CGG--ACAGAGCGG-GTT-C-ACT---GCC--TCTGG-C-T	6528
H2A.GM.87.D194	C--AG-G-----A--A-A-C-----C--G-AG-G-CC-----TG-GG-G-----AT--T--T-C-TCAGGGAC--CCGC-ACCCC-GTCC-C	6522
H2A.GW.-AL1	C--AG-A-----A--A-A-C-----C--G-A-A-T-----T-AG-A-----AG-T--GC--C-TAAGC---G-CACAAACACAT-CCCAGGCC-GGG-GC	7080
H2A.GW.-JMSD	C--AGT-A-C-----A--A-A-C-----C--G-A-A-C-----TG-AG-A-----AC-T--GC-G-CTCAGTGACAGCGC-A-CAC-AG--AC-C-A-C-C-ACG-C-C--G-C	6579
H2A.GW.86.FG	C--A-T-A-----A--A-A-C-----C--A-A-C-----TG-AG-A-----AC-T--CA-GG-ACAT--CACAT-GACA-GAG--G-CA-CCA	6519
H2A.GW.87.CAM2CG	C--A-T-A-C-----A--A-A-C-----C--A-A-T-----TG-AG-A-----A--T--C-T---ACA-GT--C-C-ACTATGA-A-GG-C-A-C-C-C-GC---	7105
H2A.SN.85.ROD	C---T-A-C-----A--A-A-C-----C--C-A-A-T-----TG-AG-A-----A--GC-GC-CA--GCAGC-C-G-AAACAAC---CC--AG-GC---GCA--A-C	6551
H2AB.CI.-7312A	C--AGT-A-----A--A-A-C-----C--C-A-A-TC-----TG-AG-A-----T--T--C-GC-CCACC-G-CAAC-CTACACC-CCA-GC-CCA-T-AC-AC---	7087
H2B.CI.-EHO	G--AGT-----A--A-A-T-----A--A-C-G-TG-G-A-----AG-T---G-----C--CG--A-C-CAG-T-GCAA-GAG--C-T--GT-C--CG-GT-CCTC-GAT-TT-TA-T	7073
H2B.CI.88.UC1	G--AGT-T---A---C---A--A-T---GC-GA-G-GC-G---GG-A-----AC-T--G---C-CA-GA--CA---CTACTACTAAAC-T-TTA-T-C-C-T-TT-TA-TA-T-A-C	7086
H2B.GH.86.D205	G--AG-----A---C---A--A-C---C---A---C---G---TG-GG-A-----AC-T--G---CC--A--A-CCC-G--AATGCC-GT-GTA-T-CC--C--T-AGC-TA-T-C--C-TCGT	7078
H2B.JP01.KR020	G--A-T-A-----T---A---A---T---A---C---TG-A-A-----AT--T--G---CCT-A-C--CACAGCCAACACCAC--GCCAAC-AC-TC--G-CT-TAAG-AC	6219
H2G.CI.-ABT96	T--A-T-G-----A-T-C-A-----T-----A-A-TC-G-----G-C-----A--C-A-----TC-A--GGGA-C-CC-TGT--CC-TG---GTTCC-A-A-TAA-ATG	6433
H2U.FR.96.12034	C--AGT-T---A---T---A--A-----G-GA-A-CC-T-T-AG-A-----T-G---C--A--A-----A--GG-A-GC-G-----A-TAGCC-G-ATGCAAGA-T-AGTAA	6577
MAC.US.-.251_1A11		7022
MAC.US.-.251_32H_P15		7021
MAC.US.-.251_BK28		7005
MAC.US.-.MM142		6518
MAC.US.-.SMM142B		6515
MAC.US.1937		6126
MAC.US.2065		6126
MAC.US.239.95112		6116
MAC.US.239.96114		6122
MAC.US.80035		6126
MAC.US.81035	R	6126
MAC.US.85013		6060
MAC.US.87082	G	6097
MAC.US.92050		6120
MAC.US.92077		6127
MAC.US.93057		6125
MAC.US.93062		6112
MAC.US.95058		6114
MAC.US.95086		5983
MAC.US.96016		6127
MAC.US.96020		6119
MAC.US.96072	G	6131
MAC.US.96081		6129
MAC.US.96093		6127
MAC.US.96123		6016
MAC.US.96135	R	6112
MAC.US.97009		5995
MAC.US.97074		5995
MAC.US.r80025		5983
MAC.US.r90131		6126
MNE.US.-.MNE027	T	6491
MNE.US.82.MNE_8	T	6491
SMM.SL.92.SL.92B	T-A-T-----A-A-T-T-A-----G-A-T-----T-G-----A-T-----A-----C-----G-----G-G-GCT-T-T-TAGC--C--TA-T-T-GCC-C-T-A-TGCTGTAGCCCA	6462
SMM.US.-17EC1		7029
SMM.US.-17EFR		7029
SMM.US.-F236_H4	G-A-C-----A-A-C-T-C-----C-CA-C--C-T-AG-A-----G-T-----C-----G-----T-A-----GG-AACGC-GGG--A-A-G-T-A-----ACACCAAGT	6973
SMM.US.-H9	A-C-----A-A-C-T-C-----C-CA-C--C-T-A-A-----G-T-----M-----MC-----T-A-----GG-GS-CC-G-C--A-A-CA-----A-C-C-T-CCA	6494
SMM.US.-PB114_15	A-C-----A-A-C-T-C-----C-CA-C--C-T-A-A-----G-T-----C-----T-A-----GG-A-CCC-G-C--A-A-CA-----A-A-CA-G-T--ACAACCAACATCACCA	6803
SMM.US.-PBJ_143	A-C-----A-A-C-T-C-----C-CA-C--C-T-A-A-----G-T-----M-----MC-----T-A-----GG-AS-CC-G-C--A-A-CA-----A-A-CA-G-T--ACAACCAACATCACCA	6802
SMM.US.-PBJ_143	A-C-----A-A-C-T-C-----C-CA-C--C-T-A-A-----G-T-----M-----MC-----T-A-----GG-AS-CC-G-C--A-A-CA-----A-A-CA-G-T--ACAACCAACATCACCA	6509
SMM.US.-PBJ_6P6	A-C-----A-A-C-T-C-----C-CA-C--C-T-A-A-----G-T-----C-----T-A-----GG-A-CC-G-C--A-A-CA-----A-A-CA-G-T--ACAACCAACATCACCA	6995
SMM.US.-PGM53	A-T-----T-----A-C-----C-----C-----G-CA-A-----C-----G-----A-----GG-A-AG-ATGA-T-C-A-----A-A-AA-AGCCCCAAAAGCAGAAGCA	6960
SMM.US.-SME543	G-A-C-----A-A-C-T-C-----C-CA-C--C-T-AG-A-----T-----C-----G-----T-----GG-AG-GC-GAG--A-A-G-G-A-----A-A-CAACCAACAGTAAACCA	7024
STM.US.-STM	C--A-C-T-----A-A-C-T-A-----GA-T-C-----T-G-A-----G-T-----G-A-A-----C-A-----GGGAA-C-GT-----TGA-C-----G-G-AG-----G	6662

Alignments

HIV-2/SIV Complete Genomes

V2 loop end

V3 loop start

MAC.US.-239 Env	AAAGTA...GACATGGTCAATGAGACTAGTTCTTGTATAGCCACGGATAATTGCACA...GGCTTGGAAACAAGAGCAAAATGATAAGCTGTAATTCACATGACAGGGTTAAAAAGAGACAAGAAAAAGAGTACAATGAAACTTGGTACTCTGCAGATTGGTATGTGA 7187	
	K V D M V N E T S S C I A Q D N C T G L E Q E Q M I S C K F N M T G L K R D K K K E Y N E T W Y S A D L V C E	
H2A.GM.MCN13	...CCGTTGACAGA-A-A-G...-A-TCC-A-C...-CG-GCAA-C-C-T...-A--G-G--AG-GG-G-C-AT--C-----T-----A--G-G--T--GC-A-T-G--G-A-----GAAG--G-A-T-----6708	
H2A.CI.88.UC2	TC-TACTTAC--AA-A--A-G-TC-A-C--G--G-GCA-C-C-----A--GGG-C-AGGG--G-T-AT--G-----T-----G-AC-GG-CA-T--T--G-G-T-C-A--A-AT--G-T-----7217	
H2A.DE.-BEN	TCC-C-GCCTC--AA-A--A--TC-AAC-C--AAA-CA-C-CA--G--A--GGT-T--G-G--GCAA--G-G--T--AG--G-CA-T--GGAG-T-G-C-A--T-A-A--G-T-----7281	
H2A.DE.-PEI2	...-G-AT-A-C-A--C--A--C--A--CA-C-GC--T--AT--A-GGAGT--AG-GG-AG-CGAT--CGG--T--T--AC-C-CT--T--CC-C-GC-A-T-G-----A--AAAG--G-A-T-----7216	
H2A.GH.-GH1	...TCA--G-A--A--A--C--CCATC-TA-TCA-C-C--A--GGA-G-AG-G-AG-C-AT--C-G--T--T--A--G-G--T--A--G--G--T--A--AAA--G-A-T-----6686	
H2A.GM.-ISY	...T--A-A--T--GA-C-A-C--CAATT-A-C--T--AC--AGGG-G-AG-C--G-CGAG--C-G--T--AC--G-GTT--T-----C-T-G--C--AAA--G-T-----6686	
H2A.GM.87.D194	...AACATTACA--AA-AG--A-A-TC-A-C--G-G-CA-C-C--C-CAGG--A-A-GGA--AG-GG-G-TGAG--G-G--T--G--C-G-CA-T--CC-GGA--T--CG-A--AAG--G-T-----6686	
H2A.GW.-AL1	...C-C-CAAC-C-A-A--G-GCA-C-A--AAGCA-C-C--C--AC-A-GG-T-AG-G--G-C-AT--CGG--T--A--C-G-T--T--CC-C-T--C--A--A--G--T-----7250	
H2A.GW.-MDS	...AGGAACACA-CCA-A-G--A-TC-C-A-C--CG-GCA-C-C--T--AC-A-GG-G-AG-G--G-C-AG--C-G--T--A--C-G-T--T--CC-C-T--C--A--AAGC--G-T-----G-6743	
H2A.GW.86.FG	...AATAT--CAA-T-TAA-TGAC-C--CCA-GGGGTGCA-C-C--A--AA-GG-G-AG--CGA--C-G-T-GT--A--G-G--C--T-C--G-A--AAA--G-T-----6680	
H2A.GW.87.CAM2CG	...AA-GAG-CACCAA-A-G--C-A-TC-C--C--CG-ACAA-C-C--T--A--A-GG--AA-G-AG-C-AG--C-C--T--A--G--T--C--C--A--AAGC--G-T-----7269	
H2A.SN.85.ROD	...CAGGAGC-AGA-A-A-G--GA-C-C-A--CGC-CG-GCA-C-C--T--A--G-G-G-AG--C-C-AT--CC-G--T--A--G--T--C--T--A--AAA--G-T-----6715	
H2AB.CI.-7312A	...G-GGGCCAGA-A-A--A--TT-C-A-C--GCG-ACA-C-C--A--G-G-G-AG-G--G-CGAT--C-G--A--G-G--T--C--C-A-T-G--A--AAA--G-A-T-----7251	
H2B.CI.-EHO	...CAGACC--C-AC--C-AGA--CAAA--TCAAA-T-C-GC-TG--GA-A-G-T-AG--GA--C--A--A--TG-TG-TC--C-A-T-G-C-C--TAAACA--A-G--7234	
H2B.CI.88.UC1	...TC-GAAA-T-AC--C-C-A--C-A--TAAAA-T-CC--C-G--AA-A-G-T--AA-C-CAG-TGA--T-C-T--AC--G--TG--C-A-T-G-C-C--GAAA--A-AG--CA--7250	
H2B.GH.86.D205	...GGCTGA-A-C-A-T--C-A--AGACC-A-C--AAAA-T-CC--C-A-A-G-G--G--A--GCAA--T-T-GT--G-AC--G--TG-CT--C-A-T-A-C--TG-A-A--A-AG--A--7242	
H2B.JP01.KR020	...A--AGT--C--C--GA-A-GAC-A--CCAG-T-C--TA-A--TTT--G-C--G--CA--T--T--A--GT--TG-ACCG-AC--T--C-C--TG-A-A--G-ACAG--A--6380	
H2G.CI.-ABT96	GTGAC-GCT-AC-A-G--AGC--CCAG-CT-ATGT-C--T--TA-AC-GTC--ATCC-G-TG--C--T--C--G-TC-G-G-A--G--G--T--ACA--CA--Y--6600	
H2U.FR.96.12034	...G-AA-A--A--AGGC--CGAA-TA--GC--T--A--A--A-C-T-G-G-T--G--T-T--C--G-T--C--T-A--A--T--CAT--CA-A-T--6732	
MAC.US.-251.IA11	...A--A--A--TT--T--G--T--7183	
MAC.US.-251.32H.P15	...A--A--A--TT--T--G--T--7185	
MAC.US.-251.BK28	...A--A--A--TT--T--A--C--G--T--7169	
MAC.US.-MM142	...AC-AGA--A--C--G--TT--T--C--G--T--6682	
MAC.US.-SMM142B	...AC-AGA--A--C--G--TT--T--C--G--T--6679	
MAC.US.1937	GC-RA-GTA Y	6293
MAC.US.2065	GC-AA-GTA R	6293
MAC.US.239.95112	GC-AA-GTA	6283
MAC.US.239.96114	GC-AA-GTA	6289
MAC.US.80035	GC-AA-GTA	6293
MAC.US.81035	GC-RA-GTA	6294
MAC.US.85013	GC-A-GTA	6227
MAC.US.87082	GC-AA-GTA	6264
MAC.US.92050	GC-AA-GTA	6287
MAC.US.92077	GC-AA-GTA	6294
MAC.US.93057	GC-RA-GTA Y	6292
MAC.US.93062	GC-AA-GTA	6279
MAC.US.95058	GC-AA-GTA Y	6281
MAC.US.95086	GC-A-GTA	6150
MAC.US.96016	GC-RA-GTA	6294
MAC.US.96020	GC-AA-GTA	6286
MAC.US.96072	GC-AA-GTA	6298
MAC.US.96081	GC-AA-GTA	6296
MAC.US.96093	GC-A-GTA	6294
MAC.US.96123	GC-AA-GTA	6183
MAC.US.96135	GC-AA-GTA	6279
MAC.US.97009	GC-AA-GTA	6162
MAC.US.97074	GC-AA-GTA	6162
MAC.US.r80025	GC-A-GTA	6150
MAC.US.r90131	GC-AA-GTA	6293
MNE.US.-MNE027	...G-A-ATA-AG--A-A-A--G-AAT-GT--C--G--G--T--6658	
MNE.US.82.MNE_8	...C-ATAA-AG--A-A-A--AAT--C--G--G--T--6655	
SMM.SL.92.SL92B	TC--G-GAG--A-C-T--C-C--TG--C-AAGA-CA-C--T-T--A-A-G--G-A-C--G-T--C--T--AC--C--GGC--C--CAG--C-A-C--6629	
SMM.US.-17EC1	...G--T--G--T--C--CAG--C-A-C--7187	
SMM.US.-17EFR	...G--T--G--T--C--CAG--C-A-C--7187	
SMM.US.-F236_H4	GT--C-GAAA-TG-TA-A--A-G-A-C--C--AAAA-TA--G-TG--G--CC--G-T--T--T--G--A-G--A-T--A--T--AAG--AA-C--7140	
SMM.US.-H9	T-A--GCAA-GG-T-A--C-G-GA-C--AGAAGTA--T--G--CC--G-T--T--T--A-G-G-A-T--A--T--AAG--A-G--6661	
SMM.US.-PB114_15	T-AC-GCAA-GG-T-A--C-G-GA-C--AAAATTA--T--G--CC--G-T--T--T--A-G-G-A-T--A--T--AAG--A-T--6970	
SMM.US.-PBJ1_143	T-AC-GCAA-GG-T-A--C-G-GA-C--AGAAGTA--T--G--CC--G-T--T--T--A-G-G-A-T--A--T--AAG--A-T--6969	
SMM.US.-PBJ_143	T-AC-GCAA-GG-T-A--C-G-GA-C--AGAAGTA--T--G--CC--G-T--T--T--A-G-G-A-T--A--T--AAG--A-T--6676	
SMM.US.-PBJ_6P6	T-AC-GCAA-GG-T-A--C-G-GA-C--AAAATTA--T--G--CC--G-T--T--T--A-G-G-A-T--A--T--AAG--A-T--7162	
SMM.US.-PGM53	T-AC-GCAA-AG-TA-A--A-G-GA-C--AG-A-CA--T--A-G-G-A-C--G--G-T--G-T--AG--A-G-G-A-T--A--T--AAG--A-A--7127	
SMM.US.-SME543	...A-GG-TA-A--AGG-GA--C--AAAA-TA--G-TG--G--CC--G-T--T--T--G--G--A-G-T-A-T--A--T--AAG--AA-C--7182	
STM.US.-STM	C-AAAGCCA-GT-A-A--A-A-C-C--G-AGTA-CA-C-C--G--ATC-C-AG-G-T--T--AC--T-A-G-G--G--AGC--C-AA-C--6829	

MAC.US.-239	ACAAAGGAAATAACT...GGTAATGAAAGTAGATGTTACATGAACCCTGTAACACTTCTGTATCCAAAGAGCTTTGACAAACATTATTGGGATGCTATTAGATTAGGTTATGTGCACCTCCAGGTTATGCTTTGCTTAGATGTAACACAAATTTTCAGGCT	7354
Env	Q G N N T . G N E S R C Y M N H C N T S V I Q E S C D K H Y W D A I R F R Y C A P P G Y A L L R C N D T N Y S G	
H2A.GM.MCN13	-GG-AATGGC-C--A--GA--C--T-C--A--G--C--AC--A--G--C--T--G--G--A--C--A--T--CC-A-A--C--T--C--C--C--G--	6866
H2A.CI.88.UC2	CAGCACA-C-G-A...C-CAA-C-CG-C--GA-T-C--A-AA-C-A-G-A-A-T--G-AG--A-C-CA--A-G-C-T--C-A-A--C--T--C--C--C--	7384
H2A.DE.-BEN	CA-C...CA-CAG...G-C-C--T-C--A-AA-C-A-G-A-A-T--G-C--T--G-AG--A-C-CA--A-G-C-T--CC-AT-A--C--T--C--C--	7436
H2A.DE.-PEI2	CAC-ACT--GGG-C...AGCC-C-A--T-C--A-A-C-AC--A--T--G-C--T--G-AG--A-C-CA--A-G-C-T--TATGC--A--C--T--C--C--	7377
H2A.GH.-GH1	-TC-AAT--C-G-AA--A-GGGA--AC--T-C--A-A-C-AC--A--T--G-C--T--A-AG--A-C--A-G--T-CC-A-A--C--T--C--C--	6853
H2A.GM.-ISY	-TC-AT--C-G-A...AC...CG-AA--T-C--A-A-C-AC--A--T--G-C--T--A-G--A-C--A-G--T-TC--A-A-G-C--T--C--C--	6850
H2A.GM.87.D194	CA-GACA--CGGA...AC-G-C-C--GA-T-C--A-A-C-A--A--T--G-C--T--G-AG--A-C--A-G--T-CC-A-A--C--T--C--C--	6844
H2A.GW.-AL1	-C-TTT--C-C-CACA...CC-G-C-C-G--T-C--A-A-C-AC--A--T--G-C--T--A-G--A-C--A-T--CC-A-A--C--G--T--T-C--	7417
H2A.GW.-MDS	-G-AT--C-C-CACA...CC-C-C-G-C--T-C--A-A-C-AC--A--T--G-C--T--A-G--A-C--A-G--T-CC-A-A--C--G--T--T-C--	6910
H2A.GW.86.FG	CA-T...CTCA...G-C-G-C-AG--T-C--A-A-C-AC--A--T--G-C--T--G-AG--A-C--A-G--T-CC-A-A--C--T--C--C--	6841
H2A.GW.87.CAM2CQ	TA-TA-C-CAG-TCAGACCACA--G-CC-CG--T-C--A-A-C-AC--A--T--G-C--T--G-AG--A-C--A-G--T-CA-A-A--C--T--C--G--C--	7439
H2A.SN.85.ROD	GAC...T-GC...ACA-C-G-CCCAG--T-C--A-A-C-AC--A--T--G-C--T--A-G--A-C--A-G--T-CC-AT-A--C--T--C--C--	6879
H2AB.CI.-7312A	GTC...G-CAGT-A-GGGAG-GAC--C--T-T-C--A-A-C-AC--A-A-C--G-C-C--A-G--A-C--A-G--T-C--A--C--C--C--	7418
H2B.CI.-EHO	-A-G...GGG-CA-GG--A--C-A--T-A-AAC--T-A-AA--A--A--AG-T-A--T-C--A-T--A--C--T--T-A--	7398
H2B.CI.88.UC1	CGGC...C-G-C...AGC-CC-T--GAACT--T-C-A-G--A--A--T--C--CAGCT-A--C--T-C-A--C--A--C--C--C--	7408
H2B.GH.86.D205	TA-T...CC-GG-AGTAT...ACC-C--C--T-A-GAAC--C--AA-AA--A--A--CAGCT-A-G--T-C-G-G-TT-C-A--A--C--	7403
H2B.JP01.KR020	TGGG...CC-T-A-AAC--A-AA--A--A--CCAAT-A--G--C-C-C-T--TA-G--A--C--TT-T-C--	6526
H2G.CI.-ABT96	--G...TCC-T-AGAGT-AG--G--C-T--GG--T-A-A-C-T-G-A-A--T--CCAAT-A--A--T-G-G-T--A--C--T-T-C--A--	6767
H2U.FR.96.12034	--G...CT...AGT-AA-G--A--C--C--C--A--C--A--C--A--G--C--C--C--T-A--T--T--C--A--	6896
MAC.US.-251_1A11G.....T.....A.....G.....A.....	7350
MAC.US.-251_32H_P15G.....C.....T.....A.....G.....A.....	7352
MAC.US.-251_BK28G.....C.....T.....A.....G.....A.....	7336
MAC.US.-MM142G.....T.....T.....G.....G.....G-A.....	6849
MAC.US.-SMM142BG.....T.....T.....G.....G.....G-A.....	6846
MAC.US.1937W.....	6460
MAC.US.2065	6460
MAC.US.239.95112	6450
MAC.US.239.96114	6456
MAC.US.80035	6460
MAC.US.81035	6461
MAC.US.85013A.....R.....	6394
MAC.US.87082	6431
MAC.US.92050	6454
MAC.US.92077R.....	6461
MAC.US.93057R.....	6459
MAC.US.93062R.....	6446
MAC.US.95058R.....	6448
MAC.US.95086	6317
MAC.US.96016	6461
MAC.US.96020	6453
MAC.US.96072	6465
MAC.US.96081	6463
MAC.US.96093	6461
MAC.US.96123	6350
MAC.US.96135	6446
MAC.US.97009R.....	6329
MAC.US.97074	6329
MAC.US.r80025	6317
MAC.US.r90131	6460
MNE.US.-MNE027T...G...AAG...T...T...A...G.....	6825
MNE.US.82.MNE_8T...G...AA...T...T...A...G.....	6822
SMM.SL.92.SL92B	G...AGGA-TGAAAGC...T-T-C-T-AAG-A-A-A-G-C-C-C-A-C-A-C-T...	6790
SMM.US.-17EC1ACT.....A.....	7354
SMM.US.-17EFRACT.....A.....	7354
SMM.US.-F236_H4	G-GTCAGCG-T...AA-G-G-A--C-T-T...CAG-T-A-C-G...A-C-G...G-TT...T...	7304
SMM.US.-H9	---AAT-GC-TGAAAT-AA-C-C-A-C-T...T...CAG-T-A-C-G...Y-A-G...G-T-C...	6831
SMM.US.-PB114_15	---AAT-GC-T...AA-C-C-A-C-T...T...CAG-T-A-C-G...A-G...G-TT...	7134
SMM.US.-PB1A	---AAT-GC-T...AA-C-C-A-C-T...T...CAG-T-A-C-G...A-G...G-TT...	7133
SMM.US.-PBJ_143	---AAT-GC-TGAAAT-AA-C-C-A-C-T...T...CAG-T-A-C-G...Y-A-G...G-T-C...	6846
SMM.US.-PBJ_6P6	---AAT-GC-T...AA-C-C-A-C-T...T...CAG-T-A-C-G...A-C-G...G-TT...	7326
SMM.US.-PGM53	A-T-C-CT-G...A-A...A-C-T...T...CAG-T-A-C-G...A-C-G...G-T...	7294
SMM.US.-SME543	G-GCCAGCA-TGGAAGT-AG...A-C-G-T...CAG-T-G-A-C-G...A-C-G...G-TT...T...	7346
STM.US.-STM	---AATGTC-CTGGCAA-AG...C...C...GA-T-C-T-CAG-A-T-A-C...CT-A-G...A-T...C-C-T...A...	6993

V3 loop end

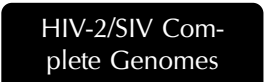
MAC.US.-.239 Env	TTATGCCTAAATGTTCTAAGGTGGTCTCTTCATGCAAAAGGATGATGGAGACACAGACTTCTACTTGGTTTGGCTTAAATGGAAGCTAGAGCAGAAAATAGAACTTATATTACTGGCATGGTAGGGATAATAGGACTATAAATAGTTTAAATAAGTATTATAATCTA	7524
	F M P K C S K V V V S S C T R M M E T Q T S T W F G F N G T R A E N R T Y I Y W H G R D N R T I I S L N K Y Y N L	
H2A.GM.MCN13	..GC..C..T..C.....A..A..CTG..A.....C..A.....A..G..A.....A.....C.....A..T..C..T.....C..A.....C..C..C.....C..A.....C..7036	
H2A.CI.88.UC2	..GCA..T..CG..A..A..A..CTG.....T.....A..G..A.....A.....C.....A..C..T.....A..C.....C..C.....C..C.....C..AC.....T..7554	
H2A.DE..BEN	..GAA..G..CA..A..A..A..CTG.....C.....A..G..A.....A.....C.....C.....C.....C.....C.....C.....C.....C.....C.....C.....7606	
H2A.DE..PEI2	..GA..C..G..C..A..A..A..CTG..A.....A.....A..G..A.....A.....C.....C.....G.....C.....T.....T..C.....C.....CAC.....C..7547	
H2A.GH..GH1	..CGA..A..G..G.....A..A..A..CT..A.....A.....A..G..A..C..C.....C.....C.....G.....G.....A..C..T.....C..A.....C.....C.....C.....C.....7023	
H2A.GM..ISY	..GA..C..T..C.....A..A..A..CT..A.....T.....A.....A..G..AC.....C.....C.....G.....C.....G.....A..C..T.....C..A.....T..C.....C.....C.....7020	
H2A.GM.87.D194	..GAA..G..C.....A..A..A..CTG.....A.....A.....A..G..A.....A.....C.....C.....G.....A.....A..C..T.....A.....A.....C.....C.....C.....7014	
H2A.GW..AL1	..GCA..C..T..C.....A..A..A..CTG..A.....C.....G.....A.....G.....A.....C.....C.....G.....C.....G.....A.....C.....T.....C.....C.....7587	
H2A.GW..MDS	..CA..C..T..C.....A..A..A..CTG..A.....T..C.....A.....A.....A.....G.....C.....C.....C.....C.....A..C..T.....AA..C..A.....C.....C.....7080	
H2A.GW.86.FG	..GCA..C..C..C.....A..A..A..CTG..A.....C..A.....A.....A..G..A.....A.....A.....C.....T.....AA..C..A.....T..C.....C.....C.....7011	
H2A.GW.87.CAM2CG	..GCA..C..C.....A..A..A..CT..A.....C..A.....A.....A..G..A.....A.....C.....G.....C.....C.....C.....G.....A..C..T.....AA..C..A.....C.....7609	
H2A.SN.85.ROD	..GCA..C..C.....A..A..A..CT..A.....C.....A.....A.....A..G..A.....C..A.....C.....C.....G.....A.....C..T.....C..A.....A.....C.....7049	
H2AB.CI..7312AC..C..AG.....A..A..G..C..T.....A.....A.....C.....A.....C.....T..A..G.....G..A..G..T.....A..AA.....T..A..C..G.....T..7588	
H2B.CI..EHO	..C.....C..AG.....A..A..A.....CTGTAC..A.....A.....C.....A.....C.....T..A..G.....C..G..A..C..T.....AA..C.....C..A..C.....TCA.....G..7565	
H2B.CI.88.UC1A.....C..AG.....A..A..G..C..T.....A.....A.....C.....A.....C.....T..G..GA.....G..A..G..T.....A..AA.....C.....C..A..C.....7578	
H2B.GH.86.D205	..C.....C..CAG.....A..A..CG..C..C.....A.....A.....T..C.....A.....C.....C.....T..A..G.....G..C..G..A..A..T.....AA..AA..C.....C..A..C.....7573	
H2B.JI01.KR020C..C..AGC.....A..A..A..C..C..T.....A.....A.....C.....G.....C.....T..A..G.....G..A..A.....AAAGC.....CG..C.....AA..A.....6696	
H2G.CI..ABT96	..GCA..T..C.....A..A.....A.....T.....A.....A.....A..C.....A.....C..G.....A..G.....A.....C..T.....G..A..C.....A.....C.....T..6937	
H2U.FR.96.12034T..C.....A..A..A.....A.....A.....A.....G..GA.....A..C.....A.....C.....T.....A.....A.....A.....A.....A.....C.....T..7066	
MAC.US.-.251.1A11A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....7520	
MAC.US.-.251.32H.PI5A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....7522	
MAC.US.-.251.BK28C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....7506	
MAC.US.-.MM142C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....7019	
MAC.US.-.SMM142BC.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....7016	
MAC.US.1937C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6630	
MAC.US.2065C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6630	
MAC.US.239.95112C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6620	
MAC.US.239.96114C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6626	
MAC.US.80035C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6630	
MAC.US.81035C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6631	
MAC.US.85013C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6564	
MAC.US.87082C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6601	
MAC.US.92050C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6624	
MAC.US.92077C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6631	
MAC.US.93057C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6629	
MAC.US.93062C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6616	
MAC.US.95058C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6618	
MAC.US.95086C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6487	
MAC.US.96016C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6631	
MAC.US.96020C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6623	
MAC.US.96072C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6635	
MAC.US.96081C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6633	
MAC.US.96093C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6631	
MAC.US.96123C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6520	
MAC.US.96135C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6616	
MAC.US.97009C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6499	
MAC.US.97074C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6499	
MAC.US.r80025C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6487	
MAC.US.r90131C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6630	
MNE.US.-.MNE027C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6995	
MNE.US.82.MNE_8C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....6992	
SMM.SL.92.SL92B	..GCA..T..AG.....A..A..A..A.....T.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....T..G..6960	
SMM.US.-.17EC1C.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....7524	
SMM.US.-.17EFRC.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....7524	
SMM.US.-.F236_H4	..GCT..C..A.....A..A..T.....A.....A.....G..A..C.....C.....T.....T.....G.....A..C..T.....C..AAAG.....A..C.....C..G.....7474	
SMM.US.-.H9	..GCT..C..A.....A..A..T.....A.....A.....A..A..C.....T.....C.....T.....T.....R..C..AAGC.....A..C.....C.....R.....7001	
SMM.US.-.PB114_15	..GCT..C..A.....A..A..T.....A.....A.....A..A..C.....T.....C.....T.....T.....C..AAGC.....A..C.....C.....7304	
SMM.US.-.PB1A	..GCT..C..A.....A..A..T.....A.....A.....A..A..C.....T.....C.....T.....T.....C..AAGC.....A..C.....C.....7303	
SMM.US.-.PBJ_143	..GCT..C..A.....A..A..T.....A.....A.....A..A..C.....T.....C.....T.....T.....R..C..AAGC.....A..C.....C.....R.....7016	
SMM.US.-.PBJ_6P6	..GCT..C..A.....A..A..T.....A.....A.....A..A..C.....T.....C.....T.....T.....C..AAGC.....A..C.....C.....7496	
SMM.US.-.PGM53	..GCT..C.....A.....T.....A.....G..A..C.....T.....C.....T.....G.....A..C..T.....A.....A.....C.....C.....7464	
SMM.US.-.SME543	..GCT..C.....A.....T.....A.....G..A..C.....T.....C.....T.....G.....A..C..T.....A.....A.....C.....C.....7516	
STM.US.-.STM	..GCA..T..C.....A..A.....C..G..T..T..A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....A.....C..T.....C..G..C.....C..T..7163	

	V4 loop start		V4 loop end	
MAC.US.-239	ACAATGAAATGTAGAAGACAGGAAATAGACAGTTTTACCAGTCCACATTATGCTGGATTGGTTTTCCACTCA.....CAACCA...ATCAATGATAGGCCAAAGCAGGCATGGTTGGTGGGAAATGGAAGGATGCAATAAAAGAGGTGAAGCAGACCAT	7685		
Env	T M K C R R P G N K T V L P V T I M S G L V F H S	Q P I N D R P K Q A W C W F G G K W K D A I K E V K Q T I		
H2A.GM.MCN13	..T-AC-T-AG-G-..GG--A-A-AC---A-G-AAGG-T---C-..G-GGTC-A-A-A-C-GA-A-A-CAA-TG---GA-C-GC-G-----G-A--C-7200			
H2A.CI.88.UC2	..-C-T-C-AG-----G--A-A-AC---A-CATAGG-T-T-T-..G-GTTC-CA-A-AA-T-GA-----C-..AA-C-G---A-GA-C-GC-G-----A-A--C-7218			
H2A.DE.-BEN	..-CGT-AG-----G--A-A-AC---A-A-A-G-T---T-..CACA---T-G-----CC-AA-C-G---G-A-A-C-GC-G-----A-A--C-7267			
H2A.DE.-PEI2	..-C-T-AG-G-----T--G-A-A-AC-G-A-GAGA-G-T---C-..G--GATC-A-A-A-C-----C-C-TG-T---A-A-A-C-GC-G-----A-A--C-7211			
H2A.GH.-GH1	T-T-AC-T-AG-----C--G-A-A-AC-C-A-G-A-G-T---C-..G--GATC-ACA-A-T-G-A-----C-CAA-C-G-G-A-C-GC-G-----A-A--C-7184			
H2A.GM.-ISY	..-C-ACTT-G-----A-A-AC-C-A-CCGAGG-T---C-..GAAGATC-A-A-AA-C-G-A-----CC-CAA-CG-G-A-C-GC-G-----A-A--C-7184			
H2A.GM.87.D194	..-C-T-AG-----G--A-A-AC---A-CGAAGG-T---T-..GG-GTCTA-CA-A-AA-TGG-----C-CAA-C-G---TA-A-C-GCGG-----A-A--C-7178			
H2A.GW.-AL1	..-T-C-T-AG-G-----G--A-A-AC---A-G-AA-A-T---C-..G--GATC-CA-A-A-C-GA-A-----C-CAA-CG---G-A-A-C-GC-G-----G-A--C-7248			
H2A.GW.-MDS	T-CT-C-T-AG-G-----A--GG-A-A-AC---A-A-A-G-T-T-C-..G-G-AGA-A-T-G-A-----C-CAAG-C-C---G-AGA-C-GC-G-----A-A--C-7241			
H2A.GW.86.FG	..-T-C-T-AG-G-G-----G--A-A-AT---A-G-TAAG-T---C-..G-GTTC-A-A-AA-C-G-A-----C-C-CC---A-C-GC-G-----G-A--C-7175			
H2A.GW.87.CAM2CG	T-T-T-T-AG-G-----GG-G-A-A-AC---A-GCAAAGG-T---C-..GG-ATC-T-A-A-C-G-A-----C-CAA-C-C---CA-A-C-GC-G-----A-A--C-7273			
H2A.SN.85.ROD	-GTT-C-T-AG-G-G-----T-GAA-A-A-A-TGC---A-CAT-G-T---CCACTAC-G-G-----A-A-A-C-GA-A-----C-CAA-C---A-C-C-GC-G-----G-A--C-7216			
H2AB.CI.-7312A	..-AC-T-AG-G-----C--G-A-A-AC-C-A-G-A-G-T---C-..G-T---A-A-A-T-G-A-----C-CAA-CG-G---G-A-C-GC-G-----A-A--C-7249			
H2B.CI.-EHO	..-C-C-A-G-----C-A-TG--G-G-A-A-GA-CCG---A-TA-TC-C-T---G-T---A-A-A-T-A-A-T---C-..AA-C-C-A-C-C-G-----A-G-----7226			
H2B.CI.88.UC1	..-C-T-C-AG-G-----C--CA-A-A-A-C---A-C-AA---T-G-----G-T-C---ACC-A-C-GA-A-T---C-..AAG-C---TA-A-C-GG-----A-G-----7239			
H2B.GH.86.D205	T--AC-C-AG-G-----C--G--A-A-GA-CCG---A-AC---T---G-----G-T---A-G-A-C-GA-A-T---C-..AAG-C---CA-A-C-G-----AAG-----7234			
H2B.JE01.KR020	..-AC-C-AG-G-----C-A-CC-G--A-A---A-TC-AA-C-T---G-----G-T-T-C-A-A-C-G-A-----C-..CAC-G-T-G-----G-----6857			
H2G.CI.-ABT96	..-A-R--G-----G-A-A-A-T-T---A-GC-AA-C-T---T---G-----A-A-C-GA-A-T---C-----A-A-C-GC-G-----A-A-G-A--G-7098			
H2U.FR.96.12034	..-T-C-AG-G-----C--G-A-A-AC-C-A-G-A-G-T---T---G-T---A-C-AT--A-A-T---T---A-GG-CC-G-----G-----7227			
MAC.US.-251_1A11	..A-----CA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7681			
MAC.US.-781_32H_P15	..-----CA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7683			
MAC.US.-251_BK28	..-----CA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7667			
MAC.US.-MM142	..-----C-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----7180			
MAC.US.-SMM142B	..-----C-----G-----G-----A-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.1937	..-----W-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.2065	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.239.95112	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.239.96114	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.80035	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.81035	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.85013	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.87082	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.92050	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.92077	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.93057	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.93062	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.95058	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.95086	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.96016	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.96020	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.96072	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.96081	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.96093	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.96123	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.96135	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.97009	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.97074	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.r80025	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MAC.US.r90131	..-----R-----M-----G-----T-----G-----A-----A-----7177			
MNE.US.-MNE027	..-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----7156			
MNE.US.82.MNE_8	..-----C-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----A-----A-----7153			
SMM.SL.92.SL92B	..-A-G-C-----CC---A-T-C-T-T-G-----G-----A-G-GA-A-C-----G-A-A-T-GC-G-----T-A-A-----7121			
SMM.US.-17EC1	..-A-G-C-----CC---A-T-C-T-T-G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----7685			
SMM.US.-17EFR	..-A-G-C-----CC---A-T-C-T-T-G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----7685			
SMM.US.-F236_H4	..-G-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----GC---AA-G-C-CC-G-A-----G-A--T-7635			
SMM.US.-H9	..-G-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----GC---AA-G-C-CC-G-A-----G-A--T-7635			
SMM.US.-PB114_15	..-G-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----GC---AA-G-C-CC-G-A-----G-A--T-7635			
SMM.US.-PB1A	..-G-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----GC---AA-G-C-CC-G-A-----G-A--T-7465			
SMM.US.-PBJ_143	..-G-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----GC---AA-G-C-CC-G-A-----G-A--T-7464			
SMM.US.-PBJ_6P6	..-G-----A-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----GC---AA-G-C-CC-G-A-----G-A--T-7177			
SMM.US.-PGM53	..-A-G-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----GC---AA-G-C-CC-G-A-----G-A--T-7625			
SMM.US.-SME543	..-A-G-----G-----C-----A-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----A-----A-----C-----C-----A-----GC---AA-G-C-CC-G-A-----G-A--T-7677			
STM.US.-STM	..-GC-----G-C-A-C-----A-C-C-T-G-----C-T---G-A-A-A-A-T---C-----G---GA-GA-----T-G-A--T-7324			

V5 loop start

MAC.US.-239	TGTCAAACTCCAGGTACTGGA...ACTAACAACTGATAAAATCAATTTGAGC...GCTCTGGA...GGAGGAGATCCGGAAGTACCTTCATGTGGACAAATTCAGAGGAGAGTTCCTCTACTGTAATAATGAATGGTTTCTAAATGGGTAGAAGATAGGA	7846
Env	V K H P R Y T G T N N T D K I N L T A P G G G D P E V T F M W T N C R G E F L Y C K M N W F L N W V E D R	
H2A.GM.MCN13	--CA-----AA-----C-TG-A-AA-G-T-T-C-T-A--A-A-AAG-CTC-C-A-G-GG-A-A-----T-C-----A-T-----C-C-----C-C-----A-A-A-7364	
H2A.CI.88.UC2	--CAGG-----C-AA-----C-TG--GAG-G-T-C-TGT--AAA-A-GTA-CTC-C-A-G-G-A-A-----T-C-----A-TT-----C-C-----C-C-----G-GA-C-A-7382	
H2A.DE.-BEN	--AC-----A-C-AA-----TC-TG--A-GG--T-C-T--AAA-G-GCA-CTC-C-A--GG-A-T-----T-C-----A-T-----C-C-----C-C-----A-C-A-7391	
H2A.DE.-PEI2	--G-----G-----C-G-C-AC-G-T-C-T-A--CAA-A-AAA-TTC-G-A--GGTA-A-----T-C-----A-T-A-----C-C-----C-C-----A-C-A-G-7875	
H2A.GH.-GH1	-A-A-----AA-----C-G-C-AA-G-T-T-C-T-A--AAA-A-AGA-CTC-C-A--GG-A-A-----T-C-----A-T-----C-C-----C-C-----A-C-AC-7348	
H2A.GM.-ISY	--CA-----AA-----C-TG-C-AA-----T-C-T-A--A-A-AAA-ACTC-C-A--AG-A-AT-----T-C-----A-T-----T-C-C-----C-C-----A-C-A-7348	
H2A.GM.87.D194	--CA-----CGGA-----A-TG--A-GA-----T-C-T--AAG-A-ATA-TTC-C-A--G-A-A-----T-C-----A-T-----T-C-C-----C-C-----A-A-7342	
H2A.GW.-AL1	--A-----AA-----C-TG-C-AA-CC--T-C-T-A--AAA-A-AGA-CTC-G-A--GGTA-AT-----T-C-----A-T-C-T-C-----T-C-----G-A-C-A-7912	
H2A.GW.-MDS	-A-A--C-----AG-----C-GT-C-TAACCA-T-T-CC-C--A-A-AAA-CTC-C-A--AG-A-A-----T-C-----A-T-----C-C-----C-C-----A-C-A-7405	
H2A.GW.86.FG	--CG-----A-AA-GAAC-GG-G-CGC-A-G-T-T-A-T-AA--A-A-GAGA-CTC-C-A--A-A-A-----T-C-----A-CT-----C-C-----C-C-----GA-C-A-7342	
H2A.GW.87.CAM2CG	--CGG-G-----AA-----C-A-C-TAACGG-T-T-CC-C-AA--A-A-AGA-TTC-C-A--G-A-A-----T-T-C-----A-TT-----C-C-CC-----C-C-----AA-AC-7937	
H2A.SN.85.ROD	--CA-----GA-----C-TG-C-AAGG-T-T-GC-TG-A--G-A-AAA-CTC-C-A--AG-A-A-----T-C-----A-T-----C-C-----C-C-----A-GA-A-7380	
H2AB.CI.-7312A	-A-A-----AA-----C-TG-C-AAGG-T-T-CC-T-A--AAA-A-ACA-CTC-C-A--GG-A-A-----T-C-----A-T-----C-C-----C-C-----A-C-A-7913	
H2B.CI.-EHO	-AAA-T-----A-T-A-----A-TG--TCTCAC-G-A-GG-AG-A--AG-AC-CGAGAA-CTC-C-A--A-GA-AT-----T-C-T-G-----T-C-TT-CT-C-----A-A-7890	
H2B.CI.88.UC1	CA-A-----AA-----A-T-C-C-G-GG-A-GA--GTA--GG-CTCGGCA-TTC-C-A-G-G-GACAT-----T-C-T-G-----A-T-T-----T-CC-CT-C-----G-GA-C-A-7903	
H2B.GH.86.D205	CA-A-----AA--GGT-A-A--TCACA-GCG-A-G-AGTATCA-AA-A-AAA-TTC-C-A--ACA-A-AT-----C-T-T-----T-CC-CT-C-----GA-C-A-7904	
H2B.JP01.KR020	--CA-G-----A-A-----A-G--C-CA--A-G-AG-A--AG-ACTCGCAA-CTC-C-A--A-GA-AT-----T-C-T-----TT-G-----T-C-----C-C-----A-7021	
H2G.CI.-ABT96	G-----G-C-----C-AA-----A-TG-C-AA-G-M-A-CC-T-T-A--A-A-GAA-TTC-A--A-AG-----T-----A-T-G-T-----C-----A-G-C-A-7262	
H2U.FR.96.12034	--C--C-----CA-T-----C-G--T-AG-C-G-A--C-G-A--AA-A-C-----T-T-A-G-A-AA-T-----T-C-----A-----G-CA-----C-C-----A-C-7388	
MAC.US.-251.1A11	-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----7842	
MAC.US.-251.32H.P15	-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----7844	
MAC.US.-251.BK28	-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----7828	
MAC.US.-MM142	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----7341	
MAC.US.-SMM142B	-----A-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----7338	
MAC.US.1937	-----R-----AR-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6952	
MAC.US.2065	-----R-----AR-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6952	
MAC.US.239.95112	-----R-----AR-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6942	
MAC.US.239.96114	-----R-----AR-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6948	
MAC.US.80035	-----R-----AR-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6952	
MAC.US.81035	-----R-----AR-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6953	
MAC.US.85013	-----R-----AR-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6886	
MAC.US.87082	-----R-----AR-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6923	
MAC.US.92050	-----R-----AR-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6946	
MAC.US.92077	-----R-----AR-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6953	
MAC.US.93057	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6951	
MAC.US.93062	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6938	
MAC.US.95058	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6940	
MAC.US.95086	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6809	
MAC.US.96016	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6953	
MAC.US.96020	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6945	
MAC.US.96072	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6957	
MAC.US.96081	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6955	
MAC.US.96093	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6953	
MAC.US.96123	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6842	
MAC.US.96135	-----G-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6938	
MAC.US.97009	-----R-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6821	
MAC.US.97074	-----R-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6821	
MAC.US.r80025	-----R-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6809	
MAC.US.r90131	-----R-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----6952	
MNE.US.-MNE027	-----C-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----7317	
MNE.US.82.MNE_8	-----C-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----7314	
SMM.SL.92.SL.92B	A-----C-----C-TG--AGG--T-C-A-----C-G-----G-----C-A-----A-----T-----C-C-----G-----7282	
SMM.US.-17EC1	-----C-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----7846	
SMM.US.-17EFR	-----C-----A-----A-----A-----T-----T-----G-----CA-----C-----A-C-----7846	
SMM.US.-F236_H4	G-----G-----TG--AGG--T-C-A-A-----A-C-----A-----C-T-T-----TC-----A-T-A-T-C-----T-----G-C-AG-7796	
SMM.US.-H9	G-----AG-----TR-K-Y-R-AC-T-GC-A-A-----A-----A-----T-----TC-----A-T-A-T-C-----T-----Y-TA-7323	
SMM.US.-PB114_15	G-----G-----T-G--AC-T-GC-A-A-----A-----A-----T-----TC-----A-T-A-T-C-----T-----TAC-7626	
SMM.US.-PB1A	G-----G-----T-G--AC-T-GC-A-A-----A-----A-----T-----TC-----A-T-A-T-C-----T-----A-----TAC-7625	
SMM.US.-PBJ_143	G-----AG-----TR-K-Y-R-AC-T-GC-A-A-----A-----A-----T-----TC-----A-T-A-T-C-----T-----Y-TA-7338	
SMM.US.-PBJ_6P6	G-----G-----T-G--AC-T-GC-A-A-----A-----A-----T-----TC-----A-T-A-T-C-----T-----TAC-7818	
SMM.US.-PGM53	G-----A-G-----TG-G-A-G-T-C-A-A-----A-----A-----C-T-T-----T-----T-----C-----T-----A-G-7786	
SMM.US.-SME543	G-----G-----TG--AGG--T-C-A-A-----A-C-----A-----C-T-T-----TC-----A-T-A-CT-C-----T-----G-C-AG-7838	
STM.US.-STM	G-----A-----C-TG-C-G-CA-A-GGA-AGT-----G-----A-G-C-----C-T-----A-T-T-T-C-----CT-----A-A-C-A-7485	

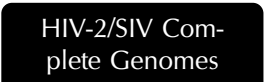
	ATACAGCTAAC	CAGAAGCCAAAGGAAACAGCATAAAAGGAATTACGTGCCATGTGCATATTAGACAATAATCAACACTTGGCATAAAGTAGGCAAAAATGTTTATTTGCCCTCAAGAGAGGGAGACCTCACGTGTAACCTCCACAGTGACCAGTCTC	8001
	N T A N	Q K P K E Q H K R N Y V P C H I R Q I T N T W H K V G K N V Y L P P R E G D L T C N S T V T S L	
MAC.US.-.239
Env
H2A.GM.MCN13	CACACCGC	-T	7489
H2A.CI.88.LUC2	CG.GCCAA	-A	8016
H2A.DE..BEN	-CCA-A	ACGG	8056
H2A.DE..PEI2	CACACC	-AC-G	8006
H2A.GH..GH1	CG-ATCAG	-CA	7482
H2A.GM..JISY	CGGGTCAAC	-G	7479
H2A.GM.87.D194	CG-ACCAA	-CA	7476
H2A.GW..AL1	CGGGTCAGG	-A	8046
H2A.GW..MDS	C-GATAAGCCA	7539
H2A.GW.86.FG	CGGGTCAG	-A	7476
H2A.GW.87.CAM2CG	C-ATA-G	-CA	8071
H2A.SN.85.ROD	CACACCGC	-T	7505
H2AB.CI.-.7312A	CGGGTCAG	-G	8047
H2B.CI.-.EHO	C-GGGCTC	-CA	8021
H2B.CI.88.UC1	CAGGTA	-A-CT	8037
H2B.GH.86.D205	CA-ATA	-A-CT	8038
H2B.JP01.KR020	CAGG-AT	-G	7152
H2G.CI.-.ABT96	---TGA	-CT	7417
H2U.FR.96.12034	GC-TG-AGGGA	7543
MAC.US.-.251.1A11	7997
MAC.US.-.251.32H.P15	---GT-A	8099
MAC.US.-.251.BK28	---GT-A	-C	7983
MAC.US.-.MM142	G-CT-A	-C	7496
MAC.US.-.SMM142B	G-CT-A	-C	7493
MAC.US.1937	7109
MAC.US.2065	7107
MAC.US.239.95112	7097
MAC.US.239.96114	---M-C	7103
MAC.US.80035	7107
MAC.US.81035	7108
MAC.US.85013	7041
MAC.US.87082	7078
MAC.US.92050	7101
MAC.US.92077	7108
MAC.US.93057	7106
MAC.US.93062	CA-AG-AAC	-G	7075
MAC.US.95058	7095
MAC.US.95086	6964
MAC.US.96016	7108
MAC.US.96020	7100
MAC.US.96072	7112
MAC.US.96081	7110
MAC.US.96093	---Y-A	7108
MAC.US.96123	6997
MAC.US.96135	7093
MAC.US.97009	6976
MAC.US.97074	6970
MAC.US.r80025	6964
MAC.US.r90131	7107
MNE.US.-.MNE027	---CTGA	-GGA	7478
MNE.US.82.MNE_8	---CTGA	-GGA	7475
SMM.SL.92.SL92B	---GAGC	-G	7452
SMM.US.-.17EC1	8001
SMM.US.-.17EFR	8001
SMM.US.-.F236_H4	---CCA	-AAGGGTGGCAGATGGAACAA	7966
SMM.US.-.H9	---A-AT	-G-TCT	7490
SMM.US.-.PB114_15	---A-AT	-G-TCT	7793
SMM.US.-.PB14	---A-AT	-G-TCT	7792
SMM.US.-.PB1_143	---A-AT	-G-TCT	7505
SMM.US.-.PB1_6P6	---A-AT	-G-TCT	7985
SMM.US.-.PGM53	---C--	-T-AGGTTCTCTATGGAACAA	7956
SMM.US.-.SME543	---CCA-AA	-GTAACAGATGGAACAA	8008
STM.US.-.STM	G-...	T-AG-AATGAGAGATTGGAACA	7655



Rev Responsive Element (RRE) start

MAC.US.-239 Env	A T A G C A A A C A T A G A T T G G A T T G A T G G A A A C C A A A C T A A T A T C A C C A T G A G T G C A G A G G T G G C A G A A C T G T A T C G A T T G G A A T T G G G A G A T T A A A T T A G T A G A G A T C A C T C C A A T T G G C T T G G C C C C A C A G A T T G T G A A G A G T A C A C T A C T A C T G T G G C A C	8162
	I A N I D W I D G N Q T N I T M S A E V A E L Y R L E E L G D Y K L V E I T P I G L A P T D V K R Y T T D G G T	
H2A.GM.MCN13 - T - - T - - G C A A - - - - T A - T - - A - - - - T - - T - - - A - C - A - G - - G - - A - A - A - C - A - T - - C A - A A - A - A - - T - C T - A C -	7644
H2A.CI.88.UC2 - T - - T - - C - C A - - - - T - - G - C - C - T - - T - - C - - - - A - - A - A - C - A - T - - A G - A A - A - A - - T T - C T - G C C -	8171
H2A.DE.-BEN - T - - T - - C A T A G A T - A A A - C - G - C T - - G - C - C - T - - T - - A - C - A - - C - - - - - C - - - - - A - - A - A - A - C - A - T - - C A - G A - - - - T T - C T - A A C -	8217
H2A.DE.-PEI2 - T - - T - - C A T T T - A T - - G - A - G C - T - - T - - - A - C - - - - - C - - - - - A - - A - A - C - A - T - - T C A - A A - A - A - - T T - C T - C -	8161
H2A.GH.-GH1 - T - - T - - C G T A A - - A T - - G - A - A - T - - T - - T - - - A - C - A - A - A G - A - A - C - A - T - - G A G A - A - A - A - T T - C T - G - C -	7637
H2A.GM.-ISY - T - - T - - T - - G T T G A - G A - A T - - G G - A - T - - T - - T - - - A - C - A - G - - - - - A G - A - A - C - - T - - C A - A A - A - A - - T T - C T - C -	7637
H2A.GM.87.D194 - T - - T - - C - C A - - - - - T - - G - C - C - T - - T - - A - C - A - G - C - C - G A - A G - A - A - C C G - C - A - T - - A - A - A - A - A - T T - C T - G - C -	7631
H2A.GW.-AL1 - T - - T - - A - C - - - - - C - - - - - G - A - - - T - - T - - A - C - A - - G - - - - - A - A - C - A - T - - T C A - A A - G - A - - T T - C T - A C -	8201
H2A.GW.-MDS - T - - T - - C G A C A - G - A T - - T - G - A - - T - - T - - T - A - C - A - - G - - - - - A - A - A - C - A - T - - C C A - A A - A C - A - T - C T - C -	CA 7694
H2A.GW.86.FG - T - - C - - T - - G C G A - A T - - A - A - T - - T - - T - - C - A - C - - - - - G - - - - - A - - A - A - C - A - T - - T C A - A - A - - T T - C T - C -	CA 7628
H2A.GW.87.CAM2CG - T - - T - - T - - C G A G G - A A T C - G A C - A - T - - T - - T - - T - G - - - - - G - - - - - A - A - A - C - A - T - - T C A C A A - A - A - T C C - C -	CA 8229
H2A.SN.85.ROD - T - - T - - T - - C C A A A - C A A T - T - G - A - C - T - - T - - A - C A - G G - - - - - G - - - - - A - A - A - C - A - T - - A - A - A A - A - A - T C T - C -	CA 7663
H2AB.CI.-7312A - T - - T - - T - - C G T A G A C G - A - G - A A T - G G - A - T - - T - - T - - C - A - A A - A G - G - A - T - C - A - T - - T C A - A A - A - A - - T T - C T - A C -	C 8208
H2B.CI.-EHO - C - - - - T - - C A - - A A G - - T T - - T - T G - - - - A - T - A A - C - G - C - C - A - A - A - A - A - T - A - T - - A G - A - A - A - A - T T - C T - A T G -	8179
H2B.CI.88.UC1 - C - - - - T - - C G T - T A T T A T G A T G G C A - - A T - C - A - G - C - T - - T - - A - T - G - C A - - - - - C - G - C - C - A - A - A - A - G - T - A - T - - G A - A - A - A - T T - C T - A A C G -	8204
H2B.GH.86.D205 - C - - - - C A - C - C A C A A C - G T A C C - C - T T - T G - - - - A - T - A - - - - - C - G - C - C - A - A - A - A - C - A - T - - A - - A - A - - T T - C T - A T A -	A 8193
H2B.JP01.KR020 - C - - - - T - - - - - C A A - - A A T - T A G G - C - - - - T - - T - - A - - T - A - - - - - C - G - C - C - C - A - A - A - A - T - A - T - - A G - A - A - A - - T T - C T - A C G -	7310
H2G.CI.-ABT96 - G - - T - - A G A A A T - G G T C - A A C - - - - T - - A - - T T T - C - A - - A - G - - - - - A - A - A - T - A - T - - A - - A - A - - T T - C T - T G -	7578
H2U.FR.96.12034 - T - - - - T - - T - - C A - C A A - T - - A - - T - - - - C - A - A - A - G - G - G - - - - - A - A - G A - T - T - - C C A - A - A - A - T T - C T - A T G -	7701
MAC.US.-251.1A11 - - C - - - - - - - - - - - - - - -	8158
MAC.US.-251.32H.PI5 - - - - - - - - - - - - - - - - -	8140
MAC.US.-251.BK28 - - - - - - - - - - - - - - - - -	8144
MAC.US.-MM142 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7657
MAC.US.-SMM142B - - - - - - - - - - - - - - - - -	7654
MAC.US.1937 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7270
MAC.US.2065 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7268
MAC.US.239.95112 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7258
MAC.US.239.96114 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7264
MAC.US.80035 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7268
MAC.US.81035 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7269
MAC.US.85013 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7202
MAC.US.87082 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7239
MAC.US.92050 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7262
MAC.US.92077 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7269
MAC.US.93057 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7267
MAC.US.93062 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7236
MAC.US.95058 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7256
MAC.US.95086 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7125
MAC.US.96016 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7269
MAC.US.96020 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7261
MAC.US.96072 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7273
MAC.US.96081 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7271
MAC.US.96093 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7269
MAC.US.96123 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7158
MAC.US.96135 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7254
MAC.US.97009 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7137
MAC.US.97074 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7131
MAC.US.r80025 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7125
MAC.US.r90131 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7268
MNE.US.-MNE027 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7639
MNE.US.82.MNE_8 - - - - - - - - - - - - - - - - -	7636
SMM.SL.92.SL92B - T - T - C A A C - T G - G - C - - - T - - - - A - - - - - T - - - - G - - - - - G - - - - - A - T - - - C - - - - A - - - - - C - A A -	7610
SMM.US.-17EC1 - - - - - - - - - - - - - - - - -	8162
SMM.US.-17EFR - - - - - - - - - - - - - - - - -	8162
SMM.US.-F236_H4 - G - G C A - A C - T G - G - C G C - - A - T A G - A - G A - C - A A C - T G -	8127
SMM.US.-H9 - G - A C A - C T A - G - C G G - - - - - T - - - - - C A G - A - A - C - A A C - T G -	7651
SMM.US.-PB114_15 - G - A C A - C T G - G - C G C - - - - - T - - - - - C A G - A - A - C - A A C - T G -	7954
SMM.US.-PBJ1 - G - A C A - C T G - G - C G C - - - - - T - - - - - C A G - A - A - C - A A C - T G -	7953
SMM.US.-PBJ_143 - G - A C A - C T A - G - C G G - - - - - T - - - - - C A G - A - A - C - A A C - T G -	7666
SMM.US.-PBJ_6P6 - G - A C A - C T G - G - C G C - - - - - T - - - - - C A G - A - A - C - A A C - T G -	8146
SMM.US.-PGM53 - G - T - - C - - - - - C - - - - - G - C - C C A - G G - - - - - T - - - - - C A G - A - A - A - - - - - G -	8114
SMM.US.-SME543 - G - G C A - A A C T G - G - C G G - - - - - T - - - - - C A G - A - G A - C - A A C - T G -	8169
STM.US.-STM - T - - C - C - A - C A A T - T G - G - C - - - T G C A - C - - - - - A - A - A - G A - A - A - A -	7813

Accession	Env gp120 end Env gp41 start	8332
MAC.US.-.239 Env	CTCAAGAAATAAAGAGGGGCTTTGTGCTAGGGTTCCTGGGTTTTCTCGAACGGCAGGTTCTGCAATGGCGCGGCGTCCTGACGCTGACCCGAACTTTATTGGCTGGGATAGTGCAGCAACAGCAACAGCTGTTGGACGTGGTCAAGAGACAACAAG	8332
H2A.GM.MCN13	AATG--G--C--G--T--G--C--.....--A--C--.....--C--A--T--G--T--G--C--C--.....-G-7814	
H2A.CI.88.UC2	AG--G--C--.....T--G--C--.....G--A--.....G--.....C--.....T--A--C--.....G--.....A--A-8341	
H2A.DE.-.BEN	AGTG--G--C--.....T--G--C--.....C--.....C--.....CG--CC--T--A--C--.....G--C--C--.....A--A-8387	
H2A.DE.-.PEI2	ACAG--G--C--.....T--G--.....AG--.....G--.....G--.....C--.....T--G--TC--G--CT--AC--G--.....A--A-8331	
H2A.GH.-.GH1	AGTG--G--C--.....T--G--.....G--A--.....G--.....G--.....C--.....T--G--.....C--C--.....A--7807	
H2A.GM.-.JSY	AGGG--C--G--T--GC--.....C--A--.....A--G--A--.....G--.....G--TC--T--G--T--G--.....CCG--.....7807	
H2A.GM.87.D194	AGTG--G--C--.....T--G--C--.....G--A--.....G--.....A--GC--C--T--G--.....C--C--.....7801	
H2A.GW.-.AL1	AAGG--G--.....T--G--C--.....A--.....G--.....A--AG--T--A--.....T--T--.....T--G--.....G--.....6-8371	
H2A.GW.-.MDS	-G--G--C--.....T--G--.....C--.....A--.....A--.....G--.....C--.....T--A--.....T--G--.....C--C--.....7864	
H2A.GW.86.FG	-CAG--C--C--T--G--.....C--A--.....A--.....A--.....C--.....T--A--.....T--G--.....C--C--.....T--7798	
H2A.GW.87.CAM2CG	-GGG--CC--T--CG--.....A--.....A--AGT--.....A--.....C--.....T--A--C--.....T--G--.....C--C--.....A--T-8399	
H2A.SN.85.ROD	-GGG--C--C--T--G--C--.....A--.....A--.....CC--CG--T--G--.....G--.....C--C--.....7833	
H2AB.CI.-.7312A	GGGG--C--.....T--A--C--.....A--G--A--.....AG--.....C--.....T--G--.....T--G--C--C--.....A--8378	
H2B.CI.-.EHO	AC--G--G--.....T--AC--.....T--A--C--T--G--.....C--.....T--T--G--.....G--.....CG--.....A--8349	
H2B.CI.88.UC1	AC--G--G--.....T--AA--G--.....A--.....AC--T--T--.....AA--C--.....T--A--.....G--.....C--.....G--.....A--G-8374	
H2B.GH.86.D205	AC--G--G--.....T--AA--G--.....A--.....C--T--.....AA--T--.....T--A--.....G--.....C--.....CTG--.....A--G-8363	
H2B.JE01.KR020	AC--G--G--.....T--ACCG--.....T--A--T--.....C--.....T--T--G--C--.....G--.....G--.....C--.....A--G-7480	
H2G.CI.-.ABT96	AC--G--A--.....T--A--.....T--A--T--T--.....A--A--.....T--G--.....G--.....G--.....T--.....G-7748	
H2U.FR.96.12034	AC--G--G--.....G--A--A--.....T--.....C--.....T--.....T--A--.....G--.....C--.....A--.....7871	
MAC.US.-.251.1A11G--.....A--.....G--.....T--.....8328	
MAC.US.-.251.32H.PI5G--.....A--.....G--.....T--.....8320	
MAC.US.-.251.BK28G--.....G--.....G--.....8314	
MAC.US.-.MM142CG--.....G--.....7827	
MAC.US.-.SMM142BCG--.....G--.....7824	
MAC.US.1937R--.....7440	
MAC.US.2065R--.....7438	
MAC.US.239.951127428	
MAC.US.239.961147434	
MAC.US.800357438	
MAC.US.810357439	
MAC.US.850137372	
MAC.US.870827409	
MAC.US.920507432	
MAC.US.920777439	
MAC.US.930577437	
MAC.US.930627406	
MAC.US.950587426	
MAC.US.950867295	
MAC.US.960167439	
MAC.US.960207431	
MAC.US.960727443	
MAC.US.960817441	
MAC.US.960937439	
MAC.US.961237328	
MAC.US.961357424	
MAC.US.97009G--.....7307	
MAC.US.970747301	
MAC.US.r800257295	
MAC.US.r901317438	
MNE.US.-.MNE027	C--.....A--.....G--.....7809	
MNE.US.82.MNE.8	--.....A--.....G--.....7806	
SMM.SL.92.SL92B	--AG--.....A--.....G--.....A--C--A--.....T--.....G--.....A--.....7780	
SMM.US.-.17EC1G--.....G--.....G--.....G--.....7832	
SMM.US.-.17EFRG--.....G--.....G--.....G--.....8332	
SMM.US.-.F236_H4G--.....G--.....CG--.....T--G--.....G--.....G--.....T--.....8297	
SMM.US.-.H9G--.....A--.....CG--.....T--G--.....G--.....G--.....T--.....7821	
SMM.US.-.PB114_15G--.....A--.....CG--.....T--G--.....G--.....G--.....T--.....8124	
SMM.US.-.PB1AG--.....A--.....CG--.....T--G--.....G--.....G--.....T--.....8123	
SMM.US.-.PBJ_143G--.....A--.....CG--.....T--G--.....G--.....G--.....T--.....7836	
SMM.US.-.PBJ_6P6G--.....A--.....CG--.....T--G--.....G--.....G--.....T--.....8316	
SMM.US.-.PGM53G--.....A--.....CG--.....T--G--.....G--.....G--.....T--.....A--8284	
SMM.US.-.SME543G--.....A--G--.....C--.....CG--T--G--.....G--.....G--.....T--.....8339	
STM.US.-.STM	C--G--.....C--.....G--.....A--.....C--.....G--.....G--.....A--.....7983	



MAC.US.-.239
Env
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-BEN
H2A.DE.-PEI2
H2A.GH.-GH1
H2A.GM.-ISY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-AL1
H2A.GW.-MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2CG
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-.7312A
H2B.CI.-EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP.01.KR020
H2G.CI.-ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-.251.1A11
MAC.US.-.251.32H.PI5
MAC.US.-.251.BK28
MAC.US.-.MM142
MAC.US.-.SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-.MNE027
MNE.US.82.MNE.8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.-.17EC1
SMM.US.-.17EFR
SMM.US.-.F236_H4
SMM.US.-.H9
SMM.US.-.PB114_15
SMM.US.-.PB1A
SMM.US.-.PB1_143
SMM.US.-.PB1_6P6
SMM.US.-.PGM53
SMM.US.-.SME543
STM.US.-.STM

Table with columns: Sequence alignment (E L L R L T V W G T K N L Q T R V T A I E K Y L K D Q A Q L N A W G C A F R Q V C H T T V P W), Reference sequence (RRE end, CCAAATGCAAGTCTAACA 8490), and Position (8490-8149). Rows represent different HIV-2/SIV strains, showing nucleotide alignments and gaps (indicated by dashes) relative to the reference sequence.

MAC.US.-.239 Env
H2A.GM.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.-BEN
H2A.DE.-PEI2
H2A.GH.-GH1
H2A.GM.-ISY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.-AL1
H2A.GW.-MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2CB
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.-.7312A
H2B.CI.-EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.-ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.-.251.JA11
MAC.US.-.251.BK28
MAC.US.-.251.BK28
MAC.US.-.MM142
MAC.US.-.SMM142B
MAC.US.1937
MAC.US.2065
MAC.US.239.95112
MAC.US.239.96114
MAC.US.80035
MAC.US.81035
MAC.US.85013
MAC.US.87082
MAC.US.92050
MAC.US.92077
MAC.US.93057
MAC.US.93062
MAC.US.95058
MAC.US.95086
MAC.US.96016
MAC.US.96020
MAC.US.96072
MAC.US.96081
MAC.US.96093
MAC.US.96123
MAC.US.96135
MAC.US.97009
MAC.US.97074
MAC.US.r80025
MAC.US.r90131
MNE.US.-.MNE027
MNE.US.82.MNE.8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.-.17EC1
SMM.US.-.17EFR
SMM.US.-.F236_H4
SMM.US.-.H9
SMM.US.-.PB114_15
SMM.US.-.PB1A
SMM.US.-.PB1_143
SMM.US.-.PB1_6P6
SMM.US.-.PGM53
SMM.US.-.SME543
STM.US.-.STM

Sequence alignment table with columns for amino acid positions (P, K, W, N, N, E, T, W, Q, E, W, E, R, K, V, D, F, L, E, E, N, I, T, A, L, L, E, E, A, Q, I, Q, Q, E, K, N, M, Y, E, L, Q, K, L, N, S, W, D, V, F, G, N, W, F, D, L, A, S) and corresponding nucleotide sequences for various HIV-2/SIV strains.

MAC.US.-.239
 Env
 Tat exon 2
 Rev exon 2
 H2A.GM.MCN13
 H2A.CL88.UC2
 H2A.DE.-.BEN
 H2A.DE.-.PEI2
 H2A.GH.-.GHI
 H2A.GM.-.JBY
 H2A.GM.87.D194
 H2A.GW.-.ALI
 H2A.GW.-.MDS
 H2A.GW.86.FG
 H2A.GW.87.CAM2CG
 H2A.SN.85.ROD
 H2AB.CL.-.7312A
 H2B.CL.-.EHO
 H2B.CL88.UC1
 H2B.GH.86.D205
 H2B.JP01.KR020
 H2G.CL.-.ABT96
 H2U.FR.96.12034
 MAC.US.-.251.1A11
 MAC.US.-.251.32H.PJ5
 MAC.US.-.251.BK28
 MAC.US.-.MM142
 MAC.US.-.SMM142B
 MAC.US.1937
 MAC.US.2065
 MAC.US.239.95112
 MAC.US.239.96114
 MAC.US.80035
 MAC.US.81035
 MAC.US.85013
 MAC.US.87082
 MAC.US.92050
 MAC.US.92077
 MAC.US.93057
 MAC.US.93062
 MAC.US.95058
 MAC.US.95086
 MAC.US.96016
 MAC.US.96020
 MAC.US.96072
 MAC.US.96081
 MAC.US.96093
 MAC.US.96123
 MAC.US.96135
 MAC.US.97009
 MAC.US.97074
 MAC.US.r80025
 MAC.US.r90131
 MNE.US.-.MNE027
 MNE.US.82.MNE.8
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.-.17EC1
 SMM.US.-.17EFR
 SMM.US.-.F236_H4
 SMM.US.-.H9
 SMM.US.-.PB1J14_15
 SMM.US.-.PB1A
 SMM.US.-.PB1J_143
 SMM.US.-.PB1J_6P6
 SMM.US.-.PGM53
 SMM.US.-.SME543
 STM.US.-.STM

TTGGATAAAGTATATACAATATGGAGTTTATATAGTTGTAGGAGTAATACTGTAAAGAATAGTGATCTATATAGTACAAATGCTAGTCAAGTAAAGCCAGGGGTATAGGCCAGTGTCTCTCCACCCTTTATTTCCAGCAGACCCATATCCAACAGGCCGGCAC 8830
 W I K Y I Q Y G V Y I V V G V I L L R I V I Y I V Q M L A K L R Q G Y R P V F S S P P S Y F Q Q T H I Q Q D P A
 N P I S N R T R H
 N P Y P T G P G T
 C-----T-----A-AA-----A-G-G-TC-T-----A-A-----G--T-AG-GAC-T-AA-----C-----T-T-----C--GG--CC---A---T-----CA---TG-A---8312
 C---C-A---T-----G-----A-----A-----GCT-----CA-A-G-----G--T-T-AG-GA-T-AA-----C-----T-T-----C--GG--C---A---T-----TACA---G-G---8839
 C--G-C---T-----GC-----A-G-----A-----GCT-----CA-A-G-----G--T-T-AG-GA-T-AA-----C-----T-T-----C--GG--C---A---T-----CA---G-G---8885
 C---T-----T-G-----G-A-AA-----A-----GCT-----A-A-G-----T-A-AG-GAC-T-AA-----C-----T-T-----C--GG--A---A---T-----CA---TG-A---8829
 C---C-----T-----CATG-----A-----A-----G-GTC-C-----CA-A-G-----G--T-T-AG-GAC-T-AA-----C-----T-T-----T--GG--C---A---T-----CAC---G-G---8305
 C---C-A---T-----A-----A-----A-----GGT-----CC-A-G-----G--T-T-AG-GAC-T-AA-----C-----T-T-----C--GG--C---A---T-----CAC---AG-G---8299
 C--G-C---T-----A-A-----A-G-GCTC-T-----A-A-G-----G--T-T-AG-GAC-C-A-----C-----T-T-----C--GG--CA---A---T-----CA---A-A---8869
 C---C-----T-----C-----A-----A-----G-GT-----A-A-G-----G--T-T-AG-GAC-T-AA-----C-----T-T-----C--GG--A---A---T-----CA---G-A---8362
 C--G-C-G---T-----G-A-----A-G-GCT-----A-A-G-----G--T-T-AG-GAC-T-AA-----C-----T-T-----C--GG--CA---A---T-----CA---A-A---8296
 C---C-GC---T-----A-----A-----G-GT-----A-A-G-----G--T-T-AG-G-C-T-AA-----C-----T-T-----C--GG--A---A---T-----CA---A---8897
 C--G-C-A---T-----GCT-----A-A-----C-----GCT-----A-G-----T-AG-G-C-T-AA-----C-----T-T-----C--GG--A---A---T-----CA---G-G---8331
 C--G-C-A---T-G-----A-----A-G-GCTC-C--G-A-A-A-G-----A--G-GAC-T-AAGA-C-----T-T-----C--GG--C---A---T-G-----CA---A-A---8876
 C---GGCA-C-CAGG-TA---T-A-----AA-----A-G-G-A-----CA-A-C-TA-G-----A-G-C-T-A-----A-----C-----T-----ACT-A---T-C-----GCA---G-G---8847
 C---GGCA-C-CAGG-TA---C-A-----G-A-C-----T-----G-----A-----A-C-TA-G-----A-GAC-T-A-----C-----T-----ACT-A---T-C-----GCA-AC---G-G---8872
 C---A---C-T-TA---C-A-----A-C-----GT-G-G-----AG-A-C-T-G-G-----A-GAC-T-A-----C-----T-----ACT-A---T-C-----GCA---G-G---8861
 C---GC---C-ATA---T-A-----G-A-A-----G-G-G-AC-----A-A-C-TT-G-G-----A-GAC-T-AA-----C-----T-----G-T-A---T-C-----CA---G-A-G---8978
 C--G-T-A---CG-TT-C-TA---CC---G-G-C-----G-----C-A-----G-----A--GA-GAC-T-A-----T-T-YT-----T-----G-T-----T-----GCA---A-A---8258
 A--G-T-A---G-T-C-TA---C-G-G-----A-C-----A-AC-T-----A-G-----GC-T--G-GTC-T-A-A-T-----T-----AC-----G-TG-A---T-C-----G---A-A---8369
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8826
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8828
 -----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8812
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8325
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8329
 -----R-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8938
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7936
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7926
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7932
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7936
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7937
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7870
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7907
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7930
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7937
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7935
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7904
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7924
 -----R-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7793
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7937
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7929
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7941
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7939
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7937
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7826
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7922
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7805
 -----R-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7799
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7793
 -----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----7936
 -----G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----8307
 -----G-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----C-----8304
 C--G-GA-C--G--C-T-C-CA--A-A-G-T--T-G--T-AG-G--T-T-T-C--C-A--CAT--T--G-G--A--A--8278
 -----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----8830
 -----GA-----T-ACT--C-----GGA-----A-A-G-G-G-T--G--A--T-----T-G--G-T--T-C--CA--G-A--A--8795
 -----A-----T-ACTG--C-----GGA-----A-G-G-G-T--G--A--T-----T-G--R-G-TY--T-C--Y-RAC--G-A--A--8319
 -----A-----T-ACTG--C-----GGA-----A-G-G-G-T--G--A--T-----T-G--G-T--T-C--GAC--G-A--A--8622
 -----A-----T-ACTG--C-----GGA-----A-G-G-G-T--G--A--T-----T-G--G-T--T-C--Y-RAC--G-A--A--8621
 -----A-----T-ACTG--C-----GGA-----A-G-G-G-T--G--A--T-----T-G--R-G-TY--T-C--Y-RAC--G-A--A--8334
 -----A-----T-ACTG--C-----GGA-----A-G-G-G-T--G--A--T-----T-G--G-T--T-C--GAC--G-A--A--8814
 -----A-----G-----T-ACT--C-----G-G-----A-G-G-----A-----G-----A-----T-----T-GT--G-T--T-C--CA--G-A--A--8782
 -----GA-----T-ACTA--T-----G-G-----A-A-G-----A-----G-----A-----T-----T-G--G-T--T-C--CA--G-A--A--8837
 ---G--GA-C-----A--T--A---T-G-A-----G--CA-----A-G--T--T--G-C-T--A-A-T--C--T-----T-----G-GGT-----T-C-----CA--G-A--A--8481

Tat Rev intron end Tat Rev exon 2 start

	Rev end	Nef start	
MAC.US.-.239	CCAACTCCAGAGGCTCTGCGACCTACAGAGGATT	CGA.GAAGTCCTCAGGACTGAAGCTACCTACAATATGGTGGAGCTATTTCCATGAGGCGGTCCAGGCGTCTGGAGATCTGCGACAGAGACTTTGCCGGCGCTGGGAGAC.TTATGGGAGCT	9168
Nef	P I L Q R L S A T L Q R I R # E V L R T E L T Y L Q Y G W S Y F H E A V Q A V W R S A T E T L A G A W G D # L W E T	M G G A I S M R R S R P S G D L R Q R L L R A R G E T # Y G R L	
Rev exon 2	T N T P E A L C D P T E D S # R S P Q D *		
H2A.GM.MCN13	--G-TT---T-TCAGAG-G-A-GACAGCA-CA-CTGG-A-A--CGCAG---T-G-G-----CGAG-GGA--A-GA--T---T-GCA--GG-A--G-----A-----A-----G-G-G-A		8650
H2A.CI.88.UC2	--TG-CTC---AT-G.....ACAGCA-CA-G-CTGG-G-ACT-A-GGC-G---G-----CGAG-GGA--A-A-TT--A-AA-GCA-GA--G-----A-G-GG---TA-G-A		9165
H2A.DE.-BEN	--TG-CTC---T-A.....ACAGCA-CA-G-CTGG-G-ACT-A-GGC-G-C-A-G-----CGAG-GGA--A-A-TT--A-AT-GC--GA-A--G-----TG---AG-A		9211
H2A.DE.-PEI2	--T-CT---T-TCAGAGAG-A-ACA-CA-CA-G-CTGG-G-ACT-AC-A-AG-----G-----CGAG-GGA--A-A-T-C---T-C-TGCA-GA-A--G-----A-----A-----G-G-G-A		9167
H2A.GH.-GH1	--TG-CTC---AT-A.....ACAGCA-CA-G-CTGG-G-ACT-CA-GGAG-----G-G-----G-CGAG-GGA--A-A-AT--A-AT-GCA-AGA-A--G-----A-A-A--A-G-GG---T-CAG-A		8631
H2A.GM.-JBY	--TG-CTC---T-A.....ACAGCA-CA-G-CTGG-G-ACT-CA-GGAG-----G-G-----CGAG-GGA--A-A-T---C-GC--GGT-A-A-G-----A-A-G--A-GAG--G--G-G		8610
H2A.GM.87.D194	--TG-CTC---T-A.....ACAGCA-CA-G-CTGG-G-ACT-A-GGC-G-----G-----CGAG-GGA--A-A-T-GA-AT-GCA-GA--G-----A-----A-----A-G-GG---T-AG-A		8625
H2A.GW.-ALI	--G-CT---G-T-TCAGAGAG-G-GACA-CA-CA-G-CTGG-G-ACT-A-GCAG-----G-G-----CGAG-GGA--A-A-T-G--T-TGCA-GAT--G-----A-AAA-A-C-A-----G-G-G-A		9207
H2A.GW.-MDS	--C-CT---AT-A.....ACAGCA-CA-G-CTGG-G-ACT-AG-A-AG-----T-----CGAG-GGA--A-A-T---T-GC--GGT-A-A-G-----A-A-CA-G-G-----G-G-G-A		8679
H2A.GW.86.FG	--G-CT---T-CAGAGAG-A-ACAGCA-CA-CTGG-G-CT-A-GCAG-----G-G-----CGAG-GGA--A-A-T---A-C-TGCA-GA-A-A-G-----A-----G-A-----G-AG-G		8634
H2A.GW.87.CAM2CG	--C-C---AT-A.....ACAGCA-CA-CTGG-G-CT-A-G-AG-----T-----CGAG-GGA--A-A-T---CTGCA-GG-A-A-G-----A-----G-A-----G-GA-TG		9214
H2A.SN.85.ROD	--TC-CTA---AT-A.....ACAGCA-CA-CTGG-G-ACT-AG-ACAG-----T-T-G-----CGAG-GGA--A-A-AT---C-GC--GG--A-A-G-----CA-G-G-----G-AG-GTA		8648
H2AB.CI.-7312A	--GCT-----C-CCA---CTCCTGT-TG-G---C-----ATCG--GG--A-A-A--A-A-CAGC-G-GG-A-GG-----A-A-AG-A-GAC-----G-----9181		
H2B.CI.-EHO	--G-----C-CCG---CT-CC-CTG-A---C-G-----ATC--GG--A-A-AA--A-A-CAGCC--GG---GG-----A--GC-A-GAC--CG--GAGTC		9152
H2B.CI.88.UC1	--GC-----C-CCG---CT-TC--TG-A---C-G-----ATC--GG--A-A-AA--A-A-CAAC--GG---G-----AA-A-AG-AA--C-C-----A-AG--9177		
H2B.GH.86.D205	--A-CTCAACC-AT-----C-CCA---CTCCCGG-TG-G---C-G-----ATC--GG--A-A-C-G-GA-G-CAGCA-GG-A-GG--A-----A-T-CG-A-AGAC-----G--9175		
H2B.JP01.KR020	--T-G-T-----C-CAG---ACT-CC--TG-A---C-----ATCG--GG--A-A-AA--A-A-CAGC--GG---GG-----A-AAA-A-AG-AA-G-C-C-----G--9283		
H2G.CI.-ABT96	--GC-GT---A-AA---CAG---C-AGCA-A---CAT--C-CTA--GCAG-T--TT-CAGC---TCC--GGC--A-A--TG-ACC-A-CACT--GG--CA-----A-AA-A--A-C-----A-A--8596		
H2U.FR.96.12034	--GT-GT---CA---CGT--GCACCT--A-AG-T-----CAG--A-A-A-AT--A-AT--A-G-T-G--A-G--CG-----AGCC-A-A-G-A---A-C-----A-G--8686		
MAC.US.-.251.AA11			9164
MAC.US.-.251.32H.PJ5			9166
MAC.US.-.251.BK28			9150
MAC.US.-.MM142			8663
MAC.US.-.SMM142B			8660
MAC.US.1937A			8276
MAC.US.2065			8274
MAC.US.239.95112			8270
MAC.US.239.96114			8274
MAC.US.80035			8275
MAC.US.81035			8208
MAC.US.85013			8245
MAC.US.87082			8268
MAC.US.92050			8275
MAC.US.92077			8273
MAC.US.93057			8242
MAC.US.93062			8262
MAC.US.95058			8131
MAC.US.95086			8275
MAC.US.96016			8267
MAC.US.96020			8279
MAC.US.96072			8277
MAC.US.96081			8275
MAC.US.96093			8164
MAC.US.96123			8260
MAC.US.96135			8143
MAC.US.97009			8137
MAC.US.97074			8131
MAC.US.r80025			8274
MAC.US.r90131			8645
MNE.US.-.MNE027			8642
MNE.US.82.MNE.8			8616
SMM.SL.92.SL.92B			9168
SMM.US.-.17EC1			9168
SMM.US.-.17EFR			9168
SMM.US.-.F236.H4			9133
SMM.US.-.H9			8657
SMM.US.-.PB114.15			8960
SMM.US.-.PB1A			8959
SMM.US.-.PB1.143			8672
SMM.US.-.PB1.6P6			9152
SMM.US.-.PGM53			9111
SMM.US.-.SME543			9175
STM.US.-.STM			8819

MAC.US.-.239
 Env
 Nef
 H2A.GM.MCN13
 H2A.CI.88.UC2
 H2A.DE.-BEN
 H2A.DE.-PEI2
 H2A.GH.-GH1
 H2A.GM.-J57
 H2A.GM.87.D194
 H2A.GW.-ALI
 H2A.GW.-MDS
 H2A.GW.86.FG
 H2A.GW.87.CAM2C6
 H2A.SN.85.ROD
 H2AB.CI.-7312A
 H2B.CI.-EHO
 H2B.CI.88.UC1
 H2B.GH.86.D205
 H2B.JP01.KR205
 H2G.CI.-ABT96
 H2U.FR.96.12034
 MAC.US.-.251.A111
 MAC.US.-.251.32H.P15
 MAC.US.-.251.BK28
 MAC.US.-.MM142
 MAC.US.-.SMM142B
 MAC.US.1937
 MAC.US.2065
 MAC.US.239.95112
 MAC.US.239.96114
 MAC.US.80035
 MAC.US.81035
 MAC.US.85013
 MAC.US.87082
 MAC.US.92050
 MAC.US.92077
 MAC.US.93057
 MAC.US.93062
 MAC.US.95058
 MAC.US.95086
 MAC.US.96016
 MAC.US.96020
 MAC.US.96072
 MAC.US.96081
 MAC.US.96093
 MAC.US.96123
 MAC.US.96135
 MAC.US.97009
 MAC.US.97074
 MAC.US.r80025
 MAC.US.r90131
 MNE.US.-.MNE027
 MNE.US.82.MNE.8
 SMM.SL.92.SL.92B
 SMM.US.-.17EC1
 SMM.US.-.17EFR
 SMM.US.-.F236_H4
 SMM.US.-.H9
 SMM.US.-.PB114_15
 SMM.US.-.PB1A
 SMM.US.-.PB1_143
 SMM.US.-.PB1_6P6
 SMM.US.-.PGM53
 SMM.US.-.SME543
 STM.US.-.STM

Env gp41, gp160 end
 CTTAGGAGAGGTGGAAGATGGACTCGCAATCCCGAGGAGGATTAGACAAGGCTTGAGCTCCTCTTTGGA...GGGACAGAAA.....TACAATCAGGGACAGTATATGAATACTCCATGGAGAAAACCCAGCTGAAGAGAGAGAAAAATAGCATACAGAAAAAC 9329
 L R R G G R W I L A I P R R L D K G L E L L L *
 L G E V E D G Y S Q S P G G L D K G L E S L S C E G Q K . . . Y N Q G Q Y M N T P W R N P A E E R E K L A Y R K
 -GCA-C-GATC-G-GG-A---T-G---A-A-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-A---CGG.....TC-G---G-C-T---C---C---AA---AG-G-G---GA-TTG---AGC---8811
 G-GCA-C-CATC-G-GG-A---C---G---A---C-G-G-AGCA-AA-G-C-C---TCGG.....TC-G---G-C-T---C---C---AATG-AG-C-G---GAGT---AGC-G---9326
 GCGC-AC-CATC-G-GG-A---G-T-A-A-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-C---C-G.....TC-G---G-C---C-GC---AAC-A-A-C-G---GATTG-T-GC-G---9372
 A-GG-AC-GATC-C-GG-A---T-G-T-A-A-C-G-G-GCA-A-TG-C-C---G-CGG.....TC-A---G-C-T---C---CT---A-C-GA-G-GGG-AC-TTG---AGC---9328
 G-GCAAC-C-TC-G-GG-A---G---A-A-C-G-G-GCA-AA-G-C-C---C-G.....TCGG---G-T-TC---C---C-G-AAT-AG-C-G---AAGTT---AGC-G---8792
 GG-AC-ATC---GG---G-T-AC-A-C-G-G-AGCA-AA-TG-C-C---G.....TC-G-A---G-C-T---C---AAC-A-AG---GA-T-G---GC---8771
 GCGCAAC-CATC-G-GG-A---C---G---A-A-C-G-G-GCA-AA-G-C-C---C-G.....TC-G---G---TC---C---A-C-ATAG-GC-G---AATT---T-AGC-G---8786
 G-GCA-T-G-TC-G-GA---G---A-A-C-G-G-GCA-AA-TG-C-C---A.....CGG.....TC-G---G-T-T---C---AAC-A-A-G---G-GA-TTG---AGC---9368
 T-GG-AC-AT---G-GG-A---GG---A-A-C---GCA-A-G-C-C---C-G.....TC-A-A-GG-C-TC---C---AAC-AG-G---GATT---T---C-G---8840
 -GCAAC-ATC-G-GG---T-G-AC-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-C---CG.....TC-G---G-T-T-G-A---C---A-C-A-G-G---GA-TTG---A-C-G---8795
 T-ACAAC-CAT---GG-A---C-T-GG---A-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-C---CG.....TC-G---GG-C-T---C---GC---A-C-GA-G---AAT---GC-G---9375
 T-GGAAC-ATC-G-GG-A---GG-T-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C---G-C-G.....TC-G---G-C-T---AGG---A-C-A-G-G---AATTG---GC---8809
 -C---GACG-CG-GG-A-CA---G---A-A-C-G-G-AGCA-A-G-C-C---G-A.....CCCG---GA-C-AG-G-GGG.....C---9294
 -C---CG-C-G-GA-CA-T---A---C---GC-A-G-C-C---T-A.....AG-CTTTG-GA-C-AG-G-G-GG.....9265
 -C-A---GACA-CGGA-GCA-CA---G---A---A-G-C---GC.....ATGC---AGA-C-AG-G-G-GGG.....C---9290
 -C---CG-CG-GCA-CA---G---A---C---A-A-G-C---A.....ATGC---GG-GG-C-AG-G-G-GGG.....C---9288
 -C-A---ACA-CG-GGCA-CG---G---C---A-C-A-G-C---GC.....TGCT---GA-C-C-AG-G-G-GGG.....C---8396
 GG-A-G-T---G---A-G-A-A-C-G---A-CA-C-T---CG---T-A-T---C---AAC-A-A---C-G---GY-G---8757
 GG-C-G-T---C-T-GA-T-A-A---C-G---AT---G-G-T---A-CT---GGCCAAGGC-T-G-G-A-G---TC---A-T---C---AAC-G-A---T---CA---T-AGC---8853
C---T---A---G---C---9325
C---T---A---G---C---9327
C---T---A---G---C---9311
 -CAA-G---C---T---G---G---C-A---G-A-C---GA---C---8824
 -CAA-G---C---T---G---C-A---G-A-C---GA---C---8821
R.....8437
R.....8435
R.....8425
R.....8431
R.....8435
T.....8436
T.....8369
T.....8406
A.....8429
T.....8436
T.....8434
R.....8403
R.....8423
R.....8292
R.....8436
R.....8428
RR.....8440
R.....8438
R.....8436
R.....8325
R.....8421
R.....8304
R.....8298
R.....8292
R.....8435
 -GG-A-G-T---T---C---A---T---T---T---A---G---G---8806
 -GG-A---T---T---C---C---T---T---A---G---G---8803
 -GG-AC-G-T---G---CGCA---A---C---G-C---A---TG-TAAC-AGGGAT---T-T---GTA-GG-A-T---C-C---T-AC-A-C---GCA-CAG-T-GC-G---8780
A.....9329
 -GG-A-G-T---G---T---C-C-C-G---CCT---T-G-G---A-TC---C-C-G---A---A-C---GT-T-C---9294
 -GG-A-G-T---GG-A---MR-AC-C-C-G---CCT---TTG-G---T-A-TC---C-T-G---AAC-AG-C---GT-T-C---8818
 -GG-A-G-T---GG-A---A-AC-C-C-G---CCT---TTG-G---T-A-T---C-T-G---AAC-A-C---AT-T-C---9121
 -GG-A-G-T---GG-A---A-AC-C-C-G---CCT---TTG-G---T-A-T---C-T-G---AAC-A-C---AT-T-C---9120
 -GG-A-G-T---GG-A---MR-AC-C-C-G---CCT---TTG-G---T-A-TC---C-T-G---AAC-A-C---AT-T-C---8833
 -GG-A-G-T---GG-A---A-AC-C-C-G---CCT---TTG-G---T-A-T---C-T-G---AAC-A-C---AT-T-C---9313
 -GG-A-G-T---G---G---G---A-G-A-TG-A-C-T---GG---G-G---A-TC---C-C-G-T-AG---G-AA---T-C---9272
 -GG-A-G-T---G---T---C-CG-C-G---G---A---G---G---CCT---T-G-G---A-TC---C-C-G-T-A-A-C-A-A-C---GT-T-A-C---9336
 -G-A-G-T---G-A---CGGG-C---A---C-C-C-G---A---A---CCT---G---T-G-A-T-A-T---C-T-A---G-A-C-A-A-C-CT-GC---A---T-C-G---8980

TCF-1 alpha binding

MAC.US.-.239	.CATTATTTAATGCATCCAGCTCAAACTCCAGTGGGAGTTCACGCTTGGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGATCCAACCTGGCCCTCACTTATGAGGCATATGTTAGATACCCAGAAGAGTTTGGAAAGCAAGTCAGGCTGTCCAGAGGAAGAGGTTAGAAGAAGGC	9818
Nef	H Y L M H P A Q T S Q W D D P W G E V L A W K F D P T L A Y T Y E A Y V R Y P E E F F G S K S G L S E E E V R R R	
H2A.GM.MCN13	..-C-G-..-C-A-C-..-A-..-AAG-AG-TT-..-GCAT-G-..-AACA-GAT-..-C-C-G-..-TC-TGA-..-CA-..-T-T-A-CCTGC-..-G-A-..-GCAT-..-A-..-CTGG-AGGC-..-A-..-9300	
H2A.CI.88.UC2	A-C-GC-..-G-A-C-..-A-..-AAG-AGA-AT-..-ATACAT-G-..-ACA-TG-..-CG-..-A-CT-C-TG-..-TGAG-CA-..-C-TCAC-CT-..-A-..-GCA-..-AT-C-..-A-..-TGG-AGGC-..-AA-..-9315	
H2A.DE.-BEN	..-C-GC-..-G-A-C-..-A-..-AAG-AGACAT-..-TGAGCAT-..-GCAT-TG-..-CG-..-C-CT-C-TG-..-TGAG-CA-..-C-TCAC-CTG-..-A-..-GCA-..-AT-C-..-A-..-ATGG-AGGC-..-AA-..-9311	
H2A.DE.-PEI2	..-C-GC-..-C-A-C-..-A-..-AAG-GG-CT-..-CAT-G-..-AACAT-ATG-..-G-..-C-T-GG-..-TGAG-AC-..-T-T-AA-C-..-A-..-GTAT-..-C-..-A-..-TGG-AGGC-..-AA-..-9308	
H2A.GH.-GH1	..-A-C-C-..-CA-C-..-A-..-AAG-AGACAT-..-GAGCAT-..-AACCA-CTT-..-CG-..-C-C-G-..-TGA-CA-..-T-TCA-CTGC-T-..-A-..-GCA-..-AT-C-..-A-..-TGG-AGGC-..-AA-..-9278	
H2A.GM.-JSY	..-TC-GC-..-CT-A-..-GTAAG-AGA-TT-..-GCAT-G-..-ACA-TC-..-C-C-TG-..-TC-TGAG-CAC-A-C-T-A-CT-..-G-A-..-GCA-..-AA-GA-..-A-T-CTGG-AGGC-..-AA-..-9260	
H2A.GM.87.D194	..-A-C-GC-..-G-A-C-..-A-..-AAG-AGA-AT-..-GAGCAT-G-..-ACA-TT-..-CG-..-C-C-TG-..-T-G-CA-..-C-TCAC-CTGC-..-A-..-GCA-..-AT-C-..-A-..-TGG-AGGC-..-AA-..-9275	
H2A.GW.-AL1	..-C-GCC-..-GC-A-C-..-TA-..-AAG-AG-CAT-..-A-GCAT-G-..-ACAT-TT-..-GA-..-C-T-AG-..-TC-TGA-CA-..-C-T-A-CT-C-..-G-A-..-GTA-..-C-..-A-T-..-TGG-AGGC-..-A-..-9860	
H2A.GW.-MDS	..-C-GC-..-GG-..-A-..-TAAG-A-..-TT-..-AGCAT-G-..-AACAT-TT-..-G-..-CT-CCTG-..-GAG-ACA-..-C-T-AACTG-..-G-A-..-GCA-C-..-AC-..-A-G-ATGG-AGGC-..-A-..-9326	
H2A.GW.86.FG	..-C-GC-..-GG-..-A-..-TAAG-A-..-TT-..-AGCAT-G-..-AACAT-TT-..-G-..-CT-CCTG-..-GAG-ACA-..-C-T-AACTG-..-G-A-..-GCA-C-..-AC-..-A-G-ATGG-AGGC-..-A-..-9056	
H2A.GW.87.CAM2CG	..-C-GC-..-T-A-C-..-A-..-AAG-AG-CAT-..-ATGCAT-G-..-ACA-G-TC-..-CT-C-TG-..-CTT-AG-..-C-T-AC-C-..-A-..-GCA-..-AC-..-A-T-..-TGG-AGGC-..-AA-..-9876	
H2A.SN.85.ROD	..-C-GC-..-G-A-..-A-..-AAG-A-TT-..-GCAT-G-..-ACA-TC-..-G-..-CTTG-..-T-T-G-C-..-T-T-A-C-G-..-G-A-..-GCA-..-C-..-A-..-TGG-AGGC-..-A-..-9298	
H2AB.CI.-7312A	..-G-C-G-..-C-..-A-..-G-CG-GCA-..-T-CCAT-G-..-AC-T-TC-C-..-T-CCTC-..-A-TT-AG-..-C-TCAAC-G-T-..-A-..-GTATC-..-AT-AC-..-A-G-ATGG-AGGC-..-A-..-9780	
H2B.CI.-EHO	..-G-C-GG-..-C-..-A-..-G-C-GCA-..-CCAC-A-..-ACC-T-TC-C-..-CT-CCTC-..-A-A-TGAG-..-T-C-TCAGC-G-T-..-G-..-GTATC-..-AA-C-..-A-..-TGG-AGGC-..-AA-..-9748	
H2B.CI.88.UC1	..-AG-G-C-GG-..-C-..-A-..-G-TC-TTCA-..-ATCCAC-G-..-ACC-T-C-CG-..-C-CCTC-..-AC-TGAC-..-TA-..-C-TCAAC-G-..-G-..-GTATC-..-AT-AC-..-A-G-..-TGA-AGGC-..-A-..-9773	
H2B.GH.86.D205	..-GCC-..-C-G-..-A-..-G-TC-TCA-..-ATCCAT-G-..-ACC-TATC-C-..-T-CCTC-..-A-TGAC-..-T-T-TCAC-G-TT-..-C-..-GTA-C-..-G-AC-..-A-..-TGG-AGGC-..-A-..-9777	
H2B.JP01.KR020	..-AG-G-C-G-..-C-..-A-..-GG-C-T-CA-..-GTCCAC-..-ACC-TATC-C-..-CT-CCTC-..-A-TGAC-ATA-..-C-TCAA-G-..-G-..-TA-C-..-G-AC-..-A-..-TGG-AGGC-..-A-..-9879	
H2G.CI.-ABT96	..-GC-GG-A-..-A-..-AG-CA-..-GGA-ACC-A-..-GT-G-G-..-C-T-AT-A-..-TGAC-CAG-..-T-A-ATTGC-T-T-G-..-CA-GT-G-..-G-AC-..-A-C-TATGG-A-GAG-AA-..-9246	
H2U.FR.96.12034	..-TG-..-C-GG-..-GG-T-..-A-..-G-CAG-TGCCA-..-G-..-AC-..-CCT-T-..-CT-CT-..-A-T-GC-C-..-T-A-AG-G-..-G-T-..-T-..-AG-G-..-9342	
MAC.US.-.251.1A11G.....A.....C.....A.....C.....A.....A.....	9814
MAC.US.-.251.32H.P15G.....A.....G.....A.....C.....C.....C.....	9816
MAC.US.-.251.BK28G.....C.....A.....A.....A.....C.....A.....	9799
MAC.US.-.MM142G.....C.....C.....A.....A.....A.....A.....A.....	9310
MAC.US.-.SMM142BG.....G.....C.....A.....A.....A.....A.....A.....	9307
MAC.US.1937G.....R.....R.....A.....A.....C.....A.....A.....	8926
MAC.US.2065G.....R.....R.....	8924
MAC.US.239.95112G.....R.....R.....	8914
MAC.US.239.96114G.....R.....R.....	8920
MAC.US.80035G.....R.....R.....	8924
MAC.US.81035G.....R.....R.....	8925
MAC.US.85013G.....R.....R.....	8858
MAC.US.87082G.....R.....R.....	8895
MAC.US.92050G.....R.....R.....Y.....	8918
MAC.US.92077G.....R.....R.....	8925
MAC.US.93057G.....R.....R.....Y.....	8923
MAC.US.93062G.....R.....R.....	8892
MAC.US.95058G.....R.....R.....T.....Y.....	8912
MAC.US.95086G.....R.....R.....	8781
MAC.US.96016G.....R.....R.....	8925
MAC.US.96020G.....R.....R.....	8917
MAC.US.96072G.....R.....R.....C.....A.....	8929
MAC.US.96081G.....R.....R.....C.....SR.....	8927
MAC.US.96093G.....R.....R.....	8925
MAC.US.96123G.....R.....R.....	8814
MAC.US.96135G.....R.....R.....	8910
MAC.US.97009G.....R.....R.....	8793
MAC.US.97074G.....R.....R.....A.....	8787
MAC.US.r80025G.....R.....R.....	8781
MAC.US.r90131G.....R.....R.....	8924
MNE.US.-.MNE027G.....R.....R.....A.....C.....T.....A.....A.....A.....	9295
MNE.US.82.MNE.8G.....R.....R.....A.....C.....T.....A.....A.....A.....	9292
SMM.SL.92.SL92B	..-GC-GG-A-..-C-..-G-A-AT-..-CATTCA-..-A-..-C-..-C-..-A-..-TCAC-A-..-A-..-A-..-T-..-A-GC-..-GT-G-..-T-A-..-GAG-..-T-..-9269	
SMM.US.-.17EC1	..-GC-GG-A-..-C-..-G-A-AT-..-CATTCA-..-A-..-C-..-C-..-A-..-TCAC-A-..-A-..-A-..-T-..-A-GC-..-GT-G-..-T-A-..-GAG-..-T-..-9269	
SMM.US.-.17EFR	..-GC-GG-A-..-C-..-G-A-AT-..-CATTCA-..-A-..-C-..-C-..-A-..-TCAC-A-..-A-..-A-..-T-..-A-GC-..-GT-G-..-T-A-..-GAG-..-T-..-9269	
SMM.US.-.F236.H4	..-GCC-GG-..-G-A-G-..-AT-..-C-..-A-G-..-GAAT-A-T-T-GC-A-..-T-A-AG-..-T-T-..-T-..-A-AG-..-9783	
SMM.US.-.H9	..-GC-G-..-A-..-T-..-C-..-A-G-..-RAGT-A-T-TRAC-A-..-T-..-GAGC-..-T-TC-..-T-..-A-..-GCAG-..-9301	
SMM.US.-.PB114_15	..-C-G-..-A-..-T-..-C-..-A-G-..-AGT-A-T-T-AC-A-..-T-..-GAGC-..-T-TC-..-T-..-A-..-GCAG-..-9604	
SMM.US.-.PB1A	..-C-G-..-A-..-T-..-C-..-A-G-..-AGT-A-T-T-AC-A-..-T-..-GAGC-..-T-TC-..-T-..-A-..-GCAG-..-9603	
SMM.US.-.PBJ_143	..-GC-G-..-A-..-T-..-C-..-A-G-..-RAGT-A-T-TRAC-A-..-T-..-GAGC-..-T-TC-..-T-..-A-..-GCAG-..-9316	
SMM.US.-.PBJ_6P6	..-C-G-..-A-..-T-..-C-..-A-G-..-AGT-A-T-T-AC-A-..-T-..-GAGC-..-T-TC-..-T-..-A-..-GCAG-..-9796	
SMM.US.-.PGM53	..-C-G-..-G-..-TA-..-T-..-C-..-G-..-CAA-A-..-GA-..-T-..-TCA-..-C-..-T-..-T-..-A-AG-..-9761	
SMM.US.-.SME543	..-GCC-GG-..-A-..-G-CAT-..-C-..-A-..-G-..-GAAT-T-T-GC-A-..-T-A-AG-..-T-..-T-..-T-..-A-AG-..-9825	
STM.US.-.STM	..-C-GG-..-A-..-G-ACAT-..-A-..-A-G-TT-..-A-..-CTAT-A-..-C-T-..-C-T-..-TTCT-..-T-C-..-A-..-GAG-..-9472	

	TATA box				3' LTR U3 end				TAR element start						
MAC.US.-.239	CTGGGGAGGAGCCGGTCGGGAACGCC	ACTTTCTTGATGT	. . . ATAAATAC	CTACTGC	. ATTTCTGCTGTA	. TTCAGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGTTCTCTCCAGCACT	. AGCAGGTAGAGCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCTCA	. 10071							
H2A.GM.MCN13	-AT - - - - -	T - A - A - TC	. . .	G - AC - C -	TGC - T - AT	. . .	C - T - C	. . .	C - A	. . .	C - C
H2A.CI.88.UC2	-AT - - - - -	T - A - A - AC	. . .	G - AC - C -	TCC - T - A -	. . .	T - C	. . .	C - A	. . .	C - C
H2A.DE.-BEN	-AT - - - - -	T - A - A - AC	. . .	G - AC - C -	TCC - T - AT	. . .	C - A	. . .	C - A	. . .	C - C
H2A.DE.-PEI2	-GT - - - - -	T - A - A - C	. . .	G - AC - C -	TGC - T - AT	. . .	C - A	. . .	C - A	. . .	C - C
H2A.GH.-GH1	-AT - - - - -	T - A - A - AC	. . .	G - ACTC -	T - C - TA - AT	. . .	T - C	. . .	C - A	. . .	C - C
H2A.GM.-ISY	-AT - - - - -	T - A - A - TC	. . .	G - AC - C -	TGC - T - AT	. . .	C - A	. . .	C - A	. . .	C - C
H2A.GM.87.D194	-AT - - - - -	T - A - AT - CTC	. . .	G - AC - C -	T - C - T - AT	. . .	T - C	. . .	C - A	. . .	C - C
H2A.GW.-AL1	-AT - - - - -	T - A - A - C - C	. . .	G - AC - C -	TGC - T - AT	. . .	C - A	. . .	C - A	. . .	C - C
H2A.GW.-MDS	-AT - - - - -	T - A - A - C - TC	. . .	G - AC - C -	TGC - T - AT	. . .	C - A	. . .	C - A	. . .	C - C
H2A.GW.86.FG	-AT - - - - -	TT - A - A - TC	. . .	G - AC - C -	TGC - T - AT	. . .	C - A	. . .	C - A	. . .	C - C
H2A.GW.87.CAM2CG	TAT - - - - -	T - A - A - C - TC	. . .	TCAC - C -	TGC - T - AT	. . .	C - G	. . .	C - A	. . .	C - C
H2A.SN.85.ROD	-AT - - - - -	T - A - AT - CTC	. . .	AC - C -	T - GC - T - AT	. . .	C - G	. . .	C - A	. . .	C - C
H2AB.CI.-.7312A	-AT - - - - -	TT - G -	. . .	T - AAGCCTC	. . .	G - AC - C -	T - C - T - AT	. . .	C - A	. . .	C - C
H2B.CI.-.EHO	-AT - - - - -	A - GA -	. . .	TCAAGACTC	. . .	G - AC - C -	T - GT - AT	. . .	C - A	. . .	C - C
H2B.CI.88.UC1	-AT - - - - -	TT - T -	. . .	T - AAA - CTC	. . .	G - AC - C -	T - C - T - AT	. . .	C - A	. . .	C - C
H2B.GH.86.D205	-AA - - - - -	G - TT - T	. . .	T - AAA - CTC	. . .	G - AC - C -	T - C - AT	. . .	C - A	. . .	C - C
H2B.JP01.KR020	-AT - - - - -	T - G -	. . .	T - AAACCTC	. . .	G - AC - C -	TT - C - ACA - T	. . .	C - A	. . .	C - C
H2G.CI.-.ABT96	TAT - - - - -	GA - T - T	. . .	AAAA - CTC	. . .	AG -	C - A	. . .	C - C
H2U.FR.96.12034	GCAA - GA - GAG - CA - G	T - AAATGATC	. . .	G - AC - C -	TC - GCA -	. . .	C - A	. . .	C - C
MAC.US.-.251_1A11	A	T - A	C - A	. . .	C - C
MAC.US.-.251_32H_1P5	A	T - A	C - A	. . .	C - C
MAC.US.-.251_BK28	A	T - A	C - A	. . .	C - C
MAC.US.-.SMM142	T - A	C - A	. . .	C - C
MAC.US.-.SMM142B	T - A	C - A	. . .	C - C
MAC.US.1937	C - A	. . .	C - C
MAC.US.2065	C - A	. . .	C - C
MAC.US.239.95112	C - A	. . .	C - C
MAC.US.239.96114	C - A	. . .	C - C
MAC.US.80035	C - A	. . .	C - C
MAC.US.81035	C - A	. . .	C - C
MAC.US.85013	C - A	. . .	C - C
MAC.US.87082	AT	C - A	. . .	C - C
MAC.US.92050	C - A	. . .	C - C
MAC.US.92077	C - A	. . .	C - C
MAC.US.93057	C - A	. . .	C - C
MAC.US.93062	C - A	. . .	C - C
MAC.US.95058	C - A	. . .	C - C
MAC.US.95086	C - A	. . .	C - C
MAC.US.96016	C - A	. . .	C - C
MAC.US.96020	C - A	. . .	C - C
MAC.US.96072	C - A	. . .	C - C
MAC.US.96081	C - A	. . .	C - C
MAC.US.96093	C - A	. . .	C - C
MAC.US.96123	C - A	. . .	C - C
MAC.US.96135	C - A	. . .	C - C
MAC.US.97009	C - A	. . .	C - C
MAC.US.97074	C - A	. . .	C - C
MAC.US.r80025	C - A	. . .	C - C
MAC.US.r90131	C - A	. . .	C - C
MNE.US.-.MNE027	T	C - A	. . .	C - C
MNE.US.82.MNE_8	A	C - A	. . .	C - C
SMM.SL.92.SL92B	TCT - - - C - G - GGAACG	C - A	C - C
SMM.US.-.17EC1	C - A	C - C
SMM.US.-.17EFR	C - A	C - C
SMM.US.-.F236_H4	T - CT	C - A	C - C
SMM.US.-.H9	T - CT	C - A	C - C
SMM.US.-.PB114_15	T - CT	C - A	C - C
SMM.US.-.PB1A	T - CT	C - A	C - C
SMM.US.-.PB1_143	T - CT	C - A	C - C
SMM.US.-.PB1_6P6	T - CT	C - A	C - C
SMM.US.-.PGM53	T - CT	C - A	C - C
SMM.US.-.SME543	T - CT	C - A	C - C
STM.US.-.STM	A - T - G	C - A	C - C

	TAR element end_	Poly-A signal	3' LTR R repeat end_	3' LTR U5 start	
MAC.US.-.239	CCAGCACTTGCCGGTCTGGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTGCTTAAA.	.GCCCTCTCAATAAAG.	CTGCCAT.	TTTAGAAGTAAGC.	TAGTGTGTGTTCCCATCTCTCCTAGCCGCCCTGGTCAACTCGGTACTCAA.T.AATA.AGAAGACCTGGTCTGTT10233
H2A.GM.MCN13	--G-TG-CA-C-G	.A-A-T	G	C-TTA	T
H2A.CI.88.UC2	-TG-C-CA-C-G	.A-T	A	C-TTA	T
H2A.DE.-.BEN	-T-A-C-G	.A-T	G	C-TTA	T
H2A.DE.-.PEI2	-T-A-C-G	.A-T	G	C-TTA	T
H2A.GH.-.GH1	..TG-..C-..C-G	..AGA-CTC-T	..G	..C-TTA	..T
H2A.GM.-.ISY	..TG-..C-..C-G	..AGA-CTC-T	..G	..C-TTA	..T
H2A.GM.87.D194	..TG-..CA-..C-G	..A-T	..A	..C-G-TTA-AG	..T
H2A.GW.-.ALJ	..TG-..CA-..C-G	..A-T	..A	..C-G-TTA-AG	..T
H2A.GW.-.MIS	..TG-..C-..C-G	..A-T	..A	..C-TTA	..T
H2A.GW.86.FG	..TG-..C-..C-G	..A-T	..A	..C-TTA	..T
H2A.GW.87.CAM2CG	..TG-..CA-..C-G	..A-T	..G	..C-TTA	..T
H2A.SN.85.ROD	..TG-..CA-..C-G-C	..AA-C-T	..G	..C-TTA	..T
H2AB.CI.-.7312A	..C-G	..A-T	..A	..C-TCA	..T
H2B.CI.-.EHO	..C-G	..A-T	..A	..C-ACA	..T
H2B.CI.88.UC1	..C-G	..A-T	..A	..C-TTG	..T
H2B.GH.86.D205	..A-A-T	..C-G	..A	..C-TA	..T
H2B.JP01.KR020	..C-G	..A-T	..TA	..C-TTG	..T
H2G.CI.-.ABT96	..C-G	..C-AC-A	..T	..AA	..GT
H2U.FR.96.12034	..C-G	..C-AC-A	..T	..AA	..GT
MAC.US.-.251_1A11	..G	..A			..T
MAC.US.-.251_32H_PJ5	..A	..G			..GG
MAC.US.-.2613_BK28	..G	..A		..C	..GG
MAC.US.-.SMM142	..G	..A			..T
MAC.US.-.SMM142B	..G	..A			..T
MAC.US.1937	..G	..A			..T
MAC.US.2065	..G	..A			..T
MAC.US.239.95112	..G	..A			..T
MAC.US.239.96114	..G	..A			..T
MAC.US.80035	..G	..A			..T
MAC.US.81035	..G	..A			..T
MAC.US.85013	..G	..A			..T
MAC.US.87082	..G	..A			..T
MAC.US.92050	..G	..A			..T
MAC.US.92077	..G	..A			..T
MAC.US.93057	..G	..A			..T
MAC.US.93062	..G	..A			..T
MAC.US.95058	..G	..A			..T
MAC.US.95086	..G	..A			..T
MAC.US.96016	..G	..A			..T
MAC.US.96020	..G	..A			..T
MAC.US.96072	..G	..A			..T
MAC.US.96081	..G	..A			..T
MAC.US.96093	..G	..A			..T
MAC.US.96123	..G	..A			..T
MAC.US.96135	..G	..A			..T
MAC.US.97009	..G	..A			..T
MAC.US.97074	..G	..A			..T
MAC.US.r80025	..G	..A			..T
MAC.US.r90131	..G	..A			..T
MNE.US.-.MNE027	..T	..G	..A	..C	..C
MNE.US.82.MNE_8	..G	..G	..A	..T	..T
SMM.SL.92.SL92B	..ACA-AT-T-CG	..G	..A	..G-A-C	..C-T.C
SMM.US.-.17EC1	..G	..A			..T
SMM.US.-.F236_H4	..G	..A	..A	..A	..T
SMM.US.-.H9	..RG	..A	..G	..G	..T
SMM.US.-.PB114_15	..G	..A	..AG	..C	..T
SMM.US.-.PB1A	..G	..A	..AG	..C	..T
SMM.US.-.PB1_143	..RG	..A	..AG	..C	..T
SMM.US.-.PB1_6P6	..G	..A	..AG	..C	..T
SMM.US.-.PGM53	..G	..A	..GC	..A	..T
SMM.US.-.SME543	..G	..A	..GC	..A	..T
STM.US.-.STM	..A	..T	..G	..T	..TAT

10279
9712
10312
10359
10172
9479
9636
9472
10353
9525
9431
10372
9670
10282
10242
10271
10269
9339
9599
9607
10274
10277
10249
9645
9599
9054
9044
9048
9054
9055
8986
9028
9048
9055
9051
9020
9042
8909
9053
9047
9057
9044
9053
8944
9038
8867
8858
8909
9052
9664
9627
9613
10279
10279
10241
9637
9996
9996
9674
10245
10189
10289
9891

3' LTR U5 end_

AGGACCCCTTCTGCTTTGGGAAACCGAAGCAGGAAAATCCCTAGCA
 MAC.US.-.239
 H2A.GM.MCN13
 H2A.CI.88_UC2
 H2A.DE.-.BEN
 H2A.DE.-.PEI2
 H2A.GH.-.GH1
 H2A.GM.-.ISY
 H2A.GM.87.D194
 H2A.GW.-.AL1
 H2A.GW.-.MDS
 H2A.GW.86.FG
 H2A.GW.87.CAM2CG
 H2A.SN.85.ROD
 H2AB.CI.-.7312A
 H2B.CI.-.EHO
 H2B.CI.88_UC1
 H2B.GH.86.D205
 H2B.JP01.KR020
 H2G.CI.-.ABT96
 H2U.FR.96.12034
 MAC.US.-.251_1A11
 MAC.US.-.251_32H_PJ5
 MAC.US.-.251_BK28
 MAC.US.-.MMI42
 MAC.US.-.SMM142B
 MAC.US.1937
 MAC.US.2065
 MAC.US.239.95112
 MAC.US.239.96114
 MAC.US.80035
 MAC.US.81035
 MAC.US.85013
 MAC.US.87082
 MAC.US.92050
 MAC.US.92077
 MAC.US.93057
 MAC.US.93062
 MAC.US.95058
 MAC.US.95086
 MAC.US.96016
 MAC.US.96020
 MAC.US.96072
 MAC.US.96081
 MAC.US.96093
 MAC.US.96123
 MAC.US.96135
 MAC.US.97009
 MAC.US.97074
 MAC.US.r80025
 MAC.US.r90131
 MNE.US.-.MNE027
 MNE.US.82.MNE_8
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.-.17EC1
 SMM.US.-.17EFR
 SMM.US.-.F236_H4
 SMM.US.-.H9
 SMM.US.-.PB114_15
 SMM.US.-.PB1A
 SMM.US.-.PB1_143
 SMM.US.-.PB1_6P6
 SMM.US.-.PGM53
 SMM.US.-.SME543
 STM.US.-.STM

IV

PLV Complete Genomes

Contents

IV-1	Introduction	221
IV-2	Sequences	222
IV-3	Alignments	224

Gag-Pol precursor polyproteins have been experimentally determined for HIV-1 and at least one strain of HIV-2, the study of analogous cleavages in SIV polyproteins have not been published. Two representative genomes have been translated; HIV-1 subtype B strain HXB2, and SMM-239. The translations are provided as a visual aid for finding landmarks in the genomes.

IV-1 Introduction

Complete genomes of HIV-1, HIV-2, and SIV sequences are represented in the alignment. For the selection, one of each of the major subtypes and a few CRF s of the HIV-1 M group was chosen, plus one N group and 2 O group sequences. Most of the SIV-CPZ s were included, including new sequences from wild caught chimpanzees. Three HIV-2 A group and 2 HIV-2 B group were included along with the single genomes sequenced to date for HIV-2 G and HIV-2 U. For the rest of the SIVs, all complete genomes were included. The principle in deciding which sequences to include in this alignment was to provide a representative sampling of all primate lentiviruses which have had complete or nearly complete genomes sequenced. Many HIV-1, HIV-2, SIVsmm and SIVmac genomes were not included, but they can be found in the HIV-1/SIVcpz and HIV-2/SIVsmm alignments. Also, many shorter sequences from PLVs are included in the PLV protein sequence alignments later in this compendium. Because of the complicated phylogeny, most likely muddled by recombination and many cross species transmissions, we do not show a tree for the PLV alignment this year. Please refer to the Sequence Compendium of 2005 for a more comprehensive evaluation of the PLV phylogeny.

The alignment was based on the previous version published last year, by a hidden Markov model using HMMER and manual editing using the programs BioEdit and Se-Al. It is codon-aligned, meaning that the correct translation reading frame has been maintained as much as possible; in the case of overlapping frames, obviously one will not translate correctly. We have tried to “reset” the alignment so that each new gene starts in the first frame; this means in some places empty columns have been inserted. The HIV-2/SIVsmm *vpx* gene is postulated to be a duplication of the *vpr* gene and thus there may be two alternative alignments of this region of the genome, as there are for the duplicated stem-loops of the TAR element.

Like last year, the annotation is based on known protein coding regions in HIV-1 and on annotations found in SIV sequence database entries. The protein cleavage sites that create Gag p17, Gag p24 and other mature peptides from the Gag and

IV-2 Sequences

Primate lentivirus (PLV) Sequences in the complete genome alignments.

Name	Accession	Country	Author	Reference
H1B.FR.83.HXB2	K03455	France	Wong-Staal, F	<i>Nature</i> 313 (6000); 277-84 (1985)
H101_AE.TH.90.CM240	U54771	Thailand	Laukkanen, T	<i>J Virol</i> 70 (9); 5935-43 (1996)
H102_AG.NG.x.IBNG	L39106	Nigeria	Howard, TM	<i>ARHR</i> 10 (12); 1755-7 (1994)
H103_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	Russia	Liitsola, K	<i>AIDS</i> 12 (14); 1907-19 (1998)
H104_cpx.CY.94.CY032	AF049337	Cyprus	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (12); 10234-41 (1998)
H1A1.UG.85.U455	M62320	Uganda	Oram, JD	<i>ARHR</i> 6 (9); 1073-8 (1990)
H1B.US.90.WEAU160	U21135	United States	Tozser, J	<i>FEBS Lett</i> 281 (1-2); 77-80 (1991)
H1C.ET.86.ETH2220	U46016	Ethiopia	Salminen, MO	<i>ARHR</i> 12 (14); 1329-39 (1996)
H1D.CD.84.84ZR085	U88822	D.R.C.	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (7); 5680-98 (1998)
H1F1.BE.93.VI850	AF077336	Belgium	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1); 95-104 (2000)
H1G.SE.93.SE6165	AF061642	Sweden	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 247 (1); 22-31 (1998)
H1H.CF.90.056	AF005496	C.A.R.	Murphy, E	<i>ARHR</i> 9 (10); 997-1006 (1993)
H1J.SE.93.SE7887	AF082394	Sweden	Laukkanen, T	<i>ARHR</i> 15 (3); 293-7 (1999)
H1K.CM.96.MP535	AJ249239	Cameroon	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2); 139-51 (2000)
H1N.CM.95.YBF30	AJ006022	Cameroon	Simon, F	<i>Nat Med</i> 4 (9); 1032-7 (1998)
H1O.BE.87.ANT70	L20587	Belgium	Vanden Haesevelde, M	<i>J Virol</i> 68 (3); 1586-96 (1994)
H1O.CM.91.MVP5180	L20571	Cameroon	Gurtler, LG	<i>J Virol</i> 68 (3); 1581-5 (1994)
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.CM.98.CAM3	AF115393	Cameroon	Corbet, S	<i>J Virol</i> 74 (1); 529-34 (2000)
CPZ.CM.98.CAM5	AJ271369	Cameroon	Muller-Trutwin, MC	<i>J Med Primatol</i> 29 (3-4); 166-72 (2000)
CPZ.GA.88.GAB1	X52154	Gabon	Huet, T	<i>Nature</i> 345 (6273); 356-9 (1990)
CPZ.GA.88.GAB2	AF382828	Gabon	Gao, F	<i>ARHR</i> 20 (12); 1377-81 (2004)
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)
H2A.DE.x.BEN	M30502	Germany	Kirchhoff, F	<i>Virology</i> 177 (1); 305-11 (1990)
H2A.GW.x.ALI	AF082339	Guinea-Bissau	Azevedo-Pereira, JM	Unpublished (1998)
H2A.SN.x.ST	M31113	Senegal	Kumar, P	<i>J Virol</i> 64 (2); 890-901 (1990)
H2B.CI.x.EHO	U27200	Cote D'Ivoire	Rey-Cuille, MA	<i>Virology</i> 202 (1); 471-6 (1994)
H2B.GH.86.D205	X61240	Ghana	Kreutz, R	<i>ARHR</i> 8 (9); 1619-29 (1992)
H2G.CI.x.ABT96	AF208027	Cote D'Ivoire	Brennan, CA	<i>ARHR</i> 13 (5); 401-4 (1997)
H2U.FR.96.12034	AY530889	France	Damond, F	<i>ARHR</i> 20 (6); 666-72 (2004)
MAC.US.x.239	M33262	United States	Kestler, H	<i>Science</i> 248 (4959); 1109-12 (1990)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	United States	Planelles, V	<i>ARHR</i> 7 (11); 889-98 (1991)
MAC.US.x.251_BK28	M19499	United States	Franchini, G	<i>Nature</i> 328 (6130); 539-43 (1987)
MAC.US.x.EMBL_3	Y00295	United States	Franchini, G	<i>Nature</i> 328 (6130):539-543 (1987)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z	<i>J Virol</i> 70 (6); 3617-27 (1996)
SMM.US.x.H9	M80194	United States	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 66 (1); 414-9 (1992)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	United States	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> 72 (11); 8841-51 (1998)

PLV Complete Genomes

Name	Accession	Country	Author	Reference
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3	DQ201172	United States	Kuwata, T	<i>J Virol</i> 80 (3); 1463-75 (2006)
STM.US.x.STM	M83293	United States	Novembre, FJ	<i>Virology</i> 186 (2); 783-7 (1992)
SAB.SN.x.SAB1C	U04005	Senegal	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> 13 (12); 2935-47 (1994)
TAN.UG.x.TAN1	U58991	Uganda	Stivahtis, GL	<i>Virology</i> 228 (2); 394-9 (1997)
VER.DE.x.AGM3	M30931	Germany	Baier, M	<i>Virology</i> 176 (1); 216-21 (1990)
VER.KE.x.9063	L40990	Kenya	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 69 (2); 955-67 (1995)
VER.KE.x.AGM155	M29975	Kenya	Johnson, PR	<i>J Virol</i> 64 (3); 1086-92 (1990)
VER.KE.x.TYO1	DJ048201	Kenya	Omori, T	Patent: WO 2007049749-A 13 03-MAY-2007; Dनावेक CORPORATION
COL.CM.x.CGU1	AF301156	Cameroon	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 75 (2); 857-66 (2001)
GRV.ET.x.GRI_677	M66437	Ethiopia	Fomsgaard, A	<i>Virology</i> 182 (1); 397-402 (1991)
MND_2.CM.98.CM16	AF367411	Cameroon	Takehisa, J	<i>ARHR</i> 17 (12); 1143-54 (2001)
DRL.x.x.FAO	AY159321		Hu, J	<i>J Virol</i> 77 (8):4867-4880 (2003)
RCM.GA.x.GAB1	AF382829	Gabon	Gao, F	<i>Science</i> 300 (5626); 1713 (2003)
RCM.NG.x.NG411	AF349680	Nigeria	Beer, BE	<i>J Virol</i> 75 (24); 12014-27 (2001)
MND_1.GA.x.MNDGB1	M27470	Gabon	Tsujimoto, H	<i>Nature</i> 341 (6242); 539-41 (1989)
MND_2.GA.x.M14	AF328295	Gabon	Souquiere, S	<i>J Virol</i> 75 (15); 7086-96 (2001)
MND_2.x.x.5440	AY159322		Hu, J	<i>J Virol</i> 77 (8):4867-4880 (2003)
MNE.US.x.MNE027	U79412	United States	Kimata, JT	<i>J Virol</i> 72 (1); 245-56 (1998)
LST.CD.88.447	AF188114	D.R.C.	Beer, BE	<i>J Virol</i> 74 (8); 3892-8 (2000)
LST.CD.88.485	AF188115	D.R.C.	Beer, BE	<i>J Virol</i> 74 (8); 3892-8 (2000)
LST.CD.88.524	AF188116	D.R.C.	Beer, BE	<i>J Virol</i> 74 (8); 3892-8 (2000)
LST.KE.x.lho7	AF075269	Kenya	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 73 (2); 1036-45 (1999)
GSN.CM.99.CN166	AF468659	Cameroon	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 76 (16); 8298-309 (2002)
GSN.CM.99.CN71	AF468658	Cameroon	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 76 (16); 8298-309 (2002)
MON.CM.99.L1	AY340701	Cameroon	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 77 (23):12523-12534 (2003)
MON.NG.x.NG1	AJ549283	Nigeria	Barlow, KL	<i>J Virol</i> 77 (12); 6879-88 (2003)
MUS_1.CM.01.1085	AY340700	Cameroon	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 77 (23):12523-12534 (2003)
MUS_1.CM.01.CM1239	EF070330	Cameroon	Aghokeng, AF	(<i>er</i>) <i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS_2.CM.01.CM1246	EF070329	Cameroon	Aghokeng, AF	(<i>er</i>) <i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS_2.CM.01.CM2500	EF070331	Cameroon	Aghokeng, AF	(<i>er</i>) <i>Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
DEN.CD.x.CD1	AJ580407	D.R.C.	Dazza, MC	<i>J Virol</i> 79 (13); 8560-71 (2005)
DEB.CM.99.CM40	AY523865	Cameroon	Bibollet-Ruche, F	<i>J Virol</i> 78 (14); 7748-62 (2004)
DEB.CM.99.CM5	AY523866	Cameroon	Bibollet-Ruche, F	<i>J Virol</i> 78 (14); 7748-62 (2004)
TAL.CM.00.266	AY655744	Cameroon	Liegeois, F	<i>Virology</i> 349 (1):55-65 (2006)
TAL.CM.01.8023	AM182197	Cameroon	Liegeois, F	<i>Virology</i> 349 (1); 55-65 (2006)
SUN.GA.98.L14	AF131870	Gabon	Beer, BE	<i>J Virol</i> 73 (9); 7734-44 (1999)
SYK.KE.x.KE51	AY523867	Kenya	Bibollet-Ruche, F	<i>J Virol</i> 78 (14); 7748-62 (2004)
SYK.KE.x.SYK173	L06042	Kenya	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 67 (3); 1517-28 (1993)

	5' LTR U3 start	
H1B.FR.83.HXB2TGGAAAGGGCTAATTCACCTCCCAACGAAGACAAGATATCCTTGATCTGGGATCTACCACACACAAGGCTACTTCCCTGATTAGCAGAACTACACACAGGGCCAGGGATCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTGCTACAAGCTAGTACCAGTTGAGCCAGAGAAGTT	169
H101.AE.TH.90.CM240	0
H102.AC.NG.x.IB.NG	0
H103.AB.RU.97.KALI.153.2	0
H104.cpx.CY.94.CY032	0
H1A1.UG.85.U455	0
H1B.US.90.WEAU160T.....AA.....G.....T.....T.....G.....CT.....C.....TG.....T.....G.....A.....G.....	169
H1C.ET.86.ETH220	0
H1D.CD.84.84Z.R085	0
H1F1.BE.93.VI850	0
H1G.SE.93.SE6165	0
H1H.CF.90.056	0
H1J.SE.93.SE7887	0
H1K.CM.96.MP535	0
H1N.CM.95.YBF30	0
H1O.BE.87.ANT170	C.....T.....T.....T.....TAA.....GC.....A.....G.....T.....G.....G.....TA.....T.....T.....G.....A.....T.....G.....G.....T.....G.....A.....A.....C.....G.....TC.....A.....TG.....TT.....A.....G.....GTCAGA.....AG.....GC	170
H1O.CM.91.MVP5180	C.....T.....T.....T.....TAA.....GC.....A.....G.....T.....G.....G.....TA.....T.....T.....G.....A.....T.....G.....G.....T.....G.....A.....A.....C.....G.....TC.....A.....TG.....TT.....A.....G.....GTCAG.....AG.....GC	170
CPZ.CD.90.ANT	0
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	0
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	0
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	0
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	0
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	0
CPZ.CM.98.CAM3	0
CPZ.CM.98.CAB1	0
CPZ.GA.88.GAB1T.....G.....T.....AGGA.....G.....C.....C.....G.....T.....T.....C.....G.....A.....A.....A.....CA.....TC.....CTGT.....T.....A.....G.....CC.....GACAGAG.....C.....G.....	169
CPZ.GA.88.GAB2	0
CPZ.TZ.01.TANI	0
CPZ.US.85.CPZUST.....G.....T.....T.....AG.....A.....G.....A.....C.....G.....T.....T.....AAT.....A.....C.....G.....T.....C.....T.....AG.....A.....C.....A.....A.....A.....GC.....TT.....T.....C.....TC.....CACAGA.....G.....AG.....	169
H2A.DE.x.BENC.....A.....GT.....T.....AGTAGGA.....G.....TAGA.....T.....A.....CA.....A.....ACC.....AG.....AA.....AGAGG.....GATAA.....A.....A.....G.....T.....T.....T.....AT.....AG.....A.....G.....C.....A.....TA.....C.....G.....CTG.....GG.....T.....A.....A.....CTC.....C	163
H2A.CW.x.ALIA.....GT.....T.....AGTG.....GA.....TAGA.....T.....A.....CA.....A.....ACT.....AG.....AA.....GGA.....GATAA.....T.....A.....G.....T.....T.....AT.....AG.....A.....G.....C.....GA.....TT.....G.....CTG.....GG.....A.....T.....GTCCC	163
H2A.SN.x.ALI	0
H2B.CL.x.EHOA.....TT.....CT.....TAGTG.....GA.....G.....TA.....A.....A.....CACAA.....CT.....AG.....AA.....TGA.....G.....ATTG.....GT.....GA.....G.....AT.....AG.....A.....CAA.....TT.....C.....CTA.....GG.....G.....A.....AA.....T.....T.....A.....	163
H2B.GH.86.D205A.....GTA.....T.....TAGTG.....GA.....CAGA.....AT.....A.....CACAA.....ATT.....TG.....GA.....TGA.....G.....ATTG.....GT.....GC.....G.....A.....T.....T.....AT.....A.....GC.....CAAATA.....T.....CTG.....GG.....G.....A.....GT.....CC	163
H2G.CL.x.ABT96	0
H2U.FR.96.12034	0
	5' LTR U3 start	
MAC.US.x.239A.....TTA.....T.....AGTGC.....A.....TAGA.....T.....A.....CA.....A.....ACT.....AG.....AA.....GGA.....G.....AT.....A.....A.....G.....G.....T.....CT.....A.....A.....T.....C.....AA.....A.....C.....CTA.....GG.....AT.....C.....T.....AA.....T.....GTA.....C	163
MAC.US.x.251.1A11A.....TTA.....T.....TAGTGC.....A.....TAGA.....T.....A.....CA.....A.....ACT.....AG.....AA.....GGA.....G.....AT.....A.....A.....G.....G.....T.....CT.....A.....A.....T.....C.....AA.....A.....C.....CTA.....GG.....AT.....C.....T.....AA.....T.....GTA.....C	163
MAC.US.x.251.BK28A.....TTA.....T.....AGTGC.....A.....TAGA.....T.....A.....CA.....A.....ACT.....AG.....AA.....GGA.....G.....AT.....A.....A.....G.....G.....T.....CT.....A.....A.....T.....C.....AA.....A.....C.....CTA.....GG.....AT.....C.....T.....AA.....T.....GTA.....C	163
MAC.US.x.EMB1.3	0
SMM.SL.92.SL92B	0
SMM.US.x.H9	0
SMM.US.x.PGM53	0
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3A.....TTA.....T.....AATG.....GAA.....TAGA.....AT.....A.....A.....AC.....GG.....AA.....GGA.....G.....AATAA.....A.....A.....G.....A.....T.....T.....A.....A.....CT.....C.....TA.....TT.....C.....CTA.....GG.....AT.....G.....C.....AAGT.....GTC.....C	89
STM.US.x.8TMA.....TTA.....T.....AGTG.....	22
SAB.SN.x.SAB1CA.....TTA.....T.....AGTG.....A.....G.....A.....GA.....G.....T.....G.....C.....ATGCTCTTA.....TGAGTGG.....ATAG.....AGA.....GA.....G.....G.....A.....T.....T.....GAT.....T.....C.....G.....C.....AA.....TG.....TT.....A.....G.....T.....G.....C.....CT.....C	163
TAN.UG.x.TANIG.....CA.....TA.....TGG.....A.....C.....AAG.....G.....GC.....A.....G.....A.....G.....C.....ATGCTCTTA.....TGA.....TGG.....ATTA.....AGA.....G.....G.....AGCA.....TT.....C.....AT.....C.....G.....GA.....G.....C.....GATG.....C.....C.....TT.....TTG.....T.....G.....G.....A.....T.....GTC.....C	163
VER.DE.x.AGM3	0
VER.KE.x.9063T.....A.....TTA.....T.....G.....A.....G.....GA.....TAGA.....CA.....C.....ATGCTCTTA.....TGA.....TGG.....AAT.....A.....TGA.....G.....A.....CGC.....GGT.....A.....A.....CG.....A.....C.....GCTG.....C.....TT.....T.....G.....A.....T.....CA	163
VER.KE.x.AGM155T.....A.....TTA.....T.....G.....TA.....G.....A.....TA.....G.....A.....ATGC.....CT.....A.....TGA.....TGG.....AAT.....A.....TGA.....G.....A.....CGCA.....GGT.....AA.....A.....T.....A.....A.....C.....GAG.....TG.....C.....TC.....T.....G.....G.....CC.....CT.....CA	163
VER.KE.x.TY01T.....A.....TTA.....T.....G.....TA.....G.....A.....TA.....G.....GA.....ATGCCTCTTA.....TGA.....TGG.....GATAA.....TGA.....G.....A.....TGC.....GGT.....GAAG.....A.....A.....A.....TC.....TAAATG.....G.....TC.....TT.....G.....G.....C.....TTACA	163
COL.CM.x.CGU1	0
GRV.ET.x.GRI.677T.....A.....TA.....T.....TG.....A.....G.....A.....G.....GA.....T.....ATGC.....TGA.....GAGTGG.....AATAA.....AGA.....G.....AGCT.....T.....C.....G.....A.....G.....C.....GAGAGT.....C.....TC.....TT.....C.....G.....C.....CT.....CA	163
MND.2.CM.98.CM16	0
DRL.x.x.FAO	0
RCM.GA.x.GAB1	0
RCM.NG.x.NG411	0
MND.1.GA.x.MNDGB1	0
MND.2.GA.x.M14	0
MND.2.x.x.5440	0
MNE.US.x.MNE027	0
LST.CD.88.447	0
LST.CD.88.485	0
LST.CD.88.524	0
LST.KE.x.lho7TA.....TGG.....GA.....G.....C.....T.....AAT.....C.....ACTGTG.....GA.....TGAGTGG.....TCT.....A.....TGA.....C.....TCAT.....GAT.....A.....A.....CA.....C.....T.....A.....TG.....GGC.....T.....A.....G.....CT.....TGTG.....TGA	166
GSN.CM.99.CN166	0
GSN.CM.99.CN71	0
MON.CM.99.L1	0
MON.NG.x.NG1	0
MUS.1.CM.01.1085	0
MUS.1.CM.01.CM1239	0
MUS.2.CM.01.CM1246	0
MUS.2.CM.01.CM2500	0
DEN.CD.x.CD1	0
DEB.CM.99.CM40	0
DEB.CM.99.CM5	0
TAL.CM.00.266	0
TAL.CM.01.8023CTGGT.....AG.....ACC.....G.....A.....T.....G.....T.....ATGCAG.....AA.....TGAGTGG.....T.....A.....AA.....GC.....G.....AG.....T.....CAA.....T.....AG.....G.....AA.....G.....C.....CTA.....GG.....C.....CACC.....ATTG.....TGA	166
SYK.GA.98.L14	0
SYK.KE.x.K51A.....C.....C.....G.....C.....GT.....A.....T.....TA.....GGG.....A.....T.....AA.....TAGA	60
SYK.KE.x.SYK173	0

H1B.FR.83.HXB2
H101.AE.TH.90.CM240
H102.AC.NG.x.IBNG
H103.AB.RU.97.KALI.153.2
H104.cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WEAU160
H1C.ET.86.ETH220
H1D.CD.84.847R085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1J.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.AN170
H1O.CM.91.MVP5180
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.CM.98.CAM3
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS
H2A.DE.x.BEN
H2A.GW.x.ALI
H2A.SN.x.
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.AB196
H2U.FR.96.12034

AGAAAGAA...GCCAACAAAGGAGAGAACCACCGCTGTTACACCTGTGAGC...CTGCATGGAATGGATGACCCGGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGTTTGACAGCCGCCATAGCATTTATCACATGCCCCGAGAGCTGCATCCGGAGTACTTCAAGA
...T-TG...A...G...AT...A...A...AT...A...AAA...G-A...T-AG
...AG-CTA-GAG-T-C-T-T...GGG-T-ATC-CC-G--T-A-CAT-T...GCC...T-T-A-TA-AC-T-A--A-AC-GAT--A--T-ATCT--GCAACACC-TG-T-TATGATAACT--C-A--CT--C-
...GAG-CTG-GT--T-C-AAT--AG-TG-T--TC-TC--T-A-CTT-T...AAT...GCT--G-TG-AC-CG-G--GA-AC-A-A--CA--T-ATCAT--GC-AAACA-T-A--TG-AAA--C-A--CT--CCC-
...C...TG...T...A-T-C...G-T-CA-AT-TCAGCATGGGATGGAAG--AGGAC...A-G-C-G-TC-C-C...A-G-G-C-AAGA-T-T-A-A-AA...A-AG
...GCCG...T...C-A-TAC-C-G...CA-T-CAGCATGGAATGGAAG--A-CAT...G-C--C-ATC-CA...CTGAA-G-TCGGAGA--GA-TAA...A...CG-
...C--G...AG-GG--AT--GC-A-T--AG--A-CACAACCAAGCAGACATGATG--AGCAT...G-G-GACA--T--CA--TC-ATG-G-C-A-A-CT--A--TTCACT--T-C-A--AG-G--TGG-C
...GGG-GG-CACT--CTCA-T-C-C--A--ACAAACCAAGCAGCATGATG-CACGCAT...G-G-GACA--T--A--CCTAAG-G-TCA-G-T-AA--TTTATT--A-C-A--AG-G--TGG-T
...C...C-AG-GG-C-AG-A-C-CATT-TC-G-G-T-A-CACAGACTCCGCATGGGATG-CCCCCAC...GA--GACCC-T-TC-CA--TC-T--A-G-CT-TG--TTCAGCAG-TTC-A--G-G--TGG-T
...C-CGACCCGAG-GG-G-AG-A-C-CATT-C-AA-G--G-CACAGATCTCCTCATGGGATG-CATCCAT...G-G-GACTC-TATC--TTC-T--G--A-G-T-TG--TTTCA-TAG-TT--A-AG-G--GG-T

MAC.US.x.239
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.EMB1_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SAB1C
TAN.UG.x.TANI
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI_677
MND_2.CM.98.CM16
DRL.x.x.FAO
RCM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.lho7
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

--T-G...-AC-GG-G-AT--G-GCATTAT-AA-G-T-A-CTCAAACCTCCCAAGTGGGATG-CCCTTG...G--G-TC--CA--A--TCCAAC-T-G-C-ACAC-T-TGA--ATAT-TTAGAT-C-A--AG-G--TGG-
--T-G...-AC-GG-G-AT--G-GCATTAT-AA-G-T-A-CTCAAACCTCCCAAGTGGGATG-CCCTTG...G--G-TCC-CA--A--CCAAC-T-G-C-ACAC-T-TGA--ATAT-TTAGAT-C-A--AG-G--TGG-
--T-G...-AC-GG-G-AT--GGCATTAT-AA-G-G-A-CTCAAACCTCCCAAGTGGGATG-CCCTTG...G--G-TC--C--A--TCCAAC-T-G-C-ACAC-T-TGA--ATAT-CTAGAT-C-A--AG-G--TGG-
...-TC-AG--AC--CACATTA--AG-G-T-A-CTCAGATATCCCAAGTGGGATG-CCCTG...G--G-TC-G-CA--A--TTCA-AAT--C-ACAGAT-TGA--TTTTATTAGA-C-A--AG-G--TGGT-
...C-GG--AC--CACATT--C-G-G-T-A-CACAGACTATCAGTGGGATG-CCCTG...G--G-AC-G-CA--A--TCCAGAA-T-A-AGCT-T-A--ATTTATTAA-T-C-A--AG-G--TGGT-
...G-G...T-G-TA-T...CA-T-C-C-G-T-CTCAAGTGGGATGAGGATG-C-CCTG...A-GACCC-G-T--A--CCA-TA...T-GACT-GTT-CT-GGAGGCT-C
CC-G--T-C-GG-T-AG--GACA-T-T--C-C--CCAGATGTAATGGGAAGCG-CCCTG...A--GACA-G-T--AA--A-TCCA-T...TT-A-T-CAACCC-...G-C-
T--G...-AG-G-CCT-T--GACATTA--GCG-T--CACAATAAAA...GA-G-CCCGAT-GCAT-AGTC-TG--GACC-G-TC--A--CCTATGT...T-A-T--GACCCAA--AGAC-T
T-G...-AG-A-C-T-T-A-GGCATT--G--A-CACAACCTGCAT...GAAG-CCCTGAT-G-ATAAATC-TG--A-A-G-CA--A--TCCAATGT-G-T...TT-A-T-CGACCCC-CAAGGG--T
T-G...-AC-A-C-T-T-A-GCATT--C-AG-C-T-A-CAGATGGGA...GAAG-CC-GAT-G-AT-AGCC-TG--GA-C-G-T--A--TCCTATGT-G...ATA-A-T-CGACCCCA-TCGGG--T
T--G-G...ACG--CT-T--GACA-T-TC--A-G-T-A-CACAGATGGG...GAAG-CCTGAT-GAATAGATC-TG--C-G-TC--A--CCGAAGT-G-G...T-GA-T-C-GCCC...G-C-
GT-TA...-ATCC-TC--AT--CACAAT--C-T-G--TT-AAGCCAGCTGGGGTCTGGAAG-CCCTG...G--GAG-C-TATC--CAC-CA-TCCAATGT-G...T-GACTT-ATA-CCCT-AAA--C
...CAGG...ATCCT--TCATCCTTGTCAAGC-C-AC-G--TT-CAGCCAGCAAGGGTAAATGAAAG-CCCTTG...G--GAGAC-TATC--CA--TCC-ACT-G-C...T-TGATTT-AG--CCATACAG--C
G-G-TGC...TTGG-GT-T-AG--T-ACT-C-CC-C-T-A-CCTCT...GGGACAGGGGA-TTC-A-CAT...G-G-GAACCC-CAT--AC-CA-CC-A--G-C...T-TACA-CAGGCTG-G-GA-GGCC

TCF-1 alpha

TCF-1 alpha

	TCF-1 alpha		NF-k-B-II	
H1B.FR.83.HXB2	ACTGC.....TGACA.....		TCGAGCTTGCT...ACA...AGGGACTTCCG.....	360
H101.AE.TH.90.CM240				0
H102.AC.NG.1.BJNG				0
H103.AB.RU.97.KALI.153.2				0
H104.cpx.CY.94.CY032				0
H1A1.UG.85.U455				0
H1B.US.90.WEAU160			-T-T.....A.....	360
H1C.ET.86.ETH2220				0
H1D.CD.84.847R085				0
H1F1.BE.93.VI850				0
H1G.SE.93.SE6165				0
H1H.CF.90.056				0
H1J.SE.93.SE7887				0
H1K.CM.96.MP535				0
H1N.CM.95.YBF30				0
H1O.BE.87.ANT170	-G.....G-CTAAAACTGC.....TGACCTGAAGATTGCTGACACTG.....-A.....-A...GCAAAGACTG			388
H1O.CM.91.MVP5180	-G.....T-ACTGACACTG.....			359
CPZ.CD.90.ANT				0
CPZ.CM.01.SIVcpz.CAM13				0
CPZ.CM.05.SIVcpz.EK505				0
CPZ.CM.05.SIVcpz.LB7				0
CPZ.CM.05.SIVcpz.MB66				0
CPZ.CM.05.SIVcpz.MT145				0
CPZ.CM.98.CAM3				0
CPZ.CM.98.CAB1				0
CPZ.GA.88.GAB1				0
CPZ.GA.88.GAB2				0
CPZ.TZ.01.TANI				0
CPZ.US.85.CPZUS				0
H2A.DE.x.BEN	--AAG...TCAGGATTGCCAGAGAAAAGAA...-GA-GGCAAACTGAAAGCAAGAGGGATACCATATAGTGAATAACAGGAACAACATACT...TGATGGCTGTAACCCGGCAGGCGC.AATA-AAC--G...-TG...A.....TA.A...GGGACTTT			387
H2A.CW.x.ALI	--AAG...TCAGGCTGCCAGAGATGAG...-GA-GGCAAGACTGAAAGCAAGAGGGATACCATTTAGTAAGAACAGGAACAGCTGATT...TGCTCAAGGCAGGAAGTAGCTA.CTAAGAA-C.AGCTGA..GGCTGC.....-A...GACTG			460
H2A.SN.x.ALI				457
H2B.CL.x.EHO	-TCAG...TCAGGAATGCCAGAGAAAAGAG...-GA-GGCTAACTGAGAGCAAGAGGAATACCTACAGATTAGACAGGAATAACAGCACAAGA...GGAACTAGCTAACACTGCATAGAGAAGGAA-CTAGCTGA..TACTGC.....-A...GACTG			464
H2B.GH.86.D205	--CAG...TCAGGGCTACCAGAGGAGGAG...-GA-GGCTAGACTAAAAGCAAGAGGGATACCTACAGATTAGGCAAGAGCAGCAGCATAAACA...GGAACTAGCTGACACTGCACAA.GAAGGAA-CTAGCAGA..CACTGC.....-A...GACTG			467
H2G.CL.x.ABT96				0
H2U.FR.96.12034				0
	TCF-1 alpha		NF-k-B-II	
MAC.US.x.239	G-AAG...TCAGGCTGTGTCAGAGGAAGAG...GTTAGAAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCCTTTCTTAACATGGCTGACAAGAAGGAAACTCGCTGA.....-ACAGC.....-A.....GACTG			425
MAC.US.x.251_1A11	G-AAG...TCAGGCTGTGTCAGAGGAAGAG...GTTAGAAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCCTTTCTTAACATGGCTGACAAGAAGGAAACTAGATTGA.....GACAGC.....-A.....GACTG			425
MAC.US.x.251_BK28	G-AAG...TCAGGCTGTGTCAGAGGAAGAG...GTTAGAAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCCTTTCTTAACATGGCTGACAAGAAGGAAACTCGCTGA.....GATAGC.....-A.....GACTG			424
SMM.US.x.H9				0
SMM.US.x.PGM53				0
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3	GTAAG...TCAGGCTGTGTCAGAGGAAGAG...GT-A-GAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCCTTTTAAAAATGGCTGACAAGAAGGAAACGAGCTGA.....GACAGC.....-A.....CAAGGGACTTT			351
STM.US.x.STM	GTAAG...TCAGGCTGTGTCAGAGGAAGAG...GT-A-GAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCCTTTTAAAAATGGCTGACAAGAAGGAAACGAGCTGA.....GACAGC.....-A.....CAAGGGACTTT			436
SAB.SN.x.SAB1C	--CCAGAGCAGGTGCCCTCAGCA.....CA-GGCTAACCAAAACCATCTCA.....GAGAAGGCTAACCGCAAGAGGCCTTTCAAAGATGGCTGACAAGAAGGAAACAGCTGA.....TG.GAGTTGTCATGGTATGACAT-AAGAAC.....G...-TGAG.....-A...GACTG			98
TAN.UG.x.TANI	G--TTAAGGACATGCATGGCTCT.....GTTA-GAGGAAGTAGCTAACCGCAGGCTTGGC.....GTTAAGCTAACTAGGCGTTGCTAGGAGATGACATAAAGAAG--G...-TCAGC.....-A...GACTG			403
VER.DE.x.AGM3				0
VER.KE.x.9063	-T-TTGAAGACATGCATGCAATA.....GTGA-GAGGAAGTAG...CTAACCGCAGGCTTG.....TG.GTTAAGCCGTTGCCAGGGAGATGACAT-T--AAC--GAC-G.....-A...AGGGACTTT			424
VER.KE.x.AGM155	--TTACAGACTTATATCAACA.....GTTGGTACAGGAAACTAGCCGACCACAGGCTTG.....CG.GTTTCTCGGTTGCCTAGGAGATGACAT-AAGAAC--GAC.....-A.GCAGGGACTTT			428
VER.KE.x.TY01	--TTACTGACATGCATGGGCTG.....GTGA-GAGGAAGTAGCCA..GACCGCAAGCCTG.....CG.GTTAAGACTCACCATGGAGATGACAT-AA-AAC--GAC.....-AGCGAAGGGACTTT			427
COL.CM.x.CC01				0
GRV.ET.x.GRI_677				0
MND_2.CM.98.CM16	TG-TTAAGGACATGCACGAACAT.....GCT-TCGCTTTTGACTGCAAGAGGAAGTAGCCAAACCGCAAACCGCAGCACATCTCTTGACGCCGGTTGCTAAGGCAACCGGGCTAGCCGATGCG-A-TGGCTTGCTG--GAGC.....-A.....GACTG			375
DRL.x.x.FAO				0
RCM.GA.x.GAB1				0
RCM.NG.x.NG411				0
MND_1.GA.x.MNDGB1				0
MND_2.GA.x.M14				0
MND_2.x.x.5440				0
MNE.US.x.MNE027				0
LST.CD.88.447				0
LST.CD.88.485				0
LST.CD.88.524				0
LST.KE.x.lho7	-GCCTGCCAAGATACAAAATACT.....GCT-TCGCTTTTGACTGCAAGAGGAAGTAGCCAAACCGCAAACCGCAGCACATCTCTTGACGCCGGTTGCTAAGGCAACCGGGCTAGCCGATGCG-A-TGGCTTGCTG--GAGC.....-A.....GACTG			454
GSN.CM.99.CN166				0
GSN.CM.99.CN71				0
MON.CM.99.L1				0
MON.NG.x.NG1				0
MUS_1.CM.01.1085				0
MUS_1.CM.01.CM1239				0
MUS_2.CM.01.CM1246				0
MUS_2.CM.01.CM2500				0
DEN.CD.x.CD1				0
DEB.CM.99.CM40				0
DEB.CM.99.CM5				0
TAL.CM.00.266				0
TAL.CM.01.8023	--CCTGAAGAGTTCAAGCATGTT.....ACTAGTCTGCAGTGGGAGGTGTAGCTTAACCGCAAACCG.....CATCCTCTTGCATCGCTAGGCAACCGGGCTAGCCGATGCGCGC.....TAGAGT.....GACTG			427
SYK.GA.98.14				0
SYK.KE.x.KE51				0
SYK.KE.x.SYK173	G--TGCAAGTTAGAGAGACAACA.....GGAAAAACCAAGAGGCTGCAGTCAGCACTTAGTAAGAACTATCTTAGGAGACTCATGTGTGACAAGCTCGGCCAGGGGA.....C-GGGC.....GACTG			309

Table of HIV sequences with annotations for NF-k-B1, Spl-III, Spl-II, Spl-I, TATA Box, and TAR element start. Includes sequence alignments and a column of numbers on the right.

Table of HIV sequences with annotations for NF-k-B1, TATA Box, and TAR element start. Includes sequence alignments and a column of numbers on the right.

	+1 mRNA start site 5' LTR U3 end, 5' LTR R repeat begin	TAR element end	
H1B.FR.83.HXB2GGGTCTCTCTGGTTAGACCAGA..TCTGAGCCTGGGAG..CTCTCTGGCTA..ACTAGGG..AACCCTGCTTA.....AGCCT.....		525
H101.AE.TH.90.CM240T.....G.....C.....G.....A.....A.....		72
H102.AC.NG.x.IB.NGT.....G.....C.....G.....GGA.....		54
H103.AB.RU.97.KAL153.2T.....G.....C.....G.....		0
H104.cpx.CY.94.CY032T.....G.....C.....G.....		0
H1A1.UG.85.U455T.....G.....C.....G.....		0
H1B.US.90.WEAU160T.....G.....C.....G.....		525
H1C.ET.86.ETH220T.....G.....C.....G.....		0
H1D.CD.84.RZR085T.....G.....C.....G.....		39
H1F1.BE.93.VI850T.....G.....C.....G.....		0
H1G.SE.93.SE6165T.....G.....C.....G.....		0
H1H.CF.90.056T.....G.....C.....G.....		0
H1J.SE.93.SE7887T.....G.....C.....G.....		0
H1K.CM.96.MP535T.....G.....C.....G.....		85
H1N.CM.95.YBF30T.....G.....C.....G.....		560
H1O.BE.87.AN170T.....G.....C.....G.....		360
H1O.CM.91.MVP5180T.....G.....C.....G.....		533
CPZ.CD.90.ANTT.....G.....C.....G.....		0
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13T.....G.....C.....G.....		67
CPZ.CM.05.SIVcpzEK305T.....G.....C.....G.....		69
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7T.....G.....C.....G.....		71
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66T.....G.....C.....G.....		70
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145T.....G.....C.....G.....		70
CPZ.CM.98.CAM3T.....G.....C.....G.....		10
CPZ.CM.98.CM145T.....G.....C.....G.....		195
CPZ.GA.88.GAB1T.....G.....C.....G.....		539
CPZ.GA.88.GAB2T.....G.....C.....G.....		0
CPZ.TZ.01.TANIT.....G.....C.....G.....		70
CPZ.US.85.CPZUST.....G.....C.....G.....		545
H2A.DE.x.BENT.....G.....C.....G.....		694
H2A.GW.x.AL1T.....G.....C.....G.....		690
H2A.SN.x.STT.....G.....C.....G.....		139
H2B.CL.x.EHOT.....G.....C.....G.....		697
H2B.GH.86.D205T.....G.....C.....G.....		700
H2G.CL.x.AB196T.....G.....C.....G.....		62
H2U.FR.96.12034T.....G.....C.....G.....		191
	TAR element end		
MAC.US.x.239T.....G.....C.....G.....		658
MAC.US.x.251.1A11T.....G.....C.....G.....		657
MAC.US.x.251.BK28T.....G.....C.....G.....		646
MAC.US.x.EMB1.3T.....G.....C.....G.....		139
SMM.SL.92.SL92BT.....G.....C.....G.....		139
SMM.US.x.H9T.....G.....C.....G.....		141
SMM.US.x.PGM53T.....G.....C.....G.....		584
SMM.US.x.SIVsimH635F.L3T.....G.....C.....G.....		671
STM.US.x.STMT.....G.....C.....G.....		331
SAB.SN.x.SAB1CT.....G.....C.....G.....		651
TAN.UG.x.TAN1T.....G.....C.....G.....		581
VER.DE.x.AGM3T.....G.....C.....G.....		89
VER.KE.x.9063T.....G.....C.....G.....		593
VER.KE.x.AGM155T.....G.....C.....G.....		597
VER.KE.x.TY01T.....G.....C.....G.....		596
COL.CM.x.CCU1T.....G.....C.....G.....		146
GRV.ET.x.GRI.677T.....G.....C.....G.....		568
MND.2.CM.98.CM16T.....G.....C.....G.....		292
DRL.x.x.FAOT.....G.....C.....G.....		0
RCM.GA.x.GAB1T.....G.....C.....G.....		0
RCM.NG.x.NG411T.....G.....C.....G.....		0
MND.1.GA.x.MNDGB1T.....G.....C.....G.....		143
MND.2.GA.x.M14T.....G.....C.....G.....		217
MND.2.x.x.5440T.....G.....C.....G.....		0
MINE.US.x.MNE027T.....G.....C.....G.....		140
LST.CD.88.483T.....G.....C.....G.....		0
LST.CD.88.524T.....G.....C.....G.....		0
LST.KE.x.lho7T.....G.....C.....G.....		649
GSN.CM.99.CN166T.....G.....C.....G.....		93
GSN.CM.99.CN171T.....G.....C.....G.....		94
MON.CM.99.L1T.....G.....C.....G.....		104
MON.NG.x.NG1T.....G.....C.....G.....		0
MUS.1.CM.01.1085T.....G.....C.....G.....		92
MUS.1.CM.01.CM1239T.....G.....C.....G.....		93
MUS.2.CM.01.CM1246T.....G.....C.....G.....		94
MUS.2.CM.01.CM2500T.....G.....C.....G.....		95
MEN.CD.x.CD1T.....G.....C.....G.....		107
DEB.CM.99.CM40T.....G.....C.....G.....		125
DEB.CM.99.CM5T.....G.....C.....G.....		127
TAL.CM.00.266T.....G.....C.....G.....		122
TAL.CM.01.8023T.....G.....C.....G.....		620
SUN.GA.98.114T.....G.....C.....G.....		137
SYK.KE.x.KE51T.....G.....C.....G.....		137
SYK.KE.x.SYK173T.....G.....C.....G.....		496

	5' LTR U5 end	Lys tRNA primer binding site	
H1B.FR.83.HXB2AAAA.TCTCTAGCAG.....	..TGGCGCCCGAACAGGG..	..ACCTGA.....
H101_AE.TH.90.CM240C.....A..C..TC..
H102.AC.NG.x.IB.NG
H103_AB.RU.97.KAL153_2
H104_cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WEAU160
H1C.ET.86.ETH220G.....
H1D.CD.84.R47R083
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165GGCTT.....
H1H.CF.90.056
H1J.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT70
H1O.CM.91.MVP5180GGC.....
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzC.AM13G.....
CPZ.CM.05.SIVcpzE.K505
CPZ.CM.05.SIVcpzL.B7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.98.CAM5GTG.....
CPZ.GA.88.GAB1AGG.....
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TAN1GTGGCTAAGTA.....C.....
CPZ.US.85.CPZUSGGTG.....
H2A.DE.x.BENATCCAAGGCAGG.....C.....G..T.....
H2A.CW.x.ALIAACGAGGCAGG.....G..T.....
H2A.SN.x.AACCAAGGCAGG.....C.....G..T.....
H2B.CL.x.EHOAACCAAGGCAGG.....C.....A..T.....
H2B.GH.86.D205AACCGAAGCGGG.....C.....A..T.....G.....
H2G.CL.x.ABT96AACCGAAGCGGG.....C.....A..T.....
H2U.FR.96.12034AACCGAAGGCAGG.....C.....G..T.....
	5' LTR U5 end	Lys tRNA primer binding site	
MAC.US.x.239AACCGAAGGCAGG.....C.....A..T.....T.....
MAC.US.x.251_1A11AACCGAAGGCAGG.....C.....A..T.....
MAC.US.x.251_BK28AACCGAAGGCAGG.....C.....A..T.....
MAC.US.x.EMB1_3AACCGAAGGCAGG.....C.....TGAT.....
SMM.SL.92.SL92BGCAACTCTCTGAGTG.....A.....G..T.....T.....
SMM.US.x.H9AACCGAAGGCAGG.....C.....G..T.....
SMM.US.x.PGM53AACCGAAGGCAGG.....C.....A..T.....
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3AACCGAAGGCAGG.....C.....G..T.....
STM.US.x.STMTACTGAGGCAGA.....C.....A..T.....
SAB.SN.x.SAB1CTCCCTGATAGAA.....CT.....
TAN.UG.x.TAN1T.....CCAGGCTGAG.....C.....
VER.DE.x.AGM3AACCGAAGGCAGG.....G.....A.....C.....
VER.KE.x.9063AACCGAAGGCAGG.....G.....A.....C.....
VER.KE.x.AGM155AACCGAAGGCAGG.....G.....A.....C.....
VER.KE.x.TY01AACCGAAGGCAGG.....G.....A.....C.....
COL.CM.x.CCU1TCCGGGAAGG.....GGC.....T.....G.....
GRV.ET.x.GRI_677TACCAGGTGGG.....G.....ACTC.....
MND_2.CM.98.CM16GGC.....AGTAGAGAA.....C.....
DRL.x.x.FAO
RCM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND_1.GA.x.MNDGB1AGGACTTCTAGTTA.....CCCTAGAAAGCCTTTTCTAG.....
MND_2.GA.x.M14GAG.....AGTAGAGAA.....C.....
MND_2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027AACCGAAGGCAGG.....C.....A..T.....
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.lho7GATCCGGG.....C.....GGG.....TC.....
GSN.CM.99.CN166CCG.....GGTGGACCC.....G.....CA.....C.....
GSN.CM.99.CN71CGC.....GGTGGATACC.....G.....CA.....C.....
MON.CM.99.L1GAG.....GGGACAGCAG.....G.....C.....TCTCCA.....G.....
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085GTG.....GTGTGAGTCTGG.....AACACCT.....GCA.....G.....
MUS_1.CM.01.CM1239GTG.....GTGTGAGTCTGG.....AACACCT.....GCA.....G.....
MUS_2.CM.01.CM1246GGGA.....T.....CTC.....
MUS_2.CM.01.CM2500GATCCAGGGCT.....CAACCT.....CCA.....G.....
MEN.CD.x.CD1CTTACCGAGGTGA.....G.....C.....C.....
DEB.CM.99.CM40CTAGGCTCAAG.....CG.....G.....GTC.....
DEB.CM.99.CM5CTAGGCTCTGGGAGG.....G.....AAC.....
TAL.CM.00.266GGGCCAAGCGGGCTTCGGGGA.....CGCG.....GTTTTGGGTC.....CAAA.....G.....A.....AG.....AACCTCCGAGGGTCTGTGAGAGGACGACAGTTCGGAGTCTGAGCCCGGATCGCGGAAGACGACGCGCTCGCAAAGTAAAGTAAGGTAAGGAGCCGATCGGTCACCCGGCGAGTA
TAL.CM.01.8023GTGATCCGGGGCTG.....C.....GGC.....A.....
SUN.GA.98.114G.....G.....C.....TT.....
SYK.KE.x.KE51G.....C.....TT.....
SYK.KE.x.SYK173G.....C.....TT.....

657
204
185
0
4
126
657
36
171
8
40
4
0
0
215
687
659
9
198
198
202
204
201
26
331
676
4
206
680
880
6
326
876
877
248
373

843
842
830
338
AGGAGAGTGAGA
321
326
769
857
307
801
CTAAGACGTC
728
241
746
745
748
391
710
536
92
22
295
470
97
324
0
0
867
248
257
243
0
246
320
248
276
278
269
273
462
862
265
624

H1B.FR.83.HXB2
Gag
H101_AE.TH.90.CM240
H102_AG.NG.x.IBNG
H103_AB.RU.97.KAL153_2
H104_cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WE.AU160
H1C.ET.86.ETH.2320
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT170
H1O.CM.91.MVP5180
CPZ_CD.90.ANT
CPZ_CM.01.SIVcpz.CAM13
CPZ_CM.05.SIVcpz.EK505
CPZ_CM.05.SIVcpz.LB7
CPZ_CM.05.SIVcpz.MB66
CPZ_CM.05.SIVcpz.MT145
CPZ_CM.98.CAM3
CPZ_CM.98.CAM5
CPZ_GA.88.GAB1
CPZ_GA.88.GAB2
CPZ_TZ.01.TANI
CPZ_US.85.CPZUS
H2A.DE.x.BE1
H2A.DE.x.AL1
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.AB196
H2U.FR.96.12034

Table with 3 columns: Packaging loops end, Gag and Gag-Pol start, and sequence. Rows include H1B.FR.83.HXB2, H101_AE.TH.90.CM240, H102_AG.NG.x.IBNG, H103_AB.RU.97.KAL153_2, H104_cpx.CY.94.CY032, H1A1.UG.85.U455, H1B.US.90.WE.AU160, H1C.ET.86.ETH.2320, H1D.CD.84.84ZR085, H1F1.BE.93.VI850, H1G.SE.93.SE6165, H1H.CF.90.056, H1I.SE.93.SE7887, H1K.CM.96.MP535, H1N.CM.95.YBF30, H1O.BE.87.ANT170, H1O.CM.91.MVP5180, CPZ_CD.90.ANT, CPZ_CM.01.SIVcpz.CAM13, CPZ_CM.05.SIVcpz.EK505, CPZ_CM.05.SIVcpz.LB7, CPZ_CM.05.SIVcpz.MB66, CPZ_CM.05.SIVcpz.MT145, CPZ_CM.98.CAM3, CPZ_CM.98.CAM5, CPZ_GA.88.GAB1, CPZ_GA.88.GAB2, CPZ_TZ.01.TANI, CPZ_US.85.CPZUS, H2A.DE.x.BE1, H2A.DE.x.AL1, H2A.SN.x.ST, H2B.CL.x.EHO, H2B.GH.86.D205, H2G.CL.x.AB196, H2U.FR.96.12034.

MAC.US.x.239
Gag
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SAB1C
TAN.UG.x.TAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI_677
MND_2.CM.98.CM16
DRL.x.FAO
RCLM.GA.x.GAB1
RCLM.NG.x.NG411
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.Jho7
GSM.CM.99.CM166
GSM.CM.99.CM171
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.265
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

Table with 3 columns: Packaging loops end, Gag and Gag-Pol start, and sequence. Rows include MAC.US.x.239, MAC.US.x.251_1A11, MAC.US.x.251_BK28, MAC.US.x.EMBL_3, SMM.SL.92.SL92B, SMM.US.x.H9, SMM.US.x.PGM53, SMM.US.x.SIVsmH635F_L3, STM.US.x.STM, SAB.SN.x.SAB1C, TAN.UG.x.TAN1, VER.DE.x.AGM3, VER.KE.x.9063, VER.KE.x.AGM155, VER.KE.x.TYO1, COL.CM.x.CGU1, GRV.ET.x.GRI_677, MND_2.CM.98.CM16, DRL.x.FAO, RCLM.GA.x.GAB1, RCLM.NG.x.NG411, MND_1.GA.x.MNDGB1, MND_2.GA.x.M14, MND_2.x.x.5440, MNE.US.x.MNE027, LST.CD.88.447, LST.CD.88.485, LST.CD.88.524, LST.KE.x.Jho7, GSM.CM.99.CM166, GSM.CM.99.CM171, MON.CM.99.L1, MON.NG.x.NG1, MUS_1.CM.01.1085, MUS_1.CM.01.CM1239, MUS_2.CM.01.CM1246, MUS_2.CM.01.CM2500, DEN.CD.x.CD1, DEB.CM.99.CM40, DEB.CM.99.CM5, TAL.CM.00.265, TAL.CM.01.8023, SUN.GA.98.L14, SYK.KE.x.KE51, SYK.KE.x.SYK173.

H1B.FR.83.HXB2
Gag
H101_AE.TH.90.CM240
H102_AG.NG.x.IBNG
H103_AB.RU.97.KAL153.2
H104_cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WEAU160
H1C.ET.86.ETH220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT170
H1O.CM.91.MVP5180
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_CM.98.CAM3
CPZ_CM.98.CAM3
CPZ_GA.88.GAB1
CPZ_GA.88.GAB2
CPZ_TZ.01.TANI
CPZ_US.85.CPZUS
H2A.DE.x.HBN
H2A.GW.x.ALI
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.HG.86.D205
H2G.CL.x.ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.x.239
Gag
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F.L3
STM.US.x.8TM
SAB.N.S.x.SAB1C
TAN.UG.x.TANI
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.ACM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI.677
MND.2.CM.98.CM16
DRL.x.FAO
RCLM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.GA.x.M14
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.lho7
GSN.CM.99.CM166
GSN.CM.99.CM71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS.1.CM.01.1085
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

TATGGGCAAGCAGGAGCTAGAACGATTGCGAGTTAATCTGGCGTGTAGAAACATCAGAAGGCTGTAGACAACTATGGGACAGCTACAACCATCCCTTCAGACAGGATCAGAAGAAGCTAGATCATTATATAACAGTAGCAACCCCTTATTGTGCATCAAAAGG 1062
V W A S R E L E R F A V N P G L E T S E G C R Q I L G Q L O P S L Q T G S E E L R S L Y N T V A T L Y C V H Q R
... (sequence continues with multiple lines of aligned nucleotide sequences) ...

H1B.FR.83.HXB2
 Gag
 H101_AE.TH.90.CM240
 H102_AG.NG.x.IBNG
 H103_AB.RU.97.KAL153_2
 H104_cpX.CY.94.CY032
 H1A1.UG.85.U455
 H1B.US.90.WEAU160
 H1C.ET.86.ETH
 H1D.CD.84.84ZR085
 H1F1.BE.93.VI850
 H1G.SE.93.SE6165
 H1H.CF.90.056
 H1I.SE.93.SE7887
 H1N.CM.96.MP535
 H1N.CM.95.YBF30
 H1O.BE.87.AN170
 H1O.CM.91.MVP5180
 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_CM.98.CAM3
 CPZ_CM.98.CAM3
 CPZ_GA.88.GAB1
 CPZ_GA.88.GAB2
 CPZ_TZ.01.TANI
 CPZ_US.85.CPZUS
 H2A.DE.x.BRN
 H2A.GW.x.ALI
 H2A.SN.x.ST
 H2B.CL.x.EHO
 H2B.GH.86.D205
 H2G.CL.x.AB796
 H2U.FR.96.12034
 MAC.US.x.239
 Gag
 MAC.US.x.251_1A11
 MAC.US.x.251_BK28
 MAC.US.x.EMBL_3
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
 STN.US.x.STM
 SAB.SN.x.SAB1C
 TAN.UG.x.TANI
 VER.DE.x.AGM3
 VER.KE.x.9063
 VER.KE.x.ACM155
 VER.KE.x.TYO1
 COL.CM.x.CGU1
 GRV.ET.x.GRI_677
 MND_2.CM.98.CM16
 DRL.x.FAO
 RCM.GA.x.GAB1
 RCM.NG.x.NG411
 MND_1.GA.x.MNDGB1
 MND_2.GA.x.M14
 MND_2.x.x.5440
 MNE.US.x.MNE027
 LST.CD.88.447
 LST.CD.88.485
 LST.CD.88.524
 LST.KE.x.Iho7
 GSN.CM.99.CM166
 GSN.CM.99.CM71
 MON.CM.99.L1
 MON.NG.x.NG1
 MUS_1.CM.01.1085
 MUS_1.CM.01.CM1239
 MUS_2.CM.01.CM1246
 MUS_2.CM.01.CM2500
 DEN.CD.x.CD1
 DEB.CM.99.CM40
 DEB.CM.99.CM5
 TAL.CM.00.266
 TAL.CM.01.8023
 SUN.GA.98.L14
 SYK.KE.x.KE51
 SYK.KE.x.SYK173

ATAGAGATAAAAGACCAAGGAAAGCTTTAGACAAGATAGAGGAAAGAGCAA.....AACAAAGTAAGAAAAAGCACAGAACGACAGCTGACACAGAA.....1158
 I E T K D T K E A L D K I E E E Q N K S K K K A Q Q A A A D T G
-G---T---A---A---TA---T---G---G---GA---G---G---G---G---G---
-C---T---A---G---ATA---T---G---C---G---G---G---G---G---G---
-T---G---C---G---GA---C---A---G---A---G---G---G---G---G---
-T---G---C---G---GA---G---G---G---G---G---G---G---G---G---
-T---G---A---T---A---AT---T---G---AC---C---GGA---G---A---A---
-G---T---C---T---A---A---A---G---C---C---G---G---G---A---CTGACA---A---
-C---T---C---T---A---A---A---G---C---C---G---G---G---G---G---G---
 GC-G-G-C---A---C---AG-G-G-AA-GATA---G---C---G---AT---G---ATG---T---A---G---
-G---G---A---C---AG-G-G-AA-GATA---G---C---G---AT---G---ATG---T---A---G---
-T---G---G---T---G---T---ATT---T---G---AC---AC---G---A---A---A---AA---
-G---T---C---G---AC---T---A---A---A---G---C---G---G---A---A---A---A---
-C---C---CA---AC---G---G---A---GA---A---G---GAAC-GC-C-AGCCG-GCC-AA-A-C-C-A---GG-CAG-G-C-GCAACTGAT---
 TATA-A-TGG-T-GC-C-G-AA-C-A-T-A---TAATG---G-G-G-G-GT-TGC-G-C-C-TAAG-AGACAC-AGC---1207
 T-T-C-CCG-T-AC-C-G-AA-C-A-T-A---TAATG---G-G-G-G-GT-TGCAG-G-C-TAAG-AGA-AG-AGC---1182
 GA-A---G---AG-AC---CG-TA-A-CAG-GA-AATGA-AGT---ATGCAG-CAG-A-C-GG-AGTAG---A-C---AGCAGGACATGCTCTGGCGTCTCTGTAAACAAACAGTGGTGTCAAGCGA---570
-C---G---AC---A---AC-C-TA---A---AACATGAAAGCAG---AACAT-AGA-G-CAGGCGCTAGTCT---678
 ---A-G-C-GA-T-AC---A---AT-AGA-GA-AATG---AACGAGAAC-A---GAACCTG-CC-G-A---GG-CAG-G-C-AGG---706
 ---C---C---G---G---T-CAC-ACA-C-TTAG---C-G-AAC-C---G-A-A-G---T-A-C-G-G-C-AGG---704
 ---CCAG---T-A-A---TC-C-C-A---G-AGCCGAGC---GG-AA-G-TG-T-C-CCGACGT---704
 ---AG-GG---AC-AC-G---C-G-AC-GA-A---GACT---GCTGCCGTG-CCC-G-CAGGGTG---700
 ---TTCAG-G-G---AC-C-G-ACA-AT-GA-A---CAGTT---ACGGC-TCC-AG-AC-GG-TGCC-C-GCAGAGC-GCAGCA---700
 ---CC-AG-G-G---AC-C---TCA-AC-GA-A---ACAGTT---GC-GCCAAG-AC-GG-TGCC-C-GCAGAAC-GCAGAG---854
 ---CACTG-G-G---AC-A-C---AC-C-A---CGGATC-TGG-GAAC-AC-GCAA-CTG-AGTAACT-A-GA-GCC-TGAAGGGGAGCCAGTCAAGGCGCTAGTGC---1222
 ---AG-G---T-AC-C---C-C-A-T-GA-A---TTTGT---C-A-GAA-CAGC-C---AA-GCA-A-TGAG---TC---535
 GA-AGAG-CC-T-GG-A---AG-CA-TTG-GA-AATGA-A-T---ACTGTACAGAAAAATAACT-C-GCG-CATCT-GT-G---AAG-CAGAAT-A-GTGA-AA-GAGAAACAGTGCACCTAGTGGCAATACAGGAAACACAGGGAGAGCAAC---789
 G-GACAG-G-G---TG-C-G-C---TG-AG-A---G-TA---TACTAGTGGCAGAA---TGTGAGTGGCAGAA---ACTGGAATGCAAGAAAAATGCCAAATCAAGTAGACCAACAGC---1209
 GAGA-AG-G---TG---AAG---AC---CAC-GAGA---TCTAGTGGCAGAA---ATAGAAACAGCAGAAAAATGCCAAGCAAGTAGACCAACAGC---1479
 GAGA-AG-G---T-GA-G---AAA-C-A---ATAC-GAGA---TCTAGCGGCAGAA---ACAAAAACTACAGAAAAATGCCAAGCAAGTAGACCAACAGC---924
 GAGA-AGCG---T-GA-G---AAA-C-A-AG-TAC-GAGA---TCTAGTGGCAGAA---ACAGAAAAATGCCAGCTATGATGAAACCAAGTAA---1447
 GAGA-AG-G---T-G---AAA---CAC-GCGA---TCTAGCAGCGGAC---ACAGAAAAATGCCAGCTATGATGAAACCAAGTAA---1446
 GAGA-AG-G---T-G---AAA---CAC-GAGA---TCTAGCGGCGGAC---ACTGGAACTACAGAAAAATGCCCAACAGCAGCAACAGC---842
 CAGA-AG---C-T-G---AAA-C-AG---T-C-GAGA---TCTAGTGGTAGAA---ACTGAAACTGCAAAAAATGCCAGCAGCAAGTAGACCAACAGY---958
 GAGA-AG-G---C-T-G---AAA-C---T-C-GAGA---CCTAGTGGTGAA---ACAGGAACACAGAACTATGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGC---1429
 E K V K H T E E A K Q I V O R H L V E T G T T E T M P K T S R P A1428
 GAGA-AG-G---C-T-G---AAA-C---TAC-GAGA---CCTAGTGGTAA---ACAGGAACAGCAGAAATATGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGC---1417
 GAGA-AG-G---C-T-G---AAA-C---T-C-GAGA---CCTAGTGGTGAA---ACAGGAACAGCAGAAATATGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGC---915
 -GA-AG-G---AG---AAG---A-C-TAC-GAGC---TCTAGTGGTAGAA---AGTGAATGCAAGAAAAATGCCAGCTCAAGCAGCAACAGC---869
 GAGA-AG-G---C-T-G---AAA-C-A---T-C-GAGA---TCTAGTGGTGAA---ACAGGAACAGCAGAAATATGCCAGCAACAGTAGACCAACAGC---911
 GAGA-AG-G---C-T-G---AAA-C-A---T-C-GAGA---TCTAGTGGTGAA---ACAGGAACAGCAGAAATATGCCAATAACAAGCAGCAACAGC---1355
 GAGA-AG-G---C-T-G---AAA-C-A---T-C-GAGA---TCTAGTGGTGAA---ACAGGAACAGCAGAAATATGCCAACAAGCAGCAACAGC---1441
 GAGA-AG-G---C-T-G---AAG---C-AG-G-TAA-GAGA---TCTAGTGGTAGAG---ACTGGAATGCAAAAAATGCCCTGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGC---1085
 ---A-AG-G---T-AG---AAA-CG-AG-A-A-G---AGTGCAGCAGAAATACAGAAAAATGCC-CAGCG-CATCT-GTGGCCA-ACTA-G---GAACTGCAGGCAAAAAAGAAAAATGAGCAACAGT---1426
 CAGA-AG-G---T-AG---AG-G-TATTAG-A-AC-CGCTGCCATCTAGTGGAA---AAA-A-A-ACTGCAGCAGCCCATCTGGTGGCAGCAGAAAAATACAAACAGCTGCAGC---1299
 -AG-AG-G---AG-A---AG-CA-TAG-AGAC---TGCTGCCATCTAGTGGGAAAGAAAAATGCAG---A-T-C---ACAGAGACTCTAGTGGCAAAAAAATGACAGGGAGTAAAC---857
 CAGA-AG-G---AG---GG-CA-CAG-AGAC---TGCTGCCATCTAGTGGAA---AAG-A-A-A-GCAAGACCATAGTGGGAAAGAAAAATGACAGGGAGTAAAC---1339
 -AGA-AG-G---AG---CA-TAG-AGAC---TGCTGCCATCTAGTGGAA---AAA-A-A-ACTGCAGTACCCCTGGTGACGCAAAAAATACAAAGCAGGAAACAGC---1328
 CAGA-AG-G---AG---AG-CA-CAG-AGAC---CTGCCATCTAGTGGAA---AAA-A-A-A-TGCAACAGAGACTCTAGTGGCAAAAAAATGACAGGGAAATAGCAGC---1336
 TGGA-T-T-G-G---TC-A-G---AGA-A-G---A---CTT-TAAAAGCAGCCCATGATAGAAATGGC-GC-AGG-G-GG-GAA-GCAA---AAAA-TGAGAA-GCAGCT---AAAAAGAAAAATGAGCAACAGC---975
 CAGA-AG-G---AG---G-TA-CAG-TA-C-C-CT-CACTAGTGGAC---AAAA-TGAGAA-GCAGCT---AAAAAGAAAAATGAGCAACAGC---1273
 GAGA-AG-G---C-T-AG---GAA-G-AG-A-AC-A---TCCATCTAGTGGCGAAAAGGAAAAATGCAGC-TCAG-A---G---CA-AGA---AAAA-TGAGAA-GCAGCT---AAAAAGAAAAATGAGCAACAGC---1116
 G-GA-AG-G---C-T-AG---G-TC-A-AG-A-AC-C-CTGCCATCTAGTGGATAAATGAGAATGCAGTCCA-A---TG-AATGG-G---GCAATAGT---GCAATAGT---1116
 G-GA-AG-G---C-T-AG---G-TC-A-AG-A-AC-C-CTGCCATCTAGTGGATAAATGAGAATGCAGTCCA-A---TG-AATGG-G---GCAATAGT---GCAATAGT---1116
 G-GA-AG-G---C-T-AG---G-TC-A-AG-A-AC-C-CTGCCATCTAGTGGATAAATGAGAATGCAGTCCA-A---TG-AATGG-G---GCAATAGT---GCAATAGT---1116
 GAGA-AG-G---C-T-G---AAA-G-AG---AC-CG-T-CACTAGTGGTGAAGAGAGAAATGCAGCTCAG-AG-G-AA-GGAGC---ACAGAAACAGCAGAACTATGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGC---909
 GAGA-AG-G---C-T-G---AAA-C---T-C-GAGA---CCTAGTGGTGAA---ACAGGAACAGCAGAACTATGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGC---333
 ---A-AG-GC---C-A---A-GC-A---A-AAT---A-C-ACTCAGGAA---ACAGGAACAGCAGAACTATGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGC---333
 ---A-A-GC-A---GCA---A-GC-A---A-AAT---A-C-ACTCAGGAA---ACAGGAACAGCAGAACTATGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGC---330
 ---AGAG-C-T-T-AG---AA-TA-T-AG-GA-AATT---GAACAAA---ACAGGAACAGCAGAACTATGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGC---1438
 G-AGA---TC---TC---CA-CAGT---AG-A-AAT---A-C-GCAGCAGAAAGCAGCGGAAAGAAAC-AC-G-CAGG-GG---ACCAAGGGAAGAAAAAGCAAGTAAAGACCCCGGGGGCCCGAGG---834
 ---C-G-GG-G---T-AG-C-G---AAGC-GC-AG-AT-AGTGTCTAGTAGGAA---ACAAAAGAAAAAGAACAGCAAGAAAGACCCCGGGGGCCCGAGG---840
 ---TG-G-G---T-AG-C-G---AAGC-GC-AG-A-AATCAG-TGTCACTTAGCAGGGGAAACAGGGAAGAAAC-G-GC-GCAGCCGGC-CGCT---ACAAAAGAAAAAGAACAGCAAGAAAGACCCCGGGGGCCCGAGG---821
 ---A-TG-G---AG-AC-G---AAGC-GC-AG-A-AATCAG-TGTCACTTAGCAGGGGAAACAGGGAAGAAAC-G-GC-GCAGCCGGC-CGCT---ACAAAAGAAAAAGAACAGCAAGAAAGACCCCGGGGGCCCGAGG---821
 MON.NG.x.NG1
 MUS_1.CM.01.1085
 MUS_1.CM.01.CM1239
 MUS_2.CM.01.CM1246
 MUS_2.CM.01.CM2500
 DEN.CD.x.CD1
 DEB.CM.99.CM40
 DEB.CM.99.CM5
 TAL.CM.00.266
 TAL.CM.01.8023
 SUN.GA.98.L14
 SYK.KE.x.KE51
 SYK.KE.x.SYK173

723
 538
 390
 524
 625
 1157
 675
 513
 561
 505
 481
 360
 728
 1207
 1182
 570
 678
 706
 704
 704
 700
 700
 854
 1222
 TC
 789
 1209
 1479
 924
 1447
 1446
 842
 958
 1429
 1428
 1417
 915
 869
 911
 1355
 1441
 1085
 1426
 1299
 857
 1339
 1328
 1336
 975
 1273
 1116
 670
 588
 800
 1040
 673
 909
 333
 333
 330
 1438
 834
 840
 821
 0
 809
 808
 888
 850
 924
 930
 1045
 543
 1410
 865
 1237

H1B.FR.83.HXB2
Gag
H101_AE.TH.90.CM240
H102_AG.NG.x.IBNG
H103_AB.RU.97.KAL153_2
H104_cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WE.AU160
H1C.EI.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT170
H1O.CM.91.MVP5180
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_CM_98.CAM3
CPZ_CM_98.CAM5
CPZ_GA.88.GAB1
CPZ_GA.88.GAB2
CPZ_TZ.01.TANI
CPZ_US.85.CPZUS
H2A.DE.x.BF
H2A.GW.x.ST
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.AB796
H2U.FR.96.12034

Table with 2 columns: Sequence alignment and Position (1-1925). Header: Gag p17 Matrix end, Gag p24 Capsid start. Rows show nucleotide alignments for various HIV strains.

MAC.US.x.239
Gag
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
STM.US.x.STM
SAB.N.S.x.SAB1C
TAN.UG.x.TANI
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.ACM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI_677
MND_2.x.CM.98.CM16
DRL.x.x.FAO
RCLM.GA.x.GAB1
RCLM.NG.x.NG411
MND_1.GA.x.MNDG1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MNE.U.S.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.lho7
GSM.CM.99.CM166
GSM.CM.99.CM71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

Table with 2 columns: Sequence alignment and Position (1-1925). Header: Gag p17 Matrix end, Gag p24 Capsid start. Rows show nucleotide alignments for various HIV strains.

H1B.FR.83.HXB2
H101_AE.TH.90.CM240
H102_AG.NG.x.IBNG
H103_AB.RU.97.KAL153_2
H104_cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WEAU160
H1C.ET.86.ETH120
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1_BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT170
H1O.CM.91.MVP5180
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_CM.98.CAM3
CPZ_CM.98.CAM3
CPZ_GA.88.GAB1
CPZ_GA.88.GAB2
CPZ_TZ.01.TANI
CPZ_US.85.CPZUS
H2A.DE.x.IBBN
H2A.GW.x.AL1
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.x.239
Gag
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
STM.US.x.STM
SAB.IN.x.SAB1C
TAN.UG.x.TAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.ACM1155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI_677
MND_2.CM.98.CM16
DRL.x.FAO
RCLM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.lho7
GSN.CM.99.CM166
GSN.CM.99.CM71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

Genomic alignment table showing sequence variations and coordinates across different HIV strains. Columns include strain identifiers, sequence alignments with gaps, and coordinates. The table is organized into two main sections, with the second section starting at coordinate 1142.

PLV Complete Genomes

H1B.FR.83.HXB2
H101.AE.TH.90.CM240
H102.AG.NG.x.IBNG
H103.AB.RU.97.KAL153.2
H104.cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WE.AU.160
H1C.ET.86.ETH.220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.AN170
H1O.CM.91.MVP5180
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.CM.98.CAM5
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS
H2A.DE.x.IB.N
H2A.GW.x.ALI
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.AB79E
H2U.FR.96.12034
MAC.US.x.239
Gag
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.BK23
MAC.US.x.EMBL.3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmgH635F.L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SAB1
TAN.UG.x.TANI
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.ACM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI.677
MND.2.CM.98.CM16
DRL.x.x.FAO
RCLM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.GA.x.M14
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.lho7
GSN.CM.99.CM166
GSN.CM.99.CM71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS.1.CM.01.1085
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

Table with 4 columns: Reference sequence (H1B.FR.83.HXB2), Sample identifier, Nucleotide sequence (A, C, G, T, -, dashes), and Position (1-1915). The table lists multiple HIV-1 sequences and their corresponding positions.

H1B.FR.83.HXB2	AGGACCAAAGAACCTTTAGAGACTATGAGACCGGTTCTATAAACTCTAAGAGCGGACGAAGCTTCAAGGAGTAAAAATGGATGACAGAAACCTTTGGTCCAAAATGCGAACCCAGATTGAAGACTATTTAAAAGCATTGGGACCGCGCTACACTAG	1819
Gag	G P K E P F R D Y V D R F Y K T L R A E Q A S O E V K N W M T E T L L V Q N A N P D C K T I L K A G P A A T L	
H101_AE.TH.90.CM240	---G---A---G---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1384
H102_AG.NG.x.IBNG	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1350
H103_AB.RU.97.KAL153_2	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1051
H104_cpx.CY.94.CY032	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1185
H1A1.UG.85.U455	---G---A---C---G---T---TA---A---T---C---T---A---A---T---C---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1274
H1B.US.90.WEAU160	---A---T---T---CT---T---A---A---A---T---C---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1818
H1C.ET.86.ETH220	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1193
H1D.CD.84.84ZR085	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1336
H1F1_BE.93.VI850	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1162
H1G.SE.93.SE6165	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1222
H1H.CF.90.056	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1166
H1I.SE.93.SE7887	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1142
H1K.CM.96.MP535	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1018
H1N.CM.95.YBF30	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1383
H1O_BE.87.ANT70	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1868
H1O.CM.91.MVP5180	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1843
CPZ_CD.90.ANT	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1240
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1396
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1367
CPZ_CM.05.SIVcpzLB7	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1365
CPZ_CM.05.SIVcpzMB66	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1362
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1358
CPZ_CM.98.CAM3	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1209
CPZ_CM.98.CAM3	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1512
CPZ_GA.88.GAB1	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1880
CPZ_GA.88.GAB2	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1197
CPZ_TZ.01.TANI	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1460
CPZ_US.85.CPZUS	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1867
H2A.DE.x.BRN	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2138
H2A.GW.x.ALI	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2131
H2A.SN.x.ST	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1583
H2B.CL.x.EHO	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2100
H2B.GH.86.D205	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2099
H2G.CL.x.AB796	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1501
H2U.FR.96.12034	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1617
MAC.US.x.239	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2085
Gag	G P K E P F Q S Y V D R F Y K S L R A E Q A V K N W M T T C Q A C A T T O N A N P D C K L V L K G L G V I P T L	
MAC.US.x.251_1A11	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2084
MAC.US.251_BK28	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2073
MAC.US.x.EMB1_3	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1571
SMM.SL.92.SL92B	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1528
SMM.US.x.H9	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1570
SMM.US.x.PGM53	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2014
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2100
STM.US.x.STM	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1747
SAB.SN.x.SAB1C	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2088
TAN.UG.x.TANI	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1958
VER.DE.x.AGM3	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1499
VER.KE.x.9063	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1998
VER.KE.x.ACM1155	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1987
VER.KE.x.TYO1	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1995
COL.CM.x.CGU1	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1606
GRV.ET.x.GRI_677	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1935
MND_2.CM.98.CM16	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1775
DRL.x.FAO	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1329
RCLM.GA.x.GAB1	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1247
RCLM.NG.x.NG411	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1247
MND_1.GA.x.MNDGB1	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1449
MND_2.GA.x.M14	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1699
MND_2.x.x.5440	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1332
MNE.US.x.MNE027	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1365
LST.CD.88.447	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	991
LST.CD.88.485	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	991
LST.CD.88.524	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	985
LST.KE.x.lho7	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2075
GSN.CM.99.CM166	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1496
GSN.CM.99.CM71	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	502
MON.CM.99.L1	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1483
MON.NG.x.NG1	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	49
MUS_1.CM.01.1085	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1467
MUS_1.CM.01.CM11239	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1469
MUS_2.CM.01.CM11246	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1550
MUS_2.CM.01.CM2500	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	512
DEN.CD.x.CD1	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1592
DEB.CM.99.CM40	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1598
DEB.CM.99.CM5	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1589
TAL.CM.00.266	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1707
TAL.CM.01.8023	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1205
SUN.GA.98.L14	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	2062
SYK.KE.x.KE51	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1527
SYK.KE.x.SYK173	---G---A---C---T---TA---T---TG---T---A---A---G---C---T---C---A---T---C---T---G---A---A---A---G---A---T---L	1899

	Gag p24 Capsid end	Gag p2 start	Gag p2 end	Gag p7 nucleocapsid start	Gag-Pol fusion TF protein start	
H1B.FR.83.HXB2	AAGAAATGATGACAGCATGTCCAGGAGTAGGAGGACCCGCCCAAGGCAAGAGTTTTGGCTGAAGCAATGAGCCCAAGTAAACAATTCAGCTACC				ATAATGATGACAGAGGCAATTTTAGGAACCAAAAGA	1509
H102_AG.NG.x.IBNG	1475
H103_AB.RU.97.KAL153_2	1176
H104_cpx.CY.94.CY032	1319
H1A1.UG.85.U455	1399
H1B.US.90.WA.U160	1949
H1C.ET.86.ETH2220	1321
H1D.CD.84.84ZR085	1470
H1F1.BE.93.VI850	1287
H1G.SE.93.SE6165	1356
H1H.CF.90.056	1300
H1I.SE.93.SE7887	1270
H1K.CM.95.MP535	1146
H1N.CM.95.YBF30	1517
H1O.BE.87.ANT70	2014
H1O.CM.91.MVP5180	1989
CPZ_CD.90.ANT	1380
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13	1533
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505	1498
CPZ_CM.05.SIVcpzLB7	1496
CPZ_CM.05.SIVcpzMB66	1484
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145	1489
CPZ_CM.98.CAM3	1450
CPZ_CM.98.CAM3	1643
CPZ_GA.88.GAB1	2017
CPZ_GA.88.GAB2	1328
CPZ_TZ.01.TANI	1588
H2A.DE.x.IBEM1	1998
H2A.GW.x.ALI	2250
H2A.SN.x.ST	1702
H2B.CL.x.EHO	2228
H2B.GH.86.D205	2230
H2U.CL.x.AB1706	1632
H2V.FR.96.12034	1748
MAC.US.x.239	2213
MAC.US.x.251_1A11	2212
MAC.US.x.251_BK28	2201
MAC.US.x.EMBL_3	1699
SMM.SL.92.SL92B	1659
SMM.US.x.H9	1698
SMM.US.x.PGM53	2142
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3	2228
STM.US.x.STM	1872
SAB.SN.x.SAB1C	2228
TAN.UG.x.TANI	2083
VER.DE.x.AGM3	1624
VER.KE.x.9063	2122
VER.KE.x.ACM155	2112
VER.KE.x.TYO1	2117
COL.CM.x.CGU1	1746
GRV.ET.x.GRI_677	2054
MND_2.CM.98.CM16	1900
DRL.x.FAO	1454
RCM.GA.x.GAB1	360
RCM.NG.x.NG411	1372
MND_1.GA.x.MNDGB1	1574
MND_2.GA.x.M14	1824
MND_2.x.x.5440	1457
MNE.US.x.MNE027	1693
LST.CD.88.447	1128
LST.CD.88.485	1128
LST.CD.88.524	1122
LST.KE.x.Jho7	2212
GSN.CM.99.CM166	1630
GSN.CM.99.CN71	633
MON.CM.99.L1	1593
MON.NG.x.NG1	174
MUS_1.CM.01.1085	1592
MUS_1.CM.01.CM11239	1585
MUS_2.CM.01.CM11236	1684
MUS_2.CM.01.CM2500	1646
DEN.CD.x.CD1	1732
DEB.CM.99.CM40	1735
DEB.CM.99.CM5	1726
TAL.CM.00.209	1844
TAL.CM.01.8023	1339
SUN.GA.98.L14	2202
SYK.KE.x.KE51	1655
SYK.KE.x.SYK173	2018

H1B.FR.83.HXB2
Gag
H101_AE.TH.90.CM240
H102_AG.NG.x.IBNG
H103_AB.RU.97.KAL153_2
H104_cpx.CY.94.CY032
H1A.TUG.85.SL185
H1B.US.90.WEAU160
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT70
H1O.CM.91.MVP5180
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.CM.98.CAM5
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS
H2A.DE.x.BEN
H2A.GW.x.ALI
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2C.CL.x.AB796
H2U.FR.96.12034

..GGCTGTTGAAATGTGAAAGGAGGACACCAATGAAAGTTGTACT.....
G C W K C G K E G H Q M K D C T
GAGACAGGCTAAATTTTAGGGAAGATCTGCCCTTC.....
E R Q A N F L G K T W P S
CTACAGGGAAGGCC.....AGGGAATTTTCTTC 2137
Y K G R P L Q G K A R E N F S
Gag p7 nucleocapsid end Gag p1 start Gag p1 end Gag p6 start

MAC.US.x.239
Pol
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.US.x.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SAB1C
TAN.UG.x.TAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI.677
MND_2.CM.98.CM16
DRL.x.x.FAO
RCM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.ho7
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.CM1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

..-A-C-..AATG-AC-TGTT--GCCA-A-CC-A..
G C W K C G K M D H V M A K C P
D R Q A G F L G L G P W G
G K E P R N Q F P
..-C-..GGG-..CCTTGGTCCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2397
..-C-..GGG-..CCTTGGTCCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2396
..-C-..GGG-..CCTTGGTCCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2385
..-C-..GGG-..CCTTGGTCCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1883
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1849
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1882
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2326
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2412
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2056
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2439
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2276
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1811
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2316
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2299
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2304
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1964
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2244
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2097
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1659
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1574
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1577
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1792
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2021
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1656
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1877
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1354
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1354
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1348
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2441
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1829
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1829
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1816
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 397
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1824
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1814
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1907
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1866
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1949
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1825
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1919
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2076
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1571
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 1872
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2437
..-C-..GGG-..CCTTGG-CCATGGGG.....AAAG-A-..CC-C-..C-CCA 2235

- H1B.FR.83.HXB2
- Gag
- H101_AE.TH.90.CM240
- H102_AG.NG.x.IBNG
- H103_AB.RU.97.KAL153_2
- H104_cpx.CY.94.CY032
- H1A_FLUG.85.160
- H1B_CS.90.WEAU160
- H1C_ET.86.ETH2220
- H1D_CD.84.84ZR085
- H1F1_BE.93.VI850
- H1G_SE.93.SE6165
- H1H_CF.90.056
- H1J_SE.93.SE7887
- H1K_CM.96.MP535
- H1N_CM.95.YBF30
- H1O_BE.87.ANT70
- H1O_CM.91.MVP5180
- CPZ_CD.90.ANT
- CPZ_CM.01.SIVcpzEKM13
- CPZ_CM.05.SIVcpzLB5
- CPZ_CM.05.SIVcpzL87
- CPZ_CM.05.SIVcpzMB66
- CPZ_CM.05.SIVcpzMT145
- CPZ_CM.98.CAM5
- CPZ_CM.98.CAM5
- CPZ_GA.88.GAB1
- CPZ_GA.88.GAB2
- CPZ_TZ.01.TAN1
- CPZ_US.95.CPZUS
- H2A_DE.x.BEN
- H2A_GW.x.ALI
- H2A_SN.x.ST
- H2B_CL.x.EHO
- H2B_CH.86.DJ5
- HRV_CT.x.AB196
- H2U.FR.96.12034

AGGACATAACAAGAGTTGACGGAGGACTTGCT-G-A-TCG
AGGCATACAAAGAGTGCAGGTGCAGACTTCTG-A-TCG
AGCCATAACAAGAGTGCAGGAGGACTTCTG-A-TCG
ATGCTAAAGAACTACATGCAACTGCGGAGGAG-AG-AGAAGG
ATGCTGAAAGTACATGAGACTGGGAGC-CA-AGAGAG
CTACTGAAGAAATACATGAGACTGGGAGC-AG-AGAAGG
CTGCTGAAGATTACATGCAAGTGGGCAAG-AA-AAAAGG

- MAC.US.x.239
- Gag
- MAC.US.x.251_1A11
- MAC.US.x.251_BK28
- MAC.US.x.EMBL_3
- SMM.SL.92.SL92B
- SMM.US.x.H9
- SMM.US.x.PGM53
- SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
- STM.US.x.STM
- SAB.SN.x.SAB1C
- TAN.US.x.TAN1
- VER.DE.x.AGM3
- VER.KE.x.9063
- VER.KE.x.AGM155
- VER.KE.x.TYO1
- COL_CM.x.CGU1
- GRV_ET.x.GRI_677
- MND_2_CM.98.CM16
- DRL_x.x.FAO
- RCM_GA.x.GAB1
- RCM_NG.x.NG411
- MND_1_GA.x.MNDGB1
- MND_2_GA.x.M14
- MND_2.x.x.5440
- MNE.US.x.MNE027
- LST.CD.88.447
- LST.CD.88.485
- LST.CD.88.524
- LST.KE.x.no7
- GSN_CM.99.CN166
- GSN_CM.99.CN171
- MON_CM.99.L1
- MON_NG.x.NG1
- MUS_1_CM.01.1085
- MUS_1_CM.01.CM1239
- MUS_2_CM.01.CM1246
- MUS_2_CM.01.CM2500
- DEN_CD.x.CD1
- DEB_CM.99.CM40
- DEB_CM.99.CM45
- TAL_CM.00.266
- TAL_CM.01.8023
- SUN_GA.98.L14
- SYK.KE.x.KE51
- SYK.KE.x.SYK173

CTGCTAAGAAGTACATGAGTGGGCAAGC-AGAGAG-A-AGAGAA-GCAGAG-A-G-G-CT-CAAGGAGGTGACAGAGGA-G-GTGTGA-AT-T-T-AGGA-AG-A-TGCTC-T-T-AA-A-A-G-CTGTA-TAT-C-G-2626

Table with columns for sequence identifiers (e.g., H1B.FR.83.HXB2, MAC.US.x.239), sequence alignments (D T G A D D T V L E E M S L...), and accession numbers (2042, 1993, 1694, 1834, 1914, 2467, 1860, 1990, 1805, 1865, 1815, 1782, 1664, 2062, 2523, 2498, 1907, 2048, 2040, 2023, 2014, 2010, 1879, 2170, 2529, 1861, 2112, 2528, 1853, 2846, 2298, 2824, 2829, 2180, 2353, 2770, 2769, 2746, 2244, 2201, 2243, 2687, 2773, 2417, 2866, 2664, 2187, 2692, 2684, 2689, 2243, 2635, 2469, 2035, 1947, 1962, 2149, 2396, 2029, 2238, 1730, 1730, 1727, 2814, 2178, 2178, 2165, 761, 2158, 2148, 2250, 2215, 2349, 2283, 2277, 2437, 1935, 2819, 2322, 2664).

PLV Complete Genomes

Table of PLV Complete Genomes alignments. Columns include accession numbers (e.g., H1B.FR.83.HXB2, MAC.US.x.239) and sequence alignments with corresponding positions (e.g., 2372, 2323, 2024, 2164, 2244, 2377, 2190, 2320, 2135, 2195, 2145, 2112, 1994, 2392, 2853, 2828, 2237, 2378, 2370, 2353, 2344, 2340, 3183, 2500, 2859, 2191, 2442, 2858, 3183, 3176, 2628, 3154, 3159, 2510, 2665).

Genome alignment table showing sequences from various sources (e.g., MAC.US.x.251.1A11, SMM.US.x.H9) aligned to a reference PLV Complete Genome. The alignment is shown as a grid of characters with gaps represented by dashes. A scale of 3755 is visible at the bottom right.

H1B.FR.83.HXB2
 Pol
 H101_AE.TH.90.CM240
 H102_AG.NG.x.IBNG
 H103_AB.RU.97.KAL153_2
 H104_cpx.CY.94.CY032
 H1A1.UG.85.U455
 H1B.US.90.WEAU160
 H1C.ET.86.ETH220
 H1D.CD.84.84ZR085
 H1F1.BE.93.VI850
 H1G.SE.93.SE6165
 H1H.CF.90.056
 H1I.SE.93.SE7887
 H1K.CM.96.MP535
 H1N.CM.95.YBF30
 H1O.BE.87.ANT170
 H1O.CM.91.MVP5180
 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_CM.98.CAM3
 CPZ_CM.98.CAM3
 CPZ_GA.88.GAB1
 CPZ_GA.88.GAB2
 CPZ_TZ.01.TANI
 CPZ_US.85.CPZUS
 H2A.DE.x.IBEN
 H2A.GW.x.ALI
 H2A.SN.x.ST
 H2B.CL.x.EHO
 H2B.GH.86.D205
 H2G.CL.x.AB796
 H2U.FR.96.12034
 MAC.US.x.239
 Pol
 MAC.US.x.251_1A11
 MAC.US.x.251_BK28
 MAC.US.x.EMBL_3
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
 STM.US.x.STM
 SAB.SN.x.SAB1C
 TAN.UG.x.TANI
 VER.DE.x.AGM3
 VER.KE.x.9063
 VER.KE.x.ACM155
 VER.KE.x.TYO1
 COL.CM.x.CGU1
 GRV.ET.x.GRI_677
 MND_2.CM.98.CM16
 DRL.x.x.FAO
 RCM.GA.x.GAB1
 RCM.NG.x.NG411
 MND_1.GA.x.MNDGB1
 MND_2.GA.x.M14
 MNE.US.x.MNE027
 LST.CD.88.447
 LST.CD.88.485
 LST.CD.88.524
 LST.KE.x.lho7
 GSN.CM.99.CM166
 GSN.CM.99.CM71
 MON.CM.99.L1
 MON.NG.x.NG1
 MUS_1.CM.01.1085
 MUS_1.CM.01.CM1239
 MUS_2.CM.01.CM1246
 MUS_2.CM.01.CM2500
 DEN.CD.x.CD1
 DEB.CM.99.CM40
 DEB.CM.99.CM5
 TAL.CM.00.266
 TAL.CM.01.8023
 SUN.GA.98.L14
 SYK.KE.x.KE51
 SYK.KE.x.SYK173

GCAATGGCTAGTGTATTTAACTGCCACTGTAGTACAAAGAAATAGTAGCCAGCTGTGATAAATGCAGCTAAAAGGAGAACCCATGCATGGACAAGTAGACTGTAGTCAGGAATATGGCAACTAGATTGTACACATTAGAAGGAAAAGTTACTCTGGTAGCAGT 4459
 A M A S D F N L P P V V A K E I V A S C D K C Q L K G E A M H G Q V D C S P G I W O L D C T H L E G K V I L V A V
 A-----T-----T-----A-----G-----A-----G-----T-----A-----AT-----G-----G-----C-----G-----G-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----4033
 -----T-----T-----A-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----G-----GT-----C-----T-----A-----A-----3825
 -----T-----T-----G-----G-----G-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----A-----3905
 -----A-----A-----T-----A-----C-----C-----C-----C-----TT-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----G-----A-----A-----4458
 -----G-----T-----A-----A-----G-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----3981
 -----G-----C-----TT-----A-----A-----G-----T-----G-----G-----A-----C-----G-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----3799
 -----G-----T-----T-----A-----A-----G-----T-----G-----G-----C-----C-----G-----T-----C-----C-----G-----C-----A-----T-----3856
 -----T-----G-----G-----T-----A-----C-----A-----G-----T-----C-----G-----G-----G-----T-----C-----C-----G-----C-----A-----T-----3806
 -----T-----T-----A-----C-----CA-----G-----C-----T-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----C-----T-----G-----3773
 -----C-----C-----T-----A-----C-----CA-----G-----C-----C-----C-----G-----A-----T-----G-----CA-----T-----C-----G-----G-----T-----C-----C-----G-----A-----C-----T-----G-----G-----4053
 -----C-----A-----A-----GGA-----A-----A-----G-----C-----G-----CA-----T-----T-----CC-----TA-----G-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----G-----C-----A-----G-----C-----A-----C-----AA-----A-----T-----T-----4514
 -----T-----A-----C-----GGAT-----A-----AA-----C-----G-----CA-----T-----T-----CC-----C-----TA-----G-----A-----C-----T-----AC-----C-----AG-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----T-----T-----3898
 -----T-----T-----AGA-----A-----AC-----T-----C-----A-----T-----G-----TA-----ACAG-----CC-----CG-----G-----G-----G-----T-----C-----C-----GA-----G-----C-----C-----T-----A-----A-----A-----T-----3808
 -----TT-----GG-----A-----T-----A-----CA-----G-----T-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----CA-----T-----C-----GG-----T-----C-----G-----G-----A-----T-----4031
 -----T-----C-----C-----T-----CA-----T-----T-----G-----T-----T-----G-----AT-----G-----G-----A-----G-----A-----G-----A-----G-----C-----GG-----T-----C-----C-----CC-----G-----A-----T-----4014
 -----C-----C-----T-----CA-----T-----G-----A-----AT-----G-----AT-----G-----G-----A-----G-----G-----A-----G-----T-----C-----C-----C-----G-----GA-----C-----A-----G-----4005
 -----C-----CAG-----C-----T-----A-----AA-----G-----T-----CAA-----C-----A-----G-----A-----G-----T-----C-----C-----GA-----T-----C-----C-----A-----A-----TA-----A-----G-----4001
 -----T-----A-----TA-----A-----A-----G-----C-----C-----C-----T-----C-----G-----C-----A-----G-----G-----T-----C-----C-----CC-----A-----A-----A-----G-----3873
 -----T-----C-----T-----A-----CA-----G-----C-----C-----C-----T-----C-----G-----C-----T-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----C-----CC-----A-----A-----A-----G-----4161
 -----T-----T-----TT-----A-----CA-----G-----CAT-----G-----C-----G-----G-----A-----G-----G-----G-----T-----C-----G-----T-----C-----C-----CC-----C-----A-----A-----G-----4520
 -----C-----GA-----A-----CC-----A-----C-----G-----C-----TA-----CA-----CCA-----C-----TA-----G-----T-----A-----A-----G-----T-----C-----G-----G-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----G-----3852
 -----TT-----A-----GA-----A-----A-----T-----C-----A-----T-----TA-----TCAG-----CCA-----C-----TA-----G-----T-----A-----A-----G-----G-----T-----C-----G-----G-----AC-----A-----C-----C-----CC-----G-----C-----A-----A-----G-----4103
 -----T-----C-----A-----G-----A-----G-----C-----T-----G-----G-----AA-----TCA-----CCC-----C-----A-----G-----G-----A-----G-----G-----T-----C-----G-----AC-----C-----G-----A-----C-----TA-----A-----G-----4519
 -----A-----C-----CA-----A-----A-----GGAT-----CA-----C-----G-----G-----G-----AA-----CA-----CCC-----A-----AG-----G-----G-----T-----A-----G-----GA-----TGCAGAA-----C-----CT-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----4841
 -----A-----AT-----CCA-----A-----GGA-----CAAA-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----TGCAGAA-----C-----CT-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----TA-----A-----4834
 -----A-----C-----CA-----A-----GGA-----CAAA-----G-----G-----G-----G-----T-----A-----G-----A-----TGCAGAA-----C-----CT-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----TA-----A-----4286
 -----A-----C-----TCCA-----A-----GGGA-----T-----AAT-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----TGCAGAA-----T-----G-----C-----A-----G-----C-----G-----G-----A-----AA-----A-----G-----4812
 -----A-----C-----TCCA-----A-----GGGA-----T-----AAT-----G-----G-----C-----A-----A-----G-----T-----G-----A-----TGCAGAA-----T-----G-----C-----GA-----G-----C-----C-----A-----AA-----A-----G-----4814
 -----AGT-----AA-----CA-----A-----GG-----A-----T-----AAT-----C-----G-----AATTC-----ACC-----C-----GT-----C-----A-----G-----G-----A-----TGCAGAA-----T-----CT-----A-----G-----C-----C-----C-----A-----A-----A-----G-----4168
 -----AGC-----ACAGCA-----A-----AGT-----A-----AAT-----C-----C-----AAT-----CT-----C-----GTT-----C-----AG-----G-----A-----TACAGAA-----G-----C-----A-----G-----C-----C-----C-----G-----A-----A-----C-----G-----4520

4459
4033
3984
3685
3825
3905
4458
3841
3981
3799
3856
3806
3773
3655
4053
4514
3898
3808
4039
4031
4014
4005
4001
3873
4161
4520
3852
4103
4519
4841
4834
4286
4812
4814
4168
4520
4758
4757
4734
4226
4189
4231
4675
4761
4405
4857
4658
4181
4686
4678
4683
4222
4632
4460
4026
3938
3953
4146
4387
4020
4226
3736
3736
3736
4820
4187
4169
4162
2755
4149
4139
4247
4206
4349
4265
4259
4425
3923
4819
4314
4659

H1B.FR.83.HXB2
Pol
H101_AE.TH.90.CM240
H102_AG.NG.x.IBNG
H103_AB.RU.97.KAL153_2
H104_cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WEAU160
H1C.ET.86.ETH220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MPS35
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT170
H1O.CM.91.MVP5180
H1P.CD.90.ANT
H1P.CM.91.SIVcpzCAM13
H1Q.CM.05.SIVcpzEK505
H1R.CM.05.SIVcpzLB7
H1S.CM.05.SIVcpzMB66
H1T.CM.05.SIVcpzMT145
H1U.CM.98.CAM3
H1V.CM.98.CAM3
H1W.GA.88.GAB1
H1X.GA.88.GAB2
H1Y.TZ.01.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS
H2A.DE.x.BBN
H2A.GW.x.ALI
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.ABT96
H2U.FR.96.12034

GGGATTGGGGGTCAGTCAGCGGGGAAAGA... ATAGTAGACATAATAGCAACAGACATACAACTAAGAAATTACAAAAACAAT... ACAAAAATTCAAAATTTTCGGGTTTATTACAGGACAGCGAAATCCACTTTGAAAGGACCGCAAGACTCTCTGGAA 4960
G I G G Y S A G E R I V D I I A T D I Q T K E L Q K Q I T K I Q N F R V Y Y R D S R N P L W K G P A K L W K

MAC.US.x.239
Pol
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SAB1C
TAN.UG.x.TAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.ACM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI_677
MND_2.CM.98.CM16
DRL.x.FAO
RCLM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.ho7
GSN.CM.99.CM166
GSN.CM.99.CM71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

-A-A-ATATG-C-C-CA-R-L-A-T-A-G-CA-T-ACA-G-G-TAC-TTTC-TTC-A-AC-T-T-T-A-AG-G-A-G-G-G-C-GTG-AT-G-5259
G I G G M D T P A E T R L A I N M I T T E I O S K N S K F K N F R V Y Y R E G R D Q L W K G P G E L L W

Strain	Vif start	Pol p31 integrase end	5096
H1B.FR.83.HXB2	AGGTGAAGGGGCAGTAGTAATACAAGATAATAGT...	GACATAAAAGTAGTCCCAAGAAGAAAAGCAAGATCATTAGGGATTATGGAAACACAGATGGCAGGTGATGATTGTGTGGCAAGTAGACAGGATGAGGATTAG	
Vif	G E G A V V I Q D N S	D I K V P R R K A K I I R D Y G K Q M A G D D C V A S R Q D E D	R#
H101.AE.TH.90.CM240	4670
H102.AG.NG.x.IBNG	4621
H103.AB.RU.97.KAL153_2	4322
H104.cpx.CY.94.CY032	4462
H1A1.UG.85.U455	4561
H1B.US.90.WE.AU160	5095
H1C.ET.86.ETH2220	4488
H1D.CD.84.84ZR085	4618
H1F1.BE.93.V1850	4436
H1G.SE.93.SE6165	4493
H1H.CF.90.056	4443
H1I.SE.93.SE7887	4410
H1K.CM.96.MP535	4292
H1N.CM.95.YBF30	4702
H1O.BE.87.AN170	5181
H1O.CM.91.MVP5180	5156
CPZ.CD.90.ANT	4547
CPZ.CM.01.SIV.cpzCAM13	4688
CPZ.CM.05.SIV.cpzEK505	4680
CPZ.CM.05.SIV.cpzLBT	4663
CPZ.CM.05.SIV.cpzMB66	4654
CPZ.CM.05.SIV.cpzMT145	4650
CPZ.CM.98.CAM3	4522
CPZ.CM.98.CAM5	4810
CPZ.GA.88.GAB1	5169
CPZ.GA.88.GAB2	4492
CPZ.TZ.01.TAN1	4752
CPZ.US.85.CPZ.US	5163
H2A.DE.x.BEN	5493
H2A.GW.x.ALI	5486
H2A.SN.x.ST	4938
H2B.CL.x.EHO	5464
H2B.GH.86.D205	5466
H2G.CL.x.BT96	5466
H2U.FR.96.12034	4972

Strain	Vif start	Pol, Gag, Pol, and p31 Integrase end	5410
MAC.US.x.239	
Vif	K G E G A V I L K V G	T D I K V P R R K A K I I R D Y G E E K R W I A V P T W R I P E R L E R W H S#	R#
MAC.US.x.251_1A11	5409
MAC.US.x.251_BK28	5386
MAC.US.x.EMBL_3	4878
SMM.SL.92.SL92B	4844
SMM.US.x.PGM53	5327
SMM.US.x.SIV.smH635F_L3	5413
STM.US.x.STM	5057
SAB.SN.x.SAB1C	5306
TAN.US.x.TAN1	5289
VER.DE.x.AGM3	4846
VER.KE.x.9063	5351
VER.KE.x.AGM155	5343
VER.KE.x.TYO1	5348
COL.CM.x.CGU1	4886
GRV.ET.x.GRI_677	5300
MND_2.CM.98.CM16	5085
DRL.x.x.FAO	4664
RCM.GA.x.GAB1	4681
RCM.NG.x.NG411	4513
MND_1.GA.x.MNDGB1	4774
MND_2.GA.x.M14	5024
MND_2.x.x.5440	4642
MNE.US.x.MNE027	4888
LST.CD.88.447	4364
LST.CD.88.485	4364
LST.CD.88.524	4361
LST.KE.x.Iho3	5448
GSN.CM.99.CM166	4851
GSN.CM.99.CN71	4833
MON.CM.99.L1	4820
MN.NG.x.NG1	4820
MUS_1.CM.01.1085	4820
MUS_1.CM.01.CM1239	4810
MUS_2.CM.01.CM1246	4918
MUS_2.CM.01.CM2500	4878
DEN.CD.x.CD1	5001
DEB.CM.90.CM40	4936
DEB.CM.99.CM5	4930
TAL.CM.00.266	5086
TAL.CM.01.8023	4584
SUN.GA.98.L14	5438
SYK.KE.x.KE51	4948
SYK.KE.x.SYK173	5298

H1B.FR.83.HXB2AACATGGAAAGTTTGTAAACACCATATGTATGTTTCAGGGAAA.....GCTAGGGGATGGTTTATAGACATCACTAGAAAGCCCTCATCCAAGATAAGTTCAGAAGTACACATCCCACTAGGG.....	5220
VifT W K S L V K H M Y V S G K A R G W F Y R H H Y E S P H R I S S E V H I P L G.....	
H101_AE.TH.90.CM240-ACATGG-ACAGTT--GT-A-A--CATATGTA-ATTCGA--GAAA--AAAAG-----T-----AG-----AGG--C-----T-----A.....	4794
H102_AG.NG.x.IBNG-ACATGG-A-AGTT--GT-A-A--CATATGTA-GTCTCA--GAAA--A--T-----T-----TAGG-----A-G--T-----A.....	4745
H103_AB.RU.97.KAL153_2C-----G-----T-----C-----A-----AA-----G-----A-----C-----A-----T-----AGGA-----T-----T-----A.....	4446
H104_cpx.CY.94.CY032C-----C-----G-----T-----C-----C-----CAA-----T-----T-----TAGG-----C-----A-----G-----T-----A.....	4586
H1A1.UG.85.U455-ACATGG-AAAAGT--GT-A-G--CCATATGTA-ATTTCGA--GAAA--CAA-----C-----TAGA-----T-----G-----T-----A.....	4666
H1B.US.90.WE.AU160-ACATGG-A-AGTT--GT-A-G--CCATATGTA-ATTTCGA--GAAA--AT-----C-----T-----C-----AGA-----AGG-----T-----A.....	4612
H1C.ET.86.ETH2220-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H1D.CD.84.84ZR085-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H1F1_BE.93.V1850-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H1G.SE.93.SE6165-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H1H.CF.90.056-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H1I.SE.93.SE7887-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H1K.CM.96.MP535-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H1N.CM.95.YBF30-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H1O.BE.87.AN170-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H1O.CM.91.MVP5180-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
CPZ_CD.90.ANT-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
CPZ_CM.05.SIVcpzLBT-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
CPZ_CM.05.SIVcpzMB66-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
CPZ_CM.98.CAM5-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
CPZ_CM.98.CAM5-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
CPZ_GA.88.GAB1-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
CPZ_GA.88.GAB2-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
CPZ_TZ.01.TAN1-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H2A.DE.x.CPZUS-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H2A.DE.x.BEN-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H2A.GW.x.ALI-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H2A.SN.x.ST-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H2B.CL.x.EHO-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H2B.GH.86.D205-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H2G.CL.x.AB196-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
H2U.FR.96.12034-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MAC.US.x.239-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
VifL I K Y L K Y K T K D L Q K V C Y V P H F K V G W A W W T C S R V I F P L Q E.....	
MAC.US.x.251_1A11-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MAC.US.x.251_BK28-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MAC.US.x.EMBL_3-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
SMM.SL.92.SL92B-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
SMM.US.x.HH-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
SMM.US.x.PGM51-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
STM.US.x.STM-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
SAB.SN.x.SAB1C-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
TAN.UG.x.TAN1-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
VER.DE.x.AGM3-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
VER.KE.x.9063-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
VER.KE.x.AGM155-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
VER.KE.x.TYO1-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
COL.CM.x.CGU1-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
GRV.ET.x.GRI_677-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MND_2.CM.98.CM16-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
DRL.x.x.FAO-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
RCM.GA.x.GAB1-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
RCM.NG.x.NG411-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MND_1.GA.x.MNDGB1-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MND_2.GA.x.M14-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MND_2.x.x.5440-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MNE.US.x.MNE027-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
LST.CD.88.447-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
LST.CD.88.485-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
LST.CD.88.524-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
LST.KE.x.Iho7-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
GSN.CM.99.CN166-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
GSN.CM.99.CN71-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MON.CM.99.L1-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MUN.NG.x.NG1-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MUS_1.CM.01.CM1239-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MUS_2.CM.01.CM1246-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
MUS_2.CM.01.CM2500-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
DEN.CD.x.CD1-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
DEB.CM.99.CM40-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
DEB.CM.99.CM5-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
TAL.CM.00.266-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
TAL.CM.01.8023-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
SUN.GA.98.L14-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
SYK.KE.x.KE51-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742
SYK.KE.x.SYK173-ACATGG-AAAAGT--GT-A-AT--CCATATGCA-ATTTCGA--GAAA--AA-----C-----C-----A-----AGG-----T-----A.....	4742

- H1B.FR.83.HXB2
- Vif
- H101_AE.TH.90.CM240
- H102_AG.NG.x.IBNG
- H103_AB.RU.97.KAL153_2
- H104_cpx.CY.94.CY032
- H1A1.UG.85.U455
- H1B.US.90.WEAU160
- H1C.ET.86.ETH220
- H1D.CD.84.84ZR085
- H1F1.BE.93.VI850
- H1G.SE.93.SE6165
- H1H.CF.90.056
- H1J.SE.93.SE7887
- H1K.CM.96.MP535
- H1N.CM.95.YBF30
- H1O.BE.87.ANT170
- H1P.CM.91.MVP5180
- 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_CM.98.CAM3
- CPZ_CM.98.CAM5
- CPZ_GA.88.GAB1
- CPZ_GA.88.GAB2
- CPZ_TZ.01.TANI
- CPZ_US.85.CPZUS
- H2A.DE.x.IBRN
- H2A.GW.x.ALI
- H2A.SN.x.ST
- H2B.CL.x.EHO
- H2B.GH.86.D205
- H2G.CL.x.AB796
- H2U.FR.96.12034
- MAC.US.x.239
- Vif
- MAC.US.x.251_1A11
- MAC.US.x.251_BK28
- MAC.US.x.EMBL_3
- SMM.SL.92.SL92B
- SMM.US.x.H9
- SMM.US.x.PGM53
- SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
- STM.US.x.STM
- SAB.SN.x.SAB1C
- TAN.UG.x.TANI
- VER.DE.x.AGM3
- VER.KE.x.9063
- VER.KE.x.ACM155
- VER.KE.x.TYO1
- COL.CM.x.CGU1
- GRV.ET.x.GRI_677
- MND_2.CM.98.CM16
- DRL.x.x.FAO
- RCM.GA.x.GAB1
- RCM.NG.x.NG411
- MND_1.GA.x.MNDGB1
- MND_2.GA.x.M14
- MND_2.x.x.5440
- MNE.US.x.MNE027
- LST.CD.88.447
- LST.CD.88.485
- LST.CD.88.524
- LST.KE.x.lho7
- GSN.CM.99.CM166
- GSN.CM.99.CM71
- MON.CM.99.L1
- MON.NG.x.NG1
- MUS_1.CM.01.1085
- MUS_1.CM.01.CM1239
- MUS_2.CM.01.CM11246
- MUS_2.CM.01.CM2500
- DEN.CD.x.CD1
- DEB.CM.99.CM40
- DEB.CM.99.CM5
- TAL.CM.00.266
- TAL.CM.01.8023
- SUN.GA.98.L14
- SYK.KE.x.KE51
- SYK.KE.x.SYK173

```

GATGCTAGATTGGTAATAACCAATATTGGGGTCTGCATACAGGAGAAAGACTGGCAT .....
D A R L V I T Y W G L H A T G E R D W H .....
--G-----G-----G-----C-----AG-----C-----
--G-----G-----G-----GC-----G-----CA-----C-----
--G-----A-----G-----A-----A-----A-----C-----
--G-----A-----G-----G-----A-----A-----C-----
--A-G-A-A-----T-----A-----T-----
--G-----AA-----G-----A-----T-----A-----
--A-T-A-A-----G-----CC-----A-----A-----
--C-C-A-G-----G-----A-----A-----A-----
--G-----G-----C-----C-----G-----A-----A-----
--G-----T-----A-----G-----T-----C-----
--G-----AGAG-----A-----G-----T-----G-----
C-G-A-----A-G-C-GTC-T-----G-----AACA-----CAGTCT
-TG-CCATG-A-----G-----C-----AT-----ATGC-----G-----TGAA
--A-----GATA-----A-----GG-----C-----AT-----AATGC-----G-----GGAA-----C-----
--AAA-----A-----G-----GTG-----TC-----AT-----ATGT-----C-----CCCA-----C-----
A-----T-----A-----AA-----G-----C-----C-----T-----AACC-----C-----G-----
--A-----A-----A-----GTT-----C-----AT-----AATGC-----GCCA-----
--G-----C-----A-----A-----GT-----T-----A-----TACAC-----C-----G-----C-----
--A-----A-----A-----A-----A-----CACAC-----C-----
C-G-----AGC-----AA-----TG-----C-----A-----AATGC-----T-----
--G-----A-----A-----A-----GG-----C-----AT-----AATGC-----C-----GCAT-----C-----
ACA-----A-----A-----GG-----C-----A-----ACA-----C-----CAT-----C-----
T-----T-----A-----AA-----G-----G-----C-----CCT-----AGCC-----C-----G-----C-----
--A-----A-----A-----A-----GG-----CTGT-----C-----AA-----T-----AATGC-----CA-----CCA-----
AGAT-----A-----A-----GG-----TTT-----CAT-----AGCCTGT-----CCA-----CTAGGT-----CATGGC
A-----A-----A-----A-----G-----T-----T-----G-----GT-----A-----CA-----C-----
A-----AAG-----CATC-----A-----CAGC-----A-----AAC-----AAAC-----A-----A-----G-----TGGCTCTCCICTATGCA
AGAAG-----CATC-----A-----AG-----CAGG-----A-----AAC-----AAAC-----A-----A-----G-----TGGCTCTCCICTATGCA
--AAG-----CATC-----AG-----CAGG-----C-----AAC-----AAAC-----A-----A-----G-----TGGCTCTCCICTATGCA
--GA-----ACATC-----A-----A-----CCA-----GG-----C-----AAC-----ACCC-----A-----AGGG-----TT-----T-----AG-----TCCTATGCT
--GA-----AT-----GC-----A-----A-----G-----CCA-----GG-----AAC-----AAACC-----A-----AGGG-----TT-----T-----AGCTCCTATGCT
--A-----ACAT-----A-----A-----CA-----GG-----A-----ACT-----ACCC-----T-----A-----A-----GG-----TGG-----TAAGGCAGTATGCA
--GAT-----ACAT-----A-----AGG-----GCA-----G-----C-----AA-----T-----ACAC-----AGA-----GG-----TGGCTATCCTTATGCA

```

- 5280
- 4854
- 4805
- 4506
- 4646
- 4726
- 5279
- 4672
- 4802
- 4620
- 4677
- 4627
- 4594
- 4476
- 4874
- 5335
- 5310
- 4725
- 4865
- 4852
- 4835
- 4826
- 4822
- 4694
- 4982
- 5344
- 4673
- 4939
- 5340
- 5680
- 5673
- 5125
- 5651
- 5653
- 5007
- 5158
- 5597
- 5596
- 5573
- 5065
- 5031
- 5070
- 5514
- 5600
- 5244
- 5693
- 5494
- 5017
- 5522
- 5514
- 5519
- 5034
- 5468
- 5296
- 5600
- 4783
- 4795
- 4961
- 5223
- 4859
- 5065
- 4563
- 4563
- 4563
- 4560
- 5647
- 5107
- 5089
- 5088
- 3695
- 5057
- 5047
- 5155
- 5108
- 5206
- 5104
- 5098
- 5276
- 4774
- 5697
- 5141
- 5489

H1B.FR.83.HXB2	5558
Vif	
H101_AE.TH.90.CM240	5129
H102_AG.NG.x.IBNG	5083
H103_AB.RU.97.KAL153_2	4784
H104_cpx.CY.94.CY032	4924
H1A1.UG.85.U455	5004
H1B.US.90.WEAU160	5557
H1C.ET.86.ETH220	4950
H1D.CD.84.84ZR085	5080
H1F1.BE.93.VI850	4898
H1G.SE.93.SE6165	4955
H1H.CF.90.056	4905
H1J.SE.93.SE7887	4872
H1K.CM.96.MP535	4754
H1N.CM.95.YBF30	5152
H1O.BE.87.ANT70	5613
H1O.CM.91.MVP5180	5588
CPZ_CD.90.ANT	5015
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13	5141
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505	5130
CPZ_CM.05.SIVcpzLB7	5113
CPZ_CM.05.SIVcpzMB66	5104
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145	5100
CPZ_CM.98.CAM5	4972
CPZ_CM.98.CAM5	5260
CPZ_GA.88.GAB1	5622
CPZ_GA.88.GAB2	4951
CPZ_TZ.01.TANI	5220
CPZ_US.85.CPZUS	5618
H2A.DE.x.HB3	6071
H2A.GW.x.ALI	6064
H2A.SN.x.ST	5516
H2B.CL.x.EHO	6045
H2B.GH.86.D205	6047
H2G.CL.x.AB796	5398
H2U.FR.96.12034	5546
MAC.US.x.239	
Vpx	
MAC.US.x.251_1A11	5984
MAC.US.x.251_BK28	5961
MAC.US.x.EMBL_3	5453
SMM.SL.92.SL92B	5422
SMM.US.x.H9	5458
SMM.US.x.PM153	5906
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3	5988
STM.US.x.STM	5632
SAB.SN.x.SAB1C	5910
TAN.UG.x.TANI	5738
VER.DE.x.AGM3	5243
VER.KE.x.9063	5745
VER.KE.x.AGM155	5740
VER.KE.x.TYO1	5745
COL.CM.x.CGU1	5280
GRV.ET.x.GRI_677	5682
MND_2.CM.98.CM16	5681
DRL.x.x.FAO	5262
RCM.GA.x.GAB1	5174
RCM.NG.x.NG411	5204
MND_1.GA.x.MNDGB1	5226
MND_2.GA.x.M14	5608
MND_2.x.x.5440	5244
MNE.US.x.MNE027	5431
LST.CD.88.447	5384
LST.CD.88.485	5495
LST.CD.88.524	4777
LST.KE.x.lho7	4774
GSN.CM.99.CN166	5858
GSN.CM.99.CN71	5336
MON.CM.99.L1	5318
MON.NG.x.NG1	5389
MUS_1.CM.01.1085	3999
MUS_1.CM.01.CM1239	5292
MUS_2.CM.01.CM1246	5314
MUS_2.CM.01.CM2500	5431
DEN.CD.x.CD1	5384
DEB.CM.99.CM40	5495
DEB.CM.99.CM5	5327
TAL.CM.00.266	5517
TAL.CM.01.8023	5015
SUN.GA.98.L14	5908
SYK.KE.x.KE51	5357
SYK.KE.x.SYK173	5700

H1B.FR.83.HXB2	5558
Vif	
H101_AE.TH.90.CM240	5129
H102_AG.NG.x.IBNG	5083
H103_AB.RU.97.KAL153_2	4784
H104_cpx.CY.94.CY032	4924
H1A1.UG.85.U455	5004
H1B.US.90.WEAU160	5557
H1C.ET.86.ETH220	4950
H1D.CD.84.84ZR085	5080
H1F1.BE.93.VI850	4898
H1G.SE.93.SE6165	4955
H1H.CF.90.056	4905
H1J.SE.93.SE7887	4872
H1K.CM.96.MP535	4754
H1N.CM.95.YBF30	5152
H1O.BE.87.ANT70	5613
H1O.CM.91.MVP5180	5588
CPZ_CD.90.ANT	5015
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13	5141
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505	5130
CPZ_CM.05.SIVcpzLB7	5113
CPZ_CM.05.SIVcpzMB66	5104
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145	5100
CPZ_CM.98.CAM3	4972
CPZ_CM.98.CAM5	5260
CPZ_GA.88.GAB1	5622
CPZ_GA.88.GAB2	4951
CPZ_TZ.01.TANI	5220
CPZ_US.85.CPZUS	5618
H2A.DE.x.BRN	6238
H2A.GW.x.ALI	6228
H2A.SN.x.ST	5680
H2B.CL.x.EHO	6209
H2B.GH.86.D205	6211
H2G.CL.x.AB796	5563
H2U.FR.96.12034	5710
Vpx end	
MAC.US.x.239	6150
Vpx	
MAC.US.x.251_1A11	
MAC.US.x.251_BK28	6149
MAC.US.x.EMBL_3	6126
SMM.SL.92.SL92B	5467
SMM.US.x.H9	5586
SMM.US.x.PGM53	5624
SMM.US.x.SIVcmH635F_L3	6069
STM.US.x.STM	6154
SAB.SN.x.SAB1C	5798
TAN.UG.x.TANI	5910
VER.DE.x.AGM3	5738
VER.KE.x.9063	5243
VER.KE.x.ACM155	5745
VER.KE.x.TYO1	5740
COL.CM.x.CGU1	5745
GRV.ET.x.GRI_677	5280
MND_2.CM.98.CM16	5682
DRL.x.FAO	5819
RCM.GA.x.GAB1	5427
RCM.NG.x.NG411	5327
MND_1.GA.x.MNDGB1	5360
MND_2.GA.x.M14	5226
MND_2.x.x.5440	5746
MNE.US.x.MNE027	5382
LST.CD.88.447	5618
LST.CD.88.485	4777
LST.CD.88.524	4777
LST.KE.x.Jho7	4774
GSN.CM.99.CM166	5858
GMN.CM.99.CM71	5336
MON.CM.99.L1	5318
MON.NG.x.NG1	5389
MUS_1.CM.01.1085	3999
MUS_1.CM.01.CM1239	5292
MUS_2.CM.01.CM1246	5314
MUS_2.CM.01.CM2500	5431
DEN.CD.x.CD1	5384
DEB.CM.99.CM40	5495
DEB.CM.99.CM5	5327
TAL.CM.00.2023	5321
TAL.CM.01.8023	5517
SUN.GA.98.L14	5015
SYK.KE.x.KE51	5908
SYK.KE.x.SYK173	G 5358
	5700

H1B.FR.83.HXB2
Vif
H101.AE.TH.90.CM240
H102.AG.NG.x.IBNG
H103.AB.RU.97.KAL153_2
H104.cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WE.AU160
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT170
H1P.CM.91.MVP5180
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIV.cpz.CAM13
CPZ.CM.05.SIV.cpz.EK505
CPZ.CM.05.SIV.cpz.LB7
CPZ.CM.05.SIV.cpz.MB66
CPZ.CM.05.SIV.cpz.MT145
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TAN1
CPZ.US.85.CPZ.US
H2A.DE.x.BEN
H2A.GW.x.ALI
H2A.SN.x.ST
H2B.CI.x.EHO
H2B.GH.86.DP05
H2I.CI.x.AB196
H2U.FR.96.12034

Sequence alignment table for HIV-1 Vif region. Columns include sequence identifiers, nucleotide sequences with gaps, and position numbers (5221-5808). Headers include Vpr start, Vif end, and amino acid translations (WENKPE, DQGR, etc.).

MAC.US.x.239
Vpr
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.BGM53
SMM.US.x.SIV.smH635F_L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SAB1C
TAN.UG.x.TAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI_677
MND_2.CM.98.CM16
DRL.x.x.FAO
RCM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.lho7
GSM.CM.99.CM166
GSM.CM.99.CM171
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM140
DEB.CM.99.CM15
TAL.CM.00.260
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

Sequence alignment table for HIV-1 Vpr region. Columns include sequence identifiers, nucleotide sequences with gaps, and position numbers (6248-5837). Headers include Vpr start and amino acid translations (MPEP, RDEW, etc.).

H1B.FR.83.HXB2
Vpr (frameshifted)
H101_AE.TH.90.CM240
H102_AG.NG.x.IBNB
H103_AB.RU.97.KAL153_2
H104_cpx.CY.94.CY032
H1A_ILU.G.85.1945
H1B.US.90.WEAU160
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.V1850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.AN170
H1O.CM.91.MVP5180
CPZ_CD.90.ANT
CPZ_CM.01.SIVcpzEAM13
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505
CPZ_CM.05.SIVcpzLBT
CPZ_CM.05.SIVcpzMB66
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145
CPZ_CM.98.CAM5
CPZ_CM.98.CAM5
CPZ_CM.98.CAM5
CPZ_GA.88.GAB1
CPZ_GA.88.GAB2
CPZ_TZ.01.TANI
CPZ_US.95.CPZUS
H2A.DE.x.BEN
H2A.GW.x.ALI
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.DH5
H2G.CI.x.ABT96
H2U.FR.96.12034

MAC.US.x.239
Vpr
Tat exon 1
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM_IL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
STM.US.x.SBIM
SAB.SN.x.SA1C
TAN.US.x.TANI
VPR.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TY01
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI_677
MND_2_CM.98.CM16
DRL.x.x.FAO
RCM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.no7
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

ACATTTTCTAGGATTGGCTCCATGGCTAGGGCAACATCTATGAACTTATGGGGAT.....

.....ACTTGGCCAGGAGTGGAAACCATAAAGAATTCGCAACAACACTGCTTTATCCATTTTCAGAATTGGGTGCGACATAGCAGA 5799

Sequence alignment table for H1B.FR.83.HXB2. Columns represent amino acid positions from H to S, and rows list various HIV-1 strains. Conserved amino acids are shown in uppercase, and gaps are shown as dashes. The table covers positions approximately 100 to 350.

Tat exon 1 start

Sequence alignment table for Tat exon 1 start. Columns represent amino acid positions from H to S, and rows list various HIV-1 strains. Conserved amino acids are shown in uppercase, and gaps are shown as dashes. The table covers positions approximately 360 to 600.

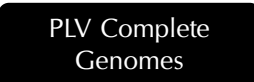
H1B.FR.83.HXB2
Vpr (frameshifted)
Tat exon 1
H101.AE.TH.90.CM240
H102.AG.NG.x.IBNG
H103.AB.RU.97.KAL153.2
H104.cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WE.AU160
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.AN170
H1P.CM.91.MVP5180
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIV.cpz.CAM13
CPZ.CM.05.SIV.cpz.EK505
CPZ.CM.05.SIV.cpz.LB7
CPZ.CM.05.SIV.cpz.MB66
CPZ.CM.05.SIV.cpz.MT145
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TAN1
VPZ.US.85.CPZ.US
H2A.DE.x.BEN
H2A.GW.x.ALI
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.DP05
H2G.CL.x.AB196
H2U.FR.96.12034

Tat exon 1 start Vpr end
ATAGGCGTACTCGA.....CAGAGGAGCAAGAAATGGAGCAGTAGATCTAG.....ACTAGAGCC 5859
I G V T R Q R R A R N G A S R S
H E P V D P R##
L E P
---A---TG-C.....GG---A---GC---G---A-TG---A.....C.....5426
---T---A---.....GG---A---GC---G---.....TG.....C.....5383
---A---T---A---.....G.....G.....TG.....C.....5084
---A---CT.....A---AG-G-C-GG---TGG---CCAG-AG.....ATCCTGAC.....5228
---A---T---C.....GG---A---GC---G.....A.....C.....5854
---A---TTA---.....A.....A.....A.....C---A---5250
---A---C---.....A.....T.....A.....CA---T---5380
---A---GT---C.....A---G---T---GG---C---G---A.....CT---T---5198
---A---A-C---.....G---A---G---T---GG---C---G---A.....C.....5255
---AA---.....A---AG---G---G---C---.....A.....C---5205
---A---TA-C---.....A---AG---G---G---C---.....CAG.....5172
---A---TA-C---.....A---AG---G---G---T.....A.....CA---5054
---GA-C---CT.....A---GAG---G---A.....T.....T---5449
---AA---AC-C.....AGAGGA---AG---AG---T.....GA.....GG-GCCC---5916
---AA---CTC---TCTAACACAAGAGGA---AG---AG---T.....GA-GCCC---5900
---ACA---GGA-C---.....C.....C---CG-GA.....AC-CCT---5291
---TA-A-TA-C.....A---AG-GC---.....A---C-GA.....GT-G---5441
---AA-C---CT.....A---GAG-G---.....GA.....T---5427
---A---A-C---.....A---AGG-G---.....A.....C---T---5413
---A-C-A-ATT.....AATCAG.....A---AG---A---A.....TT---5410
---A-A-AC-CT.....A---AGG-G---A---A---G---GA.....CT---A---5400
---G-C-T-C-CT.....GG---GAG---.....A.....T---5269
---GA-CT-YT.....-AGG---A---Y---A.....Y---5557
---A-CCTC-C.....A---A---AG-TCC---T---A---GA.....C-G---5922
---GA-GAA.....AG-G-GA.....ATGGATCCTATAGATCTTAGT---T---5254
---ATCA.....TGAATCCCATAGATCCTAGT---CA---5497
GA-T-CTTGGCAAGGAGAATCTCT-A-G-GAG-G-T.....A.....CA---5803
---T-TAA-AA-GAGAAG.....ACTCCTT-CC-GCTGCACCGA-CC---G-AT-CACTAA.....6556
G-T-CAA-AA-GGGAAG.....A-TCCTCTCT-GCT-TACCAG-CC---AA-AT-CAATA.....6546
---T-TCAG-C-A-GGACGA.....A-TCCTTT-T-GCT-TACC-A-CC---GG-AT-CGATAA.....5998
---T-ACAAC-GG-GGAGGA.....A-TCCTCTCT-GCT-TACC-C-TC-TA-GG-AT-CAGTAA.....6527
---T-ACAAT-AG-GGAGGA.....A-TCCTCTCT-CT-TACCGC-CC-TA-GG-AT-CGATAA.....6529
H2G.CL.x.AB196 ---T-A-GG-AGC-GGCGGA.....A-TCCTCTCT-TC-TACCGC-CC-TA-GG-AT-CGATAA.....5872
---C---AGC-GCA-GGAGGA.....A-TCCTCTCA-CTGTACCGC-TC-T-GG-GT-CTCTAA.....6016

MAC.US.x.239
Vpr
Tat exon 1
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.US.x.H19
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F.L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SAB1C
TAN.UG.x.TAN1
VER.DE.x.AGM13
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI.677
MND.2.CM.98.CM16
DRL.x.x.FAO
RCM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.Iho7
GNSN.CM.99.CN166
GNSN.CM.99.CN71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS.1.CM.01.1085
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

--C---CAAC-G-GGAGGA.....A-TCCTCTCT-GCT-TACCGC-TC---AG-AT-CTATAA.....6456
Vpr
I G V T R Q R R A R N G A S R S
S A N L G E E N I L S Q L Y R P L E A C Y N##
---T---CAAC-G-GGGAAGA.....A-TCCTCTCT-GCT-TACCGC-TC---AG-AT-CTATAA.....6455
---C---CAAC-G-GGAGGA.....A-TCCTCTCT-CT-TACCGC-TC-T-GG-GT-CTATAA.....6432
---C---CAAC-G-GGAGGA.....A-TCCTCTCT-CT-TACCGC-TC-T-GG-GT-CTATAA.....6432
---T---ACAGC-AA-GGAGCA.....A-TCCCTCT-G-TC-TACGCT-GC---GA-GT-TTATAA.....5889
---C---CAGT-G-GGAGGA.....A-TCCTCTCT-CT-TACCGC-TC---GG-GT-TTATAA.....8930
---C---CAA-G-A-GGAGGA.....A-TCCTCTGT-CT-TACCGC-TC---GG-GT-CTCTAA.....6375
---C---CAAT-A-GGAGGA.....A-TCCTCTCT-CT-TACCGC-TC---G-AT-CTATAA.....6460
---T---CAAC-AG-GGAGGA.....A-TCCTTTG---CT-TACCGC-C---GGAGT-TGTGAA.....6104
---CA-A---CTACCCCTGCAT-GACAG-G-AGGAGGCCGCCCCAGGTCTGGAGGAGCTTCAGGAGAGTGCATCGGCCCTCCAGGCCCTGTGA.....6333
AGGAGAAAGTCTCTTTAGCCCT-C-A-AA-G---AATGGAATCGGAGGGGACGGGATGGCAGAGAGCCCTCCAGGACTTGCATAG.....6101
CCCTTT-AAC-ATACGAAGAAGGGATGGCAAG-G-G-G-GA-CGAA-C-GCTC-ACCAGGACTTGATTGA.....6039
CCCTT-AAC-TACGAGGAAGAAGAGATGGCAAG-G-G-G---GA-CGAA-C-GCTC-ACCAGGACTTGATTGA.....6105
CCCTTT-AGC-ATACGAGGAGGAGAGAAATGGCAAG-G-G-G---GACC-GAC-GTCC-ACCAGGACTTGATTGA.....6100
CCCTTT-AAC-ATACGAGGAGGAGAGATGGCAAG-G-G-G-C-A-AATC-GTCC-ACCAGGACTTGATTGA.....6105
TCTAGCAA-AC-CTTAG.....AGAAGGAGAGGACCTTTT-CCCTT-C-A-A-G-G---AATGGAAGGAGGAGGA.....GCCCCACCCCTCTCCAGGACTTGCATAG.....5516
---C---ACAAGAAG-GGGGAGT.....T-CCCTT-CG-TCCTT-CGAGATCGGACAA-CCCTGTGA.....6139
C-T-A---C-AGC-GGACGTGG.....A-CCCATTTCC-CCCT-CC-AGGGCC-ACCAAC-ATTGTAA.....5755
---T---AACAT-CA-GGAAGT.....A-TCCTCT-CG-TCC-T-CCGCAA-CG---AA-ATCATGTAA.....5652
---T---A-GAG-GA-GGAGGA.....A-TCCTCTTAG-TCC-T-CTTCA-TGC---AA-ATCTGTGAA.....5687
---A-G-AA-AA.....AGACCACA-T-CCCCCTT-G-TTCA-GC-A-AG-GATAGATTATAA.....A 5544
---T---ACAAGAAG-GGCAAA.....TATA-CCCTTAG-TCCCT-CC-AGGCC-ACAA-CCCTGTGA.....6066
---C---ACAAGAAG-GGAAGAT.....A-CCCACTTCG-TCCCT-CCGAG-CGG-ACAA-CCCTGTGA.....5704
---C---CAAT-G-GGAGGA.....A-TCCTCTCT-CT-TACCGC-TC---AG-AT-CTATAA.....5924
GC-CAAGA.....GCAGGAACAGCT-CCC-C-A-GC-GCACC-AGACC-CTAAAAGAGACATACAAAAGAGCCGTTACTAA.....5122
GC-ACAAGA.....GCAGGAACAGCT-CCC-C-A-GC-GCACC-AAACCC-CTGAAAAGATATACAAAAGAGCCGTTACTAA.....5122
GC-C-AGA.....GCAGGAACAGCA-CCCA-C-A-GC-GCACCAGCA-CTGGAAGATATACAAAAGAGCCATCTACTGA.....5119
---CA-CC-GA.....GCAGGAACAGCA-TCCA-C-A-GC-GCACC-AGACC-ATGAAGAGACATACAAAAGAGCACTAA.....9203
---ATTATCA.....GGGAGAT-CCAG-ATT-GCCCT-AGGG-C-CGG-CCACAGCAGTAATCTGTCTTCTATGCCGATCTGAGCAGCTTAGGAGCCCTCAAGATATCGCATGGATGAATAG..AGACCCGGAAAGAGTGTCTCT-GCCCAA 5765
-ATA-AA.....GTCAAGAGT-CCAGT-ATC-GCCCTT-AGGG-C-CGG-CCACAGATAGTAATCTGTCTTCTATGCCGATCTGAGCAGCCAGGAGCCCTCAAGATATCGCATGGATGAATAG..AGACCCGGAGAGTGTCTTT-GCCTAA 5753
GC-AGCAA-TAA-AGATACCCTGTTCTTAG-CA-CA-TGAG-G-G-C-CTC-G-C-C-A-AGTTCGTTCACAGGCCGATCCAGCAATCCAGAAAGCCTCCAGATATAGAAATGGATGAATGA.....TGGAACCTGTTGACC-GACTTA-5777
GCCC-A-GRT---CAGGTACCCTTGTCTG-GACACT-AG-G-C-C-CC-AG-ACC-A-AGTTCGTTCCTCTGAGCCAGAGAGGCCCTTGCACCCGTCAGATACCCAGCAGTGAATAG.....TGGAAAGATAGTGAACC-GC-TTA-4390
---ACA-A-A-TGA---AGATAT-TCAGCAATAG-CCCTT-TAG-G-C-ACA-C-CC-GCT-TA-TTCTTAA.....TGGATCCATCAGTAGAGGAGT---5725
TCTAA-ACA-TCA-GAGATACCACAATAGACCCTTAG-G-C-CACA---TCC-CT-TA-TTCAATGCTAATGCTATCTCTCTCTTGGACCCCTCAGATATAGATGGATGAATGA.....TGGACCTCTCAGTAGA-AACCTT---5715
GCTCAAA-CA-TCA-GAGATACCACCCTTG-GCCACTT-GAG-G-CGCAGC-CCAGAC-TA-TTCAATGCAAATGCTGACCCACCACTTTGAGACCCCTCAGATATAGATGGATGAATGA.....TGGACCTCTCAGTTGA-GGCCCT---5832
-GTCAG---T-A-AGATACCACAGGTG-GCCCTT-AG-G-G-CGCA-C-TCCAGAC-AA-TTCAACACAAATGTTGACCCCTTCTCCAGCAAGACCCCTCAGGTACCCGATGGATGAATGA.....TGGATCCAGAAAGTGAATTT---5785
GC-AAAGAGT-A-CACTATCCAAACATAAAGACCTT-CGCCCTCGCA---AAGAGCC-GA.....ACCGG-CAG 5802
-G-AG-C-CA-GGG---TATCTAACATT---CC-TTG-C-GGAA-AAT-AGA-GTAG-GAGGGAATAA.....CCTTTACCTTTGCTTAG..A-G-AG 3708
GG-AA-C---A-GAGA---TACCCTAATT-ACCCT-C-GGAA-AA---GGAGT-AG-GATGGAGATAA.....CCTCTCTTACATCATAG..A-G-AGA 3702
CA-A-AAGA---GCCACTACCACAATC-GACCCCTTT-G-G-GA-G-AG-G-CCATGC-ATAA.....5865
CA-A-AAGA---GCCACTACCACAATC-GACCCCTTT-G-C-GGA-G---AC-CCATGC-ATAA.....5360
---TCTT-C-TC---ATC---G---T-AG-A-ATGT-A-CCCAAGGCCCAACAAGACCAGGAGCCATTAGAAGGCCCTACAAAGACTAA.....6259
-AGTA-CG-GA-ACAGGGATACCCACT-CTTCTAG.....A 5707
-G-TAT-CC-GA-ACAGAGGGTACCCCAT-CTTCTAG.....A 6043

Table with columns for sequence identifiers (e.g., H1B.FR.83.HXB2, MAC.US.x.239), sequence alignments, and accession numbers (e.g., 6151, 6603). It includes annotations for 'Tat Rev exon 1 end_intron start' and 'Vpu start (ACG in HXB2)'. The table contains multiple rows of sequence data with corresponding alignment markers and accession numbers.



H1B.FR.83.HXB2AGGAAAAATTAAGACAAAGAAAAATAGACAGTGTAAATTTGATAGACTAATAGAAAGAGCAGAAAGACAGTGGC.....	Env start	A..ATGAGA..GTGAAGGAGAAATATCAGCACTTGTGGAGATGGGG 6265
VpuR K I L R O R K I D R L I D R L I E R A E D S G.....	#N E	S E G E T S A L V R M G
H101.AE.TH.90.CM240-A-----C--G-----G-A-G-A-G-----A.....	M R	V K E K Y Q H L V R M G
H102.AG.NG.x.IBNG-AGG-A--G-AG-----G-----A-G-----T-----		GT-A-G-GACA--ATGAAT--CC-AACT 5833
H103.AB.RU.97.KAL153_2-A-----C--G-----G-A-G-A-G-----A.....		GT-AT-GGGATA--A-GAAT-ATCC-CTCT 5795
H104.cpx.CY.94.CY032-A-----T-GAG--G--G-G-----C-GTACA--A-G-----		GTGA--G-GA-CA--AGCACTT 5478
H1A1.UJ.85.U455	AA.....-AA--T-GC--AG--A-----T-AA-C-A-G-----		GT-AT-GGGATA--AGGAAT-ATCCT--CTT 5713
H1B.US.90.WE.AU160-T-G-----G-----T-----A-A-ACT-GG-----C-----		GT-A-GGGATCAG--GAAT-ATCAGCACTT 6360
H1C.ET.86.ETH2220-C-T-G--AA-G-----A-T-AA--TA-A-A--A-G-----A-----		GT-AT-GGGATA--AGGAAT--TCA-CAAT--5674
H1D.CD.84.84ZR085-A--C-GG--G-----A-T-AA--TA-A-A--A-G-----A-----		GT-A-GGGATAA--AGGAAC-ATCA-CCCT 5783
H1F1.BE.93.VI850-G-----AG-A-G-A-G-----GA-A--C-----A-G-----		GT-AG-GGGATG--AGGAAT--CAGCACTT 5611
H1G.SE.93.SE6165-A--T-GG--G-----G-----C-----A-A-GG-----T-----		GT-AC-GGGATA--AGGAAT--TA-CACCT 5668
H1H.CF.90.056-A--C-G-----G-----T-A-A--A-G-----A-G-----		ACGA-TG--AT-G-GACA--AGGAAT-ATCC-A-CTT 5605
H1I.SE.93.SE7887-T-GG--A--A-G--A-T-----A-A-G-----A-G-----		ACGA-TG--AT-G-GACA--A-GAAT-CAGCACTT 5584
H1K.CM.96.MP535-A-----AA-TTG-GGA-----A-ACACA--GAC-G-A-G-----A-----		ATGAGAGT-AG-GGGATG--AGGAAT--CAGCACTT 5464
H1N.CM.95.YB30TTAGAACAAAAGAAC--GACAG--AGG-G--G--CTTGA--AGGT-AAGA--A-G--TTAGG-T-T--A-TATGAAAGC	A..TG-AAGTGATG-G-T-C--GTGG-TG-ATGG-AT-AGA-T--5855	
H1O.BE.87.ANT70TTAGTGCAAAGA-AAC--GATAG--GG-GCAGG--CTTGAAG-T-AAGG--A--AG--TCAGG-T--A--A-TATGAAAGT	GAG-----G-----A-GAAC--GAA-TC 6303	
H1O.CM.91.MP5180	AAGCAGCAGCAATAGATAAT-A-G-ATCA--ATC-T-G-GTTA--TAG--GACT--TA--GATAGTCC-AT--A--A-TATGAAAGT	AG-----G--AT-AGAA-CC--T-CATAT 5697	
CPZ.CD.90.ANT-AG-G-AA-GT-G-GA-----TCTCA-C--GAC-G-A-G--C-----T-----		TGAAA--T--G-GAGGA--AGAAG-TC-AGC-CTT 5846
CPZ.CM.01.SIV.cpzCAM13-AAG-G-ACA-----AGGC--A-T-AA--G-GA-G-----GG-----		TGA-AGT-ACGGA-AT-CAGAA-AA 5820
CPZ.CM.05.SIV.cpzEK505AAACTCTGT-AAG--GGATAGG-G--G--G-----CA-A-G-----AATGAAAGC	G-----G-----ATGAGATG-A-GGGCATG-ACGAGC--C-TGCCATA 5827	
CPZ.CM.05.SIV.cpzLBTAAAGAGTAT-AA-GT-CA-CA-GT--GCG--A-AC-TCAG--C--A-T-G-AGT--G-----AATGAAAGT	G-----G-----ATG-A-CAC--GGA--TGCAGACC-TATC-T-AA 5844	
CPZ.CM.05.SIV.cpzMB66AGAAAGAAAAGAA--GA-AAC--GC-CA--TAGG-CT--A-A--TC--CAG--T--AA-----	G-----G-----ATG-G-T-A-AT-T--TG-TGGAG-AATC--CA--5807	
CPZ.CM.98.CAM3AGAGAAATAAAGAAAG--GGAAC--ACCCA-G--TT--AT--GCA-A-A--G-AT--CAG--T--AA-----	A-----A-----GTGAT-G-AA-ATC-A-G-GA--5681	
CPZ.CM.98.CAM5TATAGAAGTATAAAGACAT--GGC-TGAG-C-G--TTGAGAGACTAAAC--AAATTTGAG-----	GCAAT-G-GAG-AA--AGCTCAA 5969	
CPZ.GA.88.GAB1TATAAAAGGTGAAAAGACAC--GA-GAGCA-G-TC-TTGATTG-TTA--AAATC-G-CA-----	GAAA--A-TA-TGG-G-A-GAA-A-AGAC--AA 6326	
CPZ.GA.88.GAB2	GGTATAAAGAAG--GAG-----GA-AGGA--GGCA-C-TCAAAG-G-ATTAGA-AGGC--CT--AG-TT-AG--TA-A--AGTGGAGTGAAGAAG	T-A-AGTGGATGGG-A-GACAA--C-CT--5667	
CPZ.TZ.01.TAN1AGACAAATAAAA-TA--GA-AAT-CT--CA-G-G--TC-A-ATC-TT-A-A--A-C-G-AT--A--T--AA-----	ATGA--A-T--AAT--5892	
CPZ.US.85.CPZUS	ATGA-AGTGA--GA-AGAA-AA 6336	
H2A.DE.x.BEN	ATGAT-CTGTGA--ATCA-CT 6726	
H2A.GW.x.ALI	ATGAT-TCTAGTA-A-ATCA-CT 6716	
H2A.SN.x.ST	GATG--TGTGTA--ATCAACT 6168	
H2B.Cl.x.EHO	ATGGCA--TG-TAAT-AT-ACCT 6691	
H2B.GH.86.D205	ATGGCAT-T-TA-C-CC-CCT 6693	
H2I.CL.x.AB196	ATGCAT-TG-C-ATCA-CT 6319	
H2U.FR.96.12034	ATGGCATGTC-TG-C-ATCA-CT 6180	
		Env signal peptide start	
MAC.US.x.239	ATGGGATGTC-TG--ATCA-CT 6626	
Env		M G C L G N	
MAC.US.x.251_1A11	ATGGGATGTC-TG--ATCA-CT 6625	
MAC.US.x.251_BK28	ATGGGATGTC-TG--ATCA-CT 6602	
MAC.US.x.EMBL_3	ATGGGATGTC-TG--ATCA-CT 5751	
SMM.SL.92.SL92B	ATGGC-TGTCTG-ACCTCACT 6053	
SMM.US.x.H5	ATGGGATGTC-TG--ATCA-CT 6094	
SMM.US.x.RGM53	ATGGGATGTC-TG--ATCA-CT 6545	
SMM.US.x.SIV.smH635F_L3	ATGGGATGTC-TG--ATCA-CT 6624	
STM.US.x.STM	ATGGCCTG-CCTG-A-ATCAACT 6268	
SAB.SN.x.SAB1C	GTATGA--TTC-TACAGT-CT-CT 6503	
TAN.UG.x.TAN1	ATGGGA-CA-AA--G-AAA--6289	
VER.DE.x.AGM3	ATGA--TGACA-TACTGATA 5800	
VER.KE.x.9063	ATGA-A-CTC-T-TAG-TATA-T 6302	
VER.KE.x.AGM155	ATGACAA-G-C-TAG--ATTTT 6297	
VER.KE.x.TYO1	GTATGAG-T-TACAATA-T-ACCTT 6302	
COL.CM.x.CGU1	ATG-TTAGA-ATCTCTTTATAAA 5660	
GRV.ET.x.GRI_677	ATGGG-AGA--CTT-T-AAAAT 6224	
MND_2.CM.98.CM16	GT--TAAAGACTAGT-CITTA-TA 6319	
DRL.x.x.FAO	GT-A-AAA-AT-TTA-ACA 5929	
RCM.GA.x.GAB1	GTATG--TGTCCAG--TCCT-TTCT 5759	
RCM.NG.x.NG411GTATGG--TGTCT-GTCTG--CCTGCT--T-GATGCTT-GCTTATA-GGTAT-G--T-TAATTAGAAAGTTTTTATTGTAGAGTTTATAGA-AATA--AGGTAATCTTTT--T-ATGGCT--AA-TT-ATAA--5978		
MND_1.GA.x.MNDGB1	ATGA--TGTCCAG--TCCT-TTCT 5759	
MND_2.GA.x.M14	GT-ATAATAGTAAGTAT-CITTA-ACA 6245	
MND_2.x.x.5440	GT--AACAGTAAGTAT-TT-A-ATA 5883	
MNE.US.x.MNE027	ATGGGATGTC-TG--ATCA-CT 6094	
LST.CD.88.447	ATGA-CTG-CCTG-ACT-ATACT 5310	
LST.CD.88.485	ATGG-CTGCT-TAA-CTCCTACT 5310	
LST.CD.88.524	ATGGCATGTCAG-T-ACATATT 5307	
LST.KE.x.Iho7	GGATGGCATGTCAG-ATT-G-A--6392	
GSN.CM.99.CM166	GATAAGTGGTAAAAGGAAAACCA--CC-AC-CA-GT-GC-GT--TAGACTA.....	A-AG-A--TGAGGA--ACAG--GAATCTAT-AT 6151	
GSN.CM.99.CN71	CGCTGGGACAAGTGGATAAAGG-A--GCC-AAG-T-C--GT-GC--TT-TTAGGC-A.....	TG-A--TGATGAG-A-AG-G-ATTT-T-AA 6136	
MON.CM.99.L1	AGCAGCTTGGGCTTGGTGGCC-TATT-TA-AATCACT--GAGGTTTA-A-G-ATAG-CCAAGA-ATAC-GAG-CTGATT--TACAT-A-AGAAGG...AGACATGACTCAGGG...GTTG-CACA--ATCTGAATC--AGC--CATGAG-A-A--6187		
MON.NG.x.NG1	TGTTTGGTGTGTTATTGTGCTTTT-GCGCC--GCAC-CT-T-CCTTCTATCAG-CT-AT-AG--GC-CA--CGG-T-TCCCGCTTC--AACAGGACTTTCAAAGCTTGTACAGGYATATCA-GAGYAT--TTGAG-GT-AT--GGATGAG-ATGAA--ACC-T-ATA-T 4790		
MUS_1.CM.01.1085CAITGTAACAGGCATCTACTTTGTGAT-CT-T-TTTGCC-TTGTGTAGCT-ACCA-AGG-GG-GT--GCCA-----GT--A--TCAGTGTCAATCCGCTCTTGGAAAGGGAGACGGTGACAGCGGCATCTTCC	-GATG-C-AGGA--ACAT-GCT-A--6109	
MUS_1.CM.01.CM1239TTTAGTAACAGGCATCTACTTTGTGAT-CT-T-TTTGCC-TTGTGTAGCT-ACCA-AGG-GG-GT--GCCA-----GTAGA--AGCTCATCAGGCTCTG...GAAGAGGAGACAGTACAGCGGAATCTTTG	-GATG-C-AGGA--AC-CTAAT 6093	
MUS_2.CM.01.CM1246	AGTAAACAGCTAATTATCTGTATTGCT-TAGT--C-TTTATCTC-GCCTCAAAAGG-G-TGTC-ACCTA--CC-CAAATAG-AGTGAAC--TCCTCCGCTCCGGAAAGGAGACTCAGACAGGC-CATCTTTG--G-AT-CTCGCAT-G-GAG-AC--GAIITCT 6225		
MUS_2.CM.01.CM2500AGTAGTAACCTCATTAATTTGTGATAGCTTTAGT-T-C-TTTGT-CTT-CA--TCA-CGCTGG-GCC--CCTC-A-AGG-CAG-A-AGGTCAACGTATCCGCTCCTAGGAAAGG-GATACC--TAGCG-T..TCITTTGAGGAC--G6AA-AT-GC-GT-AT 6172		
DEN.CD.x.CD1	AATAGAAACGTTTGTCTGAT-TTTTG-GT-GTTATT-CCTGG-T-CGAG-CATAGGTG-AGGTT-TCTTGCTT-TAGAGCCT-T-A-AGTTATAGAAAGAGCTTAGTATATAAGACTAAGTT.TGTT--GTATA--TA-T-TATGAGT--AG-CA--GACCT 6283		
DEB.CM.99.CM40	GTACAGTCTGGGTAGATGCC--AAGTTGAT--GTTCTGT-G-GCC-ATCTACTCAGAGTCA-GAT-GGC-G-GA...CAGCATGCTGCTCCAC--AGCTCTAGTGAAGAAAGTCCCA.....	ATG-CAA-TG--ACCCA-AACTT 6182	
DEB.CM.99.CM5	ATG-CTA-TG--CCGAG-ATTT 6151	
TAL.CM.00.266	CCACTGTTGGCTTATTCTGTACA-CT---G-TCAGA-TCAGG-TGGCTGT-ACAGCA-C-T-C-AC--GC--T-GT...TAGAGAAACAAGTCCC...T.....	TATATGTTTIA-CAGC-ATG-CTA-TG--ACCACTAT 6057	
TAL.CM.01.8023	GTTACATGTTTA-CC-C-ATGA-ATG--ACAAGTCTAT--5555	
SUN.GA.98.L14	T--GATG-G-TG--6430	
SYK.KE.x.KE51	GC-C-ATGA-A-TT--TAAT-TCATAA--5922	
SYK.KE.x.SYK173	T--ATGGCAGCT--TA-A-CT-ACAT 6247	

Table with columns for sequence identifiers (e.g., H1B.FR.83.HXB2, Env), sequence alignments, and accession numbers (e.g., 6662, 6233, 6189).

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, Env), sequence alignments, and accession numbers (e.g., 7043, 7039, 7025).

H1B.FR.83.HXB2
Env
H11 AE.TH.90.CM240
H102 AG.NG.x.IBNG
H103 AB.RU.97.KAL153.2
H104 cpv.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WE.1160
H1C.GT.86.ETH220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE1615
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT170
H1O.CM.91.MV5180
HPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS
H2A.DE.x.BE
H2A.GW.x.ST
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.AB796
H2U.FR.96.12034

AGTACAGCTGAACACATCTGTGAAAAATTAATTGTACAAGACCACCAACAATACAAGAAAAAAGATCCGTATCCAGAGAGGACAGGAGAGACATTGTGT...
V3 loop start
V3 loop end

MAC.US.x.239
Env
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.SIVsmH635F.L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SAB1
TAN.UG.x.TANI
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.IYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI.677
MND.2.CM.98.CM16
DRL.x.FAO
RCM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.Jho7
GSN.CM.99.CM166
GSN.CM.99.CM71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS.1.CM.01.1085
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
LST.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

TT-A-TAA-TTATAA-C-AC-G-G-A-G-AGGA-T-G-G-GTTT-CC-G-ACC-TAT-TCT-TTG-TTTTC...
V4 loop start
V4 loop end

H1B.FR.83.HXB2
Env
H101_AE.TH.90.CM240
H102_AG.NG.x.IBNG
H103_AB.RU.97.KAL153_2
H104_cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WE.AU160
H1C.ET.86.ETH.220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI805
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1J.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.AN170
H1O.CM.91.MVP5180
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_CM.98.CAM3
CPZ_GA.88.GAB1
CPZ_GA.88.GAB2
CPZ_TZ.01.TANI
CPZ_US.85.CPZUS
H2A.DE.x.BRN
H2A.GW.x.ALI
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.x.239
Env
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SAB1C
TAN.UG.x.TAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.ACM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI_677
MND.2.CM.98.CM16
DRL.x.x.FAO
RCLM.GA.x.GAB1
RCLM.NG.x.MNDGB1
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.GA.x.M14
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.lho7
GSN.CM.99.CM166
GSN.CM.99.CM71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS.1.CM.01.1085
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

AATGGAATAACACTTTAAACAGATGCTAGCAAAATTAAGAGAACAATTTGGAATAATAAAACAATAATC.....TTTAAGCAATCTCA 7319
K W N N T L K Q A K L R E Q F G N N K T I I F K Q S S
-----AGT-----G-A-GAA-----A-G-C-AAT-G-A-C-----ATAATC-----C-A-Q-S-S-----6890
-----A-----C-T-G-T-CAC-----AGACGT-C-AAG-C-CC-C-----ATAATC-----GCTA-CC-----T-6837
-----A-----A-----T-T-----A-----G-----A-C-----ATAGTC-----T-----6511
-----G-C-----GT-----AG-GAAG-----G-A-AG-TC-CCCT-----A-C-T-A-----GCT-C-C-GT-----6701
-----GA-A-C-----G-----GAAC-----AGA-A-G-AAT-C-A-C-----ATAATC-----GCTAGC-----6764
GT-----A-C-C-A-G-AAGGAA-----CA-A-G-AT-AAACA-TT-----G-T-A-C-A-----GTT-----A-----7329
-----A-C-G-----G-----A-----G-A-C-TT-GAACC-A-CA-----ATAAAA-----C-----7116
-----C-G-----G-----A-----G-A-C-TT-GAACC-A-CA-----ATAATT-----A-C-----6855
-----C-GG-GT-TG-AAGGCG-----AGTCG-T-CCCT-----G-C-----ATAAAA-----C-----6638
-----AG-GG-C-----G-A-TG-C-GCAG-C-G-GA-ATC-AAT-G-G-C-GCAG-AC-----ATAACC-----CTC-----TG-----6749
-----G-----C-----G-----T-CAC-----G-AT-C-GAAC-----GA-C-----ATAAGC-----C-AA-----6644
-----G-----G-----G-----C-----C-----A-----A-----ATAAAC-----CATC-----6623
-----C-TG-----GCAGAG-AAGGAA-GC-A-----T-----AAG-GGA-C-T-----ATAATTTAAACCA-C-AA-C-----6524
-----G-ACCA-TG-GG-TAGA-C-AGAGAG-----AGA-ATCC-G-G-A-C-C-----ATAACCTTCAGGG-CGAG-GAGGAT-6900
-----GGA-A-TA-----A-C-----GAA-GG-ATTT-----T-G-AAAC-----CAGGT-----AGTATTAACATGACA-C-T-CAG-AGC-7361
-----G-A-TG-CC-----A-C-----TA-GG-ATTT-A-TT-G-AAAC-C-AG-G-AT-----GTTACCAATAA-C-GCAG-A-TAGT-7369
-----G-AC-AG-ACGT-----CA-A-C-AGCA-GTTC-TGGG-G-T-GGAA-----AGTAG-C-AC-A-----CGAAAACAA-ATG-AC-T-CA-6781
-----G-A-AC-GC-A-AG-TAGAGAA-GC-----T-A-GG-A-AAA-GCA-----GC-ATGG-----ANTATAAGC-G-T-CAG-AGT-6939
-----G-AC-A-TA-GG-TACA-C-AAACA-T-A-----T-A-CA-C-----AATATTA-----TA-CCAATC-----6841
-----T-----A-TAC-----C-G-GAAA-AG-GC-----CCACGGTC-CAATG-ATC-----C-A-----ACTGTACAC-GCAA-CAGT-----6851
-----C-----T-A-T-----A-AG-AGGCA-GCC-----AT-----AC-A-AAGGGC-----T-TCTCGG-ATGAA-----ACTATACA-GGA-C-AG-A-G-6967
-----G-GCA-AG-CC-C-TG-A-C-AAAGAGTTC-----GA-CAT-C-G-A-G-----AACATAAGC-----T-GTCC-T-6831
TC-----G-G-A-GAC-----TG-A-CT-G-CAAGCC-GG-----G-TT-----AC-G-----C-CA-G-C-----AAC-----T-GTCC-T-6831
-----G-----A-AG-----G-----C-----TAGCA-GC-A-GT-GA-AA-GC-TAGC-A-G-C-----AAC-----CAGT-AGTC-6747
-----C-----CGA-GG-GG-G-AG-AAA-AGGCT-----GC-ACCTC-CAATCGA-CAGC-G-C-AC-A-----ACC-----C-A-C-6023
-----T-----C-----CAGA-AAACAA-GA-T-A-A-CAGCAACCTGGC-C-GGGGGAC-----ACAC-C-CAG-G-----T-7380
-----C-----T-C-GG-AC-----G-TT-GCTATGGCTGCCA-----ACAC-ACCA-GA-CGG-CA-TGA-CGG-A-----ACA-C-CAA-GCATC-----6733
-----G-G-ACAGAG-----T-C-CTTTAGAG-T-A-----A-A-GG-GCAACCTG-C-GGT-----CAACAAAGC-CC-ATGGCAGG-6966
-----G-GG-AG-CA-GC-GG-G-GAAGCA-CC-TGT-C-----TCCA-T-C-AGG-----GAG-A-TT-C-AATG-----7348
-----G-----AG-CA-GC-GG-G-GAAGCA-CC-TGT-A-----TCCA-GT-----AGG-----C-ATGA-ACA-----GGAAAAATTAAGTTCG-A-GGGAG-----7834
-----G-----AG-CA-GC-GG-G-GAAGCA-CC-TGT-A-----TCCA-GT-----AGG-----C-ATGA-ACA-----AACCAAATTAACCTTACA-A-C-GGAAG-----7815
-----G-----AG-CA-GC-GG-G-GAAGCA-CC-TGT-A-----TCCA-GT-----AGG-----C-ATGA-ACA-----GAAAAATTCGTTT-AGC-C-GGAG-----7261
-----C-----CAG-AG-CA-C-GG-G-GAAGAG-CCA-T-A-A-T-TCCA-T-----TCAGG-----C-ATATC-----TCACAGTAAGTTAGCAG-----CG-GAG-7793
-----C-----CAG-AG-CA-C-GG-G-GAAG-CA-C-T-A-A-T-TCCA-GT-----AGG-GGTGC-AAAATATCACA-----ACGCTAAAGTTAGT-CAG-A-TGGAAA-----7807
-----G-----AG-CA-GC-GG-G-AAGGAA-CCG-GTCA-G-CCCCA-CT-----AGG-----ATGA-ACA-----AAGAAATAACTTTTACA-CA-C-GGAA-----7165
-----T-----AGGG-AA-CC-GG-G-GAAGGAG-CCA-TGCCA-C-TCCA-GT-----C-GGT-C-AG-ATATT-----AGTCAGATAACTTCGAG-A-C-G-AGG-----7294

V4 loop end

V5 loop start

Genomic alignment data for HIV-1 V4 and V5 regions. Includes sequence coordinates, nucleotide sequences, and alignment scores for various HIV-1 strains.

Genomic alignment data for HIV-1 V5 loop region. Includes sequence coordinates, nucleotide sequences, and alignment scores for various HIV-1 strains.

H1B.FR.83.HXB2
Env
H11 AE.TH.90.CM240
H102.AG.NG.x.IBNG
H103.AB.RU.97.KAL153.2
H104.cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WE.AU160
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP335
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT170
H1O.CM.91.MVP5180
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpz.CAM13
CPZ.CM.05.SIVcpz.EK505
CPZ.CM.05.SIVcpz.LB7
CPZ.CM.05.SIVcpz.MB66
CPZ.CM.05.SIVcpz.MT145
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS
H2A.DE.x.ALI
H2A.GW.x.ST
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.AB796
H2U.FR.96.12034

MAC.US.x.239
Env
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F.L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SABIC
TAN.UG.x.TANI
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CU01
GRV.ET.x.GRI.677
MND.2.CM.98.CM16
DRL.x.FAO
RCLM.GA.x.GAB1
RCLM.NG.x.NG411
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.Iho7
GSM.CM.99.CM166
GSM.CM.99.CM71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NC91
MUS.1.CM.01.1085
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

Table with 3 columns: Sequence alignment, V5 loop end, and Rev Responsive Element (RRE) region. It shows multiple sequence alignments with their corresponding genomic coordinates and sequence variations.

H1B.FR.83.HXB2
Env
H11 AE.TH.90.CM240
H102.AG.NG.x.IBNG
H103.AB.RU.97.KAL153_2
H104.cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WE.AU160
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBE30
H1O.BE.87.ANT170
H1O.CM.91.MVP5180
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzC4M13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS
H2A.DE.x.ALI
H2A.SN.x.STI
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.ABT96
H2U.FR.96.12034

MAC.US.x.239
Env
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SABIC
TAN.UG.x.TANI
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI_677
MND_2.CM.98.CM16
DRL.x.FAO
RCM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.ho7
GSN.CM.99.CM166
GSN.CM.99.CM71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SABIC
TAN.UG.x.TANI
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TYO1
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI_677
MND_2.CM.98.CM16
DRL.x.FAO
RCM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.ho7
GSN.CM.99.CM166
GSN.CM.99.CM71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM1246
MUS_2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

RRE end_

RRE end_

Alignments

PLV Complete Genomes

Multiple sequence alignment showing amino acid sequences for various HIV strains, including H1B.FR.83.HXB2, MAC.US.x.239, and others, aligned to a reference sequence (H1B.FR.83.HXB2) shown at the top. The alignment includes a header with the reference sequence and a list of 105 HIV strains on the left. The sequences are aligned to a reference sequence starting with 'TTAGATAAATGGCAAGT...' and ending with '...8377'. Amino acids are represented by single-letter codes, and gaps are indicated by dashes.

Rev end

Env gp41, gp160 end

Accession	Genome Sequence	Position
H1B.FR.83.HXB2	GAAC...TAAAGAA...TAGTCTGCTGTTAGCTTTCCTCAATGCCACGCCATAGCAGTAGCTAGGAGGGACAGATAGGGTTATAGAAGTAGTACAAGGACTTGTAGAGCTATTCCGCCACATACCTAGAAAGAATAAGACAGGGCTTGGAAAGAGTTTGGCTATATAA...G	8796
H101_AE.TH.90.CM240	...	8370
H102_AG.NG.x.IBNG	...	8323
H103_AB.RU.97.KAL153	...	7973
H104_cpz.CY.94.CY032	...	8169
H1A1.UG.85.U455	...	8257
H1B.US.90.WE.AU160	...	8803
H1C.ET.86.ETH2220	...	8193
H1D.CD.84.84ZR085	...	8317
H1F1.BE.93.VI850	...	8073
H1G.SE.93.SE6165	...	8235
H1H.CF.90.056	...	8116
H1I.SE.93.SE7887	...	8103
H1K.CM.96.MP535	...	7956
H1N.CM.95.YBF30	...	8368
H1O.BE.87.ANT170	...	8865
H1P.CM.91.MVP5180	...	8891
CPZ_CD.90.ANT	...	8256
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13	...	8414
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505	...	8303
CPZ_CM.05.SIVcpzLB7	...	8328
CPZ_CM.05.SIVcpzMB66	...	8441
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145	...	8329
CPZ_CM.98.CAM3	...	8233
CPZ_CM.98.CAM5	...	8539
CPZ_GA.88.GAB1	...	8861
CPZ_GA.88.GAB2	...	8206
CPZ_TZ.01.TANI	...	8494
CPZ.US.85.CPZUS	...	8823
H2A.DE.x.BEN	...	9286
H2A.GW.x.ALI	...	9282
H2A.SN.x.ST	...	8728
H2B.CL.x.EHO	...	9227
H2B.GH.86.D205	...	8250
H2C.KI.x.AB196	...	8671
H2U.FR.96.12034	...	8762

Accession	Genome Sequence	Position
MAC.US.x.239	T.TT-CC-TG-GGCG-TCCAGGC-G-CTGG-GAT-TG-GA-AGAGA-TC-T--G-GC-C-TGG-GAGACT-ATGG--GACTC-TAGGA--G-G-A--TGG--A-T-GCA-C-C-G-G-G-T--A-GC-T--GCTC-C-C-CT-G-G	9243
Nef	...	9239
MAC.US.x.251_1A11	...	9225
MAC.US.x.251_BK28	...	8374
MAC.US.x.EMBL_3	...	8691
SMM.SL.92.SL92B	...	9180
SMM.US.x.H9	...	9265
SMM.US.x.PGM53	...	8894
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3	...	9087
STM.US.x.STM	...	8906
SAB.SN.x.SAB1C	...	8411
TAN.UG.x.TAN1	...	8913
VER.DE.x.AGM33	...	8890
VER.KE.x.9063	...	8874
VER.KE.x.AGM155	...	8151
VER.KE.x.TY01	...	8766
COL.CM.x.CG01	...	8909
GRV.ET.x.GRI_677	...	8606
MND_2.CM.98.CM16	...	8452
DRL.x.x.FAO	...	8535
RCM.GA.x.GAB1	...	8378
RCM.NG.x.NG411	...	8348
MND_1.GA.x.MNDGB1	...	8358
MND_2.GA.x.M14	...	8791
MND_2.x.x.5440	...	8720
MNE.US.x.MNE027	...	8035
LST.CD.88.447	...	8032
LST.CD.88.485	...	8035
LST.CD.88.524	...	8749
LST.KE.x.Iho7	...	8845
GSN.CM.99.CN166	...	8801
GSN.CM.99.CN71	...	8772
MON.CM.99.L1	...	8788
MON.NG.x.NG1	...	7413
MON.NG.x.NG1085	...	8480
MUS_1.CM.01.CM1239	...	8749
MUS_2.CM.01.CM1246	...	8845
MUS_2.CM.01.CM2500	...	8801
DEN.CD.x.CD1	...	8855
DEB.CM.90.CM40	...	8559
DEB.CM.99.CM5	...	8480
TAL.CM.00.266	...	8662
TAL.CM.01.8023	...	8212
SUN.GA.98.L14	...	9181
SYK.KE.x.KE51	...	8422
SYK.KE.x.SYK173	...	8723

H1B.FR.83.HXB2
Nef
H102_AG.NG.x.IBNG
H103_AB.RU.97.KAL153.2
H104_cpX.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WEAU160
H1C.ET.96.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1I.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT170
H1O.CM.91.MVP5180
CPZ_CD.90.ANT
CPZ_CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ_CM.05.SIVcpzEK505
CPZ_CM.05.SIVcpzLB7
CPZ_CM.05.SIVcpzMT145
CPZ_CM.98.CAM3
CPZ_CM.98.CAM3
CPZ_GA.88.GAB1
CPZ_GA.88.GAB2
CPZ_TZ.01.TANI
CPZ_US.85.CPZUS
H2A.DE.x.IBN
H2A.GW.x.AL1
H2A.SN.x.ST
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.AB796
H2U.FR.96.L2034

ATAGGGTGGGAGCAGCATCTCGAGACCTGGAAAAATCGGAGCAATCAAGAAGTAGCAATACAGCAGCTACCAATGCTGCTTGTGCTGGCTAGAAAGCAAA...
D R V G A A S R D L E K H G A I T S N T A A T N A A C A W L E A Q ... E E E E V G F P V T P Q V P L R P M T Y K
... 8610
... 8569
... 8222
... 8454
... 8493
... 9043
... 8442
... 8590
... 8319
... 8484
... 8365
... 8340
... 8229
... 8632
... 9129
... 9152
... 8496
... 8681
... 8549
... 8574
... 8687
... 8575
... 8485
... 8788
... 9115
... 8453
... 8728
... 9081
... 9461
... 8460
... 9400
... 9348
... 9374
... 8846
... 8942

MAC.US.x.239
Nef
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F.L3
STM.US.x.8TM
SAB.SN.x.SAB1C
TAN.UG.x.TANI
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.ACM155
VER.KE.x.Y01
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI7 677
MND.2.CM.98.CM16
DRL.x.FAO
RCM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND.1.GA.x.MND81
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.Jho7
GSN.CM.99.CM166
GMN.CM.99.CM71
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS.1.CM.01.CM11085
MUS.1.CM.01.CM11239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.202
TAL.CM.01.8023
SUN.GA.98.L14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

GACA-TATATGAATA-TC-AT-GAGAAACC-GCTG-A-AGAG-GAA-A-TTAGCAT-C-G-AA-CAA-AT-TG-A-A-ATA-ATGA-TA...
G Q Y M N T P W R N P A E E R E K L A Y R K Q N M D I D E ... D D L V G V S V R P K V P L R T M S Y K
... 9418
... 9414
... 9400
... 8549
... 8869
... 8901
... 9355
... 9440
... 9069
... 9226
... 9036
... 8547
... 9049
... 9026
... 9010
... 8281
... 8893
... 8973
... 8754
... 8576
... 8659
... 8478
... 8914
... 8669
... 8895
... 8048
... 8045
... 8123
... 8862
... 8899
... 7534
... 8868
... 8837
... 8933
... 8889
... 9036
... 8683
... 8610
... 8806
... 836
... 9194
... 8564
... 8874

H1B.FR.83.HXB2
 Nef
 H101_AE.TH.90.CM240
 H102_AG.NE.x.IBNG
 H103_AB.RU.97.KAL153_2
 H104_cpX.CY.94.CY032
 H1A1.UG.85.U455
 H1B.US.90.WEAU160
 H1C.ET.86.ETN24
 H1D.CD.84.84ZR085
 H1F1.BE.93.VI850
 H1G.SE.93.SE6165
 H1H.CF.90.056
 H1I.SE.93.SE7887
 H1K.CM.96.MP535
 H1N.CM.95.YBF30
 H1O.BE.87.AN170
 H1O.CM.91.MVPS180
 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.CM.98.CAM3
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.88.GAB1
 CPZ.GA.88.GAB2
 CPZ.TZ.01.TANI
 CPZ.US.X85.CPZUS
 H2A.DE.x.IBHN
 H2A.GW.x.ALI
 H2A.SN.x.ST
 H2B.CL.x.EHO
 H2B.GH.86.D205
 H2G.CL.x.ABT96
 H2U.FR.96.12034
 MAC.US.x.239
 Nef
 MAC.US.x.251_1A11
 MAC.US.x.251_BK28
 MAC.US.x.EMBL_3
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.SIVsmH635F_L3
 STM.US.x.STM
 SAB.NI.x.SABIC
 TAN.UG.x.TANI
 VER.DE.x.AGM3
 VER.KE.x.9063
 VER.KE.x.ACM155
 VER.KE.x.TYO1
 COL.CM.x.CGU1
 GRV.ET.x.GRI_677
 MND_2.CM.98.CM16
 DRL.x.FAO
 RCM.GA.x.GAB1
 RCM.NG.x.NG411
 MND_1.GA.x.MNDGB1
 MND_2.GA.x.M14
 MNE.US.x.MNE027
 LST.CD.88.447
 LST.CD.88.485
 LST.CD.88.524
 LST.KE.x.lho7
 GSN.CM.99.CM166
 GSN.CM.99.CM171
 MON.CM.99.L1
 MON.NG.x.NG1
 MUS_1.CM.01.1085
 MUS_1.CM.01.CM1239
 MUS_2.CM.01.CM11246
 MUS_2.CM.01.CM2500
 DEN.CD.x.CD1
 DEB.CM.99.CM40
 DEB.CM.99.CM5
 TAL.CM.00.266
 TAL.CM.01.8023
 SUN.GA.98.L14
 SYK.KE.x.KE51
 SYK.KE.x.SYK173

```
.GTCAGATATCCACTGACCTTTGGATGGTCTCAAGCTAGTACCGTGTAGCCAGATAAGATAGAAGGGCCAAATAAGGAGAGAACCACCGCTTTGTTACACCGTTGTAGCCTGCATGGGATGGATGC...
  V R Y P L T F G W C Y K L V P V E P D K I E E A N K G E N T S L H P V S A H G M D D
  .-TC-.TG-T-TGT-T-G-T-A-A-G-T-C-A-AGC-AG-G-A--C-   G-A--T-T-C-L-H-P-V-S-A-H-G-M-D-D-   CCGAGAGAGAAGTGTAGAGTGGAGTTTG 9352
  .ACT-.TC-.G-C-T-T-A-A-G-T-C-AG-G-G-G-A--G-   A-T-A-   CA-CT-T-AA-   G-   GAA-A-   C-GAT-   A-   8920
  .-TC-.A-A-   G-   C-C-   C-AG-G-   G-   CAG-G-   A-T-A-   A-AT-AA-C-A-   T-   GA-A-A-   A-AT-   A-   8879
  .-AG-.TC-.TG-   T-   A-T-   C-G-G-G-   G-   C-G-   A-T-T-C-G-   A-AT-   AA-A-   G-T-   GAA-A-   A-A-   A-   8517
  .A-.C-   A-A-   G-   T-   C-G-AG-G-   G-A-T-C-GG-   A-T-C-AC-   A-AT-   AA-AG-A-T-   GAT-A-   A-AT-   A-   8803
  .ACT-.C-.TG-   T-   G-A-   A-C-AG-G-A-   T-G-   A-T-   C-G-   A-   G-T-   GAA-A-   A-AT-   A-   9352
  .-C-   T-A-   G-   T-   A-A-   T-AGC-AG-G-   A-T-   G-   A-   C-T-   A-   G-T-   GAA-C-   A-   A-   8650
  .A-.   T-A-   G-   T-G-   T-   GGT-G-   A-   C-G-   AG-A-T-C-   CA-CT-A-   A-G-   G-   GA-   C-AG-   A-T-   A-   8900
  .A-.   G-   T-   G-   A-G-T-   T-AG-G-G-A-   G-   G-   A-T-   CA-AA-   A-G-   T-   GAA-C-   C-AG-   GA-   A-   8629
  .ACT-.TC-.G-   T-   A-   A-G-T-   C-AG-G-   G-A-   G-   A-T-   CA-CT-A-   A-G-   T-   GAA-C-   C-G-T-   AA-   8794
  .-AG-.T-.C-   G-   T-   A-   AA-T-   C-G-G-   G-C-   A-   T-   G-   A-   T-   C-   CA-AT-A-   A-G-   T-   GAG-C-   G-GAT-   AA-   8675
  .A-.C-.T-   A-   G-   T-   AGC-AG-G-   A-T-   G-   A-   T-   C-   CA-A-A-   A-   G-T-   GAA-A-   A-   A-   8539
  .A-.C-.T-   A-   G-   T-   C-AG-AG-   A-CAG-   G-   A-T-   C-   CA-A-A-   A-   G-T-   GAAC-C-   A-AT-   A-   8539
  .A-T-.C-   CG-A-   G-   T-   A-   T-GTCAG-T-AG-AG-   T-G-T-   C-ATGC-C-   CA-AT-T-AA-AGCA-   T-   GATC-T-A-   G-T-   C-A-   8942
  CAGGTTCCCA-TGACATTTGGAT-G-T-TTA-   ACTAG-CC-GTGTCA-AGAA-GGCAGA-AG-CTA-GA-   C-T-T-   GGG-T-ATC-CCG-T-   A-CA-TG-   G-AT-T-   A-   9442
  TAGATTCCCA-TGACATTTGGAT-G-T-TTA-   ACTG-CC-GTGTCA-AGAA-GGCAGA-AG-CT-   GT-   C-   AAT-AG-TG-T-TC-TC-   T-   CTT-TAAT-   AGCT-G-   T-   G-AC-   CG-G-   GA-   CA-   A-   CA-   9465
  .-T-.   T-   A-   T-   CAACCTGAT-   CA-   G-   G-   A-   T-   G-   A-   T-   C-   C-   TTT-TACA-   AGAT-GA-   -   AC-T-A-   GA-   C-   AGA-   GAA-   8791
  .-AG-.C-.CTTG-   T-   A-   T-   T-GACAA-T-   SC-AG-G-   CA-   G-   T-   A-   T-   C-   C-   C-   A-   T-   A-   G-   T-   GAAAGT-A-   C-   ATA-   C-   8991
  .-C-.C-   T-   A-   T-   G-   TCA-   T-   GG-   G-   A-   T-   C-   C-   A-   TGT-C-   T-   CA-T-   AA-   A-   T-   A-   C-   A-   C-   G-T-   C-   C-   8859
  .A-T-   -   A-A-   -   CG-   T-   A-   C-   AAC-   C-   AG-   G-G-   G-   T-   C-   ATCTAC-   AC-G-   AA-AT-   A-   A-   T-   GAA-C-   A-   C-GAT-   AA-A-   8884
  .A-   -   -   -   C-   T-   A-   T-   A-   C-   T-   A-   A-   AG-   AG-   G-   AGA-   A-   G-   C-   A-   TA-   C-   T-   CA-CT-   A-   C-   ACA-   G-   T-   GAA-   CA-   C-   TC-   CA-   8997
  .-GC-C-   C-   A-   -   C-   G-   T-   A-   G-   C-   T-   T-   GCCA-   T-   GG-   G-   GA-   A-   G-   A-   A-   T-   C-   C-   T-   CA-T-   A-   A-   G-   T-   GA-   A-   C-   G-   TA-   CT-   8885
  .-C-   A-   A-   -   GG-   TT-   A-   G-   T-   C-   GACA-   AG-   AG-   G-   GA-   A-   G-   T-   C-   A-   T-   C-   AC-   G-   C-   T-   G-   AC-   TG-   C-   G-   TC-   A-   8795
  .-C-   A-   -   -   T-   A-   G-   T-   T-   GACA-   T-   SC-AG-   G-   CA-   C-   G-   T-   A-   T-   T-   AC-   G-   T-   CA-AT-   AA-   A-   G-   T-   GAAC-   T-   G-   GA-   C-   TC-   A-   9098
  .ACA-.TC-.CTGT-   T-   A-   G-   C-   CC-   GACAGG-   GC-   G-   C-   A-   G-   T-   A-   T-   C-   G-   T-   CA-AT-   A-   A-   T-   GAA-   C-   A-   G-   C-   TC-   C-   9425
  .-GC-T-   GT-   A-   T-   T-   G-   ATCA-   GGCAG-   A-   C-   G-   G-   T-ATCT-C-A-   T-CC-T-   ACT-   AT-T-   G-   T-   GAA-   AG-   G-   TC-   GAT-   A-   8763
  .A-.C-.TGTAGG-   TA-   TT-   T-   G-   C-   C-   A-   C-   C-   C-   C-   C-   T-   G-   A-   T-   C-   C-   T-   G-   A-   T-   C-   C-   T-   TAGC-   A-   CTACC-   -   A-   TG-   GACTC-   GATC-   C-   C-   9023
  .-A-   C-   A-   A-   -   G-   CTG-   GG-   T-   C-   TC-   C-   A-   C-   A-   G-   G-   A-   T-   C-   A-   T-   A-   T-   G-   A-   T-   C-   G-   CA-   T-   A-   A-   T-   GAACT-   TG-   C-   C-   ATC-   CA-   9391
  .-A-   G-   A-   T-   A-   G-   A-   T-   A-   CTCTACA-   G-   CA-   AGG-   AG-   T-   C-   A-   T-   A-   G-   A-   C-   A-   C-   A-   C-   A-   A-   C-   A-   C-   A-   T-   GA-   C-   TG-   G-   A-   C-   A-   CA-   9765
  .A-A-G-   C-   GA-   TT-   C-   CTG-   GG-   T-   A-   T-   TCCCACA-   G-   AGG-   C-   CT-   CTC-   T-   C-   C-   T-   A-   C-   A-   C-   A-   A-   C-   A-   C-   A-   T-   A-   C-   TG-   G-   A-   C-   A-   9764
  .-A-   G-   AA-   TT-   G-   TA-   GG-   -   A-   T-   TCCCACA-   G-   A-   ATG-   C-   TT-   CTCA-   T-   AG-   G-   T-   A-   C-   A-   C-   A-   C-   A-   C-   T-   T-   -   C-   TG-   -   A-   C-   A-   9204
  .-A-   CAA-   TT-   C-   C-   T-   A-   G-   G-   A-   AA-   T-   ATG-   TGAC-   C-   CA-   AGG-   C-   G-   G-   T-   C-   ATT-   TC-   G-   G-   T-   A-   C-   A-   C-   A-   G-   C-   C-   T-   C-   A-   9652
  .A-A-G-   C-   A-   A-   T-   T-   CTG-   GG-   G-   A-   T-   T-   TGCCAGC-   CGACCGAG-   GG-   G-   AG-   A-   C-   CATT-   AA-   G-   C-   C-   A-   C-   A-   G-   C-   T-   C-   C-   T-   ATCC-   TG-   G-   GACTC-   T-   C-   A-   9681
  .A-A-.R-.G-.C-.CTA-.GG-.A-.CAC-.TCCTGTAT-.G-CACAG-.GG-.C-.CATT-.G-.T-.A-.C-.A-CAAACTAGCCATG-.CC-.G-.C-.A-.   9150
  .ACT-.GG-.A-.TG-.C-.CTT-.GG-.A-.A-.T-.C-.TGATA-.CACAG-.GG-.T-.GGCTGATC-.G-GGGTT-.A-CACAGCCAGCT-.CGA-.G-.   9246
```


H1B.FR.83.HXB2
H101.AE.TH.90.CM240
H102.AC.VG.x.IBNG
H103.AB.RU.97.KALI.153.2
H104.cpx.CY.94.CY032
H1A1.UG.85.U455
H1B.US.90.WEAU160
H1C.ET.86.ETHZ220
H1D.CD.84.R4Z.R085
H1E1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1J.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT70
H1O.CM.91.MVP5180
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK305
CPZ.CM.05.SIVcpzL87
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.98.CAM15
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS
H2A.DE.x.BEN
H2A.GW.x.ALI
H2A.SN.x.ALI
H2B.CL.x.EHO
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.AB796
H2U.FR.96.L2034
MAC.US.x.239
Nef
MAC.US.x.251.LA11
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SIVsmH635F.L3
STM.US.x.STM
SAB.SN.x.SAB1C
TAN.UG.x.TAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.ACM155
VER.KE.x.PY01
COL.CM.x.CGU1
GRV.ET.x.GRI1.677
MND.2.CM.98.CM16
DRL.x.x.FAO
RCM.GA.x.GAB1
RCM.NG.x.NG411
MND.1.GA.x.MNDGB1
MND.2.GA.x.M14
MND.2.x.x.5440
MNE.US.x.MNE027
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.lho7
GSM.CM.99.CM166
GSM.CM.99.CM71
MON.CM.99
MON.NG.x.NG1
MUS.1.CM.01.1085
MUS.1.CM.01.CM1239
MUS.2.CM.01.CM1246
MUS.2.CM.01.CM2500
DEN.CD.x.CD1
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
TAL.CM.00.266
LAL.CM.01.8023
SYN.GA.98.1.14
SYK.KE.x.KE51
SYK.KE.x.SYK173

Table with columns for different HIV strains and their corresponding nucleotide sequences. Headers include NF-k-B-II, NF-k-B-I, Sp1-III, Sp1-II, and Sp1-I. The table lists sequences for various HIV strains such as H1B.FR.83.HXB2, H101.AE.TH.90.CM240, etc., and includes alignment markers like dashes and vertical bars.

	TAR element end		Poly-A signal	
H1B.FR.83.HXB2	..ACTGCTTAAGCCTCAATAAAG..CTTGCCTTGAG..TG.C 9632
H101.AE.TH.90.CM240A		 9199
H102.AC.NG			 9159
H103.AB.RU.97.KALI.153.2	CTAAGGAACCCACTGCTTAA	 8808
H104.cpx.CY.94.CY032			 9047
H1A1.UG.85.U455			GTG- 9092
H1B.US.90.WEAU160			 9632
H1C.ET.86.ETH2220			 9031
H1D.CD.84.847R085			 8975
H1F1.BE.93.VI850			 8903
H1G.SE.93.SE6165A		AA-CC 9074
H1H.CF.90.056			 8950
H1J.SE.93.SE7887			G-CG 8932
H1K.CM.96.MP535			 8604
H1N.CM.95.YBF30			 9182
H1O.BE.87.ANT70	..G-CGCG	A 9753
H1O.CM.91.MVP5180	..GCG	A 9749
CPZ.CD.90.ANT			T 9068
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13			AA 9281
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505			CT 9129
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7A		CT 9167
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66			A- 9277
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145			CT 9205
CPZ.CM.98.CAM3			A- 9088
CPZ.CM.98.CAM5			TA 9261
CPZ.GA.88.GAB1			CT 9061
CPZ.GA.88.GAB2			CT 9061
CPZ.TZ.01.TANI	..GCG..TC	A-TG 9323
CPZ.US.85.CPZUS			CT 9697
H2A.DE.x.BEN	CC-G-A--GGCCGGTACTGGGCAGAGCGGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AGA--TTCAG..-AGA..A-CAI0233
H2A.GW.x.ALI	CC-G--GGCCGGCACTGGGCAGAGCGGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AGA--TTAA..-AGA..A-CAI0227
H2A.SN.x	CC-G--GGCCGGCACTGGGCAGAGCGGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AGA--TTAG..-AGA..A-CA 9672
H2B.CL.x.EHO	CC-GCA--GGCCGGTCTGGGCAGAGGGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AAC--TTA..-TA..-AGA..A-CAI0122
H2B.GH.86.D205	CC-GCA--AGGCCAGTGTGGGCAGAGGGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AAC--TTAA..-AGA..A-CAI0150
H2G.CL.x.AB196	CC-GCA--GGCCGGTCTGGGCAGAGGGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AAC--TTAAA..-AGA..A-TA 9584
H2U.FR.96.12034	CC-AAAG		 9607
	TAR element end		Poly-A signal	3' LTR R repeat end
MAC.US.x.239	CC-GCA--GGCCGGTCTGGGCAGAGTGACTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AG.C--TTCATT..-AGA..A-TAI0155
MAC.US.x.251.1A11	CC-GCA--GGCCGGTCTGGGCAGAGTGACTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AG.C--TTCATT..-AGA..A-TAI0150
MAC.US.x.251.BK28	CC-GCA--GGCCAGTCTGGGCAGAGTGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AG.A--TTCATT..-AGA..A-TAI0125
MAC.US.x.EMB1	CC-GCA--GGCCAGTCTGGGCAGAGTGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AG.A--TTCATT..-AGA..A-TA 9622
SMM.SL.92.SL92B	CC-GCA--GGCCAGTCTGGGCAGAGTGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AG.A--TTCATT..-AGA..A-TA 9609
SMM.US.x.H9	CC-GCA--GGCCGGTCTGGGCAGAGGGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AG.C--TTCG..-AAC..-AGA..A-CA 9609
SMM.US.x.PGM53	CC-GCA--GGCCGGTCTGGGCAGAGGGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AG.A--TTCG..-AAC..-AGA..A-TA 9638
SMM.US.x.SIVsmH635F.L3	CC-GCA--GGCCGGTCTGGGCAGAGGGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AG.A--TTCG..-AAC..-AGA..A-TA 9638
STM.US.x.STM	CC-GCA--GGCCGGTCTGGGCAGAGGGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AG.A--TTCG..-AAC..-AGA..A-TAI0091
SAB.SN.x.SAB1C	CT-AGGACCACTGGTAGGCTCTGGTAGACCTCGCTGGCAGTGGCCATTGCCAGTAGCAGAGACTCCGCTTGCTTGCTT.GATTC-CTC
TAN.UG.x.TANI	..T-----GAAGGCTATT	G..-TG..-C-A..A-T- 9698
VER.DE.x.AGM3	..TTG-----GAA		T..-CG-TG..-CA-AG..-CAG 9218
VER.KE.x.9063	..TTG-----GGAA		AC.T..-TG..-CA-AG..-CT 9719
VER.KE.x.AGM155	..TTG-----GAA		T..-TG..-CA-AG..-CT 9698
VER.KE.x.TY01	..TTG-----GAA		TG..-CA-AG..-CT 9681
COL.CM.x.CGU1			 8728
GRV.ET.x.GRI.677	..TTG---C-TAT		AG..- 9524
MND.2.CM.98.CM16			C..C..TCGC..-AG.. 9518
DRL.x.x.FAO	TCTGG-TAGCTCGT.CAGGAGGCTTCTGGAGGTAGATCACTAGGGGCTGCTTGGCTTTGGTCTGGTAGACCTTCGCTACTTCTAGTGCCATGAAG-AGGGGAGTAGGCCACCCTGCTTATCCTAATTGCTC	C-A-CAT.TTAGATG-ATGAGT 9622
RCM.GA.x.GAB1	CAGGCTTGTGGGTTGCTCTCGCTCTTGGGTAGACCGCCAGTGTGGGCTCGGCCGGCTCAACGGGAGAGATCACGCTTGCTTATAGCTTGAAGCTCC..-ATGCCAG..-AGTTTAC.T 9355
RCM.NG.x.NG411	GGG-TGC-GGGAGCGCTTGGCTGGCTGGTGTAGACTTCCAGCTGGGACTTGGCAGTCCAGTGGGAGTAGCTCGCTTGGCTTTCTGGTTAAT-GCTC	-C..-ATGCTCTTAGTT-AACCAG 9451
MND.1.GA.x.MNDGB1AGATCCCTTAGAGCAAGGACAGAGTCTCGAGTACTGGGTCTAGACCTTCACTGGGGCTGATCACTCGAGGATGGAACCTTCTGCTTGGCTTATTGCTTCTC	TAAC-TAGAA..TTAGA-CA 9215
MND.2.GA.x.M14			 9529
MND.2.x.x.5440	TCTGG-TAGCTCG.TCAGGTT.TTCTGGAAAGGCTTACGGGAGGACACTTCTGGTGGTCTTGATAGACCTTACGAATCCCTTAGGCCCTGGAGATGTGGGATTGACTACCCTGCTTGGCTATTATTGGCCC-TA-CTGATTAGAATAGCAAGT 9538
MNE.US.x.MNE027	CC-GCA--GGCCGGTCTGGGCAGAGTGCTCCACGCT.TGCTTGCTTAA..AG.A--TTCAT..-AGA..A-TA 9631
LST.CD.88.447			 8588
LST.CD.88.485			 8589
LST.CD.88.524			 8594
LST.KE.x.lho7	TAGGGAGC--GGGCTCTAGCTTGTACTTTAAA..GCCTTCAA-TTGCTCATTG-T-AAA-TA 9858
GSN.CM.99.CN166			 9414
GSN.CM.99.CN71			 9410
MON.CM.99.L1			 9448
MON.NG.x.NG1	A		TAGGCTTTACCAGCCC
MUS.1.CM.01.1085			G-GCTTGAAGCAAAA-AAAAAAA 8232
MUS.1.CM.01.CM1239	AAG-TA--G-GCCCAATA		 9420
MUS.2.CM.01.CM1246			 9508
MUS.2.CM.01.CM2500			 9484
DEN.CD.x.CD1			 9430
DEB.CM.99.CM40			 9679
DEB.CM.99.CM5			 9227
TAL.CM.00.266			 9158
TAL.CM.01.8023			 9338
UN.GA.98.L14	GAT-A--GGGGAGCTAGAGGCTCCTTGTCTTGCAGTACAAGC-T-C..-AG..-TTT 8845
SVK.KE.x.KE51			 9068
SVK.KE.x.SYK173	GAGG-C-GGGTTTGGCCGGCCGGTCTTGGCAGCTCTCCGTTGCTTGCTTTGCTTACGC.TGATCAGCCATGTGGTAAACGCAAG-A..-ACGT 9558

V

HIV-1/SIVcpz Proteins

Contents

V-1	Introduction	301
V-2	Annotated Features	302
V-3	Sequences	304
V-4	Alignments	310
	V-4.1 Gag	310
	V-4.2 Pol	318
	V-4.3 Vif	332
	V-4.4 Vpr	336
	V-4.5 Tat	338
	V-4.6 Rev	340
	V-4.7 Vpu	342
	V-4.8 Env	344
	V-4.9 Nef	356

V-1 Introduction

The HIV-1/SIVcpz alignment contains the same sequences as the complete nucleotide alignment. Because of the abundance of HIV-1 sequences there was no need, and no more space, to include additional sequences in the compendium alignment.

V-2 Annotated Features

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

Feature	Protein	Location	Page
Gag start, p17 start	Gag	1	310
membrane binding	Gag	1-30	310
nuclear localization	Gag	11-35	310
nuclear localization	Gag	106-116	310
phosphorylation site	Gag	112	310
p17 end	Gag	132	310
p24 start	Gag	133	310
CyPA binding	Gag	205-241	312
major homology region	Gag	285-304	312
p24 end	Gag	364	314
p2 start	Gag	365	314
p2 end	Gag	377	314
p7 start	Gag	378	314
Zn motif	Gag	392-404	314
Zn motif	Gag	413-425	314
p7 end	Gag	432	314
p1 start	Gag	433	314
p1 end	Gag	448	314
p6 start	Gag	449	314
Vpr binding	Gag	455-460	314
Vpr binding	Gag	489-494	316
p6 end, Gag end	Gag	501	316
Gag-Pol TF start	Pol	1	318
Gag-Pol TF end	Pol	56	318
protease start	Pol	57	318
protease end	Pol	155	320
p66, p51 RT start	Pol	156	320
M41L	Pol	196	320
D67N	Pol	222	320
K70R	Pol	225	320
D110 catalytic site	Pol	265	320
polymerase motif	Pol	337-342	322
T215Y	Pol	370	322
K219Q	Pol	374	322
p51 RT end	Pol	595	324
p15 RNase H start	Pol	596	324
p66 RT, p15 Rnase H end	Pol	715	326
p31 Integrase start	Pol	716	326
p31 Integrase end	Pol	1003	330
Pol end	Pol	1003	330
Vif start	Vif	1	332
Vif end	Vif	192	334
Vpr start	Vpr	1	336
oligomerization	Vpr	2-43	336
amphipathic α -helix	Vpr	16-34	336
H(S/N)RIG motifs	Vpr	73-84	336
frameshift in HXB2	Vpr	72	336
Vpr end in HXB2	Vpr	79	336

Feature	Protein	Location	Page
Vpr end	Vpr	97	336
Tat start	Tat	1	338
disulfide bonding	Tat	22-37	338
NLS	Tat	49-57	338
exon 1 end	Tat	72	338
exon 2 start	Tat	73	338
Tat end	Tat	101	338
Rev start	Rev	1	340
exon 1 end	Rev	25	340
exon 2 start	Rev	26	340
NLS	Rev	34-49	340
Leu-rich effector domain	Rev	75-83	340
Rev end	Rev	116	340
Vpu start	Vpu	1	342
transmembrane domain	Vpu	1-27	342
cytoplasmic domain	Vpu	28-82	342
α -helix	Vpu	31-49	342
phos	Vpu	53	342
phos	Vpu	57	342
α -helix	Vpu	59-72	342
Vpu end	Vpu	83	342
Env start	Env	1	344
signal peptide	Env	30	344
gp120 start	Env	31	344
glycosylation NVT	Env	88-90	344
V1	Env	131-156	344
glycosylation NDT	Env	136-138	344
glycosylation NSS	Env	141-143	346
glycosylation NCS	Env	156-158	346
V2	Env	156-196	346
glycosylation NIS	Env	160-162	346
glycosylation NDT	Env	186-188	346
glycosylation NTS	Env	197-199	346
glycosylation NKT	Env	230-232	346
glycosylation NGT	Env	234-236	346
glycosylation NVS	Env	241-243	346
glycosylation NGS	Env	262-264	346
glycosylation NFT	Env	276-278	346
glycosylation NTS	Env	289-291	348
glycosylation NCT	Env	295-297	348
V3	Env	296-331	348
glycosylation NNT	Env	301-303	348
V3 tip	Env	312-315	348
glycosylation NNT	Env	339-341	348
glycosylation NKT	Env	356-358	348
CD4	Env	368	348
CD4	Env	370	348
V4	Env	385-418	348
glycosylation NST	Env	386-388	348
glycosylation NST	Env	392-394	348
glycosylation NST	Env	397-399	348
glycosylation NNT	Env	406-408	348
CD4	Env	427	350

Feature	Protein	Location	Page
CD4	Env	429	350
CD4	Env	438	350
glycosylation NIT	Env	448-450	350
V5	Env	460-471	350
glycosylation NES	Env	463-465	350
fusion peptide	Env	510-527	350
gp120 end	Env	511	350
gp41 start	Env	512	350
immunodominant region	Env	588-607	352
glycosylation NAS	Env	611-613	352
glycosylation NKS	Env	616-618	352
glycosylation NHT	Env	624-626	352
glycosylation NYT	Env	637-639	352
glycosylation NGS	Env	750-752	354
glycosylation NAT	Env	816-818	354
gp41 end	Env	857	354
Env end	Env	857	354
Nef start	Nef	1	356
myristoylation	Nef	2-7	356
acidic cluster	Nef	62-65	356
poly-P helix	Nef	69-78	356
phos	Nef	77	356
phos	Nef	81	356
HXB2 premature Nef end	Nef	124	356
normal Nef end	Nef	207	358

V-3 Sequences

Sequences included in the HIV-1 protein alignments.

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
01_AE.CF.90.90CF11697	AF197340	All	Anderson, JP	<i>J Virol</i> 74 (22); 10752-65 (2000)
01_AE.CN.05.FJ051	DQ859178	All	Yan, Y	<i>Chin Med J(Engl)</i> 119 (19); 1622-8 (2006)
01_AE.CN.06.FJ054	DQ859180	All	Yan, Y	<i>Chin Med J(Engl)</i> 119 (19); 1622-8 (2006)
01_AE.HK.x.HK001	DQ234790	All	Tsui, SKW	Unpublished
01_AE.JP.93.93JP_NH1	AB052995	All	Sato, H	<i>J Virol</i> 75 (12); 5604-13 (2001)
01_AE.TH.01.01TH_R2184	AY945730	All	Watanaveeradej, V	<i>ARHR</i> 22 (8); 801-7 (2006)
01_AE.TH.02.OUR769I	AY358062	All	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 20 (5); 465-75 (2004)
01_AE.TH.90.CM240	U54771	All	Laukkanen, T	<i>J Virol</i> 70 (9); 5935-43 (1996)
01_AE.US.00.00US_MSC1164	AY444804	All	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 21 (5); 424-9 (2005)
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	AY371141	All	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5); 521-30 (2004)
02_AG.EC.x.ECU41	AY151001	All	Carr, JK	<i>ARHR</i> 19 (4); 329-32 (2003)
02_AG.FR.91.DJ264	AF063224	All	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 247 (1); 22-31 (1998)
02_AG.GH.03.GHNJ196	AB231898	All	Tatsumi, M	Unpublished
02_AG.NG.01.PL0710	DQ168577	All	Carr, JK	Unpublished
02_AG.NG.x.IBNG	L39106	All	Howard, TM	<i>ARHR</i> 10 (12); 1755-7 (1994)
02_AG.SE.94.SE7812	AF107770	All	Laukkanen, T	Unpublished
02_AG.SN.98.MP1211	AJ251056	All	Toure-Kane, C	<i>ARHR</i> 16 (6); 603-9 (2000)
02_AG.UZ.02.02UZ710	AY829207	All	Carr, JK	<i>JAIDS</i> 39 (5); 570-5 (2005)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
03_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	All	Liitsola, K	<i>AIDS</i> 12 (14); 1907-19 (1998)
04_cpx.CY.94.CY032	AF049337	All	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (12); 10234-41 (1998)
05_DF.BE.x.VI1310	AF193253	All	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1); 95-104 (2000)
06_cpx.AU.96.BFP90	AF064699	All	Oelrichs, RB	<i>ARHR</i> 14 (16); 1495-500 (1998)
06_cpx.RU.05.04RU001	DQ400856	All	Galkin, AN	Unpublished
07_BC.CN.97.CN54	AX149771	All	Shao, Y	Patent: WO 0136614-A 125 25-MAY-2001; Genearth GMBH Gessellschaft fuer angewandte Boitechnologie(DE) ; Shao, Yiming (CN)
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	AY008715	All	Piyasirisilp, S	<i>J Virol</i> 74 (23); 11286-95 (2000)
09_cpx.GH.96.96GH2911	AY093605	All	McCutchan, FE	<i>ARHR</i> 20 (8); 819-26 (2004)
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	AF289548	All	Kouliniska, IN	<i>ARHR</i> 17 (5); 423-31 (2001)
11_cpx.GR.x.GR17	AF179368	All	Paraskevis, D	<i>ARHR</i> 16 (9); 845-55 (2000)
12_BF.AR.99.ARMA159	AF385936	All	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15); F41-7 (2001)
13_cpx.CM.96.1849	AF460972	All	Wilbe, K	<i>ARHR</i> 18 (12);849-856 (2002)
14_BG.DE.01.9196_01	AY882421	All	Harris, B	<i>ARHR</i> 21 (7);654-660 (2005)
14_BG.ES.99.X397	AF423756	All	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5); 536-43 (2002)
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	AF516184	All	Viputtigul, K	<i>ARHR</i> 18 (16); 1235-7 (2002)
16_A2D.KR.97.97KR004	AF286239	All	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8); 675-88 (2001)
18_cpx.CU.99.CU76	AY586540	All	Thomson, M	<i>AIDS</i> 19 (11); 1155-63 (2005)
19_cpx.CU.99.CU7	AY894994	All	Casado, G	<i>JAIDS</i> 40 (5); 532-7 (2005)
20_BG.CU.03.CB471	AY900575	All	Perez, L	<i>ARHR</i> 22 (8); 724-33 (2006)
21_A2D.KE.91.KNH1254	AY945737	All	Visawapoka, U	<i>ARHR</i> 22 (7); 695-702 (2006)
23_BG.CU.03.CB118	AY900571	All	Perez, L	<i>ARHR</i> 22 (8); 724-33 (2006)
24_BG.CU.03.CB378	AY900574	All	Perez, L	<i>ARHR</i> 22 (8); 724-33 (2006)
25_cpx.CM.01.101BA	DQ826726	All	Carr, JK	Unpublished
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	AJ404325	All	Vidal, N	<i>ARHR</i> 16 (18); 2059-64 (2000)
28_BF.BR.99.BREPM12609	DQ085873	All	De Sa Filho, DJ	<i>ARHR</i> 22 (1); 1-13 (2006)
29_BF.BR.02.BREPM119	AY771590	All	Sa-Filho, DJ	<i>ARHR</i> 21 (2); 145-51 (2005)
31_BC.BR.02.110PA	EF091932	All	Santos, AF	<i>AIDS</i> 20 (16); 2011-9 (2006)
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	DQ366659	All	Tee, KK	<i>JAIDS</i> 43 (5);523-529 (2006)
34_01B.TH.99.OUR2478P	EF165541	All	Tovanabutra, S	<i>ARHR</i> 23 (6);829-833 (2007)
35_AD.AF.05.05AF095	EF158041	All	Sanders-Buell, EE	<i>ARHR</i> 23 (6); 834-9 (2007)
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	EF087994	All	Powell, RL	<i>ARHR</i> 23 (8); 1008-19 (2007)
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	EF116594	All	Powell, RL	<i>ARHR</i> 23 (7); 923-33 (2007)
42_BF.LU.03.luBF_05_03	EU170155	All	Struck, D	Unpublished
A1.GE.99.99GEMZ011	DQ207944	All	Carr, JK	<i>ARHR</i> 22 (5); 470-6 (2006)
A1.KE.00.KER2008	AF457052	All	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
A1.KE.00.KNH1144	AF457066	All	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
A1.KE.00.KSM4024	AF457077	All	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
A1.KE.00.MSA4069	AF457080	All	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
A1.KE.00.NKU3005	AF457089	All	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
A1.RU.00.RU00051	EF545108	All	Thomson, MM	<i>ARHR</i> 23 (12); 1599-604 (2007)
A1.RU.03.03RU20_06_13	AY500393	All	Papuashvili, MN	<i>Infect Genet Evol</i> 5 (1); 45-53 (2005)
A1.RW.93.93RW_024	AY713406	All	Brown, BK	<i>J Virol</i> 79 (10); 6089-101 (2005)
A1.SE.95.SE8891	AF069673	All	Laukkanen, T	<i>AIDS</i> 13 (14); 1819-26 (1999)
A1.SE.95.UGSE8131	AF107771	All	Laukkanen, T	<i>AIDS</i> 13 (14); 1819-26 (1999)
A1.TZ.01.A173	AY253305	All	Herbinger, K-H	<i>ARHR</i> 20 (8); 895-901 (2004)
A1.UA.01.01UADN139	DQ823357	All	Saad, MD	<i>ARHR</i> 22 (8);709-714 (2006)
A1.UG.92.92UG037	AB253429	All	Sakamoto, Y	Unpublished
A1.UG.99.99UGA07072	AF484478	All	Harris, ME	<i>ARHR</i> 18 (17); 1281-90 (2002)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
A1.UZ.02.02UZ0659	AY829209	All	Carr, JK	<i>JAIDS</i> 39 (5); 570-5 (2005)
A2.CD.97.97CDKS10	AF286241	Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8); 675-88 (2001)
A2.CD.97.97CDKTB48	AF286238	All	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8); 675-88 (2001)
A2.CY.94.94CY017_41	AF286237	All	Gao, F	<i>ARHR</i> 17 (8); 675-88 (2001)
B.AR.04.04AR151516	DQ383752	All	Carr, JK	<i>Retrovirology</i> 2006 Sep 7;3:59
B.AU.87.MBC925	AF042101	All	Deacon, NJ	<i>Science</i> 270 (5238); 988-91 (1995)
B.BO.99.BOL0122	AY037270	All	Carr, JK	<i>AIDS</i> 15 (15); F41-7 (2001)
B.BR.03.BREPM2012	EF637046	All	Sa-Filho, D	<i>ARHR</i> 23 (9):1087-1094 (2007)
B.CA.97.CANB3FULL	AY779553	All	Wang, B	<i>ARHR</i> 21 (8); 728-33 (2005)
B.CN.05.05CNHB_hp3	DQ990880	All	Tan, J	<i>Chin Med J(Engl)</i> 120 (9); 831-3 (2007)
B.CO.01.PCM001	AY561236	All		<i>Am J Trop Med Hyg</i> 74 (4); 674-7 (2006)
B.FR.83.HXB2	K03455	All	Wong-Staal, F	<i>Nature</i> 313 (6000); 277-84 (1985)
B.GB.83.CAM1	D10112	All	McIntosh, AAG	PhD dissertation, University of Cambridge (1989)
B.GB.86.GB8	AJ271445	All	Farrar, GH	<i>J Med Virol</i> 34 (2); 104-13 (1991)
B.GE.03.03GEMZ010	DQ207942	All	Carr, JK	<i>ARHR</i> 22 (5); 470-6 (2006)
B.IT.05.SG1	DQ672623	All	Calugi, G	<i>J Virol</i> 80 (23); 11892-6 (2006)
B.JP.05.DR6538	AB287363	All	Sakamoto, Y	Unpublished
B.KR.05.05CSR3	DQ837381	All	Cho, Y	Unpublished
B.NL.00.671_00T36	AY423387	All	Geels, MJ	<i>J Virol</i> 77 (23):12430-12440 (2003)
B.RU.04.04RU128005	AY682547	All		<i>ARHR</i> 22 (11); 1192-7 (2006)
B.TH.00.00TH_C3198	AY945710	All	Watanaveeradej, V	<i>ARHR</i> 22 (8); 801-7 (2006)
B.UA.01.01UAKV167	DQ823362	All	Saad, MD	<i>ARHR</i> 22 (8):709-714 (2006)
B.US.04.ES10_53	EF363127	All	Blankson, JN	<i>J Virol</i> 81 (5):2508-2518 (2007)
B.US.99.PRB959_03	AY331296	All	Bernardin, F	<i>J Virol</i> 79 (17); 11523-8 (2005)
C.AR.01.ARG4006	AY563170	All	Aguayo, N	<i>ARHR</i> 20 (9); 1022-5 (2004)
C.BR.04.04BR013	AY727522	All	Sanabani, SS	<i>ARHR</i> 22 (2); 171-6 (2006)
C.BW.00.00BW07621	AF443088	All	Novitsky, VA	<i>J Virol</i> 76 (11); 5435-51 (2002)
C.CN.98.YNRL9840	AY967806	All	Qiu, Z	<i>ARHR</i> 21 (12); 1051-6 (2005)
C.ET.02.02ET_288	AY713417	All	Brown, BK	<i>J Virol</i> 79 (10); 6089-101 (2005)
C.GE.03.03GEMZ033	DQ207941	All	Carr, JK	<i>ARHR</i> 22 (5); 470-6 (2006)
C.IL.99.99ET7	AY255824	All	Harris, ME	<i>ARHR</i> 19 (12); 1125-33 (2003)
C.IN.99.01IN565_10	AY049708	All	Khurana, S	Unpublished
C.KE.00.KER2010	AF457054	All	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
C.MM.99.mIDU101_3	AB097871	All	Takebe, Y	<i>AIDS</i> 17 (14); 2077-2087 (2003)
C.MW.93.93MW_965	AY713413	All	Brown, BK	<i>J Virol</i> 79 (10); 6089-101 (2005)
C.SN.90.90SE_364	AY713416	All	Brown, BK	<i>J Virol</i> 79 (10); 6089-101 (2005)
C.SO.89.89SM_145	AY713415	All	Brown, BK	<i>J Virol</i> 79 (10); 6089-101 (2005)
C.TZ.02.CO178	AY734556	All	Arroyo, MA	<i>AIDS</i> 19 (14):1517-1524 (2005)
C.UY.01.TRA3011	AY563169	All	Aguayo, N	<i>ARHR</i> 20 (9); 1022-5 (2004)
C.YE.02.02YE511	AY795906	All	Saad, MD	<i>ARHR</i> 21 (7); 644-8 (2005)
C.ZA.04.04ZASK164B1	DQ056405	All	McKay, AR	<i>J Virol Methods</i> 136 (1-2); 118-25 (2006)
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	DQ369991	All	McKay, AR	<i>J Virol Methods</i> 136 (1-2); 118-25 (2006)
C.ZM.02.02ZM108	AB254141	All	Tatsumi, M	Unpublished
CPZ.CD.90.ANT	U42720	All	Vanden Haesevelde, MM	<i>Virology</i> 221 (2); 346-50 (1996)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	AY169968	All	Nerrienet, E	<i>J Virol</i> 79 (2); 1312-9 (2005)
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	DQ373065	All	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	DQ373064	All	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	DQ373063	All	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	DQ373066	All	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.GA.88.GAB1	X52154	All	Huet, T	<i>Nature</i> 345 (6273); 356-9 (1990)
CPZ.TZ.01.TAN1	AF447763	All	Santiago, ML	<i>J Virol</i> 77 (3):2233-2242 (2003)
CPZ.US.85.CPZUS	AF103818	All	Gao, F	<i>Nature</i> 397 (6718); 436-41 (1999)
D.CD.83.ELI	K03454	All	Alizon, M	<i>Cell</i> 46 (1); 63-74 (1986)
D.CM.01.01CM_0009BBY	AY371155	All	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5); 521-30 (2004)
D.KE.01.NKU3006	AF457090	All	Dowling, WE	<i>AIDS</i> 16 (13); 1809-20 (2002)
D.KR.04.04KBH8	DQ054367	All	Cho, Y	Unpublished
D.TD.99.MN011	AJ488926	All	Vidal, N	<i>JAIDS</i> 33 (2); 239-46 (2003)
D.TZ.01.A280	AY253311	All	Herbinger, K-H	<i>ARHR</i> 20 (8); 895-901 (2004)
D.UG.99.99UGK09259	AF484498	All	Harris, ME	<i>ARHR</i> 18 (17); 1281-90 (2002)
D.YE.01.01YE386	AY795903	All	Saad, MD	<i>ARHR</i> 21 (7); 644-8 (2005)
D.YE.02.02YE516	AY795907	All	Saad, MD	<i>ARHR</i> 21 (7); 644-8 (2005)
D.ZA.90.R1	EF633445	All	Jacobs, G	<i>ARHR</i> 23 (12); 1575-8 (2007)
F1.AR.02.ARE933	DQ189088	All	Aulicino, PC	<i>ARHR</i> 21 (2):158-164 (2005)
F1.BE.93.VI850	AF077336	All	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1); 95-104 (2000)
F1.BR.01.01BR125	DQ358802	All	Sanabani, S	<i>Infect Genet Evol</i> 6 (5):368-377 (2006)
F1.ES.x.P1146	DQ979023	All	Sierra, M	Unpublished
F1.FI.93.FIN9363	AF075703	All	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1); 95-104 (2000)
F2.CM.02.02CM_0016BBY	AY371158	All	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5); 521-30 (2004)
F2.CM.95.MP257	AJ249237	All	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2); 139-51 (2000)
F2.CM.97.CM53657	AF377956	All	Carr, JK	<i>Virology</i> 286 (1); 168-81 (2001)
G.BE.96.DRCBL	AF084936	All	Debyser, Z	<i>ARHR</i> 14 (5); 453-9 (1998)
G.CM.01.01CM_4049HAN	AY371121	All	Kijak, GH	<i>ARHR</i> 20 (5); 521-30 (2004)
G.CU.x.Cu74	AY586547	All		<i>JAIDS</i> 45 (2); 151-60 (2007)
G.ES.00.X558	AF423760	All	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5); 536-43 (2002)
G.ES.99.X138	AF450098	All	Delgado, E	<i>JAIDS</i> 29 (5); 536-43 (2002)
G.GH.03.03GH175G	AB287004	All	Takekawa, N	Unpublished
G.KE.93.HH8793_12_1	AF061641	All	Salminen, MO	<i>ARHR</i> 8 (9); 1733-42 (1992)
G.NG.01.01NGPL0669	DQ168576	All	Carr, JK	Unpublished
G.PT.x.PT2695	AY612637	All	Esteves, AM	Unpublished
G.SE.93.SE6165	AF061642	All	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 247 (1); 22-31 (1998)
H.BE.93.VI991	AF190127	All	Janssens, W	<i>AIDS</i> 14 (11); 1533-43 (2000)
H.BE.93.VI997	AF190128	All	Janssens, W	<i>AIDS</i> 14 (11); 1533-43 (2000)
H.CF.90.056	AF005496	All	Murphy, E	<i>ARHR</i> 9 (10); 997-1006 (1993)
J.CD.97.J_97DC_KTB147	EF614151	All	Abecasis, AB	<i>J Virol</i> 81 (16); 8543-51 (2007)
J.SE.93.SE7887	AF082394	All	Laukkanen, T	<i>ARHR</i> 15 (3); 293-7 (1999)
J.SE.94.SE7022	AF082395	All	Laukkanen, T	<i>ARHR</i> 15 (3); 293-7 (1999)
K.CD.97.EQTB11C	AJ249235	All	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2); 139-51 (2000)
K.CM.96.MP535	AJ249239	All	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2); 139-51 (2000)
N.CM.02.DJO0131	AY532635	All	Bodelle, P	<i>ARHR</i> 20 (8):902-908 (2004)
N.CM.04.04CM_1015_04	DQ017382	All	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 22 (1):83-92 (2006)
N.CM.04.04CM_1131_03	DQ017383	All	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 22 (1):83-92 (2006)
N.CM.95.YBF30	AJ006022	All	Simon, F	<i>Nat Med</i> 4 (9); 1032-7 (1998)
N.CM.97.YBF106	AJ271370	All	Ayoub, A	<i>AIDS</i> 14 (16); 2623-5 (2000)
O.BE.87.ANT70	L20587	All	Vanden Haesevelde, M	<i>J Virol</i> 68 (3); 1586-96 (1994)
O.CM.91.MVP5180	L20571	All	Gurtler, LG	<i>J Virol</i> 68 (3); 1581-5 (1994)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
O.CM.96.96CMABB637	AY169810	All	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 19 (11); 979-88 (2003)
O.CM.98.98CMA104	AY169802	All	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 19 (11); 979-88 (2003)
O.CM.99.99CMU4122	AY169815	All	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 19 (11); 979-88 (2003)
O.FR.92.VAU	AF407418	All	Vartanian, JP	<i>J Gen Virol</i> 2002 Apr;83(Pt 4):801-5
O.SN.99.SEMP1299	AJ302646	All	Toure-Kane, C	<i>ARHR</i> 17 (12); 1211-6 (2001)
O.US.99.99USTWLA	AY169814	All	Yamaguchi, J	<i>ARHR</i> 19 (11); 979-88 (2003)

	membrane binding		Gag start, p17 start nuclear localization		phosphorylation site		nuclear localization		p17 end p24 start	
B.FR.83.HXB2
A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.KNH1144
A1.KE.00.KSMA4024
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.SE8891
A1.SE.95.UGSE8131
A1.TZ.01.A173
A1.UA.01.01UADN139
A1.UG.99.99UGA07072
A1.UZ.02.02UZ0659
A2.CD.97.97CDKTB48
A2.CY.94.94CY017_41
B.AR.04.04AR15156
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.GEMZ010
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.PRB959_03
C.AR.01.ARG4006
C.BR.04.04BR013
C.BW.99.99BW07621
C.CN.98.YNRL9840
C.ET.02.02ET_288
C.GE.03.03GEMZ033
C.IL.99.99ET1
C.IN.99.01IN565_10
C.KR.00.KER2010
C.MM.99.mIDU101_3
C.MW.93.93MW_965
C.SN.90.90SE_364
C.SO.89.89SM_145
C.TZ.02.02TZ0178
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.FI9363
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.EG.00.95E8
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.VI991
H.BE.93.VI997
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

Table with columns: membrane binding, Gag start, p17 start nuclear localization, phosphorylation site, nuclear localization, p17 end p24 start. Rows include various HIV strains like B.FR.83.HXB2, O1_AE.CF.90.90CF11697, etc.

B.FR.83.HXB2
A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.KNH1144
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.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.97.97CDKTB48
A2.CY.94.94CY017_41
B.AR.04.04AR15156
B.AU.87.MBC925
B.BO.99.BOL0122
B.BR.03.BRPNZ012
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_00736
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.99.01IN565_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.EL1
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.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

Table with columns for CyPA binding and major homology region, listing amino acid sequences for various HIV-1/SIVcpz proteins and their conserved regions.

B.FR.83.HXB2
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.06.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.OUR7691
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_DFBE.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.96.96CMAABB637
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.SIVcpzLBT
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS

Table with columns for protein names, CyPA binding sites, and major homology regions. The table contains a large number of rows, each representing a different HIV-1/SIVcpz protein sequence alignment. The columns are labeled 'CyPA binding' and 'major homology region'. The sequences are aligned to a reference sequence: SPRTLNAWVKVVEEKAFSPVEIPMFSALESEGATPQDLNLTMLNTVGGHQAAMQLKETTINEEAAEWDVRVHPVHAGPIAPGQMPREGRSDIAGTTSTLQEQIGWMT...NNPPI.PVGEIYKRWIILGLNKIVRMYSPSTSLDIRQGPKEPFRDYVDRFYKTLRAEQASQEV

B.FR.83.HXB2
A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.KNH1144
A1.KE.00.KS34024
A1.KE.00.MSA4069
A1.KE.00.NKU3005
A1.RU.00.RU00051
A1.RU.03.03RU20_06_13
A1.RW.99.99UGA07072
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.97.97CDKTB48
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.GGEMZ010
B.IT.05.SG1
B.JP.05.DR6538
B.KR.05.05CSR3
B.NL.00.671_00736
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.99.01INS6510
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.ES58
G.ES.99.X138
G.GH.03.03GH175G
G.KE.93.HH8793_12_1
G.NG.01.01NGPL0669
G.PT.x.PT2693
G.SE.93.SE6165
H.BE.93.VI991
H.BE.93.VI997
H.CF.90.056
J.CD.97.1_97DC_KTB147
J.SE.93.SE7887
J.SE.94.SE7022
K.CD.97.EQTB11C
K.CM.96.MP535

Table with columns for protein accession IDs, amino acid sequences, and domain annotations (p24, p7, Zn motifs, p1, p6, Vpr binding). Sequences are presented as a grid of characters representing amino acids or gaps.

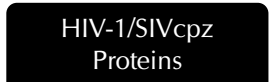
Table with columns for protein regions (p24 end_p2 start, p2 end_p7 start, Zn motif, p7 end_p1 start, p1 end_p6 start, Vpr binding) and a list of protein sequences with their corresponding residue positions (456-495).

	Vpr binding	Vpr binding p6 end, Gag end
B.FR.83.HXB2	PEE . SFRSGV ETTTPPQ . KQEPIDKEL	YPLTSLRSLFGNDPSSQ*
A1.GE.99.99GEMZ011	-A . H-GM-E I-PSL . KQEQKDRQEH	P-SI-K-----L---
A1.KE.00.KER2008	-A . I-GM-E I . S-PKQEQKEREQT	P-FV-K-----L---
A1.KE.00.KNH1144	-A . I-GM-E I-AS . LKQEQKGEQT	P-SI-K-----L---
A1.KE.00.KSM4024	-A . L-GM-E M-AS . LKQEQKQRODA	T-V-K-----L---
A1.KE.00.MSA4069	-A . IYGM-E GI . AS -KQEQRDKEQE	A-SI-K-----LL---
A1.KE.00.NKU3005	-A . LLGIKE I-AS . PKQEQNDRGN	P-SV-K-----LL---
A1.RU.00.RU00051	-A . N-GM-E IAPS . LKQEQKDREOP	P-SI-K-----L---
A1.RU.03.03RU20_06_13	-A . X-GMXE I-PSL . KQEQKDRQER	P-SI-K-----L---
A1.RW.93.93RW_024	-A . LLGM I . A -PKQEQKDRQEG	P-V-K-----L---
A1.SE.95.SE889T	-A . I-GM-E I . S-PKQEQKDRQESE	AP-I-K-----L---
A1.SE.95.UGSE8131	-A . M . M-E I-AS . PKQEQ . NNPP	SV-K-----LL---
A1.TZ.01.A173	-A . L-GM-E GI . ASLPKQEQKDRQEOV	P-V-K-----L---
A1.UA.01.01UADN139	-A . N-GM-E I-PSL . KQEQKDRQEQ	P-SI-K-----L---
A1.UG.92.92UG037	-AAEI-GMRE I . VS-PKQEQNDROON	P-SV-K-----LL---
A1.UG.99.99UGA07072	-A . L-GM-E M . S-PKQEQKDRQEOV	P-V-K-----L---
A1.UZ.02.02UZ0659	-A . N-GM-E I-PSL . KQEQKDRQEH	P-SI-K-----L---
A2.CD.97.97CDKTB48 MEE I-SSL . -NREPST	AI-K-----LL---
A2.CY.94.94CY017_41	-A . NL-M-E I . SSL . -LETR . P	YN-AI-K-----LL---
B.AR.04.04AR151516 F P . S . -GT	K-----*T---
B.AU.87.MBC925 F S E	A-K-----*K---
B.BO.99.BOL0122 F F QK-RG	YP-D-K-----*K---
B.BR.03.BREP42012	-A . V . F S	A-K-----*K---
B.CA.97.CANB3FULL	-L F SP-S QT-Q	A-K-----*K---
B.CN.05.05CNHB_hp3 F V . L T	K-----*K---
B.CO.01.PCM001 F K . S N . P	A-K-----*K---
B.GB.83.CAM1 F X SP T	A-K-S-----*K---
B.GB.86.OB8 F I . S M	A-K-----*K---
B.GE.03.03GEMZ010 F A S R	A-K-S-----*K---
B.IT.05.SG1 F X SP T	A-K-S-----*K---
B.JP.05.DR6538 F I . S M	A-K-----*K---
B.KR.05.05CSR3 F A S R	A-K-S-----*K---
B.NL.00.671.00T36 F K . S R VE	A-K-S-----*K---
B.RU.04.04RU128005 F A . S D	A-K-----*K---
B.TH.00.00TH_C3198 F A . S D	A-K-----*K---
B.UA.01.01UAKV167 I-GF AAA . S K	A-K-----*K---
B.US.04.ES10_53 F APA . S T	SA-----*K---
B.US.99.PR9959_03	-A FE SP K-R-P	K-S-L-----*L---
C.AR.01.ARG4006	-A FE SP K-R-P	K-S-L-----*L---
C.BR.04.04BR013	-A KR N TP	K-S-L-----*L---
C.BW.00.00BW07621	-A FE AP SK-R-P	K-S-L-----*L---
C.CN.98.YNRL9840	-A FE A P LK-R-A	K-S-L-----*L---
C.ET.02.02ET_288	-A YE AP K-R-P	I-K-S-----*L---
C.GE.03.03GEMZ033	-M FE AP SK-R-P	K-S-L-----*L---
C.IL.99.99ET	-A FE TP K-R-P	K-S-L-----*L---
C.IN.99.01INS65_10	-A FE ALAP LKER-P	K-S-L-----*L---
C.KE.00.KER2010	-A GF AP K-R-P	K-S-L-----*L---
C.MM.99.mIDU101_3	-A FE AP KEDRE	P-K-----*L---
C.MW.93.93MW_965	-A FE TP OK-R-P	K-S-L-----*L---
C.SN.90.90SE_364	-A FE D . X . AP LKEH	K-S-L-----*L---
C.SO.89.89SM_145	-A FE TP K-R-P	I-K-S-----*L---
C.TZ.02.CO178	-A FE A . SP . R QK-R-P	K-S-L-----*L---
C.UY.01.TRA3011	-L FE AP AK-EP	K-S-LLP-----*L---
C.YE.02.02YE511	-A FE AP K-R-P	K-S-LL-----*L---
C.ZA.04.04ZASK164B1	-L FE TP LK-G-S	H-K-S-----*L---
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	-L FE AP K-R-P	I-K-S-----*L---
C.ZM.02.02ZM108	-A GF-E I . S QK	K-S-L-----*L---
D.CD.83.EL1	-I GF-E V QK-DK	EL-A-K-----*L---
D.CM.01.01CM_0009BBY	-A GF-E I . S R-OK-N	SA-KL-----*L-K---
D.KE.01.NKU3006	-A GF-E I . S QK-DK	EL-A-K-----*L-K---
D.KR.04.04KBH8	-A I-GF-E I . K-S QK-DK	EL-SA-K-----*L---
D.TD.99.MN011	-A GF-E I . S QK-DK	EL-SA-K-----*L---
D.TZ.01.A280	-A GF-E I . S QK-DK	EL-SA-K-----*L---
D.UG.99.99UGK09259	-A GF-E V . S QK-Q	A-K-S-----*L---
D.YE.01.01YE386	-A GF-E I . S QK-DK	DL-----*L---
D.YE.02.02YE516	-A GF-E I . S QK	K-S-L-----*L---
D.ZA.90.R1	-A GFRE I . SP QK-EG	YP-A-K-----*L---
F1.AR.02.ARE933	-A GFRE I . SP QK-G	YP-A-K-----*L---
F1.BE.93.V1850	-A GF-E I . N-SP QKEEGH	NP-A-K-----*L---
F1.BR.01.01BR125	-A GF-E EVTL . H QKEG	YP-A-K-----*L---
F1.ES.x.P1146	-A LGFR I . SP QKEEQ	YP-A-K-----*L---
F1.FI.93.FIH9363	-A G-GF-E I . SP QK-Q	VP-I-K-----*L---
F2.CM.02.02CM_0016BBY	-A GF-E I . A-SP QK-Q	VP-I-K-----*L---
F2.CM.95.MP257	-A GF-E I . SP QK-M	YP-K-----*L---
F2.CM.97.CM53657	-A N-GF-E I . A-SP QKE	S-K-----*L-Q*-K---
G.BE.96.DRCBL	-A GV-E I . A-SP RE	K-S-----*L---
G.CM.01.01CM_4049HAN	-A GF-E I . A-SP QKE-D	I-K-S-----*L---
G.CU.x.Cu74	-A SF-E I . A-SP QKE-Y	A-K-S-----*L---
G.ES.00.X558	-A GF-R I . A-SP RE-E	L-K-----*L---
G.ES.99.X138	-A GF-E I . A-SP P-KE-I	H-A-K-----*L---
G.GH.03.03GH175G	-A GF-E I . A-S RE	P-A-K-----*L-Q*---
G.KE.93.HH8793_12_1	-A GF-E I . A-SP MKE	YP-K-----*L---
G.NG.01.01NGPL0669	-A GF-E I . SP . R LKEQ-P	Q*-----*L---
G.PT.x.PT2695	-A GF-E M . SSSP LK-P	FA-K-----*L---
G.SE.93.SE6165	-A GF-E M . SP QLKDKE	P-A-K-----*L-LL---
H.BE.93.V1991	-A GF-E KI S RKELY	SA-K-----*L---
H.BE.93.V1997	-A LGL E . I-SP K	K-S-L-----*L---
H.CF.90.056	-A LGF E . I-SP K	S-L-----*L---
J.CD.97.J_97DC_KTB147	-A GF-E KI SL-R-MK-Q-Q	GP-K-----*L---
J.SE.93.SE7887	-A GF-E I SP-R-TK-Q-Q	SP-K-----*L---
J.SE.94.SE7022		
K.CD.97.EQTB11C		
K.CM.96.MP535		

500
492
497
499
496
497
497
500
499
498
498
493
497
497
500
497
497
497
497
497
504
502
502
503
511
504
502
499
501
508
499
502
501
501
513
501
502
506
504
504
492
502
493
492
498
498
491
491
501
491
492
486
505
491
488
489
494
491
491
501
497
499
500
503
498
499
496
501
501
495
494
497
493
496
493
499
499
493
493
497
497
496
497
499
500
498
497
498
501
500
498
497
498
496
501
500
501
479
498
498
496
496
496

	Vpr binding	Vpr binding p6 end, Gag end
B.FR.83.HXB2	PEE . SFRSGV ETTTPPQ . KQEPIDKEL YPLTSLRSLFGNDPSSQ*	
01_AE.CF.90.90CF11697	-A . -LGM-E I . -SFP OK . -H PS . -V . -K L	
01_AE.CN.05.F1051	-A . -NWEMRE I . -SM OK . -DH PP . -V . -K L	
01_AE.CN.06.F1054	-A . -NWGM . D . GA SSL OK . -RVH PP . -V . -K L	
01_AE.HK.x.HK001	-A . -NWGM . E I . -SLP OK . -H PS . -SI . -K L	
01_AE.JP93.93JP . NH1	-A . -NWGM-E I . -SLP OK . -H YP . -K L	
01_AE.TH.01.01TH . R2184	-A . -NWGM-E I . -SSL OK . -H PP . -V . -K L	
01_AE.TH.02.OUR7691	-A . -NWGM-E S . -L OK . -O PP . -V . -K L	
01_AE.TH.90.CM240	-A . -NWGM-E . EITGE . I . -SLP OK . -H PP . -V . -K L	
01_AE.US.00.00US . MSC1164	-A . -NWGM-E I . -SLL OK . -H PP . -SV L	
02_AG.CM.02.ZCM . 4082STN	-A . -GM-E S . -L QDEPRE KGLYP K *	
02_AG.EC.x.EC141	-A . -V . -I I . -SSP . N . -TR . -G YP . -V . -K *	
02_AG.FR.91.DJ264	-A . -GM-E I . -SSP R . -OG YP . -A . -K *	
02_AG.GH.03.GHNJ196	-A . -LGM-E V . -ASTP G . -GI YP K *	
02_AG.NG.01.PL0710	-A . -LGM-E I . -SSP . Q . -R . -G YP K *	
02_AG.NG.x.IBNG	-A . -GM-E I . -P . -SP . Q . -R . -G YP K *	
02_AG.SE.94.SE7812	-A . -LGI-E I . -SS G . -G YP . -A . -K *	
02_AG.SN.98.MP1211	-A . -GM-E I . -SSP G . -G YP . -K Y	
02_AG.UZ.02.02UZ710	-A . -NVGM-E I . -SSP . Q . -R . -G YP . -A . -K *	
03_AB.RU.97.KAL153 . 2	-A . -N . GM-E I . -SL OK . -R . -O HP . -SI . -K D . -L	
04_cpx.CY.94.CY032	-A . -CLERKE - . -SSL -R - K S . -L	
05_DF.BE.x.V11310	-A . -F . -E -I . -ASSP OK . -EG YP . -A . -K L	
06_cpx.AU.96.BFP90	-I . -GF-E I . -A . -SP SKE . -E KGL . -A . -K S . -*	
06_cpx.RU.05.04RU001	-A . -FEE -AA . -SS -KE - A . -K S . -*	
07_BC.CN.97.CN54	- -F . -E - S - K -	
08_BC.CN.97.97CNGX . 6F	-A . -F . -E - -AP -K . -R . -P - S . -L	
09_cpx.GH.96.96GH291P	-A . -GMRE -X . -SSX . X . -XKDGEXP P . -X . -K L	
10_CD.TZ.96.96TZ . BF061	-A . -GF-E I . -S . - OK . -P H . -A . -K L	
11_cpx.GR.x.GR17	-A . -GF-E - -SP -KE -I . -K S . -L	
12_BF.AR.99.ARMA159	-A . -GF-E I . -SSP . -R . -OK . -EGQ YP . -A . -K *	
13_cpx.CM.96.1849	-A . -GF-E I . -A . -S -KETYP -AA . -K S . -*	
14_BG.DE.01.9196 . 01	-A . -GF-E I . -A . -SP -KE . -S - K S . -*	
14_BG.ES.99.X397	-A . -LGF-E I . -A . -SP -KE . -I - A . -K S . -*	
15_01B.TH.99.99TH . MU2079	-A . -NWGM-E - -SLL OK . -R . -H TP . -V . -K LL	
16_A2D.KR.97.97KR004	-A . -D . GM-E - -L -LKNR . -Q HT . -AI . -K LL	
18_cpx.CU.99.CU76	-A . -LGF-E I . -A . -SP -SKEEKY -FS . -K S . -	
19_cpx.CU.99.CU7	- -GF-E I . -S . - -DQK - A . -K L	
20_BG.CU.03.CB471	-A . -GF-E I . -A . -SP -OKE . -D - I . -K S . -*	
21_A2D.KE.91.KNH1254	-A . -GF-E I . -S . -R . -KEELY - - K L	
23_BG.CU.03.CB118	-A . -GF-E I . -A . -SP . -G . -KEQD - I . -K S . -*	
24_BG.CU.03.CB378	-A . -E - -I . -A . -SP -OKE . -D - I . -K S . -*	
25_cpx.CM.01.101BA	-A . -GF-E I . -SP -T -MA . -K S . -*	
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	-A . -F . -E -V -SP -K . - -V - L	
28_BF.BR.99.BREPM12609	-A . -F . -E - -SP -OKEEG YP . -A . -K *	
29_BF.BR.02.BREPM119	-A . -F . -E I . -SP -EKNEG YP . -A . -K * . -K	
31_BC.BR.02.110PA	-A . -FE - -SP -OK . -R . -P - K L	
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	- -F . -E - -V - - V . -K L	
34_01B.TH.99.OUR2478P	- -F . -E G . - S - SA . -K LL	
35_AD.AF.05.05AF095	-A . -GF-E I . -S . -KQEQKDGELY - A . -K L	
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	-A . -N . GI-E -M . -SSS . -KQESRDKGLY P - K * . -L	
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	-A . -EVKE -V . -ASSLKQEGKELYPP - A . -K S . -* . -P	
42_BFLU.03.luBF_05_03	-A . -GF-E I . -SLKQEQKDEGPY P - -	
N.CM.02.DJO0131	-L . -NYG . -OEEER S . -QK . -E . -R . -NTENS YP L	
N.CM.04.04CM . 1015_04	-L . -YG . -OEEGSTO . GKEMQE . -N . -KTENS YP L	
N.CM.04.04CM . 1131_03	-L . -YG . -OEEERSTO . RKEMQE . -N . -KTENT YP L	
N.CM.95.YBF30	-L . -YGF . -OEEKSTO . GKEMQE . -N . -RTENS YP L	
N.CM.97.YBF106	-L . -YG . -OEEKSTO . GKEMQE . -N . -KTETS YP LX	
O.BE.87.ANT70	SAPP MEEEVKG . QENQEO . GG PNEL . -FA . -K T . -Q . -L . -Q	
O.CM.91.MVP5180	SAPP MEEVKE . QENQSO . GD QEEL . -FA . -K T . -Q . -L . -Q	
O.CM.96.96CMABB637	SAPP MEEVVKG . QENONONOGGDODEL . -FA . -K T . -Q . -L . -Q	
O.CM.98.98CMA104	SAPP MEEVVKG . QENQEO . -D SNEL . -FA . -K T . -Q . -L . -Q	
O.CM.99.99CMU4122	SAPP MEEERKG . PESQEO . GD PNEL . -FA . -K T . -Q . -L . -Q	
O.SN.99.SEMP1299	SAPP M . -EENKG . QENQEO . -D QNEL . -FA . -K T . -Q . -L . -Q	
O.US.99.99USTWLA	SAPP MEEVYK . XNQNQ . -D SNEL . -FA . -K XT . -Q . -L . -Q	
O.FR.92.VAU	SAPP MEEEMKG . QE . -DONQKQ . EQNEL . -FA . -K T . -Q . -L . -Q	
CPZ.CD.90.ANT	-I . -IYQEEHK R . -OKGL . -G . -EELP SY . -K K . -Q . -WKF	
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-A . -YGYOEK -K . -NOEE . QE . -GNRLYP - K S	
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-I . -YGYOEEKTTQ . G . -EREE . -EKTESSLY P - K S . -L	
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-I . -GFQPKTT OK . -QEDR . EEDKTKENK YP K L	
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-I . -GFREEEPA OK . -EEVK . SE . -TEN . -LY PQ - L	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-I . -GFOE K . -KVKG . XNQNQ . -PP SNEL . -FA . -K XT . -Q . -L . -Q	
CPZ.GA.88.GAB1	-L . -YGYOEE K . -SOEK . EGESSLYP S P . -K S	
CPZ.TZ.01.TAN1	EKG . KAQEO - . -AQTP . -VVPAPPLE MTMKGGF . -K . -I . -S . -Q . -* . -	
CPZ.US.85.CPZUS	-I . -D . -GYOE - . -VTQE . -GKKEKPF Q -K S . - . -E .	

500
499
499
502
496
496
497
497
504
499
496
462
495
501
491
495
495
496
493
499
501
503
500
501
496
491
497
501
495
494
508
497
497
498
500
497
501
497
499
498
492
499
500
499
488
494
499
498
495
498
504
513
512
512
513
512
501
501
501
501
501
500
501
501
525
507
512
504
500
501
509
526
506

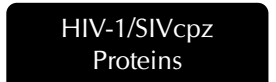


	Gag-Pol TF start			Gag-Pol TF end protease start			
B.FR.83.HXB2	FFREDLAF	LQ	GKAREFSS	EQTRANS	PTTR	ELQVWG
A1.GE.99.99GEMZ011	N-Q	RE	K	I		S	T
A1.KE.00.KER2008	N-Q	RE	K	I		S	T
A1.KE.00.KNH1144	N-Q	RE	K	I		S	T
A1.KE.00.KSM4024	N-Q	RE	K	I		S	T
A1.KE.00.MSA4069	N-Q	RE	K	I		S	T
A1.KE.00.NKU3005	N-Q	RE	K	I		S	T
A1.RU.00.RU00051	N-Q	RE	K	I		S	T
A1.RU.03.03RU20_06_13	N-Q	RE	K	XXI		S	X
A1.RW.93.93RW_024	N-Q	RE	K	G		S	A
A1.SE.95.SE8891	N-Q	RE	K	G		S	D
A1.SE.95.UGSE8131	N-Q	RE	K	G		S	D
A1.TZ.01.A173	N-Q	RE	K	G		S	A
A1.UA.01.01UADN139	N-Q	RE	K	I		S	W
A1.UG.92.92UG037	N-Q	RE	K	T		S	SR
A1.UG.99.99UGA07072	N-Q	RE	K	G		S	A
A1.UZ.02.02UZ0659	N-Q	RE	K	TI		S	K
A2.CD.97.97CDK510	N-Q	RE	K	D		S	NG
A2.CD.97.97CDKTB48	N-Q	RE	K	N		S	ENG
A2.CY.94.94CY017_41	N-Q	RE	K	P		S	ENG
B.AR.04.04AR151516	T	P	E	K	P	PRANS	
B.AU.87.MBC925	N	P	RE				
B.BO.99.BOI0122	N	P	RE				
B.BR.03.BREPM2012	N	P	E	P	A	QTRANS	
B.CA.97.CANB3FULL	N	P	E	P	A	PTS	
B.CN.05.05CNHB_hp3	N	P	E	P	A	I	
B.CO.01.PCM001	N	P	E	P	A		
B.GB.83.CAM1	N	P	E	P	A		
B.GB.86.GB8	N	P	E	P	A		
B.GE.03.03GEMZ010	N	P	E	P	A		
B.IT.05.SG1	N	P	E	P	A		
B.JP.05.DR6538	N	P	E	P	A		
B.KR.05.05CSR3	N	P	E	P	A		
B.NL.00.671.00T36	N	P	E	P	A		
B.RU.04.04RU128005	X	P	E	P	A	PFSEQTRANS	
B.TH.00.00TH_C3198	N	CP	E	P	A		
B.UA.01.01UAKV167	N	P	E	P	A	PTNRANS	
B.US.04.ES10_53	N	P	E	P	A		
B.US.99.PRB959_03	N	P	E	P	A		
C.AR.01.ARG4006	N	P	E	K	XP	PTTRANS	
C.BR.04.04BR013	N	P	E	P	A		
C.BW.00.00BW07621	N	P	E	P	A		
C.CN.98.YNRL9840	N	P	E	P	A		
C.ET.02.02ET_288	T	P	E	P	A		
C.GE.03.03GEMZ033	N	P	E	P	A		
C.IL.99.99ET7	T	P	E	P	A		
C.IN.99.01INS565_10	N	P	E	P	A		
C.KE.00.KER2010	N	P	E	P	A		
C.MM.99.mIDU101_3	KT	P	E	P	A		
C.MW.93.93MW_965	N	P	E	P	A		
C.SN.90.90SE_364	N	CP	E	P	A		
C.SO.89.89SM_145	N	P	E	P	A		
C.TZ.02.CO178	N	P	E	P	A		
C.UY.01.TRA3011	N	P	E	K	PP	A	
C.YE.02.02YE511	N	P	E	P	A		
C.ZA.04.04ZASK164B1	N	P	E	P	A		
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	N	P	E	P	A		
C.ZM.02.02ZM108	N	P	E	P	A		
D.CD.83.ELI	N	P	E	G	L	PK	
D.CM.01.01CM_0009BBY	N	P	E	G	L	PK	
D.KE.01.NKU3006	N	P	E	G	L	PK	
D.KR.04.04KBH8	N	P	W	K	L	N	R
D.TD.99.MN011	N	P	E	G	L	PK	
D.TZ.01.A280	N	P	R	L	P	A	
D.UG.99.99UGK09259	N	P	E	L	P	A	
D.YE.01.01YE386	N	P	E	L	P	A	
D.YE.02.02YE516	N	P	E	G	L	PK	
D.ZA.90.R1	N	P	E	G	L	PK	
F1.AR.02.ARE933	N	P	E	K	P		
F1.BE.93.VI850	N	P	E	K	P		
F1.BR.01.01BR125	N	P	E	K	P	A	T
F1.ES.x.P1146	N	PE	E	K	P	A	Y
F1.FL.93.FIN9363	N	P	E	K	P	A	
F2.CM.02.02CM_0016BBY	N	P	RE	W	H	G	
F2.CM.95.MP257	NV	P	E	K	P	A	
F2.CM.97.CM53657	N	P	E	W	K		
G.BE.96.DRCBL	N	P	E	P	A		
G.CM.01.01CM_4049HAN	N	P	E	L	P	A	
G.CU.x.C674	N	P	E	G	L	PK	I
G.ES.00.X558	N	P	E	P	A		
G.ES.99.X138	N	P	E	P	AG		
G.GH.03.03GH175G	N	P	E	P	A	I	
G.KE.93.HH8793_12_1	X	N	P	E	K	P	A
G.NG.01.01NGPL0669	N	P	E	K	P	A	D
G.PX.P2693	N	P	E	P	A		
G.SE.93.SE6165	N	P	E	P	D	T	
H.BE.93.V1991	N	P	PP	EA			
H.BE.93.V1997	N	P	RE	K	P	A	
H.CF.90.056	N	P	RE	K	P	A	T
J.CD.97.J_97DC_KTB147	S	P	E	L	P	A	T
J.SE.93.SE7887	N	P	RE	L	P	A	
J.SE.94.SE7022	N	P	RE	L	P	A	
K.CD.97.EQTB11C	V	SO	RE	K	P	A	
K.CM.96.MP535	N	P	E	K	P	A	

	Gag-Pol TF start	Gag-Pol TF end protease start	
B.FR.83.HXB2	FFREDLAFLO, GKAREFSSSEQTRANS	PTTRR.ELQVWG.....RDNNSPS.EAGADROGT.....VSFNFPQVTLWQRPLVTIKIGQGLKEALLDLDGADTVLEE.MSLPGRWPKMIGGIGGFVKRVYDQILIEICGHKAIQITVLVGPPTVNI	140
01_AE.CF.90.09CF11697	N-SQ-E	S-GDG-LLP-E	D.IN-KR
01_AE.CN.05.F1051	N-Q-E-GK	S-S-K-GNE-PLN-T-E-P	D.IN-K-K
01_AE.CN.06.F1054	N-Q-E-K	S-S-K-GDR.RG-LLT-E	D.IN-K-K
01_AE.HK.x.HK001	N-SQ-E	S-G-LT-EG-SST-S	D.IN-K-K
01_AE.JP.93.93JP.NH1	N-Q-R-G	S-K-GDG-LLT-E	D.IN-K-K
01_AE.TH.01.01TH.R2184	A-Q-GK	S-K-GDG-LLT-E	D.IN-K-K
01_AE.TH.02.OUR7691	N-Q-G	S-K-GDG-LT-E	D.IN-K-K
01_AE.TH.90.CM240	N-Q-G	S-K-GDG-RDNGG-LT-E	D.IN-K-K
01_AE.US.00.000US.MSC1164	N-Q-GK	S-GDG-LLT-E	D.IN-K-K
02_AG.CM.02.ZCM.4082STN	KN-Q-E-K-T	S-WNG-TACTGEG.KGTLS-L-I	D.IN-K-K
02_AG.EC.x.EC041	N-Q-E-K-P-GT	S-S-DEG-G-LT-S-DEG	D.IN-K-K
02_AG.FR.91.DJ264	N-Q-E-K-K-GT	S-WDG-LT-TEGP	D.IN-K-K
02_AG.GH.03.GHNJ196	N-Q-E-K-GTI	S-GDG-G-LNP-G-LNP	D.IN-K-K
02_AG.NG.01.PL0710	N-Q-E-K-G	S-KPGDG-LT-TEG-A	D.IN-K-K
02_AG.NG.x.IBNG	N-Q-E-K-GT	S-WDG-T-L-TEG-A	D.IN-K-K
02_AG.SE.94.SE7812	N-Q-E-K-GT	S-AS-PWDR-LT-TGG	D.IN-K-K
02_AG.SN.98.MP1211	N-Q-E-KL-GT	S-WDG-LLP-TGG	D.IN-K-K
02_AG.UZ.02.02UZ710	N-Q-E-K-T	G-RDGG-L-L-A-EG-A	D.ID-K-K
03_AB.RU.97.KAL153_2	N-Q-RE-K	S-K-WDG-PLP-T-TEG	D.IN-K-K
04_cpx.CY.94.CY032	NV-Q-RE-K-A	A-G-M-REER-G-LT-TEG	D.IN-K-K
05_DFBEx.VII1310	S-P-E-LPP-G-L	S-AS-G-SLL-EGR	D.IN-K-K
06_cpx.AU.96.BFP90	N-Q-E	H-RFRR-G-SPLP-T-VEGE-G	D.IN-K-K
06_cpx.RU.05.04RU001	N-L-E-L-A	C-R-SPLL-EKG-A	D.IN-K-K
07_BC.CN.97.CN54	N-LP-R	G-I-N-I	D.LN-K-K
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	I-P-E-PP	S-R-G-PS-TE	D.VN-K-K
09_cpx.GH.96.96GH2911	N-Q-RE-L-X-G-IG	XS-WDE-XLLX.XXXEG-GXA	D.IN-K-K
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	N-Q-R-LP	S-S-R-G-TL-T-E-A	D.IN-K-K
11_cpx.GR.x.GR17	N-Q-E-PT-A	S-R-R-G-PLP-T-OGE	D.IN-K-K
12_BF.AR.99.ARMA159	N-Q-E-K-P-A	S-W-RR-G-L-E-R	D.IN-K-K
13_cpx.CM.96.1849	N-Q-RE	S-R-RR-G-SPLP-TEGDIS	D.IN-K-K
14_BG.DE.01.9196_01	N-Q-E-P-A	R-RR-G-SPLP-R-EKG-V	D.IN-K-K
14_BG.ES.99.X397	N-Q-E-P-A	G-RR-G-SPLP-R-EKG-D	D.IN-K-K
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	T-Q	S-GDG-LLT-E	D.IN-K-K
16_A2D.KR.97.97KR004	N-P-RE	S-G-WNG-G-PLA-EK	D.IN-K-K
18_cpx.CU.99.CU76	N-Q-E-P-KA	S-G-RR-G-SPLP-RVEGGEI	D.IN-K-K
19_cpx.CU.99.CU7	N-P-E-KLP	R-GN-PL-T-SE	D.IN-K-K
20_BG.CU.03.CB471	I-P-E-A-D	C-R-RR-G-SPLP-R-EGE	D.IN-K-K
21_A2D.KE.91.KNH1254	G-P-E-G-L-A	S-R-PL-T-E-GTV	D.IN-K-K
23_BG.CU.03.CB118	T-P-L-A	C-R-RR-G-SPLP-R-EGA	D.IN-K-K
24_BG.CU.03.CB378	T-P-GKL-A	C-G-SPLP-R-EGE	D.IN-K-K
25_cpx.CM.01.101BA	Q-RE-KL-A-D	C-R-R-G-PLP-I	D.IN-K-K
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	N-Q-E-P-A-I	S-R-GG-DPL-T-EG-S	D.IN-K-K
28_BFBR.99.BREPM12609	N-P-E-K-P-A	S-RR-G-PL-E-G	D.IN-K-K
29_BFBR.02.BREPM119	N-P-E-K-P-A	S-R-G-PL-GKER	D.IN-K-K
31_BC.BR.02.110PA	N-P-E-X-PP	SG-R-G-PL-EG	D.IN-K-K
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	A-P-G-LP-KP	G-S-I-C	D.IN-K-K
34_01B.TH.99.OUR2478P	I-Q-G-P	G-I-T	D.IN-K-K
35_AD.AF.05.05AF095	N-P-E-K	S-R-G-ALPETAER-GVV	D.IN-K-K
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	N-Q-E	S-WDR-VLF-EAGIEGQGTI	D.IN-K-K
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	N-Q-RE-K-G	S-RGER-GS-SLL-EAG-QGTIPS	D.IN-K-K
42_BFLU.03.luBF_05_03	N-E-K-PP-A-KARANS	S-W-RR-G-PL-EAGAER-GSV	D.IN-K-K
N.CM.02.DJ00131	KG-VS-RET-QLPPDNKKRAHS	AT-W-S-GE-EHTGEG	D.IN-K-K
N.CM.04.04CM_1015_04	KG-VS-RET-LPPD-SNKRAHS	AT-W-S-GGEHT-GKGDAG	D.IN-K-K
N.CM.04.04CM_1131_03	G-VS-RET-L-PD-SNKRAHS	AT-W-S-GEEHT-EKGDAG	D.IN-K-K
N.CM.95.YBF30	E-VS-RET-KLPPD-SNKRAHS	AT-W-S-GEEHT-EGGDAG	D.IN-K-K
N.CM.97.YBF106	KG-VS-RET-KLPPD-SNKRAHS	AT-W-S-GEEHT-GKGDAG	D.IN-K-K
O.BE.87.ANT70	QT-SGG-HE-QLCA-TST	ISPT-DGGG-EG-TGESGTERG	D.IN-K-K
O.CM.91.MVP5180	V-SGG-HE-QLCA-TSV	ISPT-NGGG-EG-TRESSE-G	D.IN-K-K
O.CM.96.96CMAABB637	QI-SGG-HE-QLCT-ASA	ISPT-NGGG-EG-ARESESEPRGGPRAL	D.IN-K-K
O.CM.98.98CMA104	QI-SGG-HE-Q-YA-TSG	ISPS-DGGS-EG-TGEPGTERG	D.IN-K-K
O.CM.99.99CMAU4122	I-SGG-HE-QLCT-TSV	ISSS-DGGGEG-TRESGTE-G	D.IN-K-K
O.SN.99.SEMPI299	I-SGG-HE-QLCA-TSV	ISPT-D-GNNEG-TRESGTE-G	D.IN-K-K
O.US.99.99USTWLA	V-SGG-RE-Q-YA-ANAPS	ISPT-NGGG-EG-AXXSESG-G	D.IN-K-K
O.FR.92.VAU	K-I-SER-HE-QLCAGTSV	ISPT-NGRDEG-AR-GSESEG-GAERAL	D.IN-K-K
CPZ.CD.90.ANT	TDPHVGVQT-LCA-GSSGANS	S-H-D-SGGAQ-E-SEG-QG-GTTS	D.IN-K-K
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	G-P-RE-QLCT-D	S-W-PRE-GE-EPRG-TGRGQITIP	D.IN-K-K
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	G-S-RE-K-PPDNKKERANS	SN-W-S-GEDHT-G-REGR-KGEDRELSV	D.IN-K-K
CPZ.CM.05.SIVcpzLBT	T-P-KL-H	AN-W-SAKNH-PE-TGGQ-GR-Q-EQA	D.IN-K-K
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	T-Q	S-N-R-Q-GGTC-PE-GGSE-R-DRE-AV	D.IN-K-K
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	KK-S-G-E-QLCAR-EQT	S-YG-I-RIS-GE-DG-GGGEG-AA	D.IN-K-K
CPZ.GA.88.GAB1	R-P-RE-QLCA-N-T-G	R-W-P-G-E-EPGE-R-REQIS	D.IN-K-K
CPZ.TZ.01.TAN1	THPLVG.VQT-LCA-H	R-D-GSGA-G-STDT-SGANCPITG	D.IN-K-K
CPZ.US.85.CPZUS	T-VPIV.ERGIKETR-LPGKQEGAHS	S-N-GFR-SR-SDTG-T-KGKGAL	D.IN-K-K

	protease end_p66, p51 RT start	M41L	K70R D67N	D110 catalytic site			
B.FR.83.HXB2	IGRNLITQIGCTLNFPISPIETVPVKLKPMDGPKVKQWLPTEEKIKALVEICT	EMEKEGKISKIGPENPYNTVPVFAIKKDKTKWRKLVDFRELNKRTQDFWEVQLGIPHPAGLKKKSVTVLVDVGDYFVPLD	EDFRKYTAFTIPSINNETPGIRYQYNVLPQGW		308		
A1.GE.99.99GEMZ011	M	T	TD N	D	S	T	308
A1.KE.00.KER2008	M	T	R	Q	I	L	308
A1.KE.00.KNH1144	M	T				H	308
A1.KE.00.KSM4024	M	T		Q	I		308
A1.KE.00.MSA4069	M	T				N	308
A1.KE.00.NKU3005	M	D	T	M	I	K	308
A1.RU.00.RU00051	M	LX	T	A	I	S	308
A1.RU.03.03RU20_06_13	XM	L	T	K	V	X	308
A1.RW.93.93RW_024	M		T			X	308
A1.SE.95.SE8891	M		RI	T	R		304
A1.SE.95.UGSE8131	M		T		I	N-DR	302
A1.TZ.01.A173	M		R	T	M		308
A1.UA.01.01UADN139	M			TD	K	V	308
A1.UG.99.99UGA07072	M	S	RI	T	A	D-R	309
A1.UZ.02.02UZ0659	M	L	T	RI	TK		308
A2.CD.97.97CDKS10	M	L	T	ID	K		308
A2.CD.97.97CDKTB48	M	V	L	T	K		301
A2.CY.94.94CY017_41	M	V	L	T	K		308
B.AR.04.04AR151516							313
B.AU.87.MBC925							310
B.BO.99.BOL0122							309
B.BR.03.BREP2012							312
B.CA.97.CANB3FULL							311
B.CN.05.05CNHB_hp3							308
B.CO.01.PCM001							308
B.GB.83.CAM1							308
B.GB.86.GB8							314
B.GE.03.03GEMZ010							308
B.IT.05.SG1							308
B.JP.05.DR6538							304
B.KR.05.05CSR3							308
B.NL.00.671_00T36							308
B.RU.04.04RU128005							318
B.TH.00.00TH_C3198							308
B.UA.01.01UAKV167							308
B.US.04.ES10_53							315
B.US.99.PRB959_03							308
C.AR.01.ARG4006							304
C.BR.04.04BR013							312
C.BW.00.00BW07621							304
C.CN.98.YNRL9840							304
C.ET.02.02ET_288							310
C.GE.03.03GEMZ033							304
C.IL.99.99ET7							304
C.IN.99.01INS565_10							304
C.KE.00.KER2010							304
C.MM.99.mIDU101_3							304
C.MW.93.93MW_965							305
C.SN.90.90SE_364							300
C.SO.89.89SMT145							316
C.TZ.02.CO178							304
C.UY.01.TRA3011							304
C.YE.02.02YE511							302
C.ZA.04.04ZASK164B1							304
C.ZA.05.05ZAPSK240B1							304
C.ZM.02.02ZM108							299
D.CD.83.ELI							307
D.CM.01.01CM_0009BBY							309
D.KE.01.NKU3006							307
D.KR.04.04KBH8							307
D.TD.99.MN011							309
D.TZ.01.A280							309
D.UG.99.99UGK09259							307
D.YE.01.01YE386							307
D.YE.02.02YE516							309
D.ZA.90.R1							307
F1.AR.02.ARE933							308
F1.BE.93.V1850							308
F1.BR.01.01BR125							308
F1.ES.x.P1146							306
F1.FL.93.FIN9363							307
F2.CM.02.02CM_0016BBY							308
F2.CM.95.MP257							308
F2.CM.97.CM53657							308
G.BE.96.DRCBL							305
G.CM.01.01CM_4049HAN							307
G.CU.x.C674							304
G.ES.00.X558							306
G.ES.99.X138							306
G.GH.03.03GH175G							308
G.KE.93.HH8793_12_1							307
G.NG.01.01NGPL0669							307
G.PX.P12695							307
G.SE.93.SE6165							305
H.BE.93.V1991							306
H.BE.93.V1997							306
H.CF.90.056							307
J.CD.97.J_97DC_KTB147							306
J.SE.93.SE7887							306
J.SE.94.SE7022							306
K.CD.97.EQTB11C							308
K.CM.96.MP535							308

protease end_p66, p51 RT start	M41L	K70R D67N	D110 catalytic site	
B.FR.83.HXB2	IGRNLLTQIGCTLNFPI	SPPIETVPVKLKPGMDGPKVKQWL	TEEEKIKALVEICT.	EMEKEGKISKIGPENPYNTVPFAIKKDKSTKWRKLVDFRELNRKTQDFWEVGLQPHPAGLKKKKSVTLVDVGDAYFSVPLDEDFRKYTAFTIP
01_AE.CF.90.90CF11697	-----M-----	-----D-----	-----T-----	-----*-----*-----T-----K-----E-----E-----E-----V-----Y-----G-----
01_AE.CN.05.F1051	-----M-----	-----D-----	-----T-----	-----S-----R-----A-----K-----E-----E-----E-----V-----S-----V-----
01_AE.CN.06.F1054	-----M-----	-----D-----	-----T-----	-----S-----R-----A-----K-----E-----E-----E-----V-----S-----V-----
01_AE.HK.x.HK001	-----M-----	-----D-----	-----T-----	-----S-----R-----A-----K-----E-----E-----E-----V-----S-----V-----
01_AE.JP93.93JP.NH1	-----M-----	-----L-----	-----D-----I-----T-----	-----T-----K-----E-----E-----E-----V-----R-----I-----S-----L-----
01_AE.TH.01.01TH.R2184	-----M-----	-----D-----	-----T-----	-----R-----R-----T-----K-----E-----E-----E-----V-----I-----S-----T-----
01_AE.TH.02.OUR7691	-----M-----	-----D-----	-----T-----	-----R-----R-----T-----K-----E-----E-----E-----V-----I-----S-----T-----
01_AE.TH.90.CM240	-----M-----	-----D-----	-----T-----	-----R-----R-----T-----K-----E-----E-----E-----V-----I-----S-----T-----
01_AE.US.00.00US_MSC1164	-----M-----	-----D-----	-----T-----	-----R-----R-----T-----K-----E-----E-----E-----V-----I-----S-----T-----
02_AG.CM.02.CCM_4082STN	-----M-----	-----D-----	-----T-----	-----R-----R-----T-----K-----E-----E-----E-----V-----I-----S-----T-----
02_AG.EC.x.EC141	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
02_AG.FR.91.DJ264	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
02_AG.GH.03.GHNJ196	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
02_AG.NG.01.PL0710	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
02_AG.NG.x.IBNG	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
02_AG.SE.94.SE7812	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
02_AG.SN.98.MP1211	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
02_AG.UZ.02.UZ710	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
04_cpx.CY.94.CY032	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
05_DF.BE.x.VII310	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
06_cpx.AU.96.BFP90	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
06_cpx.RU.05.04RU001	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
07_BC.CN.97.CN54	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
09_cpx.GH.96.96GH29PI	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
11_cpx.GR.x.GR17	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
12_BF.AR.99.ARMA159	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
13_cpx.CM.96.1849	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
14_BG.DE.01.9196_01	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
14_BG.ES.99.X397	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
16_A2D.KR.97.97KR004	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
18_cpx.CU.99.CU76	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
19_cpx.CU.99.CU7	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
20_BG.CU.03.CB471	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
21_A2D.KE.91.KNH1254	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
23_BG.CU.03.CB118	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
24_BG.CU.03.CB378	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
25_cpx.CM.01.101BA	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
28_BF.BR.99.BREP12609	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
29_BF.BR.02.BREP1119	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
31_BC.BR.02.110PA	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
34_01B.TH.99.OUR2478P	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
35_AD.AF.05.05AF095	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
42_BFLU.03.luBF_05_03	-----M-----	-----L-----	-----T-----	-----D-----D-----K-----D-----S-----D-----I-----K-----V-----V-----
N.CM.02.DJO0131	-----F-----	-----L-----	-----T-----	-----R-----A-----E-----R-----A-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
N.CM.04.04CM_1015_04	-----F-----	-----L-----	-----T-----	-----R-----A-----E-----R-----A-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
N.CM.04.04CM_1131_03	-----F-----	-----L-----	-----T-----	-----R-----A-----E-----R-----A-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
N.CM.95.YBF30	-----F-----	-----L-----	-----T-----	-----R-----A-----E-----R-----A-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
N.CM.97.YBF106	-----F-----	-----L-----	-----T-----	-----R-----A-----E-----R-----A-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
O.BE.87.ANT70	-----L-----	-----I-----	-----GL-----	-----AP-----SK-----E-----TA-----Q-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
O.CM.91.MVP5180	-----L-----	-----I-----	-----GL-----	-----AP-----SK-----E-----TA-----Q-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
O.CM.96.96CMA104	-----L-----	-----I-----	-----GL-----	-----AP-----SK-----E-----TA-----Q-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
O.CM.98.98CMA104	-----L-----	-----I-----	-----GL-----	-----AP-----SK-----E-----TA-----Q-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
O.CM.99.99CMU4122	-----L-----	-----I-----	-----GL-----	-----AP-----SK-----E-----TA-----Q-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
O.SN.99.SEMP1299	-----L-----	-----I-----	-----GL-----	-----AP-----SK-----E-----TA-----Q-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
O.US.99.99STWLA	-----L-----	-----I-----	-----GL-----	-----AP-----SK-----E-----TA-----Q-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
O.FR.92.VAU	-----L-----	-----I-----	-----GL-----	-----AP-----SK-----E-----TA-----Q-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
CPZ.CD.90.ANT	-----V-----	-----L-----	-----CLL-----	-----KV-----E-----R-----SK-----E-----K-----D-----KL-----A-----N-----R-----D-----I-----I-----TS-----I-----I-----Q-----V-----V-----C-----
CPZ.CM.01.SIVcpzCAMA13	-----I-----	-----V-----	-----S-----	-----RT-----SA-----T-----I-----I-----I-----S-----E-----C-----K-----V-----V-----V-----
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-----F-----	-----S-----	-----I-----	-----R-----SA-----T-----I-----I-----I-----S-----E-----C-----K-----V-----V-----V-----
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-----I-----	-----S-----	-----Q-----	-----R-----SA-----T-----I-----I-----I-----S-----E-----C-----K-----V-----V-----V-----
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-----I-----	-----S-----	-----Q-----	-----R-----SA-----T-----I-----I-----I-----S-----E-----C-----K-----V-----V-----V-----
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-----I-----	-----S-----	-----Q-----	-----R-----SA-----T-----I-----I-----I-----S-----E-----C-----K-----V-----V-----V-----
CPZ.GA.88.GAB1	-----I-----	-----L-----	-----V-----	-----S-----TP-----SK-----E-----TA-----Q-----Q-----R-----I-----I-----G-----G-----Q-----Q-----C-----P-----V-----V-----
CPZ.TZ.01.TAN1	-----I-----	-----K-----	-----L-----	-----V-----K-----Q-----E-----SK-----E-----T-----K-----TL-----AV-----I-----TS-----L-----N-----K-----F-----
CPZ.US.85.CPZUS	-----I-----	-----S-----	-----K-----	-----R-----A-----T-----Q-----TRV-----I-----TS-----L-----N-----K-----F-----



	polymerase motif	T215Y	K219Q	
B.FR.83.HXB2				478
A1.GE.99.99GEMZ011	C	SK	E	478
A1.KE.00.KER2008	C	SK	E	478
A1.KE.00.KNH1144	C	SK	E	478
A1.KE.00.KSM4024	C	SK	E	478
A1.KE.00.MSA4069	C	SK	E	478
A1.KE.00.NKU3005	C	SK	E	478
A1.RU.00.RU00051	S	C	R	478
A1.RU.03.03RU20_06_13	S	LK	E	478
A1.RW.93.93RW_024	S	SK	E	478
A1.SE.95.SE889T	I	SK	E	474
A1.SE.95.UGSE8131	I	SK	E	472
A1.TZ.01.A173	I	SK	E	478
A1.UA.01.01UADN139	S	LK	E	478
A1.UG.99.99UGA07072	A	SK	E	479
A1.UZ.02.02UZ0659	S	SK	E	478
A2.CD.97.97CDKS10	S	LK	E	478
A2.CD.97.97CDKTB48	D	AR	EM	471
A2.CY.94.94CY017_41	SK	TELI		478
B.AR.04.04AR151516				483
B.AU.87.MBC925	C	E		480
B.BO.99.BO10122	C	D		482
B.BR.03.BREP2012	C	D		482
B.CA.97.CANB3FULL	S	C	R	481
B.CN.05.05CNHB_hp3	C			478
B.CO.01.PCM001	C			478
B.GB.83.CAM1	C			478
B.GB.86.GB8	C			484
B.GE.03.03GEMZ010	C			478
B.IT.05.SG1	C			474
B.JP.05.DR6538	C			478
B.KR.05.05KSR3	C			478
B.NL.00.67.L.00T36	C			478
B.RU.04.04RU128005	S			478
B.TH.00.00TH_C3198	S			478
B.UA.01.01UAKV167	R			485
B.US.04.ES10_53	R			478
B.US.99.PRB959_03	S	X		478
C.AR.01.ARG4006	S	X		474
C.BR.04.04BR013	R			482
C.BW.00.00BW07621	R			474
C.CN.98.YNRL9840	R			474
C.ET.02.02ET_288	R			474
C.GE.03.03GEMZ033	R			480
C.IL.99.99ET7	R			474
C.IN.99.01INS565_10	A			474
C.KE.00.KER2010	A			474
C.MM.99.mIDU101_3	R			474
C.MW.93.93MW_965	R			474
C.SN.90.90SE_364	S			475
C.SO.89.89SMT145	C			470
C.TZ.02.CO178	C			486
C.UY.01.TRA3011	A			474
C.YE.02.02YE511	A			474
C.ZA.04.04ZASK164B1	A			472
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	A			474
C.ZM.02.02ZM108	C			474
D.CD.83.ELI	C			469
D.CM.01.01CM_0009BBY	C			477
D.KE.01.NKU3006	C			479
D.KR.04.04KKBH8	C			477
D.TD.99.MN011	C			477
D.TZ.01.A280	C			477
D.UG.99.99UGK09259	C			479
D.YE.01.01YE386	C			477
D.YE.02.02YE516	C			477
D.ZA.90.R1	C			479
F1.AR.02.ARE933	C			477
F1.BE.93.V1850	C			477
F1.BR.01.01BR125	C			478
F1.EE.X.P1146	C			478
F1.FL.93.FIN9363	C			476
F2.CM.02.02CM_0016BBY	I			477
F2.CM.95.MP257	I			478
F2.CM.97.CM53657	I			478
G.BE.96.DRCBL	V			478
G.CM.01.01CM_4049HAN	V			475
G.CI.X.C174	AK			477
G.ES.00.X558	IK			477
G.ES.99.X138	IK			476
G.GH.03.03GH175G	I			476
G.KE.93.HH8793_12_1	P			478
G.NG.01.01NGPL0669	P			477
G.PX.P2695	IK			477
G.SE.93.SE6165	R			477
H.BE.93.V1991	E			475
H.BE.93.V1997	E			476
H.CF.90.056	A			476
J.CD.97.J_97DC_KTB147	C			477
J.SE.93.SE7887	C			476
J.SE.94.SE7022	C			476
K.CD.97.EQTB11C	C			476
K.CM.96.MP535	H			478

	polymerase motif	K219Q T215Y	
B.FR.83.HXB2	KGSPAIFQSSMTKILEPFRKQNPDIIVYQYMDLVYGSDELIGQHRTHKIEELRQHLRLRWGLTTPDKKHKQEPKFLWMGYELHPDKWQVPTVLPEKDSWTVNDIQKLVGLKNWASQIYPGKIKVRQKCKLLRGTKALTEVIPLTEEALEAENREILKEPVHGVYDPSK		478
01_AE.CF.90.90CF11697	Y-AK-E-E-D-K-F-R-E-A-K-A-V-N		476
01_AE.CN.05.FJ051	IK-E-R-I-A-S-F-A-RIK-K-DIV-T		478
01_AE.CN.06.FJ054	R-KIK-E-E-E-A-T-A-F-S-F-V-K-A-DIV-T		480
01_AE.HK.x.HK001	AN-E-I-E-A-E-A-A-R-E-E-D		478
01_AE.JP93.93JP.NH1	IK-EM-E-I-A-S-F-A-K-R-A-DIV-T		476
01_AE.TH.01.01TH.R2184	R-IK-EM-E-I-A-S-F-R-E-E-T		478
01_AE.TH.02.OUR7691	R-IK-EM-E-A-S-F-R-E-E-V-K-A-G-DIV-T		478
01_AE.TH.90.CM240	R-IK-EM-K-A-S-F-R-E-E-A-K-A-DIV-T		483
01_AE.US.00.00US_MSC1164	IK-E-E-A-S-F-K-V-E-A-K-A-DIV-N		478
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	A-Y-TN-EM-E-A-E-E-H-Q-A-K-A-DIV-T		481
02_AG.EC.x.EC141	A-AK-EM-E-I-R-A-V-E-E-K-F-A-K-A-DIVI-Q		478
02_AG.FR.91.DJ264	A-AN-EM-E-A-E-E-A-K-F-A-K-R-A-DIV-A		478
02_AG.GH.03.GHNJ196	A-TN-EM-E-A-E-E-H-E-A-K-A-DIV-T		479
02_AG.NG.01.PL0710	A-TS-EM-E-A-G-K-F-K-ED-A-RIK-A-DIV-T		478
02_AG.NG.x.IBNG	A-TK-EM-E-A-G-K-F-VE-A-IK-R-A-DIVA-T		478
02_AG.SE.94.SE7812	A-TK-EM-E-A-E-E-E-E-V-QVR-A-K-A-DIV-T		478
02_AG.SN.98.MP1211	A-TK-EL-E-A-E-K-F-Q-A-K-A-DIV-T		478
02_AG.UZ.02.02UZ710	A-IK-E-E-A-K-F-Q-D-A-K-A-DIV-T		478
03_AB.RU.97.KAL153_2	E-E-E-E-F-A-A-A-A		478
04_cpx.CY.94.CY032	C-FK-E-A-E-F-QPA-A-K-A-DIV-T		477
05_DF.BE.x.VII1310	C-EV-E-A-K-E-A-F-Q-D-K		478
06_cpx.AU.96.BFP90	I-IK-E-A-E-K-Q-D-E-A-DIV-A		480
06_cpx.RU.05.04RU001	R-E-E-E-K-F-E-D-E-AR-DIV-A		478
07_BC.CN.97.CN54	L-T-G-E-V-R-F-TQ-A-DIV		477
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	C-K-A-E-K-F-Q-A-DIV		474
09_cpx.GH.96.96GH29PI	IK-E-A-K-E-K-F-Q-D-E-A-K-AR-DIV-T		477
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	QM-Q-H-TI-G-K-F-A-L-Q-K-N-A-V-DIV		477
11_cpx.GR.x.GR17	T-EV-E-V-K-K-F-Q-D-E-A-K-A-DIV-A		477
12_BF.AR.99.ARMA159	E-E-E-F-K-K-R-K		478
13_cpx.CM.96.1849	C-T-E-E-V-R-F-A-Q-D-K-A-DIVS-T		485
14_BG.DE.01.9196_01	X-IK-E-X-K-N-F-X-QD-E-A-DIV-A		477
14_BG.ES.99.X397	A-X-RK-E-V-A-X-K-S-F-Q-D-E-K-A-DIV-A		477
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	C-K-EM-E-A-S-F-R-E-A-K-A-DIV-A		477
16_A2D.KR.97.97KR004	E-E-R-N-K-FY-E-K-AE-K-A-DIV-K		478
18_cpx.CU.99.CU76	E-E-E-K-F-Q-E-K-I-DIV-V		476
19_cpx.CU.99.CU7	D-E-E-K-F-S-E-A		477
20_BG.CU.03.CB471	C-E-E-LE-A-K-F-M-E-A-K-A		474
21_A2D.KE.91.KNH1254	E-A-E-F-VK-K-E-K-A		476
23_BG.CU.03.CB118	C-EL-E-A-K-F-K-K-A		474
24_BG.CU.03.CB378	C-E-E-A-K-F-Q-E-E-V-T		469
25_cpx.CM.01.101BA	T-A-E-E-K-F-N-D-K-A-DIV-A		477
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	C-IT-E-H-Q-A-T-K-F-N-K-E-K-A-DIV-A		476
28_BF.BR.99.BREPM12609	R-IT-E-V-A-V-E-F-V-I-K-A-V-K		478
29_BF.BR.02.BREPM119	V-A-V-A-F-H-M-K-A-V-K		478
31_BC.BR.02.110PA	R-EV-E-I-K-F-Q-K-R-A-DIV		474
33_01B.MY.05.05MY_KL007_1	IK-EM-I-A-N-F-R-E-A-K-A-DIV-T		478
34_01B.TH.99.OUR2478P	C-M-E-D-F-E-E-A-K-A-DIV-X		478
35_AD.AF.05.05AF095	E-S-I-A-K-F-E-E-V-DIV-L		477
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	A-TK-E-A-K-N-F-Q-N-G-A-K-A-V-D		478
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	C-A-E-A-K-F-Q-D-I-A-R-D-VTK-K-IL-V-L-V-E		476
42_BFLU.03.luBF_05_03	X-X-X-E-X-I-I-A-K-A		482
N.CM.02.DJ00131	KH-E-I-S-LA-ETV-S-K-F-T-K-Q-V-K-R-I-VNF-K-R-L-G		483
N.CM.04.04CM_1015_04	T-X-KH-E-I-DLA-ETV-G-K-F-K-T-K-I-VTF-K-L-E		485
N.CM.04.04CM_1131_03	E-T-KH-E-I-AK-ETV-G-K-F-R-K-T-VTF-G-L-E		485
N.CM.95.YBF30	T-EKH-E-I-LA-EAV-D-D-K-F-K-V-R-K-I-VNF-L-G		485
N.CM.97.YBF106	KH-E-I-A-ETV-G-K-F-K-EV-K-I-VTF-Q-L-G		485
O.BE.87.ANT70	D-RD-ELE-C-PLTE-KR-L-E-YO-F-S-Q-N-V-I-Q-R-E-I-S-V-SR-E-R-Q		474
O.CM.91.MVP5180	D-S-EVE-I-PLAE-KRV-L-E-YO-F-Q-R-KE-I-S-V-SK-E-K-Q		474
O.CM.96.96CMAABB637	N-E-E-E-PLVE-KRV-L-E-Y-F-Q-R-KE-I-S-SK-E-K-O		476
O.CM.98.98CMA104	D-D-ELE-C-PLTE-KRV-L-E-YK-F-Q-D-EV-I-Q-R-E-I-S-V-SK-E-K-R		474
O.CM.99.99CMU4122	X-V-D-D-ELE-C-PLTE-KRV-L-E-YO-F-Q-N-EI-Q-R-E-I-S-IV-SK-E-K-R		474
O.SN.99.SEMP1299	D-D-ELE-C-PLTE-KRV-L-E-YO-F-Q-N-EE-Q-R-KE-I-A-S-IV-SK-E-K-Q		474
O.US.99.99USTWLA	D-N-E-E-X-PX-E-KRV-L-E-YK-F-Q-XI-EV-Q-R-XE-I-S-V-SO-E-K-Q		477
O.FR.92.VAU	D-N-ELE-X-PLAE-KRV-L-K-YK-FY-Q-V-SK-E-H-R-KE-I-S-V-SK-E-K-Q		475
CPZ.CD.90.ANT	A-A-DKY-AVE-M-TA-EM-K-QV-E-Q-K-K-P-D-TK-R-I-V-S-DRVQ-R-E-KQ-QQKIE-Y-Q-GL		478
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	AK-TV-Q-V-H-F-IK-I-R-D-V-P-VST-N-D		477
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	T-N-EL-T-EAV-R-S-T-F-T-Q-T-Q-K-I-A-VT-R-N-D		484
CPZ.CM.05.SIVcpzLBT	R-K-E-N-V-A-K-F-E-E-IK-I-R-V-NS-VTF-R-N-A		481
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	E-I-K-EL-E-V-A-K-F-Q-E-E-I-C-R-K-I-VTF-T-A		481
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	S-TKH-E-T-PX-E-KRV-L-E-YK-F-Q-Q-EV-I-A-G-VA-Q-Q		477
CPZ.GA.88.GAB1	S-EK-T-D-K-V-A-K-F-Q-EV-I-K-I-K-D-V-P-VST-A-D		476
CPZ.TZ.01.TAN1	D-EH-VD-I-NEEE-KL-KK-T-E-Y-EK-M-N-N-T-PEO-H-I-H-TKE-I-V-G-PVEM-R-E-KQ-K-Q-A-KL		474
CPZ.US.85.CPZUS	D-H-VI-NLEK-E-V-L-Y-T-F-E-Q-Q-EI-IK-IK-A-VNF-H-M-E		480

B.FR.83.HXB2
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.OUR7691
01_AE.TH.90.CM240
01_AE.US.00.00US.MSC1164
02_AG.CM.02.CM.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.VII1310
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.96.96CMAABB637
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.SIVcpzLBT
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS

Table with columns for sequence identifiers and amino acid sequences. The sequences are aligned to a reference sequence starting with 'DLIAEIQKGGQGWTYQIQEPEF...'. The table includes various HIV-1/SIVcpz strains and their corresponding amino acid sequences at the p51 RT end and p15 RNase H start regions.

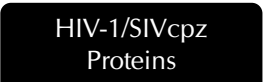
B.FR.83.HXB2
A1.GE.99.99GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.KNH1144
A1.KE.00.KSM4024
A1.KE.00.MSA4069
A1.KE.00.NKU3005
A1.RU.00.RU00051
A1.RU.03.03RU20_06_13
A1.RW.93.93RW_024
A1.SE.95.SE8891
A1.SE.95.UGSE8131
A1.TZ.01.A173
A1.UA.01.01UADN139
A1.UG.92.92UG037
A1.UG.99.99UGA07072
A1.UZ.02.02UZ0659
A2.CD.97.97CDKS10
A2.CD.97.97CDKTB48
A2.CY.94.94CY017_41
B.AR.04.04AR151516
B.AU.87.MBC925
B.BO.99.B010122
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.05.05CSR3
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.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.89.89SMF_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.EL1
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.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.01.C674
G.ES.00.X558
G.ES.99.X138
G.GH.03.03GH175G
G.KE.93.HH8793_12_1
G.NG.01.01NGPL0669
G.PX.P2695
G.SE.93.SE6165
H.BE.93.VI991
H.BE.93.VI997
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

AYFLKLLA.GRW.PVKTIHTDNGSNFTGATVRAACWAGIK.QEFGIPYNPQSQGVVSEMNKELKKIIGQVRDQAEHLKTAQVMVFIHFNKRRGGIGGYSAGERIVDIIATDIQTKELQKQITKIQNFRVYRDSRNPWLKGPALLLWKGEQAVVQIDNSDIKVVPRRKVV.....P.....SSA-K.....D-Q.....E.....I.....I.....I.....D-I.....N.....	979
VV.....P.....SSA-K.....D-Q.....E.....I.....S.....I.....D-I.....N.....	979
I.....V.....S-A-K.....D-Q.....E.....I.....H.....F.....D-V.....	979
I.....V.....S-A-K.....N-Q.....E.....I.....H.....F.....D-V.....	979
I.....V.....S-AFK.....NV.....E.....I.....R.....K.....D-V.....	979
V.....S-A-K.....N-Q.....E.....I.....R.....I.....D-I.....N.....	978
V.....S-A-K.....N-Q.....E.....I.....P.....D.....I.....D-I.....L.....	975
V.....S-AFK.....NVQ.....E.....I.....X.....D-I.....L.....Q.....	973
V.....S-AFK.....SVQ.....Y.....E.....I.....X.....D-I.....N.....	979
V.....P.....SSA-K.....N-Q.....E.....I.....S-L.....K.....D-I.....N.....	980
V.....P.....S-AFK.....NVQ.....E.....I.....R.....H.....M.....F.....D-I.....G.....	979
V.....P.....SSA-K.....N-Q.....E.....I.....H.....I.....F.....D-I.....N.....	979
I.....V.....S-K.....VQ.....E.....I.....H.....HL.....M.....*.....D-I.....E.....	378
V.....P.....S-A-K.....DV.....E.....I.....R.....I.....D-I.....G.....	973
I.....V.....P.....IS-K.....Q.....E.....I.....R.....I.....D-I.....	979
I.....V.....ST-K.....N.....E.....I.....D.....R.....D-I.....	984
I.....P.....SNA-K.....V.....E.....I.....D.....D-I.....	981
I.....V.....SNA-K.....V.....E.....I.....N.....D-I.....	980
I.....V.....S-A-K.....V.....E.....I.....N.....D-I.....	983
I.....V.....S-K.....L.....E.....I.....D.....D-I.....	982
I.....R.....STS-K.....N.....E.....I.....R.....D-I.....	979
I.....V.....ST-K.....V.....E.....I.....R.....D-I.....	979
I.....R.....STA-K.....N.....E.....I.....D.....D-I.....	979
I.....R.....ST-K.....N.....E.....I.....D.....D-I.....	985
I.....V.....SNALK.....A.....E.....I.....N.....L.....F.....D-I.....	979
I.....V.....SS-K.....I.....E.....I.....N.....L.....F.....D-I.....	972
I.....V.....ST-K.....V.....E.....I.....A.....E.....I.....D-I.....	979
I.....P.....STA-K.....A.....E.....I.....E.....I.....D-I.....	979
I.....V.....SNA-K.....V.....E.....I.....Y.....R.....D-I.....X.....TE.....	979
I.....R.....SNS-K.....Y.....E.....I.....M.....R.....D-I.....	979
I.....IV.....SNA-K.....V.....E.....I.....M.....R.....D-I.....	986
V.....T.....STA-K.....E.....I.....M.....R.....D-I.....N-D-F.....	979
I.....R-V.....P.....S-A-K.....E.....I.....M.....R.....D-I.....	979
I.....V.....SNA-K.....Q.....E.....I.....I.....D-I.....L.....	975
I.....V.....S-K.....Q.....E.....I.....R.....I.....D-I.....L.....	983
YI.....I.....S-A-K.....Q.....E.....I.....R.....R.....I.....D-I.....I.....	975
I.....V.....S-A-K.....Q.....E.....I.....S.....R.....I.....D-I.....V.....	975
YI.....V.....SSA-K.....T.....E.....I.....V.....N.....L.....D-I.....	981
YI.....V.....SSA-K.....Q.....E.....I.....V.....N.....L.....D-I.....	975
YI.....V.....S-A-K.....Q.....E.....I.....E.....I.....D-I.....	975
YI.....V.....S-A-K.....Q.....E.....I.....E.....I.....D-I.....NE.....	975
YI.....V.....S-A-K.....Q.....E.....I.....R.....I.....D-I.....	975
I.....V.....S-AAK.....H.....E.....I.....R.....I.....D-I.....	975
YI.....V.....S-A-K.....Q.....E.....I.....L.....R.....I.....D-I.....	976
I.....V.....S-A-K.....Q.....E.....I.....E.....R.....I.....D-I.....	971
YI.....V.....SNA-K.....H.....E.....I.....R.....I.....D-I.....	987
YI.....V.....STA-K.....H.....E.....I.....R.....I.....D-I.....	975
I.....OV.....P.....SN-K.....Q.....E.....I.....X.....I.....D-I.....L.....	975
YI.....V.....S-A.....Q.....E.....I.....X.....I.....D-I.....	973
YI.....V.....STA-K.....Q.....E.....I.....E.....I.....D-I.....	975
YI.....VL.....S-A-K.....Q.....E.....I.....S.....I.....D-I.....LR.....	975
I.....V.....S-A-K.....Q.....E.....I.....RR.....I.....D-I.....K.....	970
Y.....V.....S-A-K.....Q.....E.....I.....R.....H.....N.....D-I.....	978
V.....S-A-K.....Q.....E.....I.....R.....I.....D-I.....E.....	980
V.....S-V-K.....Q.....E.....I.....D.....E.....E.....D-I.....S.....	978
I.....V.....R.....S-K.....Q.....E.....I.....R.....E.....E.....D-I.....H.....	978
I.....V.....S-K.....Q.....E.....I.....R.....K.....I.....D-I.....	980
RV.....G.....SNA-K.....H.....E.....I.....X.....I.....D-I.....E.....	978
V.....V.....S-A-K.....Q.....E.....I.....I.....I.....D-I.....E.....	980
V.....V.....S-A-K.....Q.....E.....I.....L.....I.....D-I.....E.....	978
I.....A.....P.....S-A-K.....S.....Q.....E.....I.....S.....R.....I.....D-I.....E.....	979
I.....I.....P.....S-A-K.....S.....Q.....E.....I.....S.....R.....I.....D-I.....E.....I.....	980
I.....I.....P.....S-A-K.....S.....Q.....E.....I.....S.....R.....I.....D-I.....E.....	979
I.....M.....SNA-K.....D.....Q.....E.....I.....E.....I.....D-I.....E.....	977
I.....I.....SNA-K.....D.....Q.....E.....I.....V.....I.....D-I.....E.....	978
I.....I.....STV-K.....Q.....E.....I.....S.....F.....D-I.....NE.....	979
I.....I.....S-V-K.....Q.....E.....I.....S.....F.....D-I.....NE.....I.....	979
I.....I.....STV-K.....Q.....E.....I.....I.....F.....D-I.....NE.....	979
I.....I.....S-A-K.....S-T.....E.....I.....S.....S.....D-I.....NE.....	976
G.....I.....V.....S-A-K.....N-T.....E.....I.....A.....S.....D-I.....NE.....	978
I.....V.....S-A-K.....N-T.....E.....I.....A.....S.....D-I.....NE.....	978
I.....I.....STA-K.....N-T.....E.....I.....S.....A.....F.....D-I.....NE.....	977
I.....I.....STA-K.....N-T.....E.....I.....S.....A.....F.....D-I.....NE.....	977
I.....I.....STA-K.....N-T.....E.....I.....X.....S.....A.....F.....D-I.....NE.....	977
I.....V.....S-A-K.....R.....D-T.....E.....I.....S.....S.....F.....D-I.....NE.....	979
I.....V.....SSA-K.....S-T.....E.....I.....S.....S.....XQ.....F.....D-I.....NE.....	978
I.....V.....SSA-K.....S-T.....E.....I.....S.....S.....F.....D-I.....NE.....	978
I.....TV.....S-A-K.....N-T.....E.....I.....S.....S.....F.....D-I.....NE.....	978
I.....M.....S-A-K.....D-H.....E.....I.....R.....R.....I.....P.....SQ-K.....D-I.....	977
I.....M.....T.....STA-K.....D-Q.....D.....E.....I.....R.....I.....P.....SN-K.....D-I.....	976
S.....V.....S-A-K.....D-Q.....D.....E.....I.....R.....I.....P.....SN-K.....D-I.....E.....	978
F-I.....RV.....S-A-K.....V.....E.....I.....S.....I.....D-I.....E.....	977
F-I.....V.....SGA-K.....D.....E.....I.....R.....I.....D-I.....P.....E.....	977
F-I.....G.....A.....SGA-K.....D.....E.....I.....R.....I.....D-I.....E.....	977
I.....RV.....S-V-K.....D.....E.....I.....I.....D-I.....X.....E.....	979
I.....V.....T.....STV-K.....V.....E.....I.....I.....D-I.....LN-K.....E.....	979

B.FR.83.HXB2	AYFLKLA.GRW.PVKTIHTDNGSNFTGATVRAACWAGIK.QEFGIPYNPQSQGVVSMNKLKKIIGQVRDQAEHLKTAVMQVFIHFNKRGKGGIGYSAGERIVDIIATDIQTKELQKQITKIQNFRVYVYDRNPLWKGPALKLWKGEGAVVIQDNSDIKVVPRRK	979
01_AE.CF.90.90CF11697*..V.....S-AMK.....NVQ.....V.....E.....I.....E.....X.....D.....I.....	976
01_AE.CN.05.FJ051A.....V.....S-A-K.....DVR.....I.....P.....L.....D.....I.....	979
01_AE.CN.06.FJ054A.....V.....S-A-K.....NVR.....I.....E.....E.....E.....D.....I.....	981
01_AE.HK.x.HK001V.....V.....S-A-K.....NVR.....I.....E.....E.....E.....D.....I.....	976
01_AE.JP93.93JP.NH1V.....V.....S-A-K.....NVR.....I.....E.....E.....E.....D.....I.....	977
01_AE.TH.01.01TH.R2184V.....V.....S-A-K.....NVR.....I.....E.....E.....E.....D.....I.....	980
01_AE.TH.02.OUR7691V.....V.....S-A-K.....NV.....I.....E.....E.....E.....D.....I.....	979
01_AE.TH.90.CM240V.....V.....S-A-K.....NVQ.....I.....E.....E.....E.....D.....I.....	984
01_AE.US.00.00US_MSC1164V.....V.....S-A-K.....NV.....I.....E.....E.....E.....D.....I.....	979
02_AG.CM.02.02CM.4082STN	..-I.....QV.....IS-A-K.....DVR.....I.....S.....S.....I.....D.....I.....	982
02_AG.EC.x.EC141	..-I.....V.....S-A-K.....NVT.....I.....S.....S.....I.....D.....I.....	979
02_AG.FR.91.DJ264	..-I.....V.....S-A-K.....NVT.....I.....S.....S.....I.....D.....I.....	979
02_AG.GH.03.GHNJ196	..-I.....RV.....S-A-K.....DV.....I.....S.....S.....I.....D.....I.....	980
02_AG.NG.01.PL0710	..-I.....RV.....S-A-K.....N-T.....I.....S.....S.....I.....D.....I.....	979
02_AG.NG.x.IBNG	..-I.....V.....S-A-K.....NVT.....I.....S.....S.....I.....D.....I.....	979
02_AG.SE.94.SE7812	..-I.....V.....S-A-K.....NVT.....I.....S.....S.....I.....D.....I.....	979
02_AG.SN.98.MP1211	..-I.....GKMAS..VV.....S-A-K.....KVX..L..X.....R.....I.....S.....N..K.....D.....I.....	980
02_AG.UZ.02.02UZ710	..-I.....G.....V.....STA-K.....NVT.....I.....S.....S.....I.....D.....I.....	979
03_AB.RU.97.KAL153_2	..-V.....I.....STA-K.....Q..QT.....I.....S.....S.....I.....D.....I.....	979
04_cpx.CY.94.CY032	..-I.....M..A..P..S-A-K.....D..N.....I.....S.....S.....I.....E.....I.....	978
05_DF.BE.x.VII310	..-I.....M.....P..SGA-K.....Q.....I.....T.....I.....D..V.....E.....E.....	979
06_cpx.AU.96.BFP90	..-I.....V.....P..S-A-K.....N..T.....E.....I.....S.....I.....D.....I.....	981
06_cpx.RU.05.04RU001	..-I.....V.....S-A-K.....NVT.....I.....S.....S.....I.....E.....E.....	979
07_BC.CN.97.CN54	..-I.....V.....STA-K.....Q.....S.....A.....L.....L.....I.....D..S.....I.....	978
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	..-I.....V.....S-A-K.....Q.....L.....R.....I.....D..I.....	975
09_cpx.GH.96.96GH29PI	..-I.....V.....S-A-K.....NVT.....I.....S.....R.....I.....D..I.....	978
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	..-I.....VV.....S-A-K.....Q.....I.....I.....I.....G..I.....E.....	978
11_cpx.GR.x.GR17	..-I.....V.....SNA-K.....Q.....G..E.....E.....G.....I.....L.....K.....D..I.....	978
12_BF.AR.99.ARMA159	..-I.....I.....P..IS-M-K.....Q.....S.....I.....S.....R.....I.....D..V.....D..E.....	979
13_cpx.CM.96.1849	..-I.....V.....S-A-K.....N..T.....E.....I.....L.....I.....D..I.....	986
14_BG.DE.01.9196_01	..-I.....I.....ISN..K.....X.....T.....I.....S.....N.....F.....D..I.....	978
14_BG.ES.99.X397	..-I.....I.....S-A-K.....N..T.....I.....S.....N.....F.....D..I.....	978
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	..-I.....V.....S-AMK.....NVR.....WD.....I.....I..E.....P.....S.....I..L.....P.....N.....S.....D..I.....	977
16_A2D.KR.97.97KR004	..-I.....V.....P..IS-P-K.....VQ.....I.....I.....S.....R.....D.....I.....	979
18_cpx.CU.99.CU76	..-L.....V.....P..S-A-K.....N..T.....I.....I.....SE.....F.....D..I.....	977
19_cpx.CU.99.CU7	..-I.....A.....V.....P..S-A-K.....NVQ.....I.....S.....S.....D..I.....	978
20_BG.CU.03.CB471	..-I.....V.....P..S-A-K.....S..T.....I.....SS.....D..I.....	975
21_A2D.KE.91.KNH1254	..-WI.....V.....P..ISTP..K.....D.....I.....R.....D..I.....	977
23_BG.CU.03.CB118	..-I.....V.....X..P..IS-A-K.....D..T.....I.....I.....D..I.....	975
24_BG.CU.03.CB378	..-I.....V.....P..IS-A-K.....D..T.....I.....S.....F.....D..I.....	970
25_cpx.CM.01.101BA	..-I.....V.....P..IS-A-K.....E.....I.....I.....I.....D..I.....	978
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	..-I.....V.....R..STA-K.....NVT.....I.....S.....I.....D..I.....	977
28_BF.BR.99.BREPM12609	..-I.....V.....P..SNA-K.....E.....I.....I.....S.....R.....D..V.....	979
29_BF.BR.02.BREPM119	G..-I.....R.....P..ISTA-K.....E.....I.....I.....S.....R.....N..D..I.....	979
31_BC.BR.02.110PA	..-I.....RV.....SN..K.....Q.....I.....I.....I.....D..I.....	975
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	..-I.....V.....S-A-K.....NVQ.....I.....L.....D..I.....	979
34_01B.TH.99.OUR2478P	..-I.....V.....S-A-K.....NVR.....I.....I.....D..I.....	979
35_AD.AF.05.05AF095	..-I.....VV.....S-AFK.....E.....I.....D.....	978
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	..-I.....V.....S-A-K.....D..Q.....I.....S.....D..I.....	979
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	..-I.....RV.....S-A-K.....NV.....I.....S.....D..I.....	978
42_BFLU.03.luBF_05_03	..-I.....I.....X..XSTV..K.....E.....I.....I.....D..V.....	983
N.CM.02.DJO0131	..-I.....V.....P..S..K.....N..T.....E.....I.....E..T.....I.....TK..T..L.....D..I.....	984
N.CM.04.04CM_1015_04	..-I.....V.....P..S..K.....S.....A.....I.....I.....TK..T..L..V.....D..I.....	986
N.CM.04.04CM_1131_03	..-I.....V.....P..S..K.....S.....A.....I.....I.....TK..T..L..V.....D..I.....	986
N.CM.95.YBF30	..-I.....V.....S..K.....N.....A.....I.....I.....TK..T..L..V.....D..I.....	986
N.CM.97.YBF106	..-I.....V.....P..IS..K.....A.....I.....I.....TK..T..L..V.....X.....D..I.....	986
O.BE.87.ANT70A.....V.....P..ST-MK.....N..Q..H.....A.....S..Q.....R.....V.....I.....L..S0.....T.....L..XHK.....D..I.....	975
O.CM.91.MVP5180A.....V.....P..S-AMK.....N..Q..H.....A.....S..Q.....R.....V.....I.....L..S0.....T.....L..XHK.....D..I.....	975
O.CM.96.96CMABB637A.....V.....IRVL.....P..S-MK.....N..R..H.....A.....S..Q.....R.....V.....CT..L..ML..S0.....T.....H..L..K..Q.....D..I.....	977
O.CM.98.98CMA104A.....V.....P..S-MK.....N..X..H.....A.....S..E.....R.....V.....I.....L..S0.....T.....L.....D..I.....	975
O.CM.99.99CMU4122A.....V.....P..S-MK.....TN..H.....A.....S..Q.....R.....V.....Y.....I.....L..S0.....T.....F..K..Q.....D..I.....	975
O.SN.99.SEMP1299A.....V.....P..S-AMK.....N..H.....A.....S..Q.....R.....V.....Y.....I.....L..S0.....T.....F..K..Q.....D..I.....	975
O.US.99.99USTWLAA.....T.....RP..S-MK.....N..H..X.....X..A.....S..Q.....R.....V.....Y.....I.....L..S0.....T.....F..K..Q.....D..I.....	978
O.FR.92.VAUA.....I..IL.....P..S-AMK.....N..Q..H.....A.....ES..MQ.....V.....V.....I.....L..S0.....T.....L.....D..I.....	976
CPZ.CD.90.ANTS.....A.....S-A-K.....N..Q.....Q..Q.....I.....Q.....V..H.....TP..Q..L..L.....TQ..N..L..Q..H.....D..V.....Q.....K..QEE.....	979
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	..-I.....S.....VL.....T..SNA-K.....N..K.....E.....S.....I.....L..K.....D..I.....T.....QEE.....	978
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	..-I.....I.....V.....T..S-K.....N..Q.....A.....I.....I.....TK..T..L..V.....E..T.....G.....	985
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	..-I.....S.....I.....STA-K.....Q..Q.....I.....I.....I.....S..V..K.....R..D..I.....L..QEE.....	982
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	..-I.....V.....V.....SS-K.....Q.....I.....I.....I.....TK..Q..SN..K.....D..I.....L..QEE.....	982
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	..-I.....V.....P..SNA-K.....D.....E.....I.....I.....S.....L..Q.....KD..I.....QEE.....	978
CPZ.GA.88.GAB1	..-I.....V.....P..S-A-K.....D.....L.....Q..Q..E.....Q..R.....I..Y.....E..T.....LL..LT..N.....Q.....L..V.....A..D..I.....R.....QEE.....	977
CPZ.TZ.01.TAN1	..-I.....I.....K.....P..STA-K.....Q..Q..H.....Q..Q..E.....Q..R.....I..Y.....E..T.....LL..LT..N.....Q.....L..V.....A..D..I.....R.....QEE.....	975
CPZ.US.85.CPZUS	..-I.....I.....V.....SS.....Q.....I.....I.....SEL..DL.....L..V.....D..I.....KE..EEV.....	981

	p31 Integrase end Pol end ¹	
B.FR.83.HXB2	AKIIRDYGKQMGDDCVASRODED*	1003
A1.GE.99.99GEMZ011	-----G-----	1004
A1.KE.00.KER2008	-----G-----	1004
A1.KE.00.KNH1144	-----G-----	1004
A1.KE.00.KSM4024	-----G-----	1004
A1.KE.00.MSA4069	---E-----G-----	1004
A1.KE.00.NKU3005	---L-----G-----	1004
A1.RU.00.RU00051	-----G-----	1004
A1.RU.03.03RU20_06_13	-----G-----	1004
A1.RW.93.93RW_024	V-----G-----	1003
A1.SE.95.SE889T	-----G-----	1004
A1.SE.95.UGSE8131	-----G-----	1000
A1.TZ.01.A173	-----G-----	998
A1.UA.01.01UADN139	-----G-----	1004
A1.UG.92.92UG037	V---K-----G-----	1004
A1.UG.99.99UGA07072	-----G-----	1005
A1.UZ.02.02UZ0659	-----G-----E-----	1004
A2.CD.97.97CDKS10	-----G-----	403
A2.CD.97.97CDKTB48	-----G-----	998
A2.CY.94.94CY017_41	-----G-----	1004
B.AR.04.04AR151516	-----G-----	1009
B.AU.87.MBC925	-----G-----	1006
B.BO.99.BOL0122	-----G-----	1005
B.BR.03.BREP2012	V---K-----G-----	1008
B.CA.97.CANB3FULL	-----G-----	1007
B.CN.05.05CNHB_hp3	-----G-----	1004
B.CO.01.PCM001	-----G-----	1004
B.GB.83.CAM1	-----G-----	1004
B.GB.86.GB8	-----G-----	1010
B.GE.03.03GEMZ010	-----G-----	1004
B.IT.05.SG1	-----G-----	997
B.JP.05.DR6538	V-----G-----	1004
B.KR.05.05CSR3	---F-----G-----	1004
B.NL.00.671_00T36	-----G-----	1004
B.RU.04.04RU128005	-----G-----	1014
B.TH.00.00TH_C3198	-----G-----	1004
B.UA.01.01UAKV167	-----G-----	1011
B.US.04.ES10_53	-----G-----	1004
B.US.99.PRB959_03	-----G-----	1004
C.AR.01.ARG4006	V---K-----A-----	1000
C.BR.04.04BR013	V---K-----A-----N---Q	1008
C.BW.00.00BW07621	---K-----A-----G-----	1000
C.CN.98.YNRL9840	---K-----A-----E-----G-----	1000
C.ET.02.02ET_288	---A-----A-----G-----N-----	1000
C.GE.03.03GEMZ033	V-----A-----G-----	1006
C.IL.99.99ET7	---K-----A-----G-----	1000
C.IN.99.01INS565_10	---K-----A-----G-----	1000
C.KE.00.KER2010	---K-----A-----G-----	1000
C.MM.99.mIDU101_3	---K-----A-----G-----	1000
C.MW.93.93MW_965	V---K-----A-----G-----	1000
C.SN.90.90SE_364	V-----A-----G-----	1001
C.SO.89.89SM_145	V-----A-----G-----	996
C.TZ.02.CO178	V---K-----A-----G-----	1012
C.UY.01.TRA3011	V---K-----A-----M-----N-----N-----	1000
C.YE.02.02YE511	V---K-----A-----G-----	1000
C.ZA.04.04ZASK164B1	---K-----A-----G-----Q-----	998
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	---K-----A-----G-----Q-----	1000
C.ZM.02.02ZM108	V-----A-----G-----Q-----	1000
D.CD.83.ELI	V-----G-----	995
D.CM.01.01CM_0009BBY	-----G-----	1003
D.KE.01.NKU3006	-----G-----Q-----	1005
D.KR.04.04KBH8	-----G-----	1003
D.TD.99.MN011	-----G-----	1003
D.TZ.01.A280	-----V-----G-----	1005
D.UG.99.99UGK09259	-----G-----	1005
D.YE.01.01YE386	-----G-----	1003
D.YE.02.02YE516	V-----G-----	1005
D.ZA.90.R1	V-----G-----	1003
FI.AR.02.ARE933	-----M-----G-----	1004
FI.BE.93.V1850	-----V-----G-----	1005
FI.BR.01.01BR125	-----G-----	1004
FI.ES.x.P1146	-----G-----N-----	1002
FI.FI.93.FIN9363	-----G-----	1003
F2.CM.02.02CM_0016BBY	V-----G-----	1004
F2.CM.95.MP257	-----G-----	1004
F2.CM.97.CM53657	-----G-----	1004
G.BE.96.DRCBL	-----G-----	1001
G.CM.01.01CM_4049HAN	---K-----G-----G-----	1003
G.CU.x.Cu74	-----A-----G-----	1000
G.ES.00.X558	-----G-----	1002
G.ES.99.X138	-----G-----	1002
G.GH.03.03GH175G	---K-----G-----	1004
G.KE.93.HH8793_12_1	-----G-----	1004
G.NG.01.01NGPLD669	-----G-----	1003
G.PL.x.PT695	-----G-----	1003
G.SE.93.SE6165	-----G-----	1001
H.BE.93.V1991	-----G-----	1002
H.BE.93.V1997	-----G-----	1001
H.CF.90.056	-----G-----	1003
J.CD.97.J_97DC_KTB147	-----G-----	1002
J.SE.93.SE7887	-----G-----	1002
J.SE.94.SE7022	-----G-----	1002
K.CD.97.EQTB11C	-----G-----	1004
K.CM.96.MP535	-----G-----	1004

	p31 Integrase end Pol end ¹	
B.FR.83.HXB2	AKIIRDYGKQMAGDDCVASRODED*	
01_AE.CF.90.90CF11697	-----G-----N-	1003
01_AE.CN.05.FI051	-----G-----	1001
01_AE.CN.06.FI054	-----G-----	1004
01_AE.HK.x.HK001	-----G-----	1006
01_AE.JP93.93JP_NH1	-----G-----	1001
01_AE.TH.01.01TH_R2184	-----G-----	1002
01_AE.TH.02.OUR7691	-----G-----	1005
01_AE.TH.90.CM240	-----G-----	1004
01_AE.US.00.00US_MSC1164	-----G-----	1009
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	-----G-----	1004
02_AG.EC.x.EC041	V-----G-----N-	1007
02_AG.FR.91.DI264	V--K-----G-----	1004
02_AG.GH.03.GHNJ196	--K-----G-----	1004
02_AG.NG.01.PL0710	-----G-----	1005
02_AG.NG.x.IBNG	-----G-----	1004
02_AG.SE.94.SE7812	V--V-----G-----	1004
02_AG.SN.98.MP1211	T--L-----GG-N--	1004
02_AG.UZ.02.02UZ710	--K-----G--N-	1005
03_AB.RU.97.KAL153_2	-----G-----	1004
04_cpx.CY.94.CY032	-----N---G-----	1004
05_DF.BE.x.VII310	-----G-----	1003
06_cpx.AU.96.BFP90	-----G-----	1004
06_cpx.RU.05.04RU001	-----G-----	1006
07_BC.CN.97.CN54	--K-----A---G-----	1004
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	--K-----A---G-----	1003
09_cpx.GH.96.96GH29Π	--H-----G-----	1000
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	V--K-----A-----Q	1003
11_cpx.GR.x.GR17	-----GS-----	1003
12_BF.AR.99.ARMA159	-----G-----	1003
13_cpx.CM.96.1849	-----G-----	1004
14_BG.DE.01.9196_01	-----G-----	1011
14_BG.ES.99.X397	-----G-----	1003
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	-----G-----	1003
16_A2D.KR.97.97KR004	-----G-----	1002
18_cpx.CU.99.CU76	-----G-----	1004
19_cpx.CU.99.CU7	-----G-----	1002
20_BG.CU.03.CB471	-----G-----	1003
21_A2D.KE.91.KNH1254	--K-----G-----N-	1000
23_BG.CU.03.CB118	-----G-----	1000
24_BG.CU.03.CB378	-----G--N-	995
25_cpx.CM.01.101BA	-----M-G-----	1003
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	--K-----G-----	1003
28_BF.BR.99.BREPM12609	-----G-----	1002
29_BF.BR.02.BREPM119	-----G-----	1004
31_BC.BR.02.110PA	V--K-----A--M-----	1004
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	-----G-----	1000
34_01B.TH.99.OUR2478P	-----G-----	1004
35_AD.AF.05.05AF095	-----G-----	1004
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	--N-----G-----	1003
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	-----M-G-----	1004
42_BFLU.03.luBF_05_03	-----G-----	1003
N.CM.02.DJO0131	-----G--G-A-NO	1008
N.CM.04.04CM_1015_04	-----G--G--NO	1009
N.CM.04.04CM_1131_03	-----G--G--NO	1011
N.CM.95.YBF30	-----G--G--NO	1011
N.CM.97.YBF106	-----G--GX-NO	1011
O.BE.87.ANT70	----E-----T-SM--G-T-SF	1000
O.CM.91.MVP5180	----L-----T-SM-N--T-SEE	1000
O.CM.96.96CMA104	--L-----A-SM-G-TXSEE	1000
O.CM.98.98CMA104	--H-----A-SM-G-T-SEE	1002
O.CM.99.99CMU4122	--N-----T-SM-G-X-SEE	1000
O.SN.99.SEMP1299	--H-----T-SM-G-T-SEE	1000
O.US.99.99USTWLA	----T-----M-G-T-SF	1000
O.FR.92.VAU	----A-----S--G-T-GE	1003
CPZ.CD.90.ANT	----KE-R-KIEDR-DL-G-N--	1001
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-----G-----	1004
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-----G--G--SQ	1003
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-----E-AN-L-D-----N-	1010
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-----A-S-----NQ	1007
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	-----A-S-----S	1007
CPZ.GA.88.GAB1	-----T-----M-G-N-	1003
CPZ.TZ.01.TAN1	----KE-----AGGMDD--N-T-	1002
CPZ.US.85.CPZUS	----K-----A-SM-G--S-	1000



B.FR.83.HXB2
01_AE.CF.90.90CF11697
01_AE.CN.05.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.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.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.BREPM12609
29_BF.BR.02.BREPM119
31_BC.BR.02.110PA
33_01B.MY.05.05MY.KL007_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.96.96CMAABB637
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.SIVcpz.CAM13
CPZ.CM.05.SIVcpz.EK505
CPZ.CM.05.SIVcpz.LB7
CPZ.CM.05.SIVcpz.MB66
CPZ.CM.05.SIVcpz.MT145
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS

Vif start

MENRWQVMIVQVDRMIRITWKSLVKHHMYSVGKARGWVFRHYHESPHPRISSEVHIPLGD...ARLVITTYWGLHTGERDWHLGGQVSIIEWRKRKRYSTQVDPPELADQLIHYFFDFCSDSAIRKALLGHIVSPRCEYQAGHN.KVGSLOYLALALITPK...KIKPP
Y I K KN Q KV I
N I K K S Q KV Y E GK R O K H KORQ N I D QO R I QV RS D PS K T
N K K Y O KV R O K O H ORN I D V R O A R I QV RK PS K T G GSR
N I I K KR O KV F E I E I K I R O K O H ORK I E D O R I QV RR PS KV T R R
N K K QN KV K R O K H ORE I D R H I QVDRRK PS S Q K T R R
N I K K S Q KV K R O O H ORN I D K IO S I QV RS PS K T R R
N I K K QN KV I R O O K H ORN I D K O G I QV RR PS K T R R
N Y R K F CK KA V R N H F KO K I D H H F I QV K Q K V R
N Y K K R V R N H KOR I D H H F I V R K K V R
N I R KN F R KV IVR R A Y H KORQ I D H T I QV S Q K V V
T K N K KD F R KA E VR N A H OR I D H E I QV R S S K V A T RR
N I K Q X R V VR N A H O I D H IV EL R K E
N K K F R KVC VR H KO I D N I E R N V A T
N Y K R KD S V VR H KOR I D H I O R K V T RT
N I K HR R KV T IVR QP H V QO I D H E I QV R K K V T RR
N I KR V R KV VR QK H QO D H ET I E R D K VP T RKR
N I I K V K RN K K A E N E N I R S R R R
A K N K K R R KV E VR QP Q H LR D D MH E I R S T
N Y H K NR C F RN K V R S V E N I R F T
N Y HI K KR N D N K S E N K LR R I SM IH E R D T K E R
N Y HI K KN D R K C E N E LR K I S MH E I I R K K R
L K N RR N D R KV K K O R H LR T IE G A D I I D N T K
L K N RR N D R KV E K O R H A LRS N IE G M A I V I D N T K R
N Y HT K KR D N K A E V K K L R S IH E II DR T N R
L N R N S R K E S I K E H L I G MH AE I QV T N K Q T
A N K L R V EE DM V E R R R MH AE I R P R K V RT
N Y H K KR F R V EK E QP OG R I G R I E I KI N T A
N Y H K GR D N K K V K L R G G TH I R D T H
N R K F G KV K VR K H A QRS H D ET N I R S R T T
N I K I F G KV K VR K H OR S I D H EL V T A
N K K Q KV Q EE K Q K H ORG I R Q E R I QV RYS D PS K T R R
N K D C IN V G K IIVK P K OE I D GH H I K R K VGET RT
N I K KN R KV T V V KE H LR R D GH H E N I R
N I K NK V RN KV K VK K H OR I D H QV R K V T RSR
K N I K K G F RN V N K IVK K Q H KORE I D QH K I EQIR S K V I T
V N I R KD V Q R V EE K IVR S K H O G I D H E I RL K S K V A RT
H XK I K K C K TN E K I K G Q E S I R S K V T
N I I K KD C K F RN KV E K IVR K H KORE I D QH K EK R S H S K V T
NK Y H K K K N E AV E K H LR R G R MH T I R S K K V A
N Y I K R D N V V E LR R G R TH E I YR K R
N I R K K V K T V K VI E D G R TH E N I R R D T T TK
N Y IHI K K L NR K EE K I Q OG G SH N E N I R RS T T L R
L X N X RR S X R KX K Q O H LRS D MH A I R R D X T K
V N K I K L Q KV I KIA R O K H O R K I D N R I QV RY PS KV T Q R R
N I K K Q KV E R O K Q H ORN I D R Q E R I QV RR PS K T R R
N I K T K V K R KV K IIVR K H L I DV H N VI QV S Q K V T
N HI KT KD R KV KORQ I D H I O D P K V T R
N HI K K RD V E X VR QP H LRK R I D H T I R R P S K VP T RKR
N K K Y T K X K X V T QP OGK M K C N X E NTI R Q T X
V R K H R E Y TN K V L T S H KLGK K M K N TA Q V RP F P O T H I WVG
V I N H K K Y R KT V Q T V T OP H LRK K M K T Q V RQ F P O DT T WGI
V K I N H K K Y TR K V O V T OP H LRK K M K TA Q I RQ F P O T T WGI
V K K N K Y TH K V Q TV T OS H LRK K M K H TA Q V RP L P K O T T WGA
V X K N K K Y TK KT X V X X V T QP OGK M K C N X E NTA Q V RP L X P X Q T XT XVG
L I QKVK N Y K R R TEN W RN V S Y V V HV V MP E H Y K K I T RM H T TA V I QV LTK PT S O T L R VVKAR SR
O C M 91 M V P 5 1 8 0 Q K M K A N R RN KV A Y VAE DI V MP EE H OY E K I T RM H T TE I QV LTK L S O T F K VVKY RR
L QXVK N X Y K X K QK Y TRN G Y V T NI V MP E H OY K I T RI H T TG R I QV LT P S O T L R VVKD RS
L QKVK N Y K R R KD Y X RN V G Y V Q CI V MP EDO H OY K R I T RM T TE T QV LTK D PE S T L R RVVKT RN
L XOKVK N Y KHR TKE H K F FRN A G Y V M CV V MP E H OY N T I T RI QH T TE II QV LTK S S O T L R RVVKE RN
L QVK N Y K R T D Y F RN V G Y V G PM V MP E H Y K K I T RM I A TE I QV LTK P S O T L R RVVKE RN
L QKVK N Y K R K KD Y TRN G Y V G MI V MP E H EY K I T RM H T T QV LTK FHK S O T L R RVVGE TSR
L QKVK N Y K R R TD Y K IN V R Y V P CIMV MP EEO H QCRK I T K H T TE R T QV LTK Q PE S O T L R VVKA RNR
I K KIEMI NI IWETKVKP K ND KKG E PTLDPK V VF QC P H CGK I T M Q Q V Q I ERILTY H KK S O T F FCKILEFRGY PKGPRQ
K KA N Y KTK KD H N V FK N SK I A T A H Q MGS V YV K SQ A R I E A RE R O T F K VKE RLR
V V N K TDN K I E K V MP P H QGR I K TA Q V RP I K P K O T I WVGQ RR
K L I KA N Y I R EN K I E K V TP H KO K I I HM N AE I QV FP K T I LQRO PTR
K N Y R N NN K T A H A QRS R I D RM H AE I QV ST KS PRR
QVK N Y R K K DN NA QIY TNO K I V MP E H A ERK I T R TAT N I QV LTK FHK S O T F W KO VKT NR
Q K N Y I R K DH N KVA I FR Y SK IV A SP A H Q LGS V FT R SO AET R I QV L A KE R O F SER RHR
CPZ.TZ.01.TAN1 L T IFTTKCKD K TDT KRAG I TER SK VLH AC P H IGL QGK I T TR T AAG V Q I ERILTY HF S R O T F FRKVVESQKQKPPRR
L MI VKA N Y R K K TN VN IDK KI I K QA H OGT K I M K TA V RP I K PT F K VGS RR

Vpr start	amphipathic α -helix oligomerization		Vpr end in HXB2 frameshift in HXB2 H(S/N)RIG motifs		Vpr end					
B.FR.83.HXB2	MEQAPEDQGP	QREPHNEWTLLELLEELKNEAVRHFRPIW	LHGLGQHIYETGDTWAGVEAIRILQQLLFIHXFRIGCRHSRIGVTR	...QRRAR	NGASRS*					
A1.GE.99.99GEMZ011	---	M---D-H	P---N	E---T	V---Q	IEQ...R-G...S				
A1.KE.00.KER2008	---	Y---M	GP---	Y---H	E---ML	V---T	IIP...R-C...D-SG			
A1.KE.00.KNH1144	---	Y---M	D---H	P---	D---	E---T	V---Q	II...G-G...SG		
A1.KE.00.KSM4024	---	Y---M	D---H	P---	D---	E---L	T---Q	IIPGRR...G-V...SG		
A1.KE.00.MSA4069	---	Y---M	D---H	P---	D---	E---L	T---Q	IIPGRR...G-V...SG		
A1.KE.00.NKU3005	---	Y---M	D---H	P---	D---	E---L	T---Q	II...G-V...D-SG		
A1.RU.00.RU00051	---	Y---M	D---H	P---	D---	E---L	T---Q	IN...R-V...S		
A1.RU.03.03RU_20_06_13	---	Y---M	DI-H	XP---	X---N	E---T	LV---X	IQG...R-V...S		
A1.RW.93.93RW_024	---	Y---M	D---H	P---	D---	E---L	T---Q	IIP...G-G...SG		
A1.SE.95.SE8891	---	Y---A	V-H	P---	N---E	E---T	V---Q	II...R-V...D-S		
A1.SE.95.UGSE8131	---	Y---M	D---H	P---	D---	E---L	T---Q	II...G...D-S		
A1.TZ.01.A173	---	Y---M	D---H	P---	D---	E---L	T---Q	II...G...G-V...S		
A1.UA.01.01UADN139	V---	Y---M	D---H	P---	D---	E---L	T---Q	IVQ...R-G...S		
A1.UG.92.92UG037	---	Y---M	D---H	P---	D---	E---L	T---Q	INTR...G-V...D-SG		
A1.UG.99.99UGA07072	---	Y---M	D---H	P---	D---	E---L	T---Q	IVQ...R-V...D-S		
A1.UZ.02.02UZ0659	---	Y---M	DI-H	P---	D---	E---L	T---Q	IVQ...R-V...SG		
A2.CD.97.97CDKS10	P---	V---Q	Q---	L---S	E---T	V---V	Q---	ISK...KKSKD		
A2.CD.97.97CDKTB48	P---	V---Q	Q---	L---S	E---T	V---V	Q---	IIP...R-V...D-S		
A2.CY.94.94CY017_41	P---	Y---M	D---H	P---	D---	E---L	T---Q	II...R-V...D-S		
B.AR.04.04AR151516	N---	Y---M	S---X	X---Q	S---Y	Y---N	E---V	Y---V	Q---	II...R-V...D-S
B.AU.87.MBC925	---	Y---M	S---X	X---Q	S---Y	Y---N	E---V	Y---V	Q---	II...R-V...D-S
B.BO.99.BOI0122	---	Y---M	S---X	X---Q	S---Y	Y---N	E---V	Y---V	Q---	II...R-V...D-S
B.BR.03.BREP2012	Q---	F---Y	S---T	Q---	N---L	S---L	L---	Q---	II...K...	
B.CA.97.CANB3FULL	---	Y---M	S---T	Q---	N---L	S---L	L---	Q---	II...K...	
B.CN.05.05CNHB_hp3	---	Y---M	S---T	Q---	N---L	S---L	L---	Q---	II...K...	
B.CO.01.PCM001	---	Y---M	S---T	Q---	N---L	S---L	L---	Q---	II...K...	
B.GB.83.CAM1	T---	Q---Y	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
B.GB.86.GB8	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
B.GE.03.03GEMZ010	T---	S---A	S---	P---	N---Y	R---T	T---	M---	H---M...H...S	
B.IT.05.SG1	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
B.JP.05.DR6538	T---	Y---S	R---	P---	S---Y	R---T	T---	M---	H---M...H...S	
B.KR.05.05CSR3	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
B.NL.00.671_00T36	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
B.RU.04.04RU128005	N---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
B.TH.00.00TH_C3198	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
B.UA.01.01UAKV167	P---	Y---A	A---S	P---	S---Y	R---T	T---	M---	H---M...H...S	
B.US.04.ES10_53	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
B.US.99.PR959_03	R---	N---Y	S---	P---	S---Y	R---T	T---	M---	H---M...H...S	
C.AR.01.ARG4006	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.BR.04.04BR013	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.BW.00.00BW07621	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.CN.98.YNRL9840	P---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.ET.02.02ET_288	---	YS---	D---Q	P---	S---Y	R---T	T---	M---	H---M...H...S	
C.GE.03.03GEMZ033	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.IL.99.99ET7	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.IN.99.01NS565_10	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.KE.00.KER2010	P---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.MM.99.mIDU101_3	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.MW.93.93MW_965	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.SN.90.90SE_364	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.SO.89.89SM145	S---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.TZ.02.C0178	P---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.UY.01.TRA3011	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.YE.02.02YE511	H---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.ZA.04.04ZASK164B1	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
C.ZM.02.02ZM108	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
D.CD.83.ELI	A---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
D.CM.01.01CM_0009BBY	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
D.KE.01.NKU3006	---	YDA---	S---	M---	S---D	T---	L---	V---	L---	II...TG...S
D.KR.04.04KBH8	G---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
D.TD.99.MN011	A---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
D.TZ.01.A280	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
D.UG.99.99UGK09259	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
D.YE.01.01YE386	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
D.YE.02.02YE516	A---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
D.ZA.90.R1	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
F1.AR.02.ARE933	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
F1.BE.93.VI850	G---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
F1.BR.01.01BR125	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
F1.ES.x.P1146	R---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
F1.FL93.FIN9363	G---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
F2.CM.02.02CM_0016BBY	P---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
F2.CM.95.MP257	P---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
F2.CM.97.CM53657	P---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
G.BE.96.DRCBL	R---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
G.CM.01.01CM_4049HAN	V---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
G.CU.x.Cu74	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
G.ES.00.X558	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
G.ES.99.X138	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
G.GH.03.03GH175G	N---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
G.KE.93.HH8793_12_1	V---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
G.NG.01.01NGPLD069	N---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
G.PT.x.PT695	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
G.SE.93.SE6165	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
H.BE.93.VI991	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
H.BE.93.VI997	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
H.CF.90.056	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
J.CD.97.J_97DC_KTB147	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
J.SE.93.SE7887	H---	YH---	R---	P---	S---Y	S---	E---	V---	H---	II...G...S
J.SE.94.SE7022	---	YH---	R---	P---	S---Y	S---	E---	V---	H---	II...G...S
K.CD.97.EQTB11C	---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	
K.CM.96.MP555	N---	Y---M	S---S	LA---	Y---P	VL---	T---	L---	II...G...S	

Vpr start	amphipathic α -helix oligomerization	Vpr end in HXB2 frameshift in HXB2 H(S/N)RIG motifs	Vpr end
B.FR.83.HXB2		MEQAPEDGQPREPHNEWTLELLEELKNEAVRHFPIW. LHGLGQHIIYETGDWAGVEAIIRLQQLLFHIXFRIGCRHSRIGVTR. . . . QRRAR. NGASRS*	
01_AE.CF.90.90CF11697	Y A A D I P P	T V N E T V 0 II G G G	97
01_AE.CN.05.FJ051	Y A A D I P P	T V N E T V 0 ILP G G G G	97
01_AE.CN.06.FJ054	V S P P	V NN E T V 0 ILP G G G G	97
01_AE.HK.x.HK001	R Y X XP P	S Y D E T V 0 ILP G G G G	97
01_AE.JP.93.93JP_NH1	R V Y P P	Y NN E T V 0 ILP G G G G	97
01_AE.TH.01.01TH_R2184	R Y T K P P	Y NN E T V 0 IMP G G G G	97
01_AE.TH.02.OUR7691	Y P P	Y NN E T V 0 ILP G G G G	97
01_AE.TH.90.CM240	E Y D P P	Y NN E T V 0 IMP G G G TG	96
01_AE.US.00.00US_MSC1164	Y P P	Y NN E T V 0 LVI F G G G	97
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	R S P P	D E T V H V 0 II G G G G	97
02_AG.EC.x.EC041	R S H P P	Y N E T V H V 0 II G G G G	97
02_AG.FR.91.DJ264	R F V H P P	D E Q V 0 II G G G	97
02_AG.GH.03.GHNJ196	R S Q Q P P	Y N E T V 0 II G G SG	97
02_AG.NG.01.PL0710	R S H P P	E R T V 0 ILP G G G G	97
02_AG.NG.x.IBNG	R S H P P	E K V 0 IIO G G G G	97
02_AG.SE.94.SE7812	R F H T P P	E G V 0 II G G G G	97
02_AG.SN.98.MP1211	R F H P P	E G V 0 ILP G G G G	97
02_AG.UZ.02.02UZ710	R F H P P	Y E T V 0 II G G SG	97
03_AB.RU.97.KAL153_2	Y S V P P	S Y E T V 0 IIQ . R	97
04_cpx.CY.94.CY032	N P P	S Y N E T V 0 I P Q . R G X D	99
05_DF.BE.x.VII310	Y I H P P	S Y N E T V 0 IL . I S	97
06_cpx.AU.96.BFF90	Y S P P	NI Y S E LL T L V H IIIP . G	97
06_cpx.RU.05.04RU001	R Y S K P P	S Y S E LL T L V N IIIP . G T	97
07_BC.CN.97.CN54	S G Q P P	S Y E T V 0 IL . T K	97
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	P Q P P	YV T T L V 0 IV . G	97
09_cpx.GH.96.96GH29P	N P P	D E T V H V 0 II G . R G D G	98
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	Y N P P	N T E T V 0 IV . T T	97
11_cpx.GR.x.GR17	YS M H P P	N E T V 0 II . G G R Y	97
12_BF.AR.99.ARMA159	P Y P P	N E T V 0 IM . V	97
13_cpx.CM.96.1849	N H K P P	N E T M V 0 V . G S	97
14_BG.DE.01.9196_01	Y P P	Y N E T V 0 IIP . V PG	97
14_BG.ES.99.X397	Y A P P	Y N E T V 0 IIP . R V D PG	97
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	G Y G P KFS. P P	S TN E V H V H AIIP . G R PG	97
16_A2D.KR.97.97KR004	A Y D R P P	S Y A T M 0 IMP . RGAR . S	95
18_cpx.CU.99.CU76	N P P	Y N E T V 0 IV . G	97
19_cpx.CU.99.CU7	N Y A D P P	YV T E T V 0 I P . R V D PG	97
20_BG.CU.03.CB471	Y P P	N E T M V 0 ISL . G D SG	97
21_A2D.KE.91.KNH1254	S S P P	S T R V 0 V . S	97
23_BG.CU.03.CB118	Q P P	V N E T R T 0 ISP . R G PG	97
24_BG.CU.03.CB378	P P P	N E T V 0 ISL . RR LRGRD SG	99
25_cpx.CM.01.101BA	T N H P P	X N E V V 0 I P . G P	97
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	N T P P	D V N E T V H II . G S	97
28_BF.BR.99.BREPM12609	S P P	L M 0 IN .	97
29_BF.BR.02.BREPM119	S Y A S V P P	S Y T L V 0 II . P	97
31_BC.BR.02.110PA	R A Q P P	H E M T V 0 IL . G G G	97
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	A P P	Y DN Q V 0 IIP . G G	97
34_01B.TH.99.OUR2478P	A Y P P	Y N Q V 0 IIP . G V D SG P	97
35_AD.AF.05.05AF095	F H P P	H X P 0 II . G G	98
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	Y A P P	Y Q K 0 I P . R V P	98
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	Y A P P	Y V E V 0 INI . R N	97
42_BFLU.03.luBF_05_03	A Y T P P	N E T Y 0 I P . R	96
N.CM.02.DJO0131	A Y A D P P	N E T Y 0 I P . R GR	96
N.CM.04.04CM_1015_04	A Y A G D P P	N E T Y 0 I P . R	96
N.CM.04.04CM_1131_03	R A Y A P P	N E T Y 0 I P . R T	96
N.CM.95.YBF30	R A Y A P P	N E T Y 0 I P . R	96
N.CM.97.YBF106	N AK F A A P P	A Y V M T Y 0 INPR . G GR S	98
O.BE.87.ANT70	L N A F A E P P	AAC Y E M T Y 0 ILPSNTR . G GR S	101
O.CM.91.MVP5180	A F X A A P A	Q Y D E M T I A 0 I PSNAR . G GR S	101
O.CM.96.96CMABB637	T A F A D T P P	X A Y L M T I A 0 INPSNTR . G GR S	101
O.CM.98.98CMA104	H A F A T D A P P	A Y V I M T I 0 INPSNTR . G GR S	101
O.CM.99.99CMU4122	A F S A P P	QA Y D V M A Y 0 I PSNTR . G GR S	101
O.SN.99.SEMPI299	V VS A F IO T P P	A E M I T Y 0 I PSNTR . G GR D S P	101
O.US.99.99LUSTWLA	A V A A A P P	QA Y E I T II T Y 0 I I PSNAR . R GR D SH	101
O.FR.92.VAU	Q E M L T I P P	QHT MHV AN S R QVL IL KA T Y H A H PR R	89
CPZ.CD.90.ANT	H P Y A I D K Y S P P	Y T E V V H IIP . RA N P	97
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	Y A A D L P P	Y F N E T Y 0 I P .	96
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	V Y A V Q P P	Y D E Q Y 0 I P . R D N	97
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	L Y I R D P P	Y E T S Y H INI NO . R N	99
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	S Y E L D T I Q P P	A E T S Q H V IIP . R D T A	97
CPZ.GA.88.GAB1	P Y A T P P	Y F V Q H L LQ ILPQ . RS SN	97
CPZ.TZ.01.TAN1	N N Y L D I I Q K P T	Q V NWFTI S E QEL K RA T Y H I S=IP	86
CPZ.US.85.CPZUS	V A Y A DV E L P P	Q Y S E QEL K RA T Y H N ISLARRT.PQGR . S	101

HIV-1/SIVcpz Proteins

Table with columns: Accession ID, Tat start, disulfide bonding, NLS, exon 1 end, exon 2 start, Tat end, and protein sequence. Lists various HIV-1/SIVcpz protein variants and their amino acid sequences.

Table of HIV-1/SIVcpz protein sequences with annotations: Tat start, disulfide bonding, NLS, exon 1 end, exon 2 start, Tat end. Includes protein names like B.FR.83.HXB2, 01_AE.CF.90.90CF11697, etc.

Table with columns: Rev start, exon 1 end, exon 2 start, NLS, Leu-rich effector domain, Rev end. Rows list various HIV-1/SIVcpz proteins and their amino acid sequences, including B.FR.83.HXB2, O1_AE.CF.90.90CF11697, and others.

	transmembrane domain	phos phos cytoplasmic domain			
	Vpu start	α-helix	α-helix	Vpu end	
B.FR.83.HXB2	TQPTPTVAIVAVLVAIIIAIVVSWISVIIIEYRKILRQRKIDRLIDRLIERAEDSGNESEG	...EISALV...EMGVEMGHAPWDVD	.DL*	
A1.GE.99.99GEMZ011	MT-LE-Y-VFV	-T-G-L-K	K-IR	-DAE-L-T-M	-V-NYVLL-DN-NV
A1.KE.00.KER2008	LSALE-C-AG-I-L	-T-G-R-L-K	E-IR	-D-DTE-LA-I	-NYDLG-AN
A1.KE.00.KNH1144	LP-LH-C-I-A-L	-I-T-G-K-L-K	E-IR	-D-DTE-L-I	-NYDLGTDN-N
A1.KE.00.KSM4024	L-LE-W-TG-L-V	-I-T-G-CRKY-D	E-IR	-D-DTE-L-I	-NYDLG-AN
A1.KE.00.MSA4069	WTALQ-C-V-G-I-L	-T-G-KRL-K	E-IR	-D-DTE-L-T-I	-L-DYGLG-DN-N
A1.KE.00.NKU3005	LS-LE-W-G-L-L	-T-G-K-L-K	E-IR	-D-DTE-LA-	-NYDLGNDN-N
A1.RU.00.RU00051	PL-LE-Y-I-L	-T-G-L-K	E-IR	-DAE-V-T-M	-GV-ND-FL-DN-NV
A1.RU.03.03R120_06_13	MT-LE-Y-FV	-T-G-L-K	E-IR	-DAE-L-T-M	-V-NX-LXDN-NV
A1.RW.93.93RW_024	M-SLE-CT-GFT-L	-T-G-K-V	I-K-IR	-D-DTE-L	R-NYDLG-DN-N
A1.SE.95.SE8891	MT-LE-W-G-VS	-T-G-K-L-K	R-IR	-D-DTE-LAK	-NYDLG-NN-N
A1.SE.95.UGSE8131	MS-LE-W-G-I-L	-T-GL-K-L-K	E-IR	-D-DTE-L-T-I	-L-DYDLG-DN-N
A1.TZ.01.A173	MT-LE-W-G-L-V	-T-G-KRL-K	E-IR	-D-DTE-L-L	-NYDLGIDN-N
A1.UA.01.01UADN139	MT-LE-YT-VSVL-F-TA	-G-LRK	E-IR	-DAE-L-T-M	-GV-NV-L-DN-NV
A1.UG.92.92UG0037	M-LLE-L-V-G	-L-T-G-K-L-K	E-IR	-D-DTE-L-V	D-DYDLG-DN-N
A1.UG.99.99UGA07072	MT-LE-S-G-L	-T-G-KRLRK	I-K-IR	-D-DAE-LAK	-YYDLG-DN-N
A1.UZ.02.02UZ0659	MTLLE-Y-VFV	-T-G-L-K	E-IR	-DAE-L-T-M	-V-NV-L-DN-NV
A2.CD.97.97CDKS10	MLSLE-A-G-L-A	-T-F-RE	W-Q-IR	-D-DTE-L	-NLNFG-AN-N
A2.CD.97.97CDKTB48	MS-LA-LS-G-S-L	-TV-F-KK	W-LE-IR	-D-DTE-L-KM	-G-NLGF-DN-V
A2.CY.94.94CY017_41	ML-LV-L-G-I-L	-T-F-K-KK	W-K-IR	-D-DTE-L	-R-LDFG-N-NV
B.AR.04.04AR151516	MT-LQ-A-TA-IVG	-A-L	L-IL	DOE-LA	-N
B.AU.87.MBC925	M-SLV-LT-F	-T-F	IS	DOE-L	-VIN
B.BO.99.BOI0122	M-SLI-L-A-L	-T-F	IS	DOE-L-V	GMEH-D
B.BR.03.BREP2012	L-LV-S-A-VT	-TL-L	IA	DOE-L	D-N-ND
B.CA.97.CANB3FULL	MHSLO-V-I-A	-T-G	E-I	AOK-L	
B.CN.05.05CNHB_hp3	L-ALT-F-I-VA	-T-LL	IR	D-DOE-L	LI-RNA
B.CO.01.PCM001	MHALQ-S-TA	-T-GL-I-V	E-IA	DOE-LA	-N-N-M
B.GB.83.CAM1	ML-LQ-A-TA-IVG	-A-L	L-IL	DOE-L	-N
B.GB.86.GB8	YV-V-O-LT-G-V	-I-F-KK	XK-I	D-DOE-L	-N
B.GE.03.03GEMZ010	M-LQVL-VG	-T-F-K	IA	DOE-L-M	R
B.IT.05.SG1	M-LG-L	-L-R	R-N	DOE-L	EMVV-D-VIN
B.JP.05.DR6538	M-LLE-S-VT	-I-T-F	IT	DOE-L-M	-N
B.KR.05.05CSR3	M-SLE-L-A-L	-T-F-R-E	K-E-IR	D-DOE-L-K	R-L-I
B.NL.00.671.00T36	M-SLE-L-A-L	-T-F-R-E	K-E-IR	D-DOE-L-K	R-L-I
B.RU.04.04RU128005	M-SLX-A-G-X-X	-L-KXL	IR	DOE-L-G-I	-L-I
B.TH.00.00TH_C3198	M-TLT-L-A	-T-L	IR	D-DOE-L-FM	
B.UA.01.01UAKV167	QTAIVAL-I-I-VAV	-TL-L	I	DOE-L-T	D-L-NI
B.US.04.ES10_53	MLSLV-L-VA	-I-K-V	IR	D-DLE-L	ERGOL
B.US.99.PRB959_03	M-LH-L-G-L	-L-I	IR	D-DQE-L	R-L
C.AR.01.ARG4006	KXVDYRLG-G-I	-L-T-AV-LV	KR-W-E-IR	DTE-LETM	D-LRLLH-X
C.BR.04.04BR013	RVVDYRLG-G-II-LVL	-T-AV-LV	KR-W-E-IR	DTE-LETM	D-NLRLH-P
C.BW.00.00BW07621	AAVDYRIGVA-II-L	-T-AV-LK	K-K-I	D-DHE-L-TM	D-LRLL-AN-G
C.CN.98.YNRL9840	LGIDYRLG-G-I-L	-T-Y-RLV	K-IR	DTE-S-M	D-NLRL-N
C.ET.02.02ET_288	ERVDA-R-G-G-I-L	-I-T-AV-L	X-E-IR	DTE-L-TM	D-LRLL-H
C.GE.03.03GEMZ033	AKVDYRLG-G-I-L	-I-T-AV-L	KRL-W-E-IR	DTE-L-T	D-NLRL-AN-G
C.IL.99.99CIT7	RVVDYRLG-G-I-L	-T-AV-LV	KR-W-E-IR	DTE-LETM	D-NLRL-AN
C.NL.99.01NS565_10	WNLDYRLG-G-II-L	-T-Y-RLV	K-W-K-IR	D-DHE-L-TM	D-NLRL-AN
C.KE.00.KER2010	ARVDYRLG-G-I-L	-I-T-Y-L	W-E-IR	DTE-LATM	D-LRLL-N
C.MM.99.mIDU101_3	LEIDYRLG-G-I-L	-I-T-Y-LVK	W-E-IR	DTE-L-TM	D-LRLL-N-E
C.MW.93.93MW_965	AKVDYRLG-G-I-L	-I-T-Y-LV	W-VK-IR	D-DTE-LATI	D-LRL-AN
C.SN.90.90SE_364	AKVDYRLG-G-I-L	-I-T-AV-L	K-L-W-VK-IR	D-DVE-L-TM	D-LRLL-AT
C.SD.89.89SD_145	AGVDYRT-G-FS-L	-T-AV-LV	K-W-K-IR	D-DHE-L-TM	D-LRLL-AN
C.TZ.02.C0178	FLEDYRLG-G-I-L	-I-T-AYL	R-QI-K-IR	D-DTE-LATM	D-LRLL-N
C.UY.01.TRA3011	EKIDYRL-VG-I-S	-V-I-Y-LV	R-W-VE-IR	DTE-LETM	D-LGLLA-N-G
C.YE.02.02YE511	AKVDYRIG-A-F-L	-I-T-AY-LVI	W-VK-IR	D-DTE-L-TM	D-LRLL-IN
C.ZA.04.04ZASK164B1	VT-SEVGV-A-FIL-L	-L-T-VL-VK	W-E-IR	DTE-LA-M	D-QLRLL-N-GV
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	AGVDYRIG-G-L-L	-I-T-Y-LV	L-K-IR	DTE-L-TM	D-ERLGLVDN-NVR
C.ZM.02.02ZM108	EKVDYRTVA-FII-L	-I-T-AYL	W-K-IR	D-DHE-L-TM	D-LRLL-AN
D.CD.83.ELI	M-LG-I-A	-L-T-F-R-KK	R-C-L-IT	DREK-L-K	I
D.CM.01.01CM_0009BBY	M-SLE-L-VK	-L-T-AY-VK	NQ-I-E	DRE-L-T-M	A-DNI
D.KE.01.NKU3006	M-SLA-L-G-I-L	-L-V-T-CRKY-D	K-IR	D-DHE-L	-M
D.KR.04.04KBH8	M-V-VI-X-TL	-I-T-F-CRRLK	N-IR	D-DEE-L-T-M	-N
D.TD.99.MN011	M-LV-L-A-L	-I-T-Y-K	Y-I	D-DKE-L-T-M	D-P-A-V-D
D.TZ.01.A280	MT-LE-T-A-I-S-L	-T-Y-R-K	K-W-IR	D-DTE-L-T-M	-N-I
D.UG.99.99UGK09259	M-LE-G-L-L	-L-T-F-CRRLK	W-IR	D-DKE-L-T-M	-N-M
D.YE.01.01YE386	M-SLV-L-L	-I-T-F-CRRLK	W-IA	D-DRE-L	-D-N-M
D.YE.02.02YE516	M-TLE-LS-I-A	-I-T-Y-R	Q-IR	DEE-L-T-M	A-N-A-D
D.ZA.90.R1	PL-V-L-L	-L-T-F-R-RK	Y-IR	DGE-L-K	YD-N
F1.AR.02.ARE933	MSYLLAIG-T-I	-L-T-AY-K-LV	R-N-YK-IR	DAE-LA-G	PFI-R-I-N
F1.BE.93.V1850	MSYLLAIG-A-I	-L-T-Y-K-LV	NK-YK-IR	DAE-LA-G	PFI-G-IN-N
F1.BR.01.01BR125	MSDLLVIGFT-A-L	-I-Y-LV	K-N-YE-IR	DAE-LA-G	PLI-G-I-N
F1.E.S.x.P1146	HW-LATV-FI-L	-I-T-Y-LV	KR-W-E-IR	D-DAE-LA-G	V-PFI-G-IN-N
F1.FL.93.FIN9363	MSDLLAIT-FI-L	-V-T-F-K-LV	N-YI-IR	DAE-LA-G	K-PFI-G-N-N
F2.CM.02.02CM_0016BBY	MSYLI-LV-FI-L	-A-I-T-Y-K-Q	KR-N-YE-IR	DAE-LA-G	V-LFI-GNIN-N
F2.CM.95.MP257	MSLSL-V-A-VI-VL	-L-I-T-Y-K	KR-N-YE-I	DAE-LA-G	V-PLI-G-IN-N
F2.CM.97.CM53657	MSSLLTI-YI-L	-I-T-Y-K-L	KR-NK-YK-IR	DAE-LA-G	PFI-G-IN-N
G.BE.96.DRCBL	M-LE-S-G-I-S-A	-T-F-RK	KR-EK-L-IR	DTE-LAT-M	L-DFD-VG-N
G.CM.01.01CM_4049HAN	M-LE-A-G-I-F-A	-I-T-F-RK	K-K-LE-IR	DTE-LA-M	NFD-VG-N
G.CU.x.C174	MKSLAIG-T-I-G-A	-I-T-F-RK	E-RK-IR	DTE-LAT	DFH-VG-N
G.E.S.00.X558	M-LE-A-G-I-S-A	-I-X-F-Q-KE-RK	K-Q-IL-IR	DTE-LAT	DFD-VG-N
G.E.S.99.X138	M-LE-A-G-I-G-A	-I-I-F-Q-KE-RK	K-Q-IL-IR	DTE-LAT	DFD-IG-N
G.GH.03.03GH175G	M-SLE-S-G-I-S-A	-I-T-F-RK	K-EK-IR	DTE-LA	DFD-VG-N
G.KE.93.HH8793_12_1	M-SLE-S-G-I-F-A	-I-T-LVQ-E-RK	VE-IR	DRE-LAT-M	DFD-VG-N
G.NG.01.01NGPLD669	M-ALE-S-G-G-A	-A-T-F-RK	KR-L-IR	DTE-LAT	D-V-FD-VG-N
G.PX.P12695	M-SLV-L-G-I-G-A	-I-T-F-Q-KE-RK	N-QKIL-IR	D-DTE-LAT	DFD-VG-N
G.S.E.93.SE6165	M-SLV-L-G-I-F-A	-T-F-E-RK	KR-GK-L-IR	D-DTE-LVT	DFD-VG-N
H.BE.93.V1991	*MN-LGIG-G-F	-T-AY-LXK	E-IR	D-DTE-L-K	-LNLGY-A
H.BE.93.V1997	CMY-IGIG-G-I-F	-T-Y-LVK	K-Q-I-G	DE-L-TM	R-LTFGY-A
H.CF.90.056	*MY-LGLG-G-TF	-VI-T-Y-K-LV	K-E-IG	D-DTE-L-K-M	-LNLGY-A
J.CD.97.J_97DC_KTB147	PL-D-A-G-I-V	-VI-T-F-V	N-IR	D-DTE-LEK	P-DL-N-N
J.SE.93.SE7887	MT-LQ-A-TA-IVG	-A-L	L-IL	D-DTE-LAD	R-P-DL-N-N
J.SE.94.SE7022	MVSLQ-I-FFL	-C-T-Y-K-L	K-N-IR	D-DTE-LAE	P-DL-N-N
K.CD.97.EQTB11C	MV-LT-G-I-A-L	-I-T-AYL	VV-KR-NM-F-IR	DTE-LA-G	T-LILG-IN-N
K.CM.96.MP535	MVSL-AIS-L-L	-I-T-Y-LVK	KR-NM-IR	DAE-LADIG	-L-LILGNI-N

	transmembrane domain	phos	phos	cytoplasmic domain	
	Vpu start	α-helix	α-helix	Vpu end	
B.FR.83.HXB2	TQPIPTVAIVAVLVAIIIAIVVWSVIIIEYRKILRQRKIDRLIDRLIERAEDSGNESEG	...EISALV	..EMGVEMGHAPWDVD	.DL*
01_AE.CF.90.90CF11697	MSALQ	---G-I-L-L-L---	T-F-K	E-IR	---DTN-LAT---
01_AE.CN.05.FJ051	MT-LE	S---G-I-L-L-L-I-T-A-IRK	---D	---VK-IR	---DTD-LAK---
01_AE.CN.06.FJ054	MT-LE	S---G-I-L-L-L-T-A-FK	---	---K-IR	---DTD-LAK---
01_AE.HK.x.HK001	MT-LE	S---G-I-L-L-L-T-GL-V	---	---K-IR	---DTD-LAK---
01_AE.JP.93.93JP_NH1	MS-LE	S---G-I-L-L-L-T-A-K	---	---E-IR	---DTD-LAK---
01_AE.TH.01.01TH_R2184	MT-LE	S---AG-I-L-L-L-T-G-FK	---	---K-IR	---DTDDLAK---
01_AE.TH.02.OUR7691	MS-LE	S---G-I-L-L-L-T-V-LK	---	---K-IQ	---DTD-LAT---
01_AE.TH.90.CM240	MT-LE	S---G-I-L-L-L-T-A-VK	---	---VK-IR	---DTD-LAK---
01_AE.US.00.00US_MSC1164	MT-LL	S---G-T-L-L-L-TL-A-F	---	---VK-IR	---E---DTD-LAK---
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	M-LLA	A---G---G-A-T-L-RKK	---IR	---D-DTE-L-T-M---
02_AG.EC.x.EC141	M-SLE	A---G---F-A-L-L-L-RKK	---IR	---D-DTE-L-T-L---
02_AG.FR.91.DJ264	MKSLE	A---G---AG---T-V-RKK-K-L	---IR	---D-DTE-L-T-L---
02_AG.GH.03.GHNJ196	M-SLV	A---G---F-A---T-EY---R-RKKQ	---L-IR	---D-DTE-L-M---
02_AG.NG.01.PL0710	M-SLK	A---G---A---A-T-Y-RKKR-K	---IR	---G-D-DTE-L-T-M---
02_AG.NG.x.IBNG	M-LT	T---G---F-A---Y---RKK	---L-IR	---D-DTE-L-T-M---
02_AG.SE.94.SE7812	MNSLD	---G---F-A---T-Y---RKK	---L-IR	---D-DTE-L-T-M---
02_AG.SN.98.MP1211	M-LAVA	G---F-L-T-F-RKG-K-L	---IR	---D-DTE-L-T-L---
02_AG.UZ.02.02UZ710	M-SLE	---G---F-A---T-Y---RKK-K-L	---IR	---D-DIE-L-T-M---
03_AB.RU.97.KAL153_2	M-SLA	A---VG---G-F-F	---	---IR	---DQE.AL.M---
04_cpx.CY.94.CY032	MLFWE	W---G---L-V---TL-F-K-LRR-S-YN	---IR	---D-DAE-L-T---
05_DF.BE.x.VII1310	MSDLLT	I-V---I-L---I-Y---K-LVN-YK	---IR	---DAE-LA-G---
06_cpx.AU.96.BFP90	M-ALE	A---G---FLA---T-F-Q-E-RKK-EK-L	---IR	---DTD-LAT-M---
06_cpx.RU.05.04RU001	M-ALE	S---G-I-SLA---T-L-Q-E-RKEK-L	---IR	---DTD-LAT-M---
07_BC.CN.97.CN54	M-ALT	L---T---T---T---F---RKK	---IR	---GD-DQE-L-FM---
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	MLDL	EL_VG-I-L-L-T-Y---RLVKW-K	---IR	---DTE-L-TM---
09_cpx.GH.96.96GH29PI	M-SLQ	AS-GII-F-A-IA-T-F-V-RKKR	---IRD	---DTE-LAK---
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	ARVYKLRV	G-I-L-L---IR-Y-Q---LVPET-W-K	---IR	---R-HD-DTE-L-TM---
11_cpx.GR.x.GR17	*LCEQLSIVALVSSIXL	-I-T-AG---RL-H	---	---IRX	---DTE-LAQ---
12_BF.AR.99.ARMA159	M-SLVT	L---A-L-A-L	---	---IR	---DAE-LA-FG---
13_cpx.CM.96.1849	MNAL	-IS---I-F-L-V---T-AY---LVHK-EK-L	---IR	---D-DDLAK---
14_BG.DE.01.9196_01	MK-LE	S---G-I-S-A-I-I-F-Q-KE-RKK-Q-IL	---IRD	---DTE-L-T---
14_BG.ES.99.X397	M-SLE	S---G-I-G-A-I-I-F-Q-KE-RKK-Q-IL	---IR	---DTE-LAI---
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	MS-LE	S---G-I---L---T-A-I-N-K	---	---VK-IR	---E---DTD-LAK---
16_A2D.KR.97.97KR004	MNSLQ	LS-G-I-F-L-V-T-F-K-KN-W-K	---IS	---DTE-L-T-M---
18_cpx.CU.99.CU76	MXFE	-G-I-I-F-V-C-T-Y---K-KK-G-FE	---IRD	---Y---DTE-L-K-M---
19_cpx.CU.99.CU7	M-ALQ	A---G-I-F-A---T-Y---RKEEK-L	---IR	---D-DTE-L-T-M---
20_BG.CU.03.CB471	M-SLE	A---G-I-G-A-I-A-F-Q-KE-RKILQ	---IRK	---DTD-LAT---
21_A2D.KE.91.KNH1254	M-LQ	---A---A---T-V-R-KD	---IR	---DEE-L-K---
23_BG.CU.03.CB118	MHSLE	A-V-G-I-G-A-I-A-F-L-KQ-RKK	---ILE	---IR
24_BG.CU.03.CB378	M-SLE	A---G-I-G-A-I-A-IF-Q-KE-RKILE	---IR	---DTD-LAT---
25_cpx.CM.01.101BA	M-LE	C---G-I-F-A-V-T-F-IK-RKK-EQ-L	---IRT	---DTE-L-T-M---
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	M-ALE	S---I-F-VV---T-Y-K-L	---	---I-E	---IRD
28_BFBR.99.BREPM12609	M-ALI	A---VA---T-F	---	---IR	---DAE-LE-G---
29_BFBR.02.BREPM119	ML-LQ	---S-VA---T-F-FR	---IRD	---DQE-L---
31_BC.BR.02.110PA	DKIDYRX	VX-II-L---I-T-Y---LVKW-VK	---IR	---DTE-LATM---
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	KT-LE	S---G-IA-L-S---T-A-LQ-K	---	---VK-IR	---DTD-LAK---
34_01B.TH.99.OUR2478P	PL	E-S---G-I-L-L-L-I-A-EVK	---IQ	---DTD-LAK---
35_AD.AF.05.05AF095	PL	H-L---G---L-L-T-G-LKRLI-K	---IS	---D-DTD-LAK---
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	SL	Q-A-AG---F-A-GG-T-L-K-IK	---LE	---IK-K
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	PL	E-YS-G---F-A---T-L-K-RKN	---IR	---D-DTE-L-T-M---
42_BFLU.03.luBF_05_03	SL	V-L---XA---L-K-KA-IS	---	---D-DHE-L-X---
N.CM.02.DJ00131	YMLEWGF	ALGVAI	---VII-VLLYK-K-LKLE-EIRO	---IRD-T---
N.CM.04.04CM_1015_04	YMLS	LGFSALGVAI	---VII-VLLYK-KE-KLE-EIKO	---VRD---
N.CM.04.04CM_1131_03	YMLE	LGFIAGVAI	---VII-VLLYK-KE-KLE-EKIRO	---IRD-KE-K---
N.CM.95.YBF30	YMLS	LGFIAGAA	---S-VI-ALLYR-K-KLE-KHRO	---IR-E---
N.CM.97.YBF106	YMLW	GFALGVAI	---AII-VLLYK-K-KLE-EIRO	---IR-T-R-K---
O.BE.87.ANT70	MHRDL	L-IISALL-NVLI-GFILRK-LEQKDRKE-E-LERLR	---IR-IRD	---DY-N-EEEOEVRDL---
O.CM.91.MVP5180	MHOENLL	LI-SALCL-NVLI-LFNLR-LVQRKDRREO-E-LERLR	---IK-IRD	---DY-N-EEEOEVRDL---
O.CM.96.96CMAABB637	MNYKELL	SLIVS-LLLA--I-MFILKK-LEQKDRRE-ELLKR	---E-X-XRD	---DY-N-DEEOEVRDL---
O.CM.98.98CMA104	HYRDL	LAL-IVSALL-L-NVLL-FILRK-LEQKDRRE-E-LERLR	---IKD-DY	---N-EEEOEVRDL---
O.CM.99.99CMU4122	QHKDL	LIL-ITSALL-L-NVLI-LF-LKQCLEQKTKRE-E-I-RLR	---IED-DY	---N-EEEOEVRDL---
O.SN.99.SEMPI299	MHRDL	L-LITTSALLTNV-L-TEILRO-L-QKDKRE-E-LERLR	---IROIED-DY	---D-TEEOEVRDL---
O.US.99.99USTWLA	QYKDL	L-LAYSALF-LITLAI-MF-LKLCLEQKGKRE-E-EOROK	---IR-DY	---D-DAEWLGD---
O.FR.92.VAU	HHOGLL	L-LIALL-L-NVLL-MFNLR-LEQKDRTA-E-LER-R	---IR-VED-DY	---N-EEEOEVRDL---
CPZ.CD.90.ANT	CPZ	CM.01.SIVcpz	CAM13	CPZ	CM.05.SIVcpz
CPZ	CM.05.SIVcpz	EK505	CPZ	CM.05.SIVcpz	LB7
CPZ	CM.05.SIVcpz	MB66	CPZ	CM.05.SIVcpz	MT145
CPZ	GA.88.GAB1	CPZ	TZ.01.TAN1	CPZ	US.85.CPZUS
X	Y	Z	AA	BB	CC
ALM	DMV	QVGL	L-ELVI-TV-WVKV-LCKEDRROK	---A-IR
QYVL	ILFI	MLVA-F-HIARY-KEYKKQOV-R	---Q-IR	---D-DY-N-DEEERLEQ---
X	LLVGLVLI	GL-AWN-CI-GY-KWYRRYKRHRLETE	---E-NLI-R	---N-EE-ERLEQ---
KIVVGS	STNVIGILC	LL-LIGGLL-GIGIRREKERERORHV-ERLARLSI	---V-EDE	---EFNMNFD---
LNWFE	GL-ALGIEG	LVV-IWGLVARLWRQIKKENTQOE-QN-LE	---IRI-E	---D-EE-ETLAK---

HIV-1/SIVcpz Proteins

glycosylation NDT VI

Table with columns: Env start, signal peptide_gp120 start, glycosylation NVT, and a list of protein variants with their corresponding amino acid sequences and glycosylation sites. The table lists various HIV-1/SIVcpz proteins such as KARGMOR, MGTRORW, and others, along with their specific amino acid sequences and glycosylation sites (e.g., N1, N2, N3, etc.).

HIV-1/SIVcpz Proteins

Env

	Env start	signal peptide_gp120 start	glycosylation NVT	glycosylation NDT	
B.FR.83.HXB2	MRVKE...KYQHLW...	RWGWRWGTMLLGLML...ICSATEK...LWVTYYGVVPMWKEATTTL*FCASDAKAYDTEVHNWATHACVPTDPNPQEVVLVNVTFENFMKMKNDMVEQMHEDIISLWDQ...SLKPKVKLT...PLCVS...LKCTDLKND...			137
01_AE.CF.90.90CF11697	--G--GTQMNWP	...K--LI--LVI--SDT	RD-D--N-QE--V--IH-E--D--N--Q-V--		136
01_AE.CN.05.FJ051	...--TQMNWP	...K--LI--LVI--SDN	RD-D--HK--MH-E--D--N--Q-V--		136
01_AE.CM.06.FJ054	...--TQMNWP	...K--LI--LVI--SDN	RD-D--R-HE--I-V--IH-E--D--N--Q-V--		136
01_AE.HK.X.HK001	...--TQMNWP	...K--LI--LVI--SDN	RD-D--HE--IK-GD--X-K-A--Q-V--		136
01_AE.JP.93.93JP_NH1	...--TQMNWP	...K--LI--LVI--SDN	RD-D--HE--IH-E--N--Q-V--		136
01_AE.TH.01.01TH_R2184	...--TQMTWPN	...K--LI--LVI--SDN	RD-D--HE-A--IH-E--N--Q-V--		136
01_AE.TH.02.OUR7691	...GTQMSWP	...TG-LII-LVI--S-N	RD-D--IH-E--N--Q-V--		136
01_AE.TH.90.CM240	...--TQMNWP	...K--LI--LVI--SDN	RD-D--R-HE--IH-E--N--Q-V--		136
01_AE.US.00.00US_MSC1164	...--TQMNWP	...K--LI--LVI--SD	RD-E--R-HE--IY-E--K-A--Q-V--		136
02_AG.CM.02.02CM_4082STN	--MGIOKN-PL	...--MIIFWIMI--N-KD	RD-E--S--MP-E--D--N--V--G--R--		135
02_AG.EC.X.ECJ41	--MGIOKN-PL	...--MIIFWIMI--N-AN	RD-E--Q--S--IN-G--N--V--		135
02_AG.FR.91.DJ264	--MGIORN-PLF	...K--MIIFWIMI--N-EK	RD-E--V--S--IH-K--K--N--		135
02_AG.GH.03.GHNJ196	--MGTKN-PC	...--IIIFWIML--KGED	RD-D--S--S--IY-E--N--		135
02_AG.NG.01.PL0710	G-M-TQKSCPP	...K--MIIFWIMI--N-D	RD-E--A--IH-E--K--K--N--		135
02_AG.NG.X.IBNG	--MGIOKN-PL	...--MIIFWIMI--N-EQ	RD-E--IH-E--K--N--		135
02_AG.SE.94.SE7812	--MGIOKN-PL	...--MIIFWIMI--N-GN	RD-E--IH-G--D--S--Q--		135
02_AG.SN.98.MP1211	--MGILKSCPPF	...RWGMI--WI-I--N-EN	RRD-E--E--S--MH-E--N--V--		136
02_AG.UZ.02.02UZ710	--MGILKN-PP	...--IIIFWIMI--K-QD	RD-E--I--IH--N--		135
03_AB.RU.97.KAL153_2	--IRK-HL	...--LF--N	RD-E--SK--Y--S--IP-K--G--N--		133
04_cpx.CY.94.CY032	--MGMRN-P	...E--LI--LVI--SMN	RD-E--E--EK--I--A--I--		136
05_DF.BE.X.VII310	--RGMORNP-G	...K--LLF--I-I--D--F	RD-E--G--K--G--T--		136
06_cpx.AU.96.BFP90	--GIOTSW	...K--LI--LVI--SKN-M	A-ED-D-I--SPDK--N-D--IS-K--E--		137
06_cpx.RU.05.04RU001	--RGTQMNWP	...K--LIF-LVI--SKD	A-ED-D-I--HS-K--D--IS-E--H--K--E--		136
07_BC.CN.97.CNS4	--TGIRKN-R	...S-VGN	A--M-E--E--N--Q-V--		136
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	--RGTRRN-OW	...I--VLGFW--NVEGN	K--E--E--S--I-ME--N--N--VT--		136
09_cpx.GH.96.96GH29PI	--IQRRW-N	...L-I--N-A-N	E--Q--SK-K--IG-E--N--K--		136
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	T-TGIQRNCROW	...I--ILGFW--N-R	T--KA-A-I--R-I-E--G-D--G-I--		136
11_cpx.GR.X.GR17	--TORNWHN	...L-IF--N-EK-M	RD-D-I--RT-S-K--S--R-LS-E--N--V--E--		132
12_BF.AR.99.ARMA159	--RGMORNP-G	...N-FLF--I-I--N-N	RD-E--S-ER--E--D--N--T--		136
13_cpx.CM.96.1849	--ARGIQMTW-N	...K--LI--LVI--SMN	RD-E--S--K--IN-G--E--N--T--I--S--		136
14_BG.DE.01.9196_01	KA-GIORNC-R	...K--VI--N-V-Q	T--R--S--L--E--N--D--Q--		136
14_BG.ES.99.X397	KA-GTORNW-S	...K--LI--LVI--SDN	RD-E--A--A-E--E--N--D--Q--E--		136
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	--TQMNWP	...K--LI--LVI--A-N	RD-E--A--G--S--EI-G--E--Q--		136
16_A2D.KR.97.97KR004	--RGIORN	...K--ILI--SK--D	RD-E--A--IN-E--G--		136
18_cpx.CU.99.CU76	--RGTORN-PS	...K--II--L-M--DH	RD-V--S-S-S--D--IT-G--N--E--		136
19_cpx.CU.99.CU7	--MGTTRS-PP	...N--LI--LVI--FDN	RD-E--S--IN-E--E--N--A--		130
20_BG.CU.03.CB471	--RGIPIW-N-L	...T--LII-LGI--SSN	ED-Y-P--VA-S--H-IP-Q--N--E--		136
21_A2D.KE.91.KNH1254	--MKNRC-N	...K--I--F--DN	R-NAS--TK-A-I--IE-E--N--E--		136
23_BG.CU.03.CB118	--GIQKN-R	...T--LII-LGI--SDN	ED-Y-P--S-S--IP-X--H--E--		136
24_BG.CU.03.CB378	--GIQMNW	...T--LII-LGI--SMN	RD-D-P--S-S--IP-E--N--E--		136
25_cpx.CM.01.101BA	--R-IQRN-PL	...--LII-LGI--SDN	RD-E-X--SP-A--S-IE-T--N--E--Q--		140
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	--GTQRNW-G	...L-I--A--K-D	RD-D--HT--IT-E--N--E--Q--		136
28_BF.BR.99.BREPM12609	--RGMQRNW-G	...T--LLF--I-I--N-NQ-S	RD-E--N-VK--A-I--I--K--N--E--I--		136
29_BF.BR.02.BREPM119	--ARGTRKNC	...E--IL--EQ	RD-E--N--A--D--IP-K--Q--Q--		135
31_CD.BR.02.110PA	--GIQRNW-OW	...I--ILGFW--YNVRGN	R-K--S--LD-G--E--D--Q--V--*		136
33_01B.MY.05.05MYKL007_1	--TRMNWP	...K--LI--LVI--M-SMN	RD-D--HE--IH-K-I--K-A--Q-V--Q--		136
34_01B.TH.99.OUR2478P	--TQMNWLN	...K--LI--LVI--SDN	RD-D--HE--Y--IH-E--N--Q-V--DQ		140
35_AD.AF.05.05AF095	T-MGTQMNW-N	...I--II--V-N	RD-E--E-M--IP-G--D--K--T--DQ		137
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	--ARGTQRNL	...K--LII-LVI--SDL	RD-N--ID--N--Q--DQ		137
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	--MGIORN-PP	...N--LI--LVI--NNL	RD-D--T--VP--LPX--X-KINVG--KD--N--QI--GPKL--E--X--TX-NSSHKV-PQDRE		143
42_BFLU.03.luBF_05_03	--TGIMKN-X	...K--I--I--S	RD-E--X--I--N--DQ		141
N.CM.02.DJ00131	V-MMGMOIGWPF	...C-MIS-T--G-K--Y-A	RDVE-V--HS-A-I--Q--P-D--P--E-K-A-VQ--E--		129
N.CM.04.04CM_1015_04	--MGMSGWPF	...C--ISSI--G-EQ--H	RDTE-V--HS-A-I--Q--P-I--H-D--N-A-Q--E--X--		129
N.CM.04.04CM_1131_03	K-MGMSGWTRVLGMMSGWPF	...C--ISSI--G-EQ--H	R-TD-V--HS-A-I--Q--H-I--K-D--N-A-Q--E--		141
N.CM.95.YBF30	K-MGMSGWMGM	...KSGWLLFYLLVSLIKV--G-EQ--H	R-E-V--HS-A-I--Q--L-P--K--E-K-AD--Q--E--		138
N.CM.97.YBF106	R-MGMSGWPF	...C--IS-T--G-T	RD-E-V--HS-A-I--Q--L-P--K--E-K-A-Q--E--		129
O.BE.87.ANT70	KAM-KRN-KLWTL	...YIAMLII-P-LSLRO--YA--A	ED-PV--NLTS-K-I-SO--T-Y-YP-H--DD-I--Y--Q--OM-F--Q-ME-NIACT		133
O.CM.91.MVP5180	K-MKNNRKSWSL	...YIAMLII-P-LSYS-Q--YA--S	E-APV--NLTS-Q-I-SO--H-FP-G--D--DI-Y-D--E--E-M-F--Q-MN-V-OTN		134
O.CM.96.96CMA8B637	K-M-MKN-KLCL	...CI-MAL-I-P-LNSDQ--YA--FS	ED-P--NLTS-K-I-SO--S-H-YP-I--DK-I-E-Y-D-Q--E--OM-F--Q-MN--VNAI		133
O.CM.98.98CMA104	KAMKKKN-RLWIL	...YIYM-LIT-P-LSSQ--FYA--A	EN-NPV--NLTS-Q-I-AO--L-YP-H--DR-DI-E-Y-Q--TD--E--M-FM--Q-ME-N-INTT		133
O.CM.99.99CMU4122	AM-KRNRGLGIL	...YIYMALII-P-LSYDQ--YA--S	E-KPX--NLTS-K-I-SO--T-H-YP-K--DK-I-E-Y-Q--E--OM-F--Q-MN--NVNDT		133
O.SN.99.SEMPI299	K-M-ORNRKLGIL	...CIVMALII-P-LSYNO--HYA--A	E-PV--NLTS-Q-I-SO--S-Y-YP-TK--D-I--Y-D--E--OM-F--Q-MN--NYVG		133
O.US.99.99USTWLA	K-M-KNRKSWL	...CXIMALII-P-LNS-Q--YA--S	ED-SP--NLTS-Q-I-SO--S-N-YD-K--DY--I--Y-D--E--OM-F--Q-MN--V-DI		133
O.FR.92.VAU	KAMKRNRLKGI	...CLI-ALII-P-LSCNQ--YA--S	ED-KP--NLTS-Q-I-Q--S-N-YE-K--DK-I-E-Y-D-Q--D--OM-F--Q-MN--I-S		133
CPZ.CD.90.ANT	--KPIHII	...WG-AL-I-QFIEKGTNEYD--F	RN-P--TN-SMTS--TS--I-D-IV-R-L-TSVN--AY-Y-S-T-MXQ-FQ--H--M-IK-MN--GYNG		127
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	K-M-ERRKSFNFG	...YMTM-ICMAL-I-P-LTSD--E	R-VN-V--HS-A-I--H--D--N-Q--Q--S--		137
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	K-T-MQKNWLI	...CC--IG-I-KIIGSE	RD-E-V--HS-A-I--Q--LIP--R-D--N-D-Q--E--		130
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	--GTWTSMPYY	...VWGI-LS-CSLII-SSTKN-N	EA--WQKA-A-I-SO--D-KAIE-S--T-A-N-QQ-V--I--		137
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	KAM-TQRNCR-T-S	...LKEIILCT-VLGI--GIKICEDNM	RD-D--QNP--SO--S-N--E-IE-T--Y-A-E-N--D-Q--VN--V--I--		145
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	K-MGKMYWRNS	...CRSISLII-LIGW--A-CFGEENW	R-K--S-A-I--Q--T--L-P--K--E-K-A-Q--E--		140
CPZ.GA.88.GAB1	K-M-K-RDWS	...LSIITIIIIII--P-LTS	HD-PP--HS-A-I--Q--S--F-P--I-S--E--N--D--Q--E--		136
CPZ.TZ.01.TAN1	*KMK-NLIGIT-I	...LIITI-G-GFS--YYT--F	OP--DITSRDK-I--N-L--Y--T-A-SIR--EE-Y-QE-K-L-FQ--F--F-IK-MT--MTNT		128
CPZ.US.85.CPZUS	K-M-KK-RLW-S	...YCL-SSLII-PGLSS--A	RDVE--KQ-A-I-Q--H-P--K-D--E-N-A-Q--I--		131

Proteins
HIV-1/SIVcpz

	glycosylation NIS				glycosylation NVS				glycosylation NFT					
	glycosylation NDT		glycosylation NCS		glycosylation NDT		glycosylation NTS		glycosylation NGT		glycosylation NKT		glycosylation NGS	
	V1	V2	V1	V2	V1	V2	V1	V2	V1	V2	V1	V2	V1	V2
B.FR.83.HXB2
A1.GE.99.999GEMZ011
A1.KE.00.KER2008
A1.KE.00.KNH1144
A1.KE.00.KSM4024
A1.KE.00.MSA4069
A1.KE.00.NKU3005
A1.RU.00.RU0051
A1.RU.03.03RU20_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.99.99UG0037
A1.UG.99.99UGA07072
A1.UZ.02.02UZ0659
A2.CD.97.97CDK510
A2.CD.97.97CDKTB48
A2.CY.94.CY017_41
B.AR.04.04AR151516
B.AU.87.MB925
B.BO.99.BO1072
B.BR.03.BREP2012
B.CA.97.CANB3FULL
B.CN.05.05CNBH_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.LU.00.67.LU0136
B.RU.04.04RU128005
B.TH.00.00TH_C3198
B.UA.01.01UAKV167
B.US.04.ES10_3
B.US.99.PRB959_53
C.AR.01.ARG4006
C.BR.04.04BR101
C.BW.00.00BW07621
C.CN.98.YNRL9840
C.ET.02.02ET_288
C.GE.03.03GEMZ033
C.II.99.99I17
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.SQ.89.89SQ145
C.TZ.02.C0178
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.04.04KRBH8
D.TD.99.MN011
D.TZ.04.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.EG.93.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.93.C174
G.ES.00.X558
G.ES.99.X138
G.GH.03.03GH175G
G.KE.93.HH8793_12_1
G.NG.01.01NGPL0669
G.PLX.P12695
G.SE.93.SE6165
H.BE.93.V1991
H.BE.93.V1997
H.CF.90.056
J.CD.97.J_97CD_KTB147
J.SE.93.SE7887
J.SE.94.SE7022
K.CD.97.EQTB11C
K.CM.96.MP955

Table with columns for glycosylation sites (V1, V2, NVS, NFT) and amino acid sequences. Includes a legend for glycosylation types (NDS, NTS, NGT, NGS, NFT) and a list of HIV-1/SIVcpz proteins with their corresponding amino acid sequences and positions.

Table of HIV-1/SIVcpz protein sequences with glycosylation sites (NNT, NCT, NST, NTS) and V3 tip/V3 regions. Includes protein names like B.FR.83.HXB2, 01_AE.CF.90.90CF11697, etc., and their corresponding amino acid sequences.

	CD4	CD4	glycosylation NIT	glycosylation NES V5	fusion peptide gp120 end gp41 start								
B.FR.83.HXB2	RIKQII	NMWQ	KVGKAMYAPP	ISGQIRCSNITGLLLTRDGG	NSNNESEIFRPGGDMRDNRSLEYKYKVKVIEPLGVAPTAKARRVV	OREKRA.VGIGALFLGFLGAAGSTMGAAAMLTVQ.AR.QLL.SGTVQ0QNLLR.AIEAQOH	564						
A1.GE.99.99GEMZ011	R	R	K-N-E	I	GGT-SGN-T	I-N	Q-I	E	I-L-A	I	S	Q	560
A1.KE.00.KER2008	RT	0	Q-T-K-V		NSTVN-T			R					562
A1.KE.00.KNH1144	RT	0	A-V-E		EE-NSTN			R-R					569
A1.KE.00.KSM4024	R	R	P-V-S-V	I-V	N-TN								534
A1.KE.00.MSA4069	R	R	P-I-D		DD-T-T								560
A1.KE.00.NKU3005	R	R	Q-V-E		STE-T								566
A1.RU.00.RU00051	R	R	K-I-E		NK-GS-GT-T	I-N							554
A1.RU.03.03RU20_06_13	R	R	K-S-E	X	GGT-XXX-T	I-N							562
A1.RW.93.93RW_024	RT	0	Q-V-E		DSSPD		Q	I	R				563
A1.SE.95.SE8891	RA	0	Q-V-E		D								553
A1.SE.95.UGSE8131	RT	0	P-V-Q-R		VTN-TNN-T								572
A1.TZ.01.A173	RA	0	Q-V-K-V	I-E	RN-SLN-T								566
A1.UA.01.01UADN139	R	R	R-N-S-V		T-SST-T		E	I	R				562
A1.UG.99.99UGA07072	R	R	Q-V-K-E	I	VNSST-T								558
A1.UZ.02.02UZ0659	R	R	Q-V-K-E	I	GM-TN								563
A2.CD.97.97CDKS10	V	D	A-V-Y-T	II	GGT-SGN-T	I-N-K							560
A2.CD.97.97CDKTB48	R	R	A-V-K-T	MI	S-TN								562
A2.CY.94.94CY017_41	R	R	A-T-K-T	II	K-STN-T								566
B.AR.04.04AR151516	R	R	E		N-GTN-T								560
B.AU.87.MBC925	R	R	E	I	SG-ESKON-T								567
B.BO.99.BOI0122	K	R	R	K	PD-KDT								568
B.BR.03.BREP2012	V	R	R	N-T-Q	DN-ST-T	N							568
B.CA.97.CANB3FULL	V	R	R	G-N	INQTN-T	A							558
B.CN.05.05CNHB_hp3	V	R	R	E-I	IN-STN-T	K	QV						567
B.CO.01.PCM001	K	R	R	R	INKTDT-T								558
B.GB.83.CAM1	V	R	R	E	R-V-V	N							564
B.GB.86.GB8	V	R	R	E	RGE-T								557
B.GE.03.03GEMZ010	V	R	R	E	RE-NT-T								555
B.IT.05.SG1	V	R	R	E	R-L-A-H								524
B.JP.05.DR6538	R	V	T	K	R-W-N-D	D							572
B.KR.05.05CSR3	V	R	R	E	N-DT	N							577
B.LL.00.67.LL00T36	V	R	R	E	Y-K-T								563
B.RU.04.04RU128005	V	R	R	E	K-S	I	K.DN	TTGSMETKG	A				558
B.TH.00.00TH_C3198	V	R	R	E	K-K								558
B.UA.01.01UAKV167	V	R	R	E	K-K	SNSTNN-T	A-I	M					579
B.US.04.ES10_53	R	R	R	E	A-N-S	I-W-N							554
B.US.99.PRB959_03	R	R	R	E	L	KNGKKT-DT	N-K						557
C.AR.01.ARG4006	R	R	R	E	NSSNN-T								564
C.BR.04.04BR013	K	V	R	R	HNT-TT								551
C.BW.00.00BW07621	G	R	R	Q	NI-NSDTP-T								569
C.CN.98.YNRL9840	R	R	R	E	T-GT-NT								558
C.ET.02.02ET_288	R	R	R	E	S-T-NT-T								566
C.GE.03.03GEMZ033	R	R	R	E	EGE-TT-T	A							562
C.IL.99.99ET7	R	R	R	E	TENNTE-NT-T								566
C.IN.99.01INS565_10	R	R	R	E	K-I-T-R	M-NT-NT-T							562
C.KE.00.KER2010	R	R	R	E	K-I-T-R	NG-S-CT-T							563
C.MM.99.mIDU101_3	R	R	R	E	A-Y-T-N	TD-ETI-T							566
C.MW.93.93MW_965	R	R	R	E	E-N-T-K	TD-ETI-T							549
C.SN.90.90SE_364	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							562
C.SO.89.89SM145	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							563
C.TZ.02.CO178	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							566
C.UY.01.TRA3011	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V							559
C.YE.02.02YE511	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V							563
C.ZA.04.04ZASK164B1	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							572
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							548
C.ZM.02.02ZM108	K	R	R	E	A-N-T-K	I-V							580
D.CD.83.ELI	K	R	R	E	A-N-T-K	I-V							562
D.CM.01.01CM_0009BBY	K	R	R	E	A-N-T-K	I-V							573
D.KE.01.NKU3006	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							577
D.KR.04.04KBH8	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							550
D.TD.99.MN011	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							553
D.TZ.01.A280	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							560
D.UG.99.99UGK09259	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							563
D.YE.01.01YE386	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							550
D.YE.02.02YE516	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							554
D.ZA.90.R1	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V							566
F1.AR.02.ARE933	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V							553
F1.BE.93.V1850	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V							541
F1.BR.01.01BR125	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						559
F1.EG.0.P1146	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						569
F1.FL.93.FIN9363	FV	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V						550
F2.CM.02.02CM_0016BBY	V	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						553
F2.CM.95.MP257	V	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V						558
F2.CM.97.CM53657	R	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						557
G.BE.96.DRCBL	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						555
G.CM.01.01CM_4049HAN	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						557
G.CU.0.C174	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						566
G.ES.00.X558	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						558
G.ES.99.X138	V	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V						559
G.GH.03.03GH175G	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						563
G.KE.93.HH8793_12_1	GX	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						551
G.NG.01.01NGPL0669	V	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V						557
G.PX.P12693	V	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V						584
G.SE.93.SE6165	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						567
H.BE.93.V1991	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						570
H.BE.93.V1997	V	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V						563
H.CF.90.056	V	R	R	R	E	A-N-T-K	I-V						556
J.CD.97.J_97DC_KTB147	K	R	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V					564
J.SE.93.SE7887	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						559
J.SE.94.SE7022	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						561
K.CD.97.EQTB11C	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						559
K.CM.96.MP535	K	V	R	R	E	A-N-T-K	I-V						550

Table with columns for glycosylation sites (immunosubdominant region, glycosylation NAS, glycosylation NHT, glycosylation NKS, glycosylation NYT) and a list of HIV-1/SIVcpz proteins with their corresponding amino acid sequences.

	myristoylation Nef start		acidic cluster	phos poly-P helix	phos	HXB2 premature Nef end	
B.FR.83.HXB2		MGGKWSKSSVIGWPTVRERMR					144
A1.GE.99.99GEMZ011		IV Q L	APA	PG PV Q D Y V	D	K	G F
A1.KE.00.KER2008		IV Q I	TP	PG V Q D	VNHPS T V	R	G L
A1.KE.00.KNH1144		IV E I	TPA	PG V Q D	VNHPS V Y D	R	G L
A1.KE.00.KSM4024	S	R TME	AS	PG V Q D	VNHPS V	R	G L
A1.KE.00.MSA4069		IV E E	VP	SG V Q D Y V	VNHPS V N	R	G L
A1.KE.00.NKU3005	S	IV E I	TPA	NG V Q R	TNHPS V D	R	G L X
A1.RU.00.RU00051		IV E L	APA	RG PV Q D X XV N		K	G X
A1.RU.03.03RU20_06_13		IV Q I	APA	XG PV Q D V	N D	R	G X
A1.RW.93.93RW_024		IV E I	AP PS	TG V Q AR V	TNHPS V	E	R
A1.SE.95.SE8891		IV K A	TP	KG V Q D V	INHPS V	R	G L
A1.SE.95.UGSE8131	N	G E I Q	ARAPHTP	PT TG V Q	INHPS T	AO DEE	R
A1.TZ.01.A173		IV E I	TP	VRGS V Q D	N		R
A1.UA.01.01UADN139		IV Q I	APAPAAPA	TG PV Q D V	N D	K	G F
A1.UG.92.92UG0037	N	CI V E I Q	TPTAARERTR	PT KG V Q D V	VNHPS V	D	R
A1.UG.99.99UGA07072		IV E I	TPA	KG V Q D Y	INHPS V	D	R
A1.UZ.02.02UZ0659		IV Q I	APA	RG PV Q D V	N D	K	G I
A2.CD.97.97CDKS10	N	TIV AI I	TPPAERVGATRGT	TEG V T IG	Y PDS V	E	K V
A2.CD.97.97CDKTB48		RTIV EI	TPPAEEGVPRTP	TEG V Q AR V	N PD	R	A
A2.CY.94.94CY017_41		R TP AI	TPPTAORTA	TEG V Q AT V	SE	R	F G F F
B.AR.04.04AR151516		YIRG A IL	T	G R	D	G E	R
B.AU.87.MBC925		TF	K	AA	TN	D	R
B.BO.99.BOI0122		K	AA	K	E	D V	R
B.BR.03.BREPM2012	S	HIGE A D	ARPAEAERRQ	G	AER	D H D	R
B.CA.97.CANB3FULL	L	R MRE A L		G V R	D	D	K
B.CO.05.05CNHB_hp3	L	R MRE A L		G V R	GR	TA D	R
B.CO.01.PCM001		GCAA S		G V			R
B.GB.83.CAM1		RKAAE AD		EG V	D X H D		R
B.GB.86.GB8		R LG S		EG V	D		R
B.GE.03.03GEMZ010	L	R ME SR D EQ		AEPR			R
B.IT.05.SG1		RLTG A EQ	A	EG	Y L	S	R
B.JP.05.DR6538		Q					R
B.KR.05.05CSR3		KLG I	T	G V	Y L	N D	R
B.NL.00.671.K0T36		RKGG A E		G PV	RY L	N PD	R
B.RU.04.04RU128005	X	R XVE A EK	V	G	P	D A	R
B.TH.00.00TH_C3198		C V OR K K		G V			R
B.UA.01.01UAKV167		R TG A E		EG V	R	VNS	R
B.US.04.ES10_53		MSE SI		AEPRMR	AG	V G	R
B.US.99.PRB959_03		C MG TA K		TEP	AG	V N	R
C.AR.01.ARG4006	N	L A		APPGVDXRQ	EG P Q DRY	L P N D	R
C.BR.04.04BR01	N	C PV SAI I		TD	EG P Q DR	L P N D	R
C.BW.00.00BW07621		IV A I		TD	EG P Q DR	L P N D	R
C.CN.98.YNRL9840		N KVE AI		T	EG Q D Y L X		R
C.ET.02.02ET_288		C PR S I		TP	EG Q D Y L T	PEN	R
C.GE.03.03GEMZ033	X	N IV A I		TD	EG Q D L T	EN D K Q	R
C.IL.99.99IT7		R LV A D IS		TD	EG Q D L T	V	R
C.IN.99.01INS565_10		R AI		AEPA	EG Q D Y L	DTA	R
C.KE.00.KER2010		IV AI		EG	Q D Y L	GN D Q	R
C.MM.99.mIDU101_3		R IV AI		T	EG Q D Y L	DT S D R	R
C.MW.93.93MW_965		I D		TS	EG Q D L T	VSN	R
C.SN.90.90SE_364	X	C IV E I		TN	TG Q D Y L	E Q	R
C.SD.89.89SD145	X	R IV ANI		TRPAEEG	EG Q D Y L N	PTN D	R
C.TZ.02.CO178		R IV EI I		TRPAEEG	EG Q D D	S E	R
C.UY.01.TRA3011	N	C PV DI I		TD	EG P Q D Y L	P N D	R
C.YE.02.02YE511	X	IV V D I		TNPAAGVGAAASD	AG Q A L	PTN	R
C.ZA.04.04ZASK164B1	X	IV AI I		TRPAEEG	EG T Q D	L T	R
C.ZA.05.05ZAPSK240B1	N	K R EI Q		TRP A	G Q D	F T	R
C.ZM.02.02ZM108		IV AI I		TRTGAAT	EG Q D	T D	R
D.CD.83.ELI		IV AI I		TN	G V	S D	R
D.CM.01.01CM_0009BBY		I AI KI		TNPI	G V K	D	R
D.KE.01.NKU3006		I AI I		ID	EG V R V	Q D	R
D.KR.04.04KRBH8		IV AI I		T	G V R	R D	R
D.TD.99.MN011		IV AI I		TD	EG V R	T D	R
D.TZ.01.A280		IV AI I K		TD	EG V R	H D	R
D.UG.99.99UGK09259		IV AI I		KMG SA	EG V Y	T Q PD	R
D.YE.01.01YE386	X	IV AI I		T	EG V	Q SD	R
D.YE.02.02YE516	X	IV AI KI K		TD	G V	NNPA	R
D.ZA.90.R1		IV AI I		TD	G V	S D	R
F1.AR.02.ARE933		IV EI		TP	EG V Q DRR	KNN PD	R
F1.BE.93.V1850		IV A G		TPT	EG V Q DRR	RT PD	R
F1.BR.01.01BR125	N	R IV AI I Q		TPT	EG V Q DRR	RDN PD	R
F1.EE.S.P146		IV A I		TPPTAERRRQ	EG V Q	ASR	R
F1.FL.93.FIN9363		IV AI I		PPPA	EG V Q RR	G PD	R
F2.CM.02.02CM_0016BBY		IV K Q		TPV	EG KV Q D	N G	R
F2.CM.95.MP257		IV AI I		EG	V Q D R	N G	R
F2.CM.97.CM53657		KV I Q		TPA	PG V Q D	Q RD	R
G.BE.96.DRCBL	X	N RK A E I Q		HPA	EG V Q DR	R G PD	R
G.CM.01.01CM_4049HAN		IV KI I Q		TPIAAE	EG V Q AR	N PDS	R
G.CU.C674		IV A V I Q		TP	EG V Q AR	N PD	R
G.ES.00.X558		IV E I		TP	EG V Q AR	N PD	R
G.ES.99.X138		C IV XI IK		XP	VGX V Q AR	N PD	R
G.GH.03.03GH175G	I	R IKE K K KI Q		PA	EG Q D	L	R
G.KE.93.HH8793_12_1		R A I I Q		TPIROTP	EG V Q AR	TN PD	R
G.NG.01.01NGPL0669	X	S C I V A I I Q		TPTEER	GA EG Q AR	PD V Q	R
G.PX.P2695		C IV A I I Q		TP	EG V Q AR	N D	R
G.SE.93.SE6165		IV E I N		TPT	EG V Q DR	N PD	R
H.BE.93.V1991		GCIS A E I Q		T	EG V Q DRR	V IN I SN	R
H.BE.93.V1997		IV A I I		Q	G V	DRR V IN	R
H.CF.90.056		RMG S I		V	EG V DRR	V IN S RDA	R
J.CD.97.J_97DC_KTB147		TA SEI		ATPDA	EG Q DR	VE S	R
J.SE.93.SE7887	N	Q D		APA	G V A A	D	R
J.SE.94.SE7022	N	Q D		AAPA	G V A A	DD	R
K.CD.97.EQTB11C		IV S K		TP	G V Q D V	FN PD	R
K.CM.96.MP535		IV AI		ARPAADRVTG	G V Q AR V	SHN PD	R

	myristoylation Nef start	acidic cluster	phos poly-P helix	phos	HXB2 premature Nef end	
B.FR.83.HXB2	MGGKWSKSSVIGWPTVREMR	144
01_AE.CF.90.90CF11697	143
01_AE.CN.05.F1051	145
01_AE.CN.06.F1054	139
01_AE.HK.x.HK001	145
01_AE.JP93.93JP.NH1	143
01_AE.TH.01.01TH.R2184	130
01_AE.TH.02.OUR7691	130
01_AE.TH.90.CM240	143
01_AE.US.00.00US_MSC1164	128
02_AG.CM.02.02CM.4082STN	140
02_AG.EC.x.EC141	145
02_AG.FR.91.D1264	167
02_AG.GH.03.GHNJ196	150
02_AG.NG.01.PL0710	145
02_AG.NG.x.IBNG	145
02_AG.SE.94.SE7812	145
02_AG.SN.98.MP1211	148
02_AG.UZ.02.02UZ710	145
03_AB.RU.97.KAL153_2	141
04_cpx.CY.94.CY032	158
05_DFBE.x.V11310	146
06_cpx.AU.96.BFP90	144
06_cpx.RU.05.04RU001	146
07_BC.CN.97.CN54	145
08_BC.CN.97.97CNGX_6F	145
09_cpx.GH.96.96GH29PI	146
10_CD.TZ.96.96TZ_BF061	146
11_cpx.GR.x.GR17	147
12_BF.AR.99.ARMA159	145
13_cpx.CM.96.1849	138
14_BG.DE.01.9196_01	146
14_BG.ES.99.X397	146
15_01B.TH.99.99TH_MU2079	139
16_A2D.KR.97.97KR004	155
18_cpx.CU.99.CU76	146
19_cpx.CU.99.CU7	146
20_BG.CU.03.CB471	148
21_A2D.KE.91.KNH1254	146
23_BG.CU.03.CB118	147
24_BG.CU.03.CB378	162
25_cpx.CM.01.101BA	147
27_cpx.CD.97.97CDKTB49	146
28_BFBR.99.BREPM12609	149
29_BFBR.02.BREPM119	145
31_BC.BR.02.110PA	147
33_01B.MY.05.05MY.KL007_1	145
34_01B.TH.99.OUR2478P	145
35_AD.AF.05.05AF095	143
36_cpx.CM.00.00CMNYU830	131
37_cpx.CM.00.00CMNYU926	132
42_BFLU.03.luBF_05_03	145
N.CM.02.DJO0131	152
N.CM.04.04CM_1015_04	151
N.CM.04.04CM_1131_03	152
N.CM.95.YBF30	151
N.CM.97.YBF106	146
O.BE.87.ANT70	151
O.CM.91.MVP180	150
O.CM.96.96CMABB637	155
O.CM.98.98CMA104	151
O.CM.99.99CMAU4122	149
O.SN.99.SEMPI299	149
O.US.99.99USTWLA	149
O.FR.92.VAU	153
CPZ.CD.90.ANT	143
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	147
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	145
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	145
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	145
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	149
CPZ.GA.88.GAB1	145
CPZ.TZ.01.TAN1	141
CPZ.US.85.CPZUS	149

normal Nef end
 VPEVPEDKIEE . ANKGEN . TSLHHPVSLHGMDPEREVLWRFDSRLAFHHVARELHPPEYFKNC*
 --D-SEV--TE--N--ICQ--E--M-K--LT-R--Y-D-
 --D-EV-R--TE--N--ICQ--E--K-Q--T-Q--I--Y-D-
 --D-EV-K--TE--N--ICQ--E--G--R-K--H--LE-T--KK--FY-D-
 --D-EV-K--TE--N--ICQ--E--K-Q--K--H--RK-R-L--FY-D-
 --D-EV-K--TE--N--ICQ--E--E-K--K-K--LR-R--M--Y-D-
 --A-XEV-K--E--N--MCO--ED-T-M-K--LK-R-Q--FY-D-
 --D-XEV--TE--GENNC--ICQ--D-G--M-K--LK-R-Q--P-FY-D-
 --D-EEV--TE--N--X--ICQ--E--K--M-K--X--LX-R--FY-D-
 --D-EV-K--TE--N--ICQ--E--K--V--LK-R--FY-D-
 --D-EV-K--TE--N--ICQ--E--T-M-K--LT-R--FY-D-
 --D-EV-K--TE--N--MCO--E--T-M-K--PH--K-R-F--Y-*
 --D-EEV-K--TE--R--I-Q--D--T-R-T--K--LK-I--DFY-D-
 --D-AEV--TE--N--ICQ--V--E-K--M-K--LT-I--K--FY-D-
 --DE-EV--TG--N--ICQ--E--K--T-R-K--S--RV-K--FY-D-
 --D-EV-K--TE--N--ICQ--E--K--T-R-K--R-L--FY-D-
 --D-EEV--TE--N--ICQ--E--K--M-K--LT-R--FY-D-
 --D-SEV--TE--N--ICQ--AE--K-K--LR-L-Q--FY-D-
 --SEV--TO--N--ICQ--V--R-E-RS--RR-R--Y-D-
 --DKEQV-K--E--NC--G--E-S-K--I-K--M--Y-D-
 --E--E--N--M--E--K--V-K--M--FY-D-
 --LD--QV-R--M-Q--K--V-K--M--FY-D*
 --L-EEV-K--E--GENN--I--E-A-G-V--LR-L-K--FY-D*
 --E--E--NV--M--E--G--V-K--M-K--Y-D-
 --D-EQV--ENNC--M-Q--T--M-K--M-K--FY-D-
 --EEV-K--E--N--M--K--Q-K--M--FY-D-
 --D-EV-K--R--A--M--M--K--M--K--FY-D-
 --EEV-K--E--NC--M-Q--IE--K--V-K-N--M--FY-D-
 --DQEQV-K--E--NC--I-Q--V--K--M-K-K--K--Y-*
 --E-QV--NC--M--E--V-K--S--L--R--Q--FY-D-
 --KE-V--VTER--I-Q--IE--M-K--M--D--Y-
 --D-QV-K--E--N--M-Q--I--K--V-K--M--I--Y-
 --DQE-V--E--N--M--K--M-K--I--K--Y-*
 --D-QV-K--E--NC--M-Q--K--M-K--M--I--Y-D-
 --TE-V--E--GENN--I--E--K--Q-K--R--M--Y-D-
 --V--E--NI--I--E--K--Q-K--H--R-M--Y-D-
 --D-REX--XT--N--M--E--SDG--Q-K--L--RR-M--Y-D-
 --D-KEV--E--N--M-Q--RI--DH--M-K--S--RR--Y-D-
 --D-KEV--E--NC--M-Q--RI--DH--M-K--S--RR--Y-D-
 --D-SEV--E--NC--I--EDK--M-K--IS--HR-L--Y-D*
 --D-GEV--D--NC--M-Q--V--DK--M-K--S--RR-L--FY-D-
 --D-KEV--E--NC--M--IE--ED--R-K--H--RR-M--DFY-D-
 --D-REV--NR--MCO--IE--GD--M-K--H--RK-M--FY-D-
 --D-REV--E--NC--M-Q--IE--E--R-Q--L--HR-L-Q--Y-D-
 --D-RDV--T--D--NC--CO--E--EHG--Q-K--Q--LR-R--FY-D-
 --D-REV--E--NC--M-Q--IE--ED--I--R-K--Q--RR-L-Q--FY-D-
 --D-REV--E--NC--M--E--EX--M-K--TO--HR-M--FY-D-
 --D-REV--D--N--M-Q--E--ED--R-K--L--RR-M--Y-
 --D-SEV--E--NC--M--E--ED--K-K--L--HR-M--Y-D-
 --D-REV--E--N--M-M--E--HK--Q-K--L--HR-M--Y-D-
 --D-REV--E--N--I--E--GDG--M-K--HR--FY-D-
 --D-REV--SS--T--NC--INQ--E--ED--V-K--HT-M--WY-D-
 --D-REV--E--D--NF--M--E--E--G--K-K--S--RR-L--I--Y-D-
 --D-GEV--SE--D--NC--ANQ--EH--K-K--L--RR-M--Y-D-
 --D-QEV--DTE--T--N--ICQ--E--Q--K--N--E--K--M--FY-*
 --D-KEV--NTE--NC--MCO--E--M--N--E--K--TM--Y-D-
 --SEEV--E--NC--M-Q--IE--Q--K--N--K--E--K--M--FY-D-
 --D-KVV--ETE--NC--MNO--G--K--V--N--E--K--K--F--D-
 --D-KEV--TTE--SC--I-Q--E--T-K--V--N--E--K--S--Y-D-
 --E-V--TE--NC--INQ--E--K--I--E--K--Q--YMKDR
 --D-KEV--DTE--SC--MCO--E--Q--K--M--N--K--E--K--KM--FY-D-
 --D-KMV--E--E--D--KC--MHO--G--K--V--N--K--E--K--KT--F--D-
 --D-QEV--Q--TE--GETNC--MNO--E--K--K--N--K--E--K--Y-D-
 --D-EEV-K--E--NC--M-Q--E--ED--R-K--S--LR-I--R--FYQD*
 --D-EEV-K--SE--NC--INQ--E--ED--Q-K--M--R--K-T--FYQD*
 --P-EV-K--E--GETNC--M-Q--E--ADG--M-K--M--R--K-T--FYQD*
 --EEV-K--E--NC--M-Q--E--ED--K-K--L--K-I--R--FYRD*
 --D-EEV-K--E--NC--M--E--DDK--K-Q--LR-I--R--Y-D-
 --EEV-K--E--NC--M-Q--E--ED--K-K--S--RR-R--M--Y-D*
 --M-SEV--N--ICQ--E--EDG--V--S--RR-L--Y-D-
 --LD-AE--T--N--ICQ--E--DD--I--S--RR-L--DFY-D-
 --E-MD-AEV--DT--N--ICQ--E--ADN--I--K--S--RR-M--X--FY-D-
 --E-MD-AEV--TE--N--ICQ--E--ADN--I--K--X--RR-M--NFY-D-
 --ID-AEV--T--N--ICQ--IE--EDK--V--K--S--RR-L--Y-
 --D-AVV--TTE--N--IWO--E--ED--I--S--RR-L--FY-
 --MN-AE--N--LCO--E--AD--V--S--RR-I--Y-*
 --MD-AEV--E--GENN--ICQ--E--ADK--V--S--RR-I--NFY-D-
 --MD-AEV--N--ICQ--E--ED--V--S--RR-I--Y-D-
 --D-QDV-K--E--N--MCO--IE--M-K--LR-R-K--FY-D-
 --I-D-QEV-R--E--NC--Y--ICQ--E--E--G--M-K--T--T--K--FY-D-
 --N-QEV-Q--E--N--M--E--DG--M-K--LT--L--VK--Y-D-
 --D-GEV-R--E--GEDNR--ICQ--E--ED--M-K--TS--RR-M--FY-
 --D-SEV--E--NC--ICQ--IE--E--Q-K--S--RR-I--FY-D-
 --D-SEV--E--NC--ACO--IE--E--K-K--S--RR-I--FY-D-
 --D-REV--TE--N--NO--E--EH--K-K--S--RK--M--Y-D-
 --D-AEV--TTE--D--NC--INQ--E--EH--I--M-K--S--RR--D-Y-D-

205
208
205
206
204
205
205
208
208
205
210
196
213
216
205
208
130
217
218
208
207
203
215
206
205
207
211
207
206
36
207
204
205
205
133
205
212
209
216
207
207
45
206
208
208
208
208
208
208
208
212
212
208
209
206
134
208
203
207
208
208
208
208
205
208
91
205
205
216
208
132
200
205
208
121
208
207
208
208
210
210
208
208
208
208
207
202
204
205
207
207
202
204
205
207
207
202

normal Nef end

B.FR.83.HXB2 VPVEPKIEE.ANKGEN.TSLLHPVSLHGMDPEREVLWRFDSRLAFHHVARELHPPEYFKNC*

01_AE.CF.90.90CF11697 --D-KEV-.D-D-S-NC---M-Q-V-E---M-K-S-RR-I---R---Y-D-

01_AE.CN.05.FJ051 I-D-KEA-.DT----SC---M-Q---G-EHG---M-K-S-RR-I---KY-QFY-D-

01_AE.CN.06.FJ054 --D-KDV-.NT----C---I-Q---E-E-G---M-K-A-RR-I---M---Y-D-

01_AE.HK.x.HK001 --D-KEV-.D-R-.NC---M-Q---E---M-K-A-RR-I---M---FY-D-

01_AE.JP.93.93JP.NH1 --D-KEV-.D-R-.NC---M-Q---E---M-K-A-RR-I---M---FY-D-

01_AE.TH.01.01TH.R2184

01_AE.TH.02.OUR7691

01_AE.TH.90.CM240 --DQREV-.D-----NC---M-Q-IE-E---M-K-A-RR---Q---Y-D-

01_AE.US.00.00US_MSC1164

02_AG.CM.02.02CM_4082STN

02_AG.EC.x.EC041

02_AG.FR.91.DJ264 E-MD-AEV---N---ICQ--E-ED---V---S-RR-I---R---FY-D-

02_AG.GH.03.GHNJ196 --ID-AEV---E---NV---ICQ--E-ED---V-K---T-T---FY-D-

02_AG.NG.01.PL0710 --MD-AEV---TE---N---ICQ--E-DH-Q-V-K-Q-Q-R-H---Y-D-

02_AG.NG.x.IBNG --MD-AEV---E---N---ICQ--E-DD---I---R-T---Y-D-

02_AG.SE.94.SE7812 --MD-AD-.K.DTE---N---ICQ--E-ED---V---T-K---M---FY-D-

02_AG.SN.98.MP1211 --MD-AEV---Q---N---ICQ--E-EDK---V---R-K---Y-D-

02_AG.UZ.02.02UZ710 --MD-AE-K-.E---NA---ICQ--LE-ED---V---K-K---FY-D-

03_AB.RU.97.KAL153_2 --D-AEV---TE---N---ICQ--E-K---M-K---LT-R---FY-D-

04_cpx.CY.94.CY032 --D-QEV---TE---C---I-Q---E-E---K-K---YK---FY-D-

05_DFBE.x.VII310 --N-EEV-K-.E---D-NC---M---E-DD---Q-K-S-LR-I---R---FYD*

06_cpx.AU.96.BFP90 --D-FEV---LT---NC---ICQ--AE-E---K-K-S-RR-I---K---FY-D-

06_cpx.RU.05.04RU001 --D-REV---NC---IC--AE-EHG---M-K-S-RR-I---K---FY-D-

07_BC.CN.97.CN54 --D-REV---E---D-NC---CO---E-DH---K-K-Q-HR-R---FY-D-

08_BC.CN.97.97CNGX_6F --D-REV---E---D-NC---CO---E-EH---K-K-Q-HR-R---FY-D-

09_cpx.GH.96.96GH29I1 --D-KEV---TG---N---MCO-V-S.GG-M---T-LKXI-K---FY-D-

10_CD.TZ.96.96TZ_BF061 --D-REV---NC---M---E-KHG---V-K-T-HK-I---Y-D-

11_cpx.GR.x.GR17 --D-REV---E---NC---M-Q-IE-ED---R-K-S-RR-I---DFY-D*

12_BF.AR.99.ARMA159 --D-VEV-K-.E---NC---M-Q-IE-ED---I-K---LR-L-K---WY-D*

13_cpx.CM.96.1849 --ID-KEV---E---NC---M-Q-IE-A---M-K-S-RR-I---FY-D-

14_BG.DE.01.9196_01 --D-AE---T---N---ICQ--E-XDN---R-T-S-RR---DFY-D-

14_BG.ES.99.X397 E-MD-AE---T---N---ICQ--E-ADN---I---S-RR-I---NFY-D-

15_01B.TH.99.99TH_MU2079 --D-SDV-.N-----NC---M-Q-IE-E---K-Q-A-RR-I---Y-D-

16_A2D.KR.97.97KR004 --S-AEV---TE-T-N---ICQ-IE---K-V-H-LV-K---FY-D-

18_cpx.CU.99.CU76 --DSNEV---E---N---ICQ--E-E---K-K-A-RR-I---Q---FY-D-

19_cpx.CU.99.CU7 --D-KEA-K.DTE---NC---ACQ-----K-V---N---X-K-IK---FY-D-

20_BG.CU.03.CB471 --MD-AEV---N---ICQ--E-A-G---V---S-RR-I---FY-D-

21_A2D.KE.91.KNH1254 --D-SEV---ETQ---N---ICQ--AE---R-E-Q-GLR---M---FY-D-

23_BG.CU.03.CB118 --D-ADV---SN---N---ICQ--E-DDK---M---S-RR-I---R-DFY-D-

24_BG.CU.03.CB378 --MD-AEV---R---N---I-Q-IE-D-G-V---S-RR-I---FY-D-

25_cpx.CM.01.101BA --MD-EE---ED-.N---LCX---AH---V---S-RR-I---K---WY-D-

27_cpx.CD.97.97CDKTB49 --D-QEV---S---ICQ--E-GDG---K-V---LK-L-L-T---FY-D-

28_BF.BR.99.BREPM12609 --D-EQV-A-.E---N---M-Q---K-M-K---M---Y-D*

29_BF.BR.02.BREPM119 --D-E-V-.TE---NC---N---E---K-K-K-K---L---Y---Y-

31_BC.BR.02.110PA --D-REV---E---N---M---E-EHG---Q-K-L-HK-I---Y-Y-

33_01B.MY.05.05MYKL007_1 --D-KEV---E---NC---M-Q-I-ED---M-K-A-RR---Y-D-

34_01B.TH.99.OUR2478P --D-GEVK-. ENSC---M-Q-IE-E---M-K-A-RR-I---FY-D-

35_AD.AF.05.05AF095 --D-VEV-K-.E---GENN---MCO---E-G---M-K---LK-R-Q---FY-D-

36_cpx.CM.00.00CMNYU830

37_cpx.CM.00.00CMNYU926

42_BFLU.03.luBF_05_03 --X-QV-K-.TE.GEN---M---E-T---V-K-K---H-M---Y-D-

N.CM.02.DJO0131 --LSAEAV---E-D-.NA---LCQ--V-GHK---Q-Q-S-RR-I---DFY---

N.CM.04.04CM_1015_04 --LSAEAV---E-D-.NA---ICQ--V-DHK---V---S-RR-I---DFY---

N.CM.04.04CM_1131_03 --LSAEAV---E-D-.NA---ICQ--V-EHK---V---S-RR-L---DFY---

N.CM.95.YBF30 --LSAEAV---E-D-.NA---ICQ--A-DHK---V---S-RR---FY---

N.CM.97.YBF106 --LSAEAV---E-D-.NA---ICQ--V-DHKQ---V---S-RR---K---DFY---

O.BE.87.ANT70 --SEEEA-RLG-TC-R.AM---ACA-FE-THK-I-M-K-RS-GNT---MIT---L-QKD-

O.CM.91.MVP5180 --SAAEA-RLG-TN-D.A---ACN-AE-AHG-I-K-Q-RS-GLT-I-LQK---L-PK*

O.CM.96.96CMAABB637 --SEAEA-RLG-TC-R.AM---ACN-S-AHG-IPK-Q-TS-RT---LIT---L-NKO-

O.CM.98.98CMA104 --SEAEA-LG-H-R.AK---ACA-FG-AHG-I-K-Q-RS-GLT---KIT---L-PKD-

O.CM.99.99CMU4122 --SEAEA-LG-CVT.AK---ACN-SE-HG-I-K-Q-RS-GNI---KVT---L-LKO-

O.SN.99.SEMP1299 --SEAEA-LG-C-R.A---ACN-FE-NHGQI-K-Q-RS-GST---MVTN---L-NKD-

O.US.99.99USTWLA --TEDEA-OLG-D-G.AM---ACN-SE-HHG-M-K-Q-S-GLT---MVT---L-IKU-

O.FR.92.VAU --SEAEA-ALG-C-R.A---ACN-YE-QHK-I-K-Q-RS-NT---LIT---L-SKD-

CPZ.CD.90.ANT --SP.PDD. R.NI---ACT-DG-HK-I-R-E-AS-MRR-I---R---RD*

CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13 --LTTEOV-A-.E-D-.NC---ICQ--E-ESK---I---LR-I---K---Y-D*

CPZ.CM.05.SIVcpzEK505 --LS-EEV---Q-D-.NV---MCO--E-DK---V---S-RV-R---FYQ---

CPZ.CM.05.SIVcpzLB7 --LT-EEV---NL---ICQ--E-EDK---I-KY-Q-LR-I---S-Y---

CPZ.CM.05.SIVcpzMB66 --L-EEV-R-.E-D-.NI---ICQ--QE-EA---V-T---LK-R---Y-D-

CPZ.CM.05.SIVcpzMT145 --LP-EEV-K-.E-D-.NC---MCO--SE-E---V-T---S-GLT---K---Y-RD-

CPZ.GA.88.GAB1 --LTTEOV-Q-.E-D-.NC---ICQ--E-EDK---V---LR-I-Q---Y-D*

CPZ.TZ.01.TAN1 --D-PEDD-.K. NI---ACS-TT-DG-T-I---S-RR-I---RY---*G-

CPZ.US.85.CPZUS --LTEEEV-Q. T.NI---MCO--E-EHG---I-Q-TE-RR-R-K---R-*.

205
205
207
207
207
205
205
130
130
205
128
140
138
207
229
212
207
207
207
210
207
203
220
206
206
208
207
207
207
208
207
205
200
208
208
201
217
208
208
210
208
209
224
209
208
209
207
209
207
203
205
131
132
207
214
213
214
213
208
214
212
212
212
216
198
207
207
207
207
206
205
196
209

VI

HIV-2/SIV Proteins

Contents

VI-1	Introduction	361
VI-2	Annotated Features	362
VI-3	Sequences	363
VI-4	Alignments	369
VI-4.1	Gag	369
VI-4.2	Pol	373
VI-4.3	Vif	380
VI-4.4	Vpx	382
VI-4.5	Vpr	383
VI-4.6	Tat	384
VI-4.7	Rev	385
VI-4.8	Env	387
VI-4.9	Nef	393

VI-1 Introduction

There are 104 complete or nearly complete genomes (sequences longer than 4,000 bases) in our database that are from the HIV-2 and SIV-Sooty mangabey group. Twenty-eight sequences are HIV-2 but there are duplicates, only 20 are from unique samples. Seventy-six are SIVs (36 SIVsmm, 37 SIVmac, 2 SIVmne, 1 SIVstm). Although all these viruses have Sooty mangabeys as the natural host, there have been cross-species transfers into humans to create the HIV-2 groups A through G as well as into captive macaques (Rhesus macaques = mac, Stump tailed macaques = stm and Pig tailed macaques = mne) by unintentional interspecies interactions. Intentional cross species transfers of virus remain labeled as being from the original host (e.g., HIV-1 injected into a Chimpanzee is labeled as HIV-1 and not as SIVcpz; SIVsmm injected into a Rhesus macaque is labeled as SIVsmm and not SIVmac). Sixty-four of the 104 complete genomes are presented in the complete genomes alignment in this compendium, the others were not included because they are replicates of the same strain or isolate. These same 64 sequences are present in most of the HIV-2/SIVsmm protein alignments except that in proteins such as Env and Nef, where a large set of sequence entries containing that gene only and not the complete genome were available. For those proteins, we chose a diverse set including the sub-genomic sequences, and when more sequences than would fit on a page were available, highly similar sequences from the complete genome set of 64 were dropped (for example some of the several SIVmac sequences).

VI-2 Annotated Features

Features of HIV-2 annotated in the alignment that follows.

Feature	Protein	Location	Page
Gag p15 start	Gag	1	369
p15	Gag	135	369
p27	Gag	136	369
p27	Gag	364	371
p2	Gag	365	371
p2	Gag	381	371
p8	Gag	382	371
p8	Gag	433	371
p1	Gag	434	371
p1	Gag	447	371
p6	Gag	448	371
PTAP motif	Gag	458-461	371
PSAP in HIV-2 B, U	Gag	476-479	371
p6 end	Gag	510	372
Gag end	Gag	510	372
Pol p15 start (-1 from Gag)	Pol	1	373
p15	Pol	67	373
protease	Pol	68	373
protease	Pol	166	374
p51 RT start	Pol	167	374
D catalytic site	Pol	276	374
DD catalytic site	Pol	351	375
p51 RT end	Pol	605	376
p15 RNase H start	Pol	606	376
p15 RNase H end	Pol	725	377
p31 Integrase start	Pol	726	377
p31 Integrase end	Pol	1018	379
Pol end	Pol	1018	379
Vif start	Vif	1	380
Vif end	Vif	214	381
Vpx start	Vpx	1	382
Vpx end	Vpx	112	382
Vpr start	Vpr	1	383
Vpr end	Vpr	101	383
Tat start	Tat	1	384
exon 1 end	Tat	99	384
exon 2 start	Tat	100	384
Tat end	Tat	130	384
Rev start	Rev	1	385
exon 1 end	Rev	24	385
exon 2 start	Rev	25	385
Rev end	Rev	107	385
Env start	Env	1	387
signal peptide end	Env	22	387
gp120 start	Env	23	387
V3	Env	311-344	388
gp120 end	Env	525	390
gp41 start	Env	526	390

Feature	Protein	Location	Page
Env end	Env	879	392
Nef start	Nef	1	393
R17Y mutation	Nef	17	393
max HIV-1 similarity	Nef	153-182	393
premature stop in Mac239	Nef	93	393
normal Nef end	Nef	262	394

VI-3 Sequences

Sequences included in the HIV-2/SIV protein alignments.

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
H201_AE.US.91.PA	L33093	Pol	Gao, F	<i>J Virol</i> 68 (11); 7433-47 (1994)
H2A.CI.88.UC2	U38293	All	Barnett, SW	<i>Virology</i> 222 (1); 257-61 (1996)
H2A.CI.x.IC763124	U76641	Nef	Switzer, WM	<i>J Infect Dis</i> 177 (1); 65-71 (1998)
H2A.DE.91.HOM	U73757	Nef	Fackler, OT	<i>Eur J Biochem</i> 247 (3); 843-51 (1997)
H2A.DE.92.NEP	U73758	Nef	Fackler, OT	<i>Eur J Biochem</i> 247 (3); 843-51 (1997)
H2A.DE.x.BEN	M30502	All	Kirchhoff, F	<i>Virology</i> 177 (1); 305-11 (1990)
H2A.DE.x.PEI2	U22047	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Talbott, R	<i>PNAS USA</i> 90 (9); 4226-30 (1993)
H2A.FR.x.96206	AF170048	Env	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1); 19-30 (2001)
H2A.FR.x.96226	AF170030	Env	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1); 19-30 (2001)
H2A.FR.x.96330	AF170047	Env	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1); 19-30 (2001)
H2A.GH.x.GH1	M30895	All	Hasegawa, A	<i>ARHR</i> 5 (6); 593-604 (1989)
H2A.GM.87.D194	J04542	All	Kuehnel, H	<i>PNAS USA</i> 86 (7); 2383-7 (1989)
H2A.GM.90.CBL24	U05353	Env	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
H2A.GM.x.CBL23	U05352	Env	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
H2A.GM.x.ISY	J04498	All	Franchini, G	<i>PNAS USA</i> 86 (7); 2433-7 (1989)
H2A.GM.x.MCN13	AY509259	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	Schmitz, C	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
H2A.GW.86.FG	J03654	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env	Zagury, JF	<i>PNAS USA</i> 85 (16); 5941-5 (1988)
H2A.GW.87.CAM2CG	D00835	All	Tristem, M	<i>J Gen Virol</i> 1991 Mar;72(Pt 3):721-4
H2A.GW.x.ALI	AF082339	All	Azevedo-Pereira, JM	Unpublished (1998)
H2A.GW.x.CAM1	U05359	Env	Breuer, J	<i>J Gen Virol</i> 1995 Feb;76(Pt 2):333-45
H2A.GW.x.MDS	Z48731	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Becker, M	Unpublished (1995)
H2A.PT.x.1069	AJ344389	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
H2A.PT.x.1147	AJ344390	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.1215	AJ344393	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.1227	AJ344391	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.1320	AJ344394	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.1378	AJ344414	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.1428	AJ344408	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.1543	AJ344405	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.1544	AJ344407	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.1567	AJ344409	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.268	AJ344410	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.483	AJ344401	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.546	AJ344403	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.794	AJ344388	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.B1_1	AJ344406	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.EP	AJ344387	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.MP1	AJ344385	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.PT.x.MP2	AJ344386	Nef	Padua, E	<i>J Gen Virol</i> 2003 May;84(Pt 5):1287-99
H2A.SN.85.ROD	M15390	All	Clavel, F	<i>Nature</i> 324 (6098); 691-5 (1986)
H2A.SN.x.ST	M31113	Env, Nef	Kumar, P	<i>J Virol</i> 64 (2); 890-901 (1990)
H2A.x.x.JAU2	L28936	Vif		<i>ARHR</i> 14 (5); 465-9 (1998)
H2AB.CI.90.7312A	L36874	All	Gao, F	Unpublished
H2B.CI.88.UC1	L07625	All	Barnett, SW	<i>J Virol</i> 67 (2); 1006-14 (1993)
H2B.CI.x.EHO	U27200	All	Rey-Cuille, MA	<i>Virology</i> 202 (1); 471-6 (1994)
H2B.CI.x.IC762993	U76639	Nef	Switzer, WM	<i>J Infect Dis</i> 177 (1); 65-71 (1998)
H2B.FR.x.96200	AF170057	Env	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1); 19-30 (2001)
H2B.FR.x.97227	AF170052	Env	Damond, F	<i>Virology</i> 280 (1); 19-30 (2001)
H2B.GH.86.D205	X61240	All	Kreutz, R	<i>ARHR</i> 8 (9); 1619-29 (1992)
H2B.JP.01.KR020	AB100245	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env	Oka, S-I	<i>ARHR</i> 19 (11); 1045-9 (2003)
H2C.LR.x.2238	M87138	Pol	Gao, F	<i>Nature</i> 358 (6386); 495-9 (1992)
H2D.LR.90.FO784PA	M87110	Pol	Gao, F	<i>Nature</i> 358 (6386); 495-9 (1992)
H2D.LR.90.FORTC2	M87111	Pol	Gao, F	<i>Nature</i> 358 (6386); 495-9 (1992)
H2G.CI.x.ABT96	AF208027	All	Brennan, CA	<i>ARHR</i> 13 (5); 401-4 (1997)
H2U.FR.96.12034	AY530889	All	Damond, F	<i>ARHR</i> 20 (6); 666-72 (2004)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
MAC.US.x.17EC1	AY033233	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Anderson, MG	<i>Virology</i> 195 (2); 616-26 (1993)
MAC.US.x.17EFR	AY033146	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Flaherty, MT	<i>J Virol</i> 71 (8); 5790-8 (1997)
MAC.US.x.1937	AY611495	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.2065	AY611493	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.239	M33262	All	Kestler, H	<i>Science</i> 248 (4959); 1109-12 (1990)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Planelles, V	<i>ARHR</i> 7 (11); 889-98 (1991)
MAC.US.x.251_32H_PJ5	D01065	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Rud, EW	<i>J Gen Virol</i> 1994 Mar;75(Pt 3):529-43
MAC.US.x.251_BK28	M19499	All	Franchini, G	<i>Nature</i> 328 (6130); 539-43 (1987)
MAC.US.x.270W	AY290712	Env	Buckley, KA	<i>Virology</i> 312 (2); 470-80 (2003)
MAC.US.x.418	AY302466	Env	Mansfield, KG	Unpublished
MAC.US.x.80035	AY611486	Vif, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.81035	AY599200	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.85013	AY611490	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.92050	AY603959	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.92077	AY599201	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.93057	AY611492	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.93062	AY607704	Vpx, Vpr, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.95058	AY611494	Vif, Vpx, Vpr	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.95086	AY607703	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.95112	AY588946	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96016	AY607701	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96020	AY611488	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96072	AY611491	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96081	AY597209	Vif, Vpx, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96093	AY611489	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96114	AY588945	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
MAC.US.x.96123	AY611487	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.96135	AY607702	Vpx, Vpr, Tat	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.97009	AY599199	Vpr, Tat	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.97074	AY599198	Vpr	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.BK28_H824	U86638	Vif, Vpx, Tat, Rev, Env, Nef	Edmonson, P	<i>J Virol</i> 72 (1); 405-14 (1998)
MAC.US.x.BR5	AY290716	Env	Buckley, KA	<i>Virology</i> 312 (2); 470-80 (2003)
MAC.US.x.BR5	AY290711	Env	Buckley, KA	<i>Virology</i> 312 (2); 470-80 (2003)
MAC.US.x.MAC239_87082	AY600249	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.MM142	Y00277	All	Chakrabarti, L	<i>Nature</i> 328 (6130); 543-7 (1987)
MAC.US.x.SMM142B	BD131285	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env	Alizon, M	Patent: JP 2002030099-A 2 29-JAN-2002; INSTITUT PASTEUR
MAC.US.x.r80025	AY576480	Vpr	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.r90131	AY576481	Vpr, Rev	O'Connor, DH	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	All	Kimata, JT	<i>J Virol</i> 72 (1); 245-56 (1998)
MNE.US.x.MNE027	U79412	All	Kimata, JT	<i>J Virol</i> 72 (1); 245-56 (1998)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	All	Chen, Z	<i>J Virol</i> 70 (6); 3617-27 (1996)
SMM.US.02.YNPRC_FAL	AY965498	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FAL	AY965402	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FBL	AY965462	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FBL	AY965395	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FCP	AY965499	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FIP	AY965461	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FIP	AY965404	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FKL	AY965497	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FUP	AY965500	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FUP	AY965405	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FVN	AY965490	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FVN	AY965431	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FWS	AY965488	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FWS	AY965394	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FYN	AY965507	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.02.YNPRC_FYN	AY965410	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.03.TNPRC_D215	AY965511	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.03.TNPRC_D215	AY965445	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.03.TNPRC_G932	AY965477	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.03.TNPRC_M924	AY965481	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.03.TNPRC_M934	AY965491	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.77.CNPRC_CFU212	AY965512	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_6001_G930	AY965463	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	AY965466	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	AY965415	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_CFU212	AY965468	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_CFU233	AY965473	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.79.NIRC_CFU233	AY965422	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.80.NIRC_6001_G930	AY965413	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.81.NIRC_CFU233	AY965515	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.81.TNPRC_G930	AY965434	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.82.NIRC_6007_G932	AY965467	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.84.TNPRC_F104	AY965475	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
SMM.US.85.TNPRC_F102	AY965370	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.85.TNPRC_F104	AY965476	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_6001_G930	AY965464	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_6002_G931	AY965465	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_CFU212	AY965513	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_CFU226	AY965514	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_CFU226	AY965471	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_CFU232	AY965472	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.86.NIRC_CFU233	AY965474	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.89.TNPRC_G930	AY965509	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.90.TNPRC_F100	AY965496	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.90.TNPRC_F100	AY965397	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.91.TNPRC_G931	AY965435	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.93.TNPRC_D178	AY965505	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.93.TNPRC_E042	AY965486	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.93.TNPRC_F102	AY965412	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.93.TNPRC_M920	AY965357	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.94.TNPRC_G080	AY965455	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.94.TNPRC_M927	AY965456	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.94.TNPRC_M927	AY965392	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D171	AY965484	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D175	AY965377	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D175	AY965441	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D175	AY965419	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D176	AY965489	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_D177	AY965443	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_E045	AY965506	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_F102	AY965453	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_G932	AY965508	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_G932	AY965436	Pol	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_M939	AY965485	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.95.TNPRC_M942	AY965501	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.97.TNPRC_G080	AY965363	Gag	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.97.TNPRC_G080	AY965398	Env	Apetrei, C	<i>J Virol</i> 79 (14); 8991-9005 (2005)
SMM.US.x.62K	U04989	Vpr	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 68 (4); 2649-61 (1994)
SMM.US.x.BPZ_m12	AY603050	Vif, Vpx, Tat, Rev	Glenn, AA	<i>Virology</i> 325 (2); 297-307 (2004)
SMM.US.x.F236_H4	X14307	All	Hirsch, VM	<i>Nature</i> 339 (6223); 389-92 (1989)
SMM.US.x.H445	AY221509	Env	Dehghani, H	<i>J Virol</i> 77 (11); 6405-18 (2003)
SMM.US.x.H9	M80194	All	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 66 (1); 414-9 (1992)
SMM.US.x.P209C15	L20009	Env	Hynes, NA	<i>ARHR</i> 9 (8); 803-6 (1993)
SMM.US.x.PBJ14_15	L03295	All	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276); 636-40 (1990)
SMM.US.x.PBJA	M31325	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276); 636-40 (1990)
SMM.US.x.PBJC	L03296	Vif, Vpx, Tat, Rev, Nef	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276); 636-40 (1990)
SMM.US.x.PBJD	L03297	Vif, Vpx, Tat, Rev, Nef	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276); 636-40 (1990)
SMM.US.x.PBJE	L03298	Vif, Vpx, Tat, Rev, Nef	Dewhurst, S	<i>Nature</i> 345 (6276); 636-40 (1990)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
SMM.US.x.PBJ_143	M80193	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 66 (1); 414-9 (1992)
SMM.US.x.PBJ_6P12	L09211	Env, Nef	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> 67 (5); 2466-74 (1993)
SMM.US.x.PBJ_6P6	L09212	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> 67 (5); 2466-74 (1993)
SMM.US.x.PBJ_6P9	L09213	Nef	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> 67 (5); 2466-74 (1993)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	All	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> 72 (11); 8841-51 (1998)
SMM.US.x.PT573	AY221511	Env	Dehghani, H	<i>J Virol</i> 77 (11); 6405-18 (2003)
SMM.US.x.PT583	AY221512	Env	Dehghani, H	<i>J Virol</i> 77 (11); 6405-18 (2003)
SMM.US.x.SME543	U72748	All	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 71 (2); 1608-20 (1997)
SMM.US.x.SMP209	L20008	Env	Hynes, NA	<i>ARHR</i> 9 (8); 803-6 (1993)
STM.US.x.STM	M83293	All	Novembre, FJ	<i>Virology</i> 186 (2); 783-7 (1992)

	Gag p15 start	p15_p27	
MAC.US.x.239	MGVRRNSVLGKKGADELEKIRLRPNQKKKYML	KHVWVAA.NELDRFLGAESLLENKEGCGKILSVLAPLVPTGSENLSKLYNTVCVITWCIHAEKVKHTEEAQIVQRHLVVTETGTTETMPKTSRPTAPSSG	RGNGYYPVQQ.IGGNYVHLPLSPRTLNAWVKLIEEKFF
H2A.GM.x.MCN13	-A-K-T-G-R-I-S-R-T-G	F-L-D-D-G-AA-A-K-N	P-K-F-V-T-V
H2A.CI.88.UC2	-A-R-R-G-R-I-R-N-S-T-D	F-L-D-D-KLA-A-A-K-N	P-K-F-A-V
H2A.DE.x.BEN	-A-R-V-G-R-I-K-G-S-T-D	F-L-D-D-KLA-A-A-K-N	P-KR-A-V
H2A.DE.x.PE12	-A-S-R-V-G-R-I-GK-S-T-D	F-L-D-D-G-AA-ADK-S-A-P	A-S-V
H2A.GH.x.GH1	-A-R-S-R-I-K-S-T-D	F-L-D-D-KL-GA-A-K-S	P-R-F-TG-I-V
H2A.GM.x.ISY	-AK-R-G-R-I-T-S-I-E	F-L-D-D-R-G-A-E-A-K-NI	P-K-F
H2A.GM.87.D194	-A-R-R-V-R-R-I-S-R-K-E	F-L-D-D-KLA-A-A-K-NI	P-K-F-A-I-V
H2A.GW.x.AJ15	-A-R-R-R-G-R-Q-I-S-R-K-E	F-V-V-D-G-I-AA-IE-A-K-S	P-E-Q-F-N-T-V-D
H2A.GW.x.MJ15	-A-S-R-V-G-R-I-S-T-D	F-F-D-G-KFAR-A-A-K-N	P-K-F-VA-T-I-G
H2A.GW.86.FG	-A-R-V-G-K-I-S-R-K-D	F-F-D-G-R-AL-AA-A-K-D	P-K-F-S-T-V
H2A.GW.87.CAM2C9	-A-R-R-G-R-I-K-S-T-D-M	F-F-D-G-R-A-A-A-K-S	P-E-K-H-V-T-I
H2A.SN.85.ROD	-A-R-R-G-R-I-K-S-T-D-M	F-F-D-G-R-A-A-A-K-S	P-E-K-H-V-T-I
H2AB.CI.90.7312A	-A-G-T-V-G-I-N-S-T-M	F-L-K-D-KLA-S-D	KT-TADK-A-T-S-VA-V
H2B.CI.x.EHO	-A-G-T-V-G-R-I-V-E-R-GS-R-RK-G	F-F-L-D-K-A-AAD	K-AM-K-SK-T-R-L-A-A-S
H2B.CI.88.UC1	-A-S-T-V-G-R-C-II-V-S-H-T	F-Y-L-D-K-A-AAD	K-A-K-P-G-A-M
H2B.GH.86.D205	-A-G-T-V-G-K-I-V-S-H-K	F-I-Y-L-D-K-A-AAD	K-A-NK-P-G-LA
H2B.JP01.KR020	-A-G-T-V-G-C-I-V-Y-S-H-T-E	F-Y-L-V-D-D-K-A-S-AAN	KA-A-K-P-G-VA-T
H2G.CI.x.ABT96	-A-S-T-V-G-S-L-Q	D-V-S-KV-A-I-P	V-V
H2U.FR.96.12034	-A-X-V-V-A	L-Q-A-E-A-K-A-X-P-G	A-V
MAC.US.x.251_BK28	-A-G	L-A	
MAC.US.x.MM142	-A-G	M-A	F-T
MAC.US.x.SMM142B	-A-G	M-A	F-T
MAC.US.x.92050	-X-G-R		
MNE.US.x.MNE027	-A-G-D-A		KR-V-T
MNE.US.82.MNE_8	-A-G		V-T
SMM.SL.92.SL92B	-A-G-V-G-R-II-R-S-S-R-A-M	FS-V-L-M-D-KT-S-S-A-KL-AQ	P-V-N-T
SMM.US.02.YNPRC_FWS	-A-V-S-R-F-I-R-I-I	ADK-V-P-R	V-T
SMM.US.95.TNPRC_G932	-A-V-T-I-I	A-A-I-P-K	V-T
SMM.US.02.YNPRC_FAL	-A-V-T-R-I-I	L-V-V-ADN	P-R-V-T
SMM.US.85.TNPRC_F102	-A-S-V-G-X	R-I-ADP-S	P-A-R-V
SMM.US.81.NIRC_CFU233	-A-S-V-G-X-II-R-R-I	E-AG-P-M-R	V-I-Q
SMM.US.03.TNPRC_D215	-A-S-V-G-X-II-R-R-I	E-AG-P-M-R	V-I-Q
SMM.US.95.TNPRC_D175	-A-S-V-G-X-II-R-R-I	E-AG-P-M-R	V-I-Q
SMM.US.93.TNPRC_M920	-A-S-V-G-X-IFX	R-Q-I-L-R	ADK-A-P-R-V-T
SMM.US.97.TNPRC_G080	-A-S-V-G-X-IFX	R-Q-I-L-R	ADK-A-P-R-V-T
SMM.US.90.TNPRC_F100	-A-S-V-R-F	R-Q-I-S-F-L-R-V	ADN-P-R-V
SMM.US.89.TNPRC_G930	-A-S-V-R-F	R-Q-I-S-F-L-R-V	ADN-P-R-V
SMM.US.03.TNPRC_M934	-A-S-V-R-L-X	T-R-IA	ADK-A-P-R-V-T
SMM.US.95.TNPRC_D171	-A-S-V-R-L-X	T-R-IA	ADK-A-P-R-V-T
SMM.US.95.TNPRC_D176	-A-S-V-R-L-X	T-R-IA	ADK-A-P-R-V-T
SMM.US.93.TNPRC_E042	-A-H-V-S-R-T	R-I-ADK-I-L	P-R-V-T
SMM.US.95.TNPRC_M939	-A-H-V-S-R-T	R-I-ADK-I-L	P-R-V-T
SMM.US.03.TNPRC_M924	-A-H-V-S-R-T	R-I-ADK-I-L	P-R-V-T
SMM.US.86.NIRC_CFU226	-A-S-V-G-T	R-I-ADP-S	P-M-R-V
SMM.US.86.NIRC_CFU212	-A-S-V-G-T	R-I-ADP-S	P-M-R-V
SMM.US.77.CNPRC_CFU212	-A-S-V-G-T	R-I-ADP-S	P-M-R-V
SMM.US.95.TNPRC_B045	-A-S-V-R-X	R-I-ADN	P-T-R-A
SMM.US.95.TNPRC_M942	-A-S-V-R-X	R-I-ADN	P-T-R-A
SMM.US.02.YNPRC_FUP	-A-S-V-R-P	S-R-I-L-R-V-E	ADN-P-R-V
SMM.US.02.YNPRC_FKL	-A-S-V-R-P	S-R-I-L-R-V-E	ADN-P-R-V
SMM.US.02.YNPRC_FYN	-A-S-V-R-P	S-R-I-L-R-V-E	ADN-P-R-V
SMM.US.93.TNPRC_D178	-A-S-V-R-P	S-R-I-L-R-V-E	ADN-P-R-V
SMM.US.02.YNPRC_FCP	-A-S-V-G-LF	S-R-I-L-R	ADN-P-R-V
SMM.US.02.YNPRC_FVN	-A-S-V-G-LF	S-R-I-L-R	ADN-P-R-V
SMM.US.x.F236_H4	-A-E-V-D	D-ADK-A	P-R-V-T
SMM.US.x.H9	-A-E-V-D	D-ADK-A	P-R-V-T
SMM.US.x.PBJ14_15	-A-E-V-D	D-ADK-A	P-R-V-T
SMM.US.x.PBJA	-A-E-V-D	D-ADK-A	P-R-V-T
SMM.US.x.PBJ_143	-A-E-V-D	D-ADK-A	P-R-V-T
SMM.US.x.PBJ_6P6	-A-E-V-D	D-ADK-A	P-R-V-T
SMM.US.x.PGM53	-A-E-V-D	D-ADK-A	P-R-V-T
SMM.US.x.SME543	-A-E-V-D	D-ADK-A	P-R-V-T
STM.US.x.STM	-A-S-E-V-G-S-IT-E	F-V-K-ANK-A	P-R-V

MAC.US.x.239	GAEVVPGFQALSEGCTPYDINQMLNCVGDHQAAMQIIRDIIINEEAADWLQH..PQ..PAPQQQLREPSGSDIAGTTSVDEQIQWMYRQNPVPGVNIYRRWIQLGLQKCVRMYPNTNILDVKQGPKEPFQSYVDRFYKSLRAEQTDAAVKNMNTQTLLIQNANPDKC	332
H2A.GM.x.MCN13	-----E-V-----V-I.PGPLPA-----R-----T-----F-P-V-----I-----I-----P-----V-----	333
H2A.CI.88.UC2	-----Q-----A-I.PGPLPA-----D-R-----T-----P-----V-----I-----K-----V-----S-----A-----P-----V-----	333
H2A.DE.x.BEN	-----S-----I.PGPLPA-----D-R-----T-----P-----V-----I-----K-----I-----P-----V-----	333
H2A.DE.x.PE12	-----V-----I.PGPLPA-----R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----I-----P-----V-----	333
H2A.GH.x.GH1	-----D-----A-I.PGPLPA-----D-R-----T-----E-----P-----V-----I-----I-----P-----V-----	334
H2A.GM.x.ISY	-----V-----I.PGPLPA-----D-R-----T-----E-----E-----E-----V-----I-----I-----S-----P-----V-----S-----	332
H2A.GM.87.D194	-----A-----I.PGPLPA-----D-R-----T-----T-----P-----V-----I-----I-----S-----P-----V-----	333
H2A.GW.x.AL1	-----VA-----I.PGPLPA-----R-----T-----E-----F-PR-----V-----I-----I-----P-----V-----	333
H2A.GW.x.M14S	-----A-----I.PGPLPA-----R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----I-----P-----V-----	333
H2A.GW.86.FG	-----VA-----I.PGPLPA-----R-----T-----E-----F-P-----V-----I-----I-----IN-----P-----V-----	331
H2A.GW.87.CAM2C6	-----AN-----I.PGPLPA-----D-R-----T-----E-----F-A-----V-----I-----I-----S-----P-----V-----	333
H2A.SN.85.ROD	-----E-V-----E-V-----I.PGPLPA-----R-----T-----E-----F-P-----V-----I-----I-----S-----P-----V-----	333
H2AB.CI.90.7312A	-----E-V-----E-Q-----V.PGPLPA-----D-R-----T-----E-----G-S-----I-----I-----A-T-----RA-----E-----V-----	328
H2B.CI.x.EHO	-----E-----S.PGMPA-----R-----T-----E-----P-----V-----I-----I-----P-----V-----	328
H2B.CI.88.UC1	-----E-----Q-----I.PGPLPA-----D-R-----T-----E-----A-----V-----I-----I-----P-----V-----	328
H2B.GH.86.D205	-----E-----Q-----S.PGMPA-----D-R-----T-----E-----A-----V-----I-----I-----P-----V-----	328
H2B.JP01.KR020	-----E-----D-----Q-----S.PGMPA-----D-R-----T-----E-----P-----V-----I-----I-----P-----V-----	328
H2G.CI.x.ABT96	-----L-----E-----E-----X-----X-----T-----TIE-----TH-----X-----X-----X-----X-----P-----V-----	333
H2U.FR.96.12034	-----E-----E-----D-----T-----N.QGP-PA-----X-----R-----T-----E-----P-----X-----X-----X-----X-----P-----V-----	333
MAC.US.x.251_BK28	-----S-----L-----L-----Q-----T-----E-----P-----P-----P-----P-----P-----P-----	332
MAC.US.x.MM142	-----S-----L-----L-----Q-----T-----E-----P-----P-----P-----P-----P-----P-----	332
MAC.US.x.SMM142B	-----S-----L-----L-----Q-----T-----E-----P-----P-----P-----P-----P-----P-----	332
MAC.US.x.92050	-----S-----L-----L-----Q-----T-----E-----P-----P-----P-----P-----P-----P-----	332
MNE.US.x.MNE027	-----I-----E-----E-----E-----Q-----T-----T-----K-----S-----IR-----P-----P-----	332
MNE.US.82.MNE_8	-----P-----E-----E-----E-----Q-----T-----T-----S-----IR-----P-----P-----	332
SMM.SL.92.SL92B	-----E-----E-----E-----PRG-Q-QPA-G-----TPS-----E-----A-----V-----D-----P-----P-----	333
SMM.US.02.YNPRC_FWS	-----E-----E-----E-----PGTIPA-----D-R-----T-----K-----P-----P-----P-----P-----	307
SMM.US.95.TNPRC_G932	-----E-----E-----E-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----P-----P-----P-----P-----	308
SMM.US.02.YNPRC_FAL	-----E-----E-----E-----PGPLPA-----R-----T-----E-----M-----IN-----N-----G-----P-----P-----	307
SMM.US.85.TNPRC_F102	-----E-----E-----E-----QGPLPA-----R-----T-----E-----V-----P-----P-----P-----P-----	280
SMM.US.81.NIRC_CFU233	-----E-----E-----E-----PGTIPA-----R-----T-----E-----V-----P-----P-----P-----P-----	303
SMM.US.03.TNPRC_D215	-----E-----E-----E-----PGPLPA-----T-----T-----E-----V-----I-----P-----P-----	293
SMM.US.95.TNPRC_D175	-----E-----E-----E-----PMGTIPA-----D-R-----T-----E-----E-----V-----I-----P-----P-----	268
SMM.US.93.TNPRC_M920	-----E-----E-----E-----PGTIPA-----R-----T-----E-----I-----S-----X-KG-----P-----P-----	282
SMM.US.97.TNPRC_G080	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGPLPA-----R-----T-----E-----I-----S-----P-----P-----	280
SMM.US.90.TNPRC_F100	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGPLPA-----R-----T-----E-----I-----S-----P-----P-----	293
SMM.US.89.TNPRC_G930	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----I-----T-----P-----P-----	292
SMM.US.03.TNPRC_M934	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGPLPA-----R-----T-----E-----I-----T-----P-----P-----	295
SMM.US.95.TNPRC_D171	-----E-----E-----E-----X-----X-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----V-----P-----P-----	295
SMM.US.95.TNPRC_D176	-----E-----E-----E-----X-----X-----PGPLPA-----R-----T-----E-----V-----P-----P-----	296
SMM.US.93.TNPRC_B042	-----E-----E-----E-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----V-----I-----R-----S-----P-----P-----	295
SMM.US.95.TNPRC_M939	-----E-----E-----E-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----V-----I-----S-----P-----P-----	295
SMM.US.03.TNPRC_M924	-----E-----E-----E-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----V-----I-----S-----P-----P-----	295
SMM.US.86.NIRC_CFU226	-----E-----E-----E-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----V-----I-----S-----P-----P-----	303
SMM.US.86.NIRC_CFU212	-----E-----E-----E-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----V-----I-----S-----P-----P-----	303
SMM.US.77.CNPRC_CFU212	-----E-----E-----E-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----V-----I-----S-----P-----P-----	303
SMM.US.95.TNPRC_B045	-----E-----E-----E-----MV-----E-----PGPLPA-----R-----T-----M-----I-----P-----P-----	303
SMM.US.95.TNPRC_M942	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGPLPA-----R-----T-----M-----I-----P-----P-----	303
SMM.US.02.YNPRC_FUP	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGPLPA-----R-----T-----E-----I-----R-----G-----P-----P-----	307
SMM.US.02.YNPRC_FKL	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGPLPA-----R-----T-----E-----I-----R-----G-----P-----P-----	307
SMM.US.02.YNPRC_FYN	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGPLPA-----R-----T-----E-----I-----R-----G-----P-----P-----	307
SMM.US.93.TNPRC_D178	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGPLPA-----R-----T-----E-----I-----R-----G-----P-----P-----	307
SMM.US.02.YNPRC_FCP	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGPLPA-----R-----T-----E-----I-----R-----G-----P-----P-----	307
SMM.US.02.YNPRC_FVN	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----I-----R-----G-----P-----P-----	307
SMM.US.x.F236_H4	-----E-----E-----E-----V-----E-----PGPLPA-----R-----T-----E-----I-----R-----G-----P-----P-----	333
SMM.US.x.H9	-----E-----E-----E-----X-----X-----PGTIPA-----X-----TX-----X-----X-----S-----P-----X-----	333
SMM.US.x.PB114_15	-----E-----E-----E-----X-----X-----PGTIPP-----R-----T-----S-----P-----P-----	333
SMM.US.x.PBJA	-----E-----E-----E-----X-----X-----PGTIPP-----R-----T-----S-----P-----P-----	333
SMM.US.x.PBJ_143	-----E-----E-----E-----X-----X-----PGTIPA-----X-----TX-----X-----X-----P-----X-----	333
SMM.US.x.PBJ_6P6	-----E-----E-----E-----X-----X-----PGTIPP-----R-----T-----S-----P-----S-----	333
SMM.US.x.PGM53	-----E-----E-----E-----X-----X-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----S-----P-----S-----	333
SMM.US.x.SME543	-----E-----E-----E-----X-----X-----PGTIPA-----D-R-----T-----E-----S-----P-----S-----	333
STM.US.x.STM	-----L-----E-----E-----KE-----M-----PPGPLPA-----PE-----V-----T-----A-----PS-----R-----	334

	p27_p2	p2_p8	p8_p1	p1_p6	PTAP motif	PSAP in HIV-2 B. U	
MAC.US.x.239							485
H2A.GM.x.MCN13							496
H2A.CI.88.UC2							496
H2A.DE.x.BEN							496
H2A.DE.x.PE12	I						496
H2A.GH.x.GH1							497
H2A.GM.x.ISY	I						495
H2A.GM.87.D194		S					496
H2A.GW.x.AL1							496
H2A.GW.x.M1S							496
H2A.GW.86.FG							494
H2A.GW.87.CAM2CG							496
H2A.SN.85.ROD							496
H2AB.CI.90.7312A							496
H2B.CI.x.EHO							495
H2B.CI.88.UC1							496
H2B.GH.86.D205							496
H2B.JP01.KR020							496
H2G.CI.x.ABT96							484
H2U.FR.96.12034							497
MAC.US.x.251_BK28							481
MAC.US.x.MM142							481
MAC.US.x.SMM142B							481
MAC.US.x.92050							485
MNE.US.x.MNE027							481
MNE.US.82.MNE_8							481
SMM.SL.92.SL92B							482
SMM.US.02.YNPRC_FWS							307
SMM.US.95.TNPRC_G932							308
SMM.US.02.YNPRC_FAL							307
SMM.US.85.TNPRC_F102							280
SMM.US.81.NIRC_CFU233							303
SMM.US.03.TNPRC_D215							293
SMM.US.95.TNPRC_D175							268
SMM.US.93.TNPRC_M920							282
SMM.US.97.TNPRC_G080							280
SMM.US.90.TNPRC_F100							293
SMM.US.89.TNPRC_G930							292
SMM.US.03.TNPRC_M934							295
SMM.US.95.TNPRC_D171							295
SMM.US.95.TNPRC_D176							296
SMM.US.93.TNPRC_E042							295
SMM.US.95.TNPRC_M939							295
SMM.US.03.TNPRC_M924							295
SMM.US.86.NIRC_CFU226							303
SMM.US.86.NIRC_CFU212							303
SMM.US.77.CNPRC_CFU212							303
SMM.US.95.TNPRC_B045							303
SMM.US.95.TNPRC_M942							303
SMM.US.02.YNPRC_FUP							307
SMM.US.02.YNPRC_FKL							307
SMM.US.02.YNPRC_FYN							307
SMM.US.93.TNPRC_D178							307
SMM.US.02.YNPRC_FCP							307
SMM.US.02.YNPRC_FVN							307
SMM.US.x.F236_H4	M						482
SMM.US.x.H9	XI	X	X				482
SMM.US.x.PBJ14_15	I						482
SMM.US.x.PBJA	I						482
SMM.US.x.PBJ_143	XI	X	X				482
SMM.US.x.PBJ_6P6	I						482
SMM.US.x.PGM53	M						482
SMM.US.x.SME543	M	I					482
SMM.US.x.STM	M						482

	p6 end
	Gag end ¹
MAC.US.x.239	ESREKPYK.EVTEDLLHLNSLFGGDQ*
H2A.GM.x.MCN13	-QG-A-CR--T-----*K---
H2A.CI.88.UC2	-QG-T-RR--A-----K---
H2A.DE.x.BEN	-Q--T-HR--E-----K---
H2A.DE.x.PE12	-QG-T-H--A-----K---
H2A.GH.x.GH1	-QGKA-HR-A-----K---
H2A.GM.x.ISY	-QG-T-HR--T-----N---
H2A.GM.87.D194	-QG-T-HR.GA-----K---
H2A.GW.x.AL1	-QG-T-H-----K---
H2A.GW.x.MDS	--QKTC--T-----T---
H2A.GW.86.FG	-QA-T-CR--T-----K---
H2A.GW.87.CAM2CG	-QG-A-CR--T-----K---
H2A.SN.85.ROD	-QG-T--REPP-----K---
H2AB.CI.90.7312A	-KQGR-----E---
H2B.CI.x.EHO	-N-R-----E---
H2B.CI.88.UC1	---R-----E---
H2B.GH.86.D205	---R-----E---
H2B.JP01.KR020	GG-----E---
H2G.CI.x.ABT96	-Q-N-----XX--S--D---
H2U.FR.96.12034	-N-R-----N---
MAC.US.x.251_BK28	-----
MAC.US.x.MMI42	---G-----
MAC.US.x.SMM142B	---G-----
MAC.US.x.92050	-----
MNE.US.x.MNE027	--KR-----A-----E---
MNE.US.82.MNE_8	--KR-----E---
SMM.SL.92.SL92B	TR-SR-----E---
SMM.US.02.YNPRC_FWS
SMM.US.95.TNPRC_G932
SMM.US.02.YNPRC_FAL
SMM.US.85.TNPRC_F102
SMM.US.81.NIRC_CFU233
SMM.US.03.TNPRC_D215
SMM.US.95.TNPRC_D175
SMM.US.93.TNPRC_M920
SMM.US.97.TNPRC_G080
SMM.US.90.TNPRC_F100
SMM.US.89.TNPRC_G930
SMM.US.03.TNPRC_M934
SMM.US.95.TNPRC_D171
SMM.US.95.TNPRC_D176
SMM.US.93.TNPRC_E042
SMM.US.95.TNPRC_M939
SMM.US.03.TNPRC_M924
SMM.US.86.NIRC_CFU226
SMM.US.86.NIRC_CFU212
SMM.US.77.CNPRC_CFU212
SMM.US.95.TNPRC_E045
SMM.US.95.TNPRC_M942
SMM.US.02.YNPRC_FUP
SMM.US.02.YNPRC_FKL
SMM.US.02.YNPRC_FYN
SMM.US.93.TNPRC_D178
SMM.US.02.YNPRC_FCP
SMM.US.02.YNPRC_FVN
SMM.US.x.F236_H4	-N-R-----E---
SMM.US.x.H9	-N-R-----E---
SMM.US.x.PBJ14_15	-N-R-----E---
SMM.US.x.PBJA	-N-R-----E---
SMM.US.x.PBJ_143	-N-R-----E---
SMM.US.x.PBJ_6P6	-N-R-----E---
SMM.US.x.PGM53	-N-R-----E---
SMM.US.x.SME543	-N-R-----E---
STM.US.x.STM	--KT-----E---

510
521
522
522
522
523
521
522
522
522
523
520
520
522
523
522
510
523
507
507
507
511
507
507
508
307
308
307
280
303
293
268
282
280
280
293
292
295
295
296
295
295
295
303
303
303
303
307
307
307
307
307
508
508
508
508
508
508
508
508

Accession	Pol p15 start (-1 from Gag)	p15 protease	
MAC.US.x.239	FRPWSMGKEAQPFGSSASGADANCS.PRGPSCGSAKELHAVGQAAE.....RKAERKQREALQG.GDRGFAAPQFSLWRRPVVTAHIEGQVPEVLLDGTADDISVITGIELGPHYTPKIVGGIGGFINTKEYKNVEIYVGLKRIKGTIMTGDTPINIFGRN		155
H2A.GM.x.MCN13	--DGPP-----L-R-P-PA--NT-ST--SRS-S-PTG-Y-ARKTKRTERETIORSRGLT-P-AG-GTM-R-D--L-----LK-----YV-----A--SN-S-----K--KVRA-----		168
H2A.CL.88.UC2	--DGLT-----L-R-P-S---T-ST--SRSGS-PVR-IF-A-EK--GAGETTIQGGDRLT-P-AG-DTS-R--L-----K-----Y-D-----A--DN-V-----K-N--VRA-----		168
H2A.DE.x.BEN	--VGPT-----L-RDP-P---T-ST--SGRS-S-TVG-IY-AREK--GAGETTIORGDLA-P-AE-DTS-R--L-----K-----Y-D-----A--DN-----K-N--VRA-----		168
H2A.DE.x.PE12	-D-P-----S-L-RDP-PA--T-ST--SR--SRP-R-VL-AREE--RAENETIQQDGLT-P-TR-DTT-R--L-----K-----YV-----A--SN-S-----K-N-KV-A-----		168
H2A.GH.x.GH1	--DG-----L-R-P-S---T-ST--SRS-S-IGKIY-A-ER--GAGETTIORGDRGLT-P-AGKSTS-R--L-----K-----Y-V-----A-Q-DN-V-----I-I-K-N--VRA-----		168
H2A.GM.x.ISY	-A-T-----L-R-PKFA--NT-ST--N-S-S-PTG-Y-AREKT-RAETKTIORSRGLA-S-AR-DTT-R-D--L-----K-----Y-D-----A--SN-S-----D-R-N--KVRA-----		168
H2A.GM.87.D194	--DGPT--A--L-R-P-S---T-ST--NRS-S-PVG-IY-AREK--RAEGETTIQGGDGLT-P-AG-D-P-R--L-T-----K-----F-D-----A--DN-----K-N--VRA-----		168
H2A.GW.x.ALJ	-A-P-----S-L-RNP-SA--INT-ST--SRA-S-P-GAVY-A-EK--KRAERAIORGDGLT-P-AG-DTT-R--L-----K-----Y-----A--SN-----ED-K-N--V-A-----		168
H2A.GW.x.MDS	--D-PL-----L-R-PGA--NT-ST--SRS-S-PTG-IY-AREK--GAETTIORGDRGLA-P-AGKDTM--DN-----N-----N-----A--SN-S-----V-A-----		168
H2A.GW.86.FG	-D-PL--G--L-R-P-PA--NT-ST--I-S-S-PTG-IY-ARKK--KGAERETVQSGDRGLT-F-AG-DTM--D--L-----K-----R-N-----A--SN-S-----V-A-----		168
H2A.GW.87.CAM2C2	-D-PL-----L-R-P-ST--NT-ST--I-S-S-TG-IY-AREK--GAETTIORGDRGLT-P-TR-GPM--DN--L-----K-----Y-----A--SN-S-----V--VRA-----		168
H2A.SN.85.ROD	--TGPL-----L-R-P-SA--T-ST--S-S-S-TG-IY-AREKT-RAETTIQSGDRGLT-P-AGDGTI--ATN--L-----K-----Y-----A--NN-S-----N--KVRA-----		169
H2AB.CL.90.7312A	-A-TL-----S-L--P---DS-I-APDEHSRQDTSGSDTICAPCRSSGDAEKLHATREA--EAG-----L-----Q-Y-----A--SN--EAG-----I--V--KVRS-----		169
H2B.CL.x.EHO	--VRPL-----S--R-PGTP-DS-I-APDEPSIRHDTSGSDTICPCRSSRQDAKLHATREE--GE--T-----K-T-S-----A--SN-----N--V--VRA-V-----		168
H2B.CL.88.UC1	--VRTL-----S-L--DP---S-TI-TPDGPSRGHDTSGGDTICAPCRSSGDAEKLHEDGET--EP--T-----K-C-----A--SN-----D--V--VRA-----		169
H2B.GH.86.D205	--VRTL-----S-L--DP---S-TI-TPDEPSRGHDTSGGDTICAPCRSSGDAEKLHADGETT--EP--T-----K-C-S-----V-----A--SN-----D--V--VRA-----		169
H2B.JP.01.KR020	-T-PL-----S-L--CSP-TP-DT-I-TTNEPSRHDTSGCN-ICAPCRSSGDEVLGHAAE--G-G-T-----K-Y-S-----A--SD-----V-K-RA-----		169
H2C.LR.x.2238			0
H2D.LR.90.FO784PA			3
H2D.LR.90.FORTC2			0
H2O1.AE.US.91.PA			0
H2G.CL.x.AB196	-V-TL-----S-L--DP-P--S-SIST.TD--SRPTE-----X-EE-K-----GAEKQT-----XX--L-----Y-S-----A--SN-S-----K-V--QA-V-----		151
H2U.FR.96.12034	-A-PL--K-S-L--P-PA-T-P-SP-SSRT-S--DPDPSGSPSSG--SAKELHATGQETKGE--TI--G-----K-I-Y--K--N-----A--K-E-Y--T-E-E--KFH-N-K--T-R-----		165
MAC.US.x.251.BK28			151
MAC.US.x.SMM142B			151
MAC.US.x.MM142			151
MAC.US.x.92050			155
MNE.US.x.MNE027			151
MNE.US.82.MNE_8			151
SMM.SL.92.SL92B			148
SMM.US.95.TNPRC_G932			0
SMM.US.02.YNPRC_FBL			0
SMM.US.86.NIRC_CFU233			0
SMM.US.03.TNPRC_D215			0
SMM.US.95.TNPRC_D175			0
SMM.US.94.TNPRC_M927			0
SMM.US.94.TNPRC_G080			0
SMM.US.79.NIRC_CFU212			0
SMM.US.79.NIRC_6007_G932			0
SMM.US.95.TNPRC_F102			0
SMM.US.95.TNPRC_D177			0
SMM.US.91.TNPRC_G931			0
SMM.US.81.TNPRC_G930			0
SMM.US.03.TNPRC_G932			0
SMM.US.85.TNPRC_F104			0
SMM.US.84.TNPRC_F104			0
SMM.US.79.NIRC_CFU233			0
SMM.US.86.NIRC_CFU232			0
SMM.US.86.NIRC_CFU226			0
SMM.US.82.NIRC_6007_G932			0
SMM.US.86.NIRC_6002_G931			0
SMM.US.86.NIRC_6001_G930			0
SMM.US.79.NIRC_6001_G930			0
SMM.US.02.YNPRC_FIP			0
SMM.US.x.F236_H4			0
SMM.US.x.H9			151
SMM.US.x.PBJ14_15			151
SMM.US.x.PBJA			151
SMM.US.x.PBJ_143			151
SMM.US.x.PBJ_6P6			151
SMM.US.x.PGM53			151
SMM.US.x.SME543			151
STM.US.x.STM			151

	protease_p51 RT start	D catalytic site	
MAC.US.x.239	LLTALGMSLNFP	IAKVEPVKVALKPGKDGPKLQKWPLSKEKIVALEICEEK	MEKDGQLEEAPPTNPYNTPTFAIKKDKNKWRMLIDFRELNRVTQDFTEVQLGIPHPAGLAKRKRTVLDIGDAYFSIPLDEEFROYTAFTLPSVNNNAEPGKRYIYKVLPGQWKGSPA
H2A.GM.x.MCN13	I-----L	V-I-I-IM-----R-T-E-K-----RE-----K-I-----K-----V-----H-D-----I-V-----	337
H2A.CL.88.UC2	I-----L	V-RI-I-IT-----R-T-VE-K-----E-----K-I-----K-----V-----Y-D-----P-----A-----M-----	337
H2A.DE.x.BEN	I-----L	V-I-I-T-----R-T-E-K-----E-----K-I-----K-----SI-----V-----H-D-----I-----	337
H2A.DE.x.PE12	I-----L	V-D-I-I-----VR-T-E-K-----E-----K-E-I-----K-----I-----H-D-----I-----	337
H2A.GH.x.GH1	I-----L	V-I-I-T-----R-R-T-E-----E-----E-----K-----V-----H-D-----I-----	337
H2A.GM.x.ISY	I-----L	V-I-T-----QR--TR-E-----RE-----K-----I-----K-----V-----Y-D-----E-----V-----	337
H2A.GM.87.D194	I-AT-----L	V-LD-I-T-----R-T-E-K-----RE-----K-----I-----K-----V-----H-D-----E-----V-----	337
H2A.GW.x.A1J	I-----L	V-I-IE-R-----R-T-E-K-----T-RE-----R-----K-----I-----K-----V-----H-S-----	337
H2A.GW.x.M1S	I-----L	V-I-T-IM-----R-T-E-----K-----E-----R-----K-----I-----K-----V-----H-D-----	337
H2A.GW.86.FG	I-----L	V-I-I-IM-----R-T-E-----K-----E-----K-----I-----K-----V-----H-D-----	337
H2A.GW.87.CAM2C2G	I-----L	V-I-I-IM-----R-R-T-E-----K-----E-----K-----I-----K-----V-----H-D-----	337
H2A.SN.85.ROD	I-----L	V-I-I-IM-----R-T-E-----K-----E-----K-----I-----K-----V-----H-D-----P-----	338
H2AB.CL.90.7312A	I-NT--T--V-I--Q-----IR--L-----E--S-----K--E-----EKR--I--V--V--PD-----I-----		338
H2B.CL.x.EHO	I-NS--T--V-RI--Q--E-----IR--L--K-----E--S-----K--E-----SK--V--V--PD-----A-----L-----		337
H2B.CL.88.UC1	I-NT--T--V-I--K-----IR--L--K-----E-----R-----K-----E-----EKR--V--PN-----I-----		338
H2B.GH.86.D205	I-NT--T--V--E-----IR--R--L--K-----E-----K-----NWVF--TRQV--EKR--I--V--PN-----		337
H2B.JP.01.KR020	I-NT--T--V-I--K-----IR--L--K--X--E-----R-----K-----E-----E-----PN-----		339
H2C.LR.x.2238			0
H2D.LR.90.FO784PA			0
H2D.LR.90.FORTC2	..E-----V-I--R--M--R-----E-K-----RE-----S-----K-----V-----R-----V-----K-----T-----R-----		172
H201_AE.US.91.PA			117
H2G.CL.x.ABT96	I-VK-----G-EAL-IGG-----R-M-IR--Q--D--QE-----T-----K-----E-----KEME-Q-----V--P-----I--Q-----		320
H2U.FR.96.12034	..E-----G-EAL-IGG-----R--LE-K-----E-----S-----EKR--V-----C-D-----I-----T-----		334
MAC.US.x.251.BK28			320
MAC.US.x.SMM142B			320
MAC.US.x.MM142			320
MAC.US.x.92050			324
MNE.US.x.MNE027			320
MNE.US.82.MNE_8	..E-----T-----R-----I-----K-----V-----		320
SMM.SL.92.SL92B	I-A--V--Y-V--YT--K-E-M--R-----Q-T-----E--R-----N-D-----KM--E-----KEME-----V--P-----I--Q-----		317
SMM.US.95.TNPRC_G932			0
SMM.US.02.YNPRC_FBL			0
SMM.US.86.NIRC_CFU233			0
SMM.US.03.TNPRC_D215			0
SMM.US.95.TNPRC_D175			0
SMM.US.94.TNPRC_M927			0
SMM.US.94.TNPRC_G080			0
SMM.US.79.NIRC_CFU212			0
SMM.US.79.NIRC_6007_G932			0
SMM.US.95.TNPRC_F102			0
SMM.US.95.TNPRC_D177			0
SMM.US.91.TNPRC_G931			0
SMM.US.81.TNPRC_G930			0
SMM.US.03.TNPRC_G932			0
SMM.US.85.TNPRC_F104			0
SMM.US.84.TNPRC_F104			0
SMM.US.79.NIRC_CFU233			0
SMM.US.86.NIRC_CFU232			0
SMM.US.86.NIRC_CFU226			0
SMM.US.82.NIRC_6007_G932			0
SMM.US.86.NIRC_6002_G931			0
SMM.US.86.NIRC_6001_G930			0
SMM.US.79.NIRC_6001_G930			0
SMM.US.02.YNPRC_FIP			0
SMM.US.x.F236_H4	..M--L-----I-T-----E--R-----I-----X-----XX-G-----K-----R-----V-----		320
SMM.US.x.H9	..M--L--X-I-T-----R-----I-----X-----XX-G-----K-----R-----V-----		320
SMM.US.x.PB14_15	..M--L-----I-T-----R-----I-----K-----R-----V-----		320
SMM.US.x.PB1A	..M--L-----I-T-----R-----I-----K-----R-----V-----		320
SMM.US.x.PBJ_143	..M--L--X-I-T-----R-----I-----X-----L--XX-R-----K-----X-----R-----V-----		320
SMM.US.x.PBJ_6P6	..M--L-----I-T-----R-----I-----K-----R-----V-----		320
SMM.US.x.PGM53	..M--L-V--I-T-----R-----I-----K-----R-----V-----		320
SMM.US.x.SME543	..M--L-----I-T-----E--R-----I-----K-----R-----V-----		320
STM.US.x.STM	..V-----T-----I-----E-K-----K-----I-----R-----V-----G-----		320

Strain	DD catalytic site	Residue
MAC.US.x.239	IFQYTMRHVLEPFRKANPDVTLVQYMDLILASDRDLHEDRVVLQSKELLNSIGFSTPEEKFKQDPPFQWGYELWPTKWLQKIELPQRETWTVNDIQKLVGLNWAQIYPGIKTKHLRLRGKMTLTEEVQWTEMAEAEYEENKIILSQEQEGCYOEGKPLEAT	494
H2A.GM.x.MCN130.....L.....III.....K.....L.....NL.....D.....YH.....Q.....KDV.....R.....K.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	507
H2A.CL.88.UC20I.....I.....I.....G.....K.....L.....GL.....D.....C.....Q.....K.....I.....S.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	507
H2A.DE.x.BENH.....0.....I.....I.....G.....K.....L.....GL.....D.....YK.....C.....Q.....K.....V.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	507
H2A.DE.x.PE12H.....0.....I.....I.....G.....K.....L.....GL.....D.....YK.....C.....Q.....K.....V.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	507
H2A.GH.x.GH1H.....0.....I.....I.....G.....K.....L.....GL.....D.....YK.....C.....Q.....K.....V.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	507
H2A.GM.x.ISYH.....0.....I.....I.....G.....K.....L.....GL.....D.....YK.....C.....Q.....K.....V.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	507
H2A.GM.87.D194FM.....0I.....I.....I.....G.....K.....L.....GL.....D.....YK.....C.....Q.....K.....I.....K.....P.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	507
H2A.GW.x.ALH.....0I.....I.....I.....G.....K.....L.....GL.....D.....YK.....G.....Q.....K.....V.....H.....I.....G.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	507
H2A.GW.x.MDSH.....0.....I.....I.....G.....K.....L.....GL.....D.....YK.....G.....Q.....K.....V.....H.....I.....G.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	507
H2A.GW.86.FGH.....0I.....E.....III.....K.....L.....GL.....D.....YR.....Q.....K.....V.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	507
H2A.GW.87.CAM2C2H.....0.....S.....III.....K.....L.....NL.....D.....YR.....Q.....K.....V.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	507
H2A.SN.85.RODH.....0.....K.....III.....L.....L.....GL.....D.....YH.....Q.....K.....I.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	508
H2AB.CL.90.7312AS.....K.....D.....R.....N.....II.....V.....S.....K.....S.....L.....DM.....K.....QI.....E.....V.....LF.....R.....I.....K.....L.....MQ.....G.....S.....K.....V.....	508
H2B.CL.x.EHOAK.....D.....N.....II.....V.....S.....S.....L.....NM.....K.....K.....Q.....EK.....V.....LF.....R.....I.....K.....L.....FQ.....E.....S.....K.....V.....	507
H2B.CL.88.UC1S.....K.....D.....S.....III.....S.....S.....L.....DM.....K.....K.....Q.....EK.....V.....LF.....R.....I.....K.....L.....LQ.....E.....S.....K.....V.....	508
H2B.GH.86.D205C.....S.....K.....D.....S.....III.....S.....S.....L.....DM.....K.....K.....Q.....EK.....V.....A.....LF.....R.....I.....K.....L.....LQ.....E.....S.....K.....RV.....	507
H2B.JP.01.KR020SVGR.....D.....D.....I.....V.....S.....L.....DM.....K.....K.....Q.....E.....R.....A.....LF.....R.....I.....K.....L.....FQ.....E.....S.....K.....T.....	509
H2C.LR.x.2238	0
H2D.LR.90.F0784PA	0
H2D.LR.90.FORTC2NI.....S.....I.....K.....L.....DL.....L.....YH.....D.....K.....L.....L.....R.....D.....H.....F.....F.....	342
H201.AE.US.91.PA	V.....E.....0.....S.....L.....I.....L.....G.....N.....SMT.....M.....V.....L.....DM.....NL.....D.....RE.....LK.....L.....Y.....K.....EK.....R.....I.....V.....N.....K.....LS.....LA.....G.....R.....R.....EEN.....	287
H2G.CL.x.AB796H.....K.....D.....E.....XIXI.....V.....Q.....L.....KX.....D.....Y.....X.....K.....N.....XEK.....X.....L.....N.....XK.....X.....L.....LQ.....X.....X.....A.....K.....XE.....X.....	490
H2U.FR.96.12034NL.....E.....AVII.....N.....QL.....S.....L.....KT.....D.....HK.....K.....E.....DV.....V.....K.....K.....FA.....A.....R.....EEN.....	504
MAC.US.x.251.BK28L.....S.....	490
MAC.US.x.SMM142BL.....S.....	490
MAC.US.x.MM142L.....S.....	490
MAC.US.x.92050L.....S.....	494
MNE.US.x.MNE027H.....N.....V.....L.....K.....	490
MNE.US.82.MNE_8H.....N.....V.....L.....K.....	490
SMM.SL.92.SL92BA.....Q.....L.....L.....G.....N.....GLT.....KM.....T.....LRDM.....NL.....D.....N.....L.....L.....Y.....K.....EK.....R.....N.....KM.....L.....LA.....R.....N.....R.....R.....DE.....	487
SMM.US.95.TNPRC_G932	0
SMM.US.02.YNPRC_FBL	0
SMM.US.86.NIRC_CFU233	0
SMM.US.03.TNPRC_D215	0
SMM.US.95.TNPRC_D175	0
SMM.US.94.TNPRC_M927	0
SMM.US.94.TNPRC_G080	0
SMM.US.79.NIRC_CFU212	0
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	0
SMM.US.95.TNPRC_F102	0
SMM.US.95.TNPRC_D177	0
SMM.US.91.TNPRC_G931	0
SMM.US.81.TNPRC_G930	0
SMM.US.03.TNPRC_G932	0
SMM.US.85.TNPRC_F104	0
SMM.US.84.TNPRC_F104	0
SMM.US.79.NIRC_CFU233	0
SMM.US.86.NIRC_CFU232	0
SMM.US.86.NIRC_CFU226	0
SMM.US.82.NIRC_6007_G932	0
SMM.US.86.NIRC_6002_G931	0
SMM.US.86.NIRC_6001_G930	0
SMM.US.79.NIRC_6001_G930	0
SMM.US.02.YNPRC_FIP	0
SMM.US.x.F236_H4N.....I.....L.....G.....N.....	490
SMM.US.x.H9X.....H.....X.....N.....I.....L.....S.....N.....P.....P.....I.....P.....	490
SMM.US.x.PB14_15H.....N.....I.....L.....S.....N.....P.....P.....I.....P.....	490
SMM.US.x.PB1AH.....N.....I.....L.....S.....N.....P.....P.....I.....P.....	490
SMM.US.x.PB1_143X.....H.....X.....N.....I.....L.....S.....N.....P.....P.....I.....P.....	490
SMM.US.x.PB1_6P6H.....N.....I.....L.....S.....N.....P.....P.....I.....P.....	490
SMM.US.x.PGM53H.....N.....G.....I.....L.....G.....K.....	490
SMM.US.x.SME543N.....I.....L.....G.....K.....	490
STM.US.x.STMNI.....R.....I.....L.....NL.....DV.....K.....A.....A.....Q.....R.....D.....	490

p51 RT end_p15 RNase H start

MAC.US.x.239	VIKSQDNQWSYKIHQEDKILKVG.KFKAIKNTHNGVRLLAHVVIQKIGKEAIVIGWQPKFHLPVKEKDVWEQWTDYVQVWTWIPEDWFISTPPLVRLVFNLVKDPTEGEEETYYTDGSCNKQSKGKAGYITDRGKDKVKVLEQTTNQQAELEAFMLALTDGSPKANIIVD	663
H2A.GM.x.MCN13	Q-D---T-V-GE-----Y-----Q-V-----L-I-RI-----RET-D-----D-V-----A-----PRT-F-----R-----V-R-RM-----A-----A-----V-----	676
H2A.CL.88.UC2	IQ---GH---T---E-----Y-----Q-V-----L-RI-----RET-DN-----V-----T-G-P-T-F-----R-----V-R-R-----A-A-----V-----	676
H2A.DE.x.BEN	Q-D---GH---T---E-----Y-----Q-V-----L-RI-----RET-DN-----D-V-----A-----P-A-F-----R-----V-R-RI-----A-----A-----V-----	676
H2A.DE.x.PE12	Q-D---T---V-GE-----Y-----Q-V-----L-RI-----RET-DN-----D-V-----A-----P-A-F-----R-----R-V-R-RI-----A-----A-----V-----	676
H2A.GH.x.GH1	IQ-N---T---E-----Y-----Q-V-----L-RI-----RET-DN-----D-V-----T-G-P-A-F-----R-----R-V-R-RI-----A-----A-----V-----	676
H2A.GM.x.ISY	Q-D---T---V-GE-----Y-----Q-V-----L-RI-----RET-DN-----D-V-----A-----P-A-F-----R-----R-V-R-RI-----A-----A-----V-----	676
H2A.GM.87.D194	Q-D---A---GERV-----Y-----Q-V-----L-R-----R-T-DN-----V-----T-G-P-T-F-----R-----V-R-R-R-----S-----A-----A-----V-----	676
H2A.GW.x.AL1	Q-D---T---GE-T---E-Y-M-----Q-V-----L-RI-R-----RET-D-----D-V-----A-----L-A-F-----P-----R-----V-R-----A-----A-----V-----	676
H2A.GW.x.MDS	Q-D---T---V-GE-T---E-Y-V-----Q-V-----L-RI-----RET-D-----D-V-----A-----L-A-F-----P-----R-----V-K-----R-----A-----A-----V-----	676
H2A.GW.86.FG	Q-D---T---V-GE-----G-X-Y-----X-----Q-V-----L-RI-----RET-D-----D-V-----A-----GE-VP-A-F-----R-----V-R-R-----A-----A-----V-----	677
H2A.GW.87.CAM2C6	Q-D---T---E-----Y-H-----I-----Q-V-----L-RI-----RET-DN-----D-V-----A-----P-T-F-----R-----V-R-----I-----A-----A-----V-----	675
H2A.SN.85.ROD	Q-D-E---T---E-----Y-V-----I-----Q-V-----L-RI-----REI-DN-----D-V-----A-----G-P-A-F-----R-----V-R-----K-----A-----A-----V-----	677
H2AB.CL.90.7312A	Q-NLA---T---GN-V-----Y-V-----I-----V-----L-I-M-----RET-D-----V-----AY-----L-KV-----RT-----V-R-----P-----A-----A-----Q-----QV-----	677
H2B.CL.x.EHO	Q-NLA---T---G-----Y-V-----V-----L-EI-M-----RET-D-----V-----I-AY-----L-V-----A-----V-----P-----A-----A-----Q-----QV-----	676
H2B.CL.88.UC1	Q-NLA---T---GNR-----Y-V-----V-----L-EI-V-----RET-D-----V-----AY-----L-KV-----RA-----V-----A-----A-----Q-----QV-----	677
H2B.GH.86.D205	Q-NLA---T---GN-V-----Y-V-----V-----L-EI-V-----RET-D-----V-----I-AY-----L-R-----RT-----V-----A-----A-----E-----QV-----	676
H2B.JP.01.KR020	Q-NLA---T---G-R-R-----Y-V-----L-T-----ET-M-----RET-D-----V-----I-AY-----L-V-----RT-----V-----A-----A-----Q-----QV-----	678
H2C.LR.x.2238	0
H2D.LR.90.FO784PA	0
H2D.LR.90.FORTC2	V-D-----T-----Y-----V-----R-S-I-R-----S-----V-----E-L-KT-F-V-----HR-----V-DRE-T-A-Q-----L-Q-----	511
H201_AE.US.91.PA	L-N-----G-R-----PQ-----S-V-----	332
H2G.CL.x.ABT96	Q-ML---T-V-GNR-----Y-----V-X-----L-KL-F-----R-T-----D-V-H-----Y-----E-L-QT-----T-X-----V-----X-----X-----A-Q-----V-X-----	659
H2U.FR.96.12034	L-N---T---G-RT-----V-----V-----KI-M-----RE-----VLD-V-----AY-----E-LL-----RA-Q-----V-----R-P-----A-----E-----V-VT-----	672
MAC.US.x.251_BK28	659
MAC.US.x.SMM142B	659
MAC.US.x.MM142	659
MAC.US.x.92050	663
MNE.US.x.MNE027	---N-----	659
MNE.US.82.MNE_8	---N-----	659
SMM.SL.92.SL92B	L-N-----G-R-----I-----N-V-----SL-----KT-F-----RE-D-----A-----I-----K-V-I-----RM-----V-----E-LP-----A-----Q-L-L-K-PS-V-VVT-----	656
SMM.US.95.TNPRC_G932	0
SMM.US.02.YNPRC_FBL	0
SMM.US.86.NIRC_CFU233	0
SMM.US.03.TNPRC_D215	0
SMM.US.95.TNPRC_D175	0
SMM.US.94.TNPRC_M927	0
SMM.US.94.TNPRC_G080	0
SMM.US.79.NIRC_CFU212	0
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	0
SMM.US.95.TNPRC_F102	0
SMM.US.95.TNPRC_D177	0
SMM.US.91.TNPRC_G931	0
SMM.US.81.TNPRC_G930	0
SMM.US.03.TNPRC_G932	0
SMM.US.85.TNPRC_F104	0
SMM.US.84.TNPRC_F104	0
SMM.US.79.NIRC_CFU233	0
SMM.US.86.NIRC_CFU232	0
SMM.US.86.NIRC_CFU226	0
SMM.US.82.NIRC_6007_G932	0
SMM.US.86.NIRC_6002_G931	0
SMM.US.86.NIRC_6001_G930	0
SMM.US.79.NIRC_6001_G930	0
SMM.US.02.YNPRC_FIP	0
SMM.US.x.F236_H4	V-----V-----S-----V-----L-E-----REI-----D-----V-----E-Q-A-F-V-----R-----R-----V-----R-----A-L-----Y-L-A-----	659
SMM.US.x.H9	V-----V-----S-----V-----I-----R-----XEI-----V-----E-Q-A-F-V-R-----R-----R-----V-----R-----A-L-----Y-L-A-----	659
SMM.US.x.PBJ14_15	V-----V-----R-----REI-----V-----E-Q-A-F-V-----R-----R-----V-----R-----A-L-----Y-L-A-----	659
SMM.US.x.PBJA	V-----V-----R-----REI-----V-----E-Q-A-F-V-----R-----R-----V-----R-----A-L-----Y-L-A-----	659
SMM.US.x.PBJ_143	V-----V-----R-----XEI-----V-----E-Q-A-F-V-R-----R-----R-----V-----R-----A-L-----Y-L-A-----	659
SMM.US.x.PBJ_6P6	V-----V-----R-----REI-----V-----E-Q-A-F-V-----R-----R-----V-----R-----A-L-----Y-L-A-----	659
SMM.US.x.PGM53	V-----VE-----R-----REI-----V-----E-Q-A-F-V-----R-----R-----V-----R-----A-P-----Y-L-A-----	659
SMM.US.x.SME543	V-----V-----V-----L-E-----REI-----D-----V-----E-Q-A-F-V-----R-----R-----V-----R-----A-L-----Y-L-A-----	659
STM.US.x.STM	V-D-----RE-----A-----V-----E-L-T-F-V-----R-----N-----A-----A-----V-----	659

p15 RNase H end_p31 Integrase start

MAC.US.x.239	SQYVMGIITGCPTESESRLVNQIIIEEMIKKSEIYVAWVPAHKGIIGNQEDHLVSGIRQVLFLEKIEPAQEEHDKYHNSVKELVFKFGLPRIVARQIVDTCDKCHQKGEAIHGQANSDLGTWQMDCTHLEGGKIIIVAVHVASGFIAEAVIPQETGRQTAFLFLKLAGR	832
H2A.GM.x.MCN13	VA-Q-I-EA-V-Q-E-SH-KL-N-AQ-Q-VDAE-S	845
H2A.CI.88.UC2	VASQ-I-D-EAV-I-V-E-I-IH-I-QL-N-AQ-Q-V-AEI-V-S	845
H2A.DE.x.BEN	VA-Q-N-T-EAV-V-E-II-TH-I-LL-NS-AQ-Q-V-AEI-V-Y-S	845
H2A.DE.x.PE12	VA-Q-K-ETL-V-V-KL-N-AQ-Q-VDAE-S	845
H2A.GH.x.GH1	VV-Q-I-D-EAV-V-R-E-M-TH-I-QL-N-AQ-Q-V-AEI-V-S	845
H2A.GM.x.ISY	V-Q-A-I-K-EA-V-R-G-AH-NL-N-AQ-Q-V-AE-S	845
H2A.GM.87.D194	VA-Q-N-I-D-EAV-V-E-I-TH-I-QL-N-AQ-Q-V-AEI-V-S	845
H2A.GW.x.AL	VA-Q-N-I-EA-V-V-E-SH-NL-N-AQ-Q-V-AE-V-I-S	845
H2A.GW.x.MDS	VV-Q-N-T-EA-V-V-E-II-TH-I-QL-N-AQ-Q-V-AE-S	845
H2A.GW.86.FG	VA-Q-N-I-EA-V-V-E-I-SH-I-KL-N-AHQVQ-V-AE-V-S	846
H2A.GW.87.CAM2C2	VA-Q-N-T-EA-V-V-E-T-CH-DI-QL-N-AQVQ-V-AEV-S	844
H2A.SN.85.ROD	SASQ-KT-EA-V-V-E-SH-I-NL-NS-AQ-Q-V-AE-S	846
H2AB.CI.90.7312A	VA-Q-T-PI-K-EA-G-L-V-E-G-H-I-QL-K-NS-Q-V-V-AE-V-S	846
H2B.CI.x.EHO	VAAQ-T-PI-RE-EK-G-L-V-E-N-H-I-QL-NS-Q-V-E-V-S	845
H2B.CI.88.UC1	VA-Q-T-P-EA-G-R-L-V-E-G-H-I-QL-K-NS-Q-V-V-AE-V-S	846
H2B.GH.86.D205	AAQ-T-PI-AK-EAV-G-L-V-E-G-H-I-QL-K-NS-Q-V-A-S	845
H2B.JP01.KR020	AAQ-T-PI-KT-V-EA-G-L-V-E-G-H-I-QL-K-NS-Q-V-AE-S	847
H2C.LR.x.2238	XL-A-Q-T-P-R-L-R-EAV-IS-L-V-ERF-A-TH-I-NL-K-N-HV-Q-V-A-V-S	166
H2D.LR.90.F0784PA	XI-VA-Q-K-EA-I-R-V-D-E-I-KL-I-R-V-AE-V-S	166
H2D.LR.90.FORTC2	VA-Q-K-EA-I-R-V-D-E-I-KL-I-R-V-AE-VT-S	657
H201_AE.US.91.PA		332
H2G.CI.x.ABT96	X-AXQ-T-P-K-X-EXL-G-V-X-X-EXF-TH-I-QL-K-NSYHS-Q-V-AE-V-V-S	828
H2U.FR.96.12034	I-A-Q-T-P-SK-L-R-EAV-G-V-V-E-QH-I-QL-K-N-HV-Q-M-V-TEV-VV-S	841
MAC.US.x.251.BK28		828
MAC.US.x.SMM142B		828
MAC.US.x.MM142		828
MAC.US.x.92050		832
MNE.US.x.MNE027		828
MNE.US.82.MNE_8		828
SMM.SL.92.SL92B	LN-Q-S-D-DI-A-QLVQ-EAV-IG-N-V-R-S-D-AQ-YNI-QL-K-NA-N-Q-T-AEV-V-R-I-S	825
SMM.US.95.TNPRC_G932		123
SMM.US.02.YNPRC_FBL		123
SMM.US.86.NIRC_CFU233		123
SMM.US.03.TNPRC_D215		123
SMM.US.95.TNPRC_D175		123
SMM.US.94.TNPRC_M927		123
SMM.US.94.TNPRC_G080		123
SMM.US.79.NIRC_CFU212		123
SMM.US.79.NIRC_6007_G932		123
SMM.US.95.TNPRC_F102		123
SMM.US.95.TNPRC_D177		123
SMM.US.91.TNPRC_G931		123
SMM.US.81.TNPRC_G930		123
SMM.US.03.TNPRC_G932		123
SMM.US.85.TNPRC_F104		123
SMM.US.84.TNPRC_F104		123
SMM.US.79.NIRC_CFU233		123
SMM.US.86.NIRC_CFU232		123
SMM.US.86.NIRC_CFU226		123
SMM.US.82.NIRC_6007_G932		123
SMM.US.86.NIRC_6002_G931		123
SMM.US.86.NIRC_6001_G930		123
SMM.US.79.NIRC_6001_G930		123
SMM.US.02.YNPRC_FIP		123
SMM.US.x.F236_H4		820
SMM.US.x.H9	VA-Q-K-EA-X-E-V-E-XK-E-E-K-X-L-K-L-X-V-XX-G-X-S	828
SMM.US.x.PB114_15	VA-Q-EA-V-V-E-E-E-K-X-L-K-L-X-V-XX-G-X-S	828
SMM.US.x.PB1A	VA-Q-EA-V-V-E-E-E-K-X-L-K-L-X-V-XX-G-X-S	828
SMM.US.x.PB1_143	VA-Q-EA-X-V-V-XX-G-X-S	828
SMM.US.x.PB1_6P6	VA-Q-EA-V-V-XX-G-X-S	828
SMM.US.x.PGM53	VA-Q-EA-V-V-XX-G-X-S	828
SMM.US.x.SME543	VA-Q-EA-V-V-XX-G-X-S	828
STM.US.x.STM	Q-K-EA-V-V-E-E-I-L-K-H-R-V-AE-S	828

MAC.US.x.239	WPITLHTDNGANFASQEVKMAVWAGIEHTFGVYPNPQSGVQVEAMNHLKNQIDRIREQANSVETIVLMAVHCMNFKRRGGIGDMTPAERLINMITTEQEQIQFQSKNSKFKNFRVYYREGRDQLWKGGPELLWKGGAVILKVGTDIKVPPRRKAKIKDYGGGKEV	1002
H2A.GM.x.MCN13	-----T-----V-05-----S-----T-----T-----LHA-L-L-F-----D--V-----RQ-L	1015
H2A.CI.88.UC2	-----P-T-----V-05-----S-----T-----T-----L-R-N-K-Q-----V-A-----R-RO-L	1015
H2A.DE.x.BEN	-----P-T-----V-05-----S-----T-----T-----L-R-N-Q-----V-A-----R-RO-L	1015
H2A.DE.x.PE12	-----P-T-----T-05-----S-----TM-----LHA-L-L-F-----D--V-----I-----R-RR-L	1015
H2A.GH.x.GH1	-----S-T-----I-05-----S-----TI-----L-R-N-Q-----D--V-A-I-----R-RO-L	1015
H2A.GM.x.ISY	-----T-----V-05-----E-----TM-----V-V-----L-A-L-Q-----F--N-Q-----D--V-A-I-----R-PRO-M	1015
H2A.GM.87.D194	-----P-T-----I-05-----S-----TI-----L-R-N-K-Q-----D--V-A-I-----R-RO-L	1015
H2A.GW.x.AL1	-----S-V-T-----V-05-----S-----D-----T-----S-----S-----L-T-L-P-----D--V-----I-----R-RO-L	1015
H2A.GW.x.MDS	-----T-----V-05-----S-----D-----T-----S-----I-----L-A-L-F-----D--V-E-I-----R-RO-M	1015
H2A.GW.86.FG	-----T-----V-05-----S-----T-----T-----S-----I-----L-A-L-F-----D--V-E-I-----R-RO-M	1016
H2A.GW.87.CAM2CG	-----T-----V-05-----S-----T-----T-----S-----I-----L-A-L-F-----D--V-E-I-----R-RO-L	1014
H2A.SN.85.ROD	-----T-----I-05-----S-----TI-----I-----S-----L-A-L-D-F-----LV-----II-----R-RO-M	1016
H2AB.CI.90.7312A	-----T-D-----V-0-----D-V-I-V-A-----V-----F-A-L-Q-Q-----I-E-I-----RH-----L	1016
H2B.CI.x.EHO	-----T-D-A-I-0-----E-----D-V-I-V-T-----IV-----L-T-L-Q-----D-----I-E-I-----RN-----L	1015
H2B.CI.88.UC1	-----T-D-A-I-0-----V-----D-V-I-V-A-----V-----F-A-L-Q-Q-----LI-----E-I-----RH-----L	1016
H2B.GH.86.D205	-----T-PS-----V-0-----L-D-V-I-V-T-----V-----F-A-L-Q-Q-----I-E-I-----RH-----GL	1015
H2B.JP01.KR020	-----T-D-A-I-V-0-----D-V-I-V-A-----IV-A-----L-T-KL-Q-----F--T-----I-E-I-----N-----L	1017
H2C.LR.x.2238	-----T-----V-V-----TM-----	236
H2D.LR.90.FO784PA	-----T-----V-0-----K-D-----	236
H2D.LR.90.FORTC2	-----T-----V-0-----	657
H201_AE.US.91.PA	-----T-----V-0A-----S-----K-K-D-I-----I-----T-----I-E-----	332
H2G.CI.x.ABT96	-----T-----V-0A-----S-----K-K-D-I-----I-----S-----L-----AD-----LI-----I-----R-----L	998
H2U.FR.96.12034	-----T-----V-0A-----E-----TM-----A-----I-----S-----L-----AD-----LI-----I-----R-----L	1011
MAC.US.x.251_BK28	-----T-----V-0A-----E-----TM-----A-----I-----S-----L-----AD-----LI-----I-----R-----L	998
MAC.US.x.SMM142B	-----T-----V-0A-----E-----TM-----A-----I-----S-----L-----AD-----LI-----I-----R-----L	998
MAC.US.x.MM142	-----T-----V-0A-----E-----TM-----A-----I-----S-----L-----AD-----LI-----I-----R-----L	998
MAC.US.x.92050	-----T-----V-0A-----E-----TM-----A-----I-----S-----L-----AD-----LI-----I-----R-----L	1002
MNE.US.x.MNE027	-----T-----M-----L-----	998
MNE.US.82.MNE_8	-----T-----M-----L-----V-----	998
SMM.SL.92.SL92B	-----K-----T-----L-V-05-----DL-KN-K-E-L-A-----IV-----L-T-YLN-Q-Q-----A-----VI-E-----RQ-M	995
SMM.US.95.TNPRC_G932	-----T-----	198
SMM.US.02.YNPRC_FBL	-----T-----T-----I-----	203
SMM.US.86.NIRC_CFU233	-----T-----TN-----	203
SMM.US.03.TNPRC_D215	-----T-----Q-----TH-D-I-V-T-----	203
SMM.US.95.TNPRC_D175	-----T-----Q-----T-----	203
SMM.US.94.TNPRC_M927	-----T-----Q-----T-----	203
SMM.US.94.TNPRC_G080	-----T-----Q-----M-----	203
SMM.US.79.NIRC_CFU212	-----T-----TN-----T-----	198
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	-----T-----	198
SMM.US.95.TNPRC_F102	-----T-----E-----	198
SMM.US.95.TNPRC_D177	-----T-----DQ-----M-----	198
SMM.US.91.TNPRC_G931	-----T-----	198
SMM.US.81.TNPRC_G930	-----T-----	198
SMM.US.03.TNPRC_G932	-----T-----Q-----T-----I-----	203
SMM.US.85.TNPRC_F104	-----T-----I-----TN-----R-----	203
SMM.US.84.TNPRC_F104	-----T-----I-----TN-----R-----	203
SMM.US.79.NIRC_CFU233	-----T-----TA-----TN-----T-----	203
SMM.US.86.NIRC_CFU232	-----T-----TA-----TN-----T-----	203
SMM.US.86.NIRC_CFU226	-----T-----TN-----T-----	203
SMM.US.82.NIRC_6007_G932	-----T-----	203
SMM.US.86.NIRC_6002_G931	-----T-----	203
SMM.US.86.NIRC_6001_G930	-----T-----	203
SMM.US.79.NIRC_6001_G930	-----T-----	203
SMM.US.02.YNPRC_FIP	-----T-----Q-----M-----	203
SMM.US.x.F236_H4	-----T-----I-----V-----	999
SMM.US.x.H9	-----T-----X-0-X-X-----T-----I-----I-----V-----	998
SMM.US.x.PBJ14_15	-----T-----I-----IVS-----V-----	998
SMM.US.x.PBJA	-----T-----I-----V-----	998
SMM.US.x.PBJ_143	-----T-----X-0-X-X-----T-----I-----I-----V-----	998
SMM.US.x.PBJ_6P6	-----T-----I-----IVS-----V-----	998
SMM.US.x.PGM53	-----T-----Q-----I-----V-----	998
SMM.US.x.SME543	-----T-----Q-----T-----V-----R-----V-----	998
STM.US.x.STM	-----V-----T-----Q-----T-----D-T-V-----K-L-----V-----V-----	998

	p31 Integrase end Pol end	
MAC.US.x.239	DSSSHMEDTGEAR.EVA*	1018
H2A.GM.x.MCN13	--G-L-GAR-DG-M-	1032
H2A.CI.88.UC2	--P-L-GAR-DG-M-CPCQVPEIQ	1032
H2A.DE.x.BEN	--L-G-R-DG-	1040
H2A.DE.x.PE12	--HLEGARE-DG-	1032
H2A.GH.x.GH1	--G-L-GAR-DG-M-	1032
H2A.GM.x.ISY	--L-GAR-DG-	1032
H2A.GM.87.D194	--GP-L-GAR-DG-	1032
H2A.GW.x.AL1	--GP-L-G-R-DG-	1032
H2A.GW.x.MDS	--G-L-GAR-DG-M-	1032
H2A.GW.86.FG	--L-GAR-NG-	1033
H2A.GW.87.CAM2CG	--G-L-GAR-DG-M-	1031
H2A.SN.85.ROD	--C-TDV--RQ--M-QSSQVSEA*	1033
H2AB.CI.90.7312A	--C-ADV--MQ--QSN+IPEI*	1040
H2B.CI.x.EHO	--CGTD---RQ---M-QSQVPEA*	1038
H2B.CI.88.UC1	--C-AD---RQ---M-QSD*	1040
H2B.GH.86.D205	--C-AN----Q---M-QPSQISET*	1034
H2B.JP.01.KR020		1041
H2C.LR.x.2238		236
H2D.LR.90.FO784PA		236
H2D.LR.90.FORTC2		657
H201_AE.US.91.PA		332
H2G.CI.x.ABT96	--TN---RQTG----	1015
H2U.FR.96.12034	---NL-GAEKV-.M-LPDQTPEYX	1036
MAC.US.x.251_BK28		1015
MAC.US.x.SMM142B		1015
MAC.US.x.MM142		1015
MAC.US.x.92050		1019
MNE.US.x.MNE027		1015
MNE.US.82.MNE_8		1015
SMM.SL.92.SL92B	G-AS--Q+KNSGAL--	1012
SMM.US.95.TNPRC_G932		198
SMM.US.02.YNPRC_FBL		203
SMM.US.86.NIRC_CFU233		203
SMM.US.03.TNPRC_D215		203
SMM.US.95.TNPRC_D175		203
SMM.US.94.TNPRC_M927		203
SMM.US.94.TNPRC_G080		203
SMM.US.79.NIRC_CFU212		198
SMM.US.79.NIRC_6007_G932		198
SMM.US.95.TNPRC_F102		198
SMM.US.95.TNPRC_D177		198
SMM.US.91.TNPRC_G931		198
SMM.US.81.TNPRC_G930		198
SMM.US.03.TNPRC_G932		203
SMM.US.85.TNPRC_F104		203
SMM.US.84.TNPRC_F104		203
SMM.US.79.NIRC_CFU233		203
SMM.US.86.NIRC_CFU232		203
SMM.US.86.NIRC_CFU226		203
SMM.US.82.NIRC_6007_G932		203
SMM.US.86.NIRC_6002_G931		203
SMM.US.86.NIRC_6001_G930		203
SMM.US.79.NIRC_6001_G930		203
SMM.US.02.YNPRC_FIP		203
SMM.US.x.F236_H4	--G-L-----	1016
SMM.US.x.H9	--G-L-----	1015
SMM.US.x.PB14_15	--G-L-----	1015
SMM.US.x.PB1A	--G-L-----	1015
SMM.US.x.PB1_143	--G-L-----	1015
SMM.US.x.PB1_6P6	--G-L-----	1015
SMM.US.x.PGM53	--GP-L-----	1015
SMM.US.x.SME543	--G-L-----	1015
STM.US.x.STM	--G-L--R--G----	1015

Vif start

MAC.US.x.239	MEEEKRWIAVPTWRIPER.L	ERWHSLIKLYKYTKDLQKVCYVPHFKVGMWMTCSRVI	FLPQEGSHLEVQGYWHLTPEKGLSTYAVRITWYSKNFWDVTPNYADILLHSTYFPCFTAGEVRRRAIRGEQLLSCCRFPRAHKYQVPSLQYLAKVVS	.DVR	SQGENP	166
H2A.GM.x.MCN13	--G-N-V--V-G-M-K--V--R-ED--H-----KGN-I-A-N--S-S-M-TER--DC-S-I-S-----K-NY-Q-RA--F-V--QO-ND-P-RNGT					167
H2A.CL88.UC2	--G-S-V--V-G-M--V--R-EG-R-H-----KGE-I-A-N--SHS-L-TEK--DC-I-C-A-----K-NY-Q-A--F-V--QO-ND-P-RKG-					167
H2A.DE.x.BEN	--DRH-V--V-G-M-K-A-V--R-EG-R-H-----GK-I-A-N--SH-L-TEK--DC-S-I-S-----K-NY-Q-A--F-V--QO-ND-P-RKGT					167
H2A.DE.x.PE12	--GE--V--V-G-M-K--V--HR-EG-R-H-----GN-I-A-N--S-S-M-TER--DC-S-I-S-----K-NY-Q-RSK-L-F-V--QO-ND-P-KNST					167
H2A.GH.x.GH1	--G-N-V--V-G-RM--V--R-R-EE-R-H-----KGE-I-A-N--SHS-TER--D-I-S-----K-NY-Q-V--F-V--QO-ND-P-RKGT					167
H2A.GM.x.ISY	--DQG--V--V-G-M-K--R-EO-R-H-----KGN-I-A-N--S-S-M-EG--DC-T-I-S-----KS-NY-Q-SK--F-V--QO-NDKP-RD-T					167
H2A.GM.87.D194	--G-N-V--V-G-M--V-H-R-EE-R-H-----EGE-I-A-N--SHS-L-TEK--DC-S-I-S-----K-NY-Q-A--F-V--QO-ND-P-RKGA					167
H2A.x.JAU2	--D--V--V-G-M-K--V--R-EE-R-H-----K-I-A-N--S-TER--DC-S-I-G-S-----K-NY-Q-S--F-V--QO-ND-P-RKYT					167
H2A.GW.x.ALI	--G-S-V--V-G-M-K--V--R-EE-R-H-----GR-I-A-N--S-TER--DC-S-I-G-S-----K-NY-Q-S--F-V--QO-NDKP-RNST					167
H2A.GW.x.MDS	--G-T-V--V-G-M-K--V--R-EE-R-H-----KGN-I-A-N--S-L-TEK--DC-S-I-T-----A-K-NY-Q-S-T-F-V--QO-ND-P-RDST					167
H2A.GW.86.FG	--G--V-I--V-G-M--V--R-EE-R-H-----K-N-I-A-N--SHS-TER--DC-T-I-S-----K-KY--RS--F-V--QO-ND--NSA					167
H2A.GW.87.CAM2CG	--G-S--V--V-G-M-K--V--G-EO-H-----RGD-R-I-A-N--S-M-TEK--DC-T-I-S-----K-KY--RS--F-V--QO-ND-P-RDRT					167
H2A.SN.85.ROD	--D--V--V-G-M-K--V--E-H-----KGN-I-A-N--S-S-TEK--DC-V-I-----K-NY--RA--F-V--QO-ND-P-RDST					167
H2AB.CL90.7312A	--G-N-V--K-G--K--V--HR-GE-Q-S-H-----KG-AC--N-R-F-S-L-EES-Y-DV-Q-G-S-N--KI-Y-NY-S-EG--F-R--QEGKNG--SA					168
H2B.CL.x.EHO	--N--N--C--R--Q-S-H-----K-A--N-R-F-S-L-ERS-Y-DV-R-GS-SS-N--KI-H-NY-S-TG--F-R--QEGKDG--ST					168
H2B.CL88.UC1	--G-N-V--G--K--V--HR-GE-Q-S-H-----K-EAY--N-R-F-S-L-KRS-Y-DV-Q-GS-S-N--KI-Y-NY-S-EG--F-R--IOEGKDG--SA					168
H2B.GH.86.D205	--D--V--G--K--V--HR-GE-Q-S-H-----I-NK-AW--N-R-F-S-L-ER-Y-DV-Q-GS-F-S-N--KI-Y-NY-S-EG--F-R--QEGKDG--SA					168
H2B.JP01.KR020	--N--V--G--K--V--HR-EO-T-H-----K-A-Y-I--N-R-F-A-L-K-S-Y-DV-H-GS-F--N--KI-Y-NY-S-RG--F-R--QEGGNGP--SA					168
H2G.CL.x.ABT96	--G--K--F-F--AV-H-----TKEA-I-N--Q-L-TRK-Y-ET-Q-GS-D-----I-NY-T-R--F-Q--QK.GHG-K-SX					167
H2U.FR.96.12034	--N-V--V-R--H-X-N-E-H-----KK-A-N--S-L-TRG-DC-Q-GS-S-----N-S-RQ--F-RALQ--G-KR--					166
MAC.US.x.251.1A11						166
MAC.US.x.251.32H.PJ5						166
MAC.US.x.251.BK28						166
MAC.US.x.BK28.H824						166
MAC.US.x.MM142						166
MAC.US.x.SMM142B						166
MAC.US.x.1937						166
MAC.US.x.2065						166
MAC.US.x.95112						166
MAC.US.x.96114						166
MAC.US.x.80035						166
MAC.US.x.81035						166
MAC.US.x.85013						166
MAC.US.x.MAC239_87082						166
MAC.US.x.92050						166
MAC.US.x.92077						166
MAC.US.x.93057						166
MAC.US.x.95058						166
MAC.US.x.95086						166
MAC.US.x.96016						166
MAC.US.x.96020						166
MAC.US.x.96072						166
MAC.US.x.96081						166
MAC.US.x.96093						166
MAC.US.x.96123						166
MNE.US.x.MNE027						166
MNE.US.82.MNE_8						166
SMM.SL.92.SL.92B	--G--V--V--SR-IV--C-FH--RE-E-A-H--Y-A-E--V-N--S--EK--DV-Q-A--A-HA-Q--V-Y-GYAV-HSS-Q--L--LQ-ND-PK-K--					168
MAC.US.x.17EC1						166
MAC.US.x.17EFR						166
SMM.US.x.F236_H4	--N-V--G--K--H-N--MA-H-----RDET--N-A--R--D-T--SE--K-K-K-K-N--T--H--D--					166
SMM.US.x.H9	--N-V--G--K--H-N--MA-H-----RDEA--N-X--R-A-D-T-G--SE--K-K-K-N--T--H-X-X--					166
SMM.US.x.PBJ14_15	--N-V--G--K--H-N--A-H-----KDEA--N--R--D-T-G--SE--K-K-K-N--T--H--					166
SMM.US.x.PBJA	--N-V--G--K--H-N--A-H-----KDEA--N--R--D-T-G--SE--K-K-K-N--T--H--					166
SMM.US.x.PBJC	--N-V--G--K--H-N--A-H-----KDEA--N--R--D-T-G--SE--K-K-K-N--T--H--					166
SMM.US.x.PBJD	--N-V--G--K--H-N--A-H-----KDEA--N--R--D-T-G--SE--K-K-K-N--T--H--					166
SMM.US.x.PBJE	--N-V--G--K--H-N--A-H-----KDEA--N--R--D-T-G--SE--K-K-K-N--T--H--					166
SMM.US.x.PBJ_143	--N-V--G--K--H-N--A-H-----RDEA--N-X--R-A-D-T-G--SE--K-K-K-N--T--H-X-X--					166
SMM.US.x.PBJ_6P6	--N-V--G--K--H-N--A-H-----KDEA--N--R--D-T-G--SE--K-K-K-N--T--H--					166
SMM.US.x.PGM53	--N-V--K-G--K--FR--A-H-----RDE--N-A--RK--D-T-G--SE--K-K-K-N--T--H--R-D--					166
SMM.US.x.SME543	--N-V--K-G--K--FR--A-H-----RDET--N-A--H--RK--DC-T-G--SE-Q--K-K-K-N--T--H--R-D--					166
SMM.US.x.BFZ_m12	--N-V--K-G--K--FR--A-H-----RDE--N-A--RK--D-T-G--SE--K-K-K-N--T--H--R-D--					166
STM.US.x.STM	--V--G--H--N-E-S-A-H-----GEA--N--E--TR-S-DC-Q-G--K--TK--N--E--H--R--T					166

MAC.US.x.239
H2A.GM.x.MCN13
H2A.CI.88.UC2
H2A.DE.x.BEN
H2A.DE.x.PE12
H2A.GH.x.GH1
H2A.GM.x.ISY
H2A.GM.87.D194
H2A.GW.x.AL1
H2A.GW.x.MDS
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2C6
H2A.SN.85.ROD
H2AB.CI.90.7312A
H2B.CI.x.EHO
H2B.CI.88.UC1
H2B.GH.86.D205
H2B.JP01.KR020
H2G.CI.x.ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_32H_PJ5
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.BK28_H824
MAC.US.x.MM142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.95112
MAC.US.x.96114
MAC.US.x.81035
MAC.US.x.85013
MAC.US.x.MAC239_87082
MAC.US.x.92050
MAC.US.x.92077
MAC.US.x.93057
MAC.US.x.93062
MAC.US.x.95058
MAC.US.x.95086
MAC.US.x.96016
MAC.US.x.96020
MAC.US.x.96072
MAC.US.x.96081
MAC.US.x.96093
MAC.US.x.96123
MAC.US.x.96135
MNE.US.x.MNE027
MNE.US.82.MNE_8
SMM.SL.92.SL92B
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ_143
SMM.US.x.PBJT4_15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJC
SMM.US.x.PBJD
SMM.US.x.PBJE
SMM.US.x.PBJ_6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.BPZ_m12
STM.US.x.STM

```

Vpx start
MSDP...Vpx end
...

```

112
113
114
115
116
117
118
119
120
121
122
123
124
125
126
127
128
129
130
131
132
133
134
135
136
137
138
139
140
141
142
143
144
145
146
147
148
149
150
151
152
153
154
155
156
157
158
159
160
161
162
163
164
165
166
167
168
169
170
171
172
173
174
175
176
177
178
179
180
181
182
183
184
185
186
187
188
189
190
191
192
193
194
195
196
197
198
199
200
201
202
203
204
205
206
207
208
209
210
211
212
213
214
215
216
217
218
219
220
221
222
223
224
225
226
227
228
229
230
231
232
233
234
235
236
237
238
239
240
241
242
243
244
245
246
247
248
249
250
251
252
253
254
255
256
257
258
259
260
261
262
263
264
265
266
267
268
269
270
271
272
273
274
275
276
277
278
279
280
281
282
283
284
285
286
287
288
289
290
291
292
293
294
295
296
297
298
299
300
301
302
303
304
305
306
307
308
309
310
311
312
313
314
315
316
317
318
319
320
321
322
323
324
325
326
327
328
329
330
331
332
333
334
335
336
337
338
339
340
341
342
343
344
345
346
347
348
349
350
351
352
353
354
355
356
357
358
359
360
361
362
363
364
365
366
367
368
369
370
371
372
373
374
375
376
377
378
379
380
381
382
383
384
385
386
387
388
389
390
391
392
393
394
395
396
397
398
399
400
401
402
403
404
405
406
407
408
409
410
411
412
413
414
415
416
417
418
419
420
421
422
423
424
425
426
427
428
429
430
431
432
433
434
435
436
437
438
439
440
441
442
443
444
445
446
447
448
449
450
451
452
453
454
455
456
457
458
459
460
461
462
463
464
465
466
467
468
469
470
471
472
473
474
475
476
477
478
479
480
481
482
483
484
485
486
487
488
489
490
491
492
493
494
495
496
497
498
499
500
501
502
503
504
505
506
507
508
509
510
511
512
513
514
515
516
517
518
519
520
521
522
523
524
525
526
527
528
529
530
531
532
533
534
535
536
537
538
539
540
541
542
543
544
545
546
547
548
549
550
551
552
553
554
555
556
557
558
559
560
561
562
563
564
565
566
567
568
569
570
571
572
573
574
575
576
577
578
579
580
581
582
583
584
585
586
587
588
589
590
591
592
593
594
595
596
597
598
599
600
601
602
603
604
605
606
607
608
609
610
611
612
613
614
615
616
617
618
619
620
621
622
623
624
625
626
627
628
629
630
631
632
633
634
635
636
637
638
639
640
641
642
643
644
645
646
647
648
649
650
651
652
653
654
655
656
657
658
659
660
661
662
663
664
665
666
667
668
669
670
671
672
673
674
675
676
677
678
679
680
681
682
683
684
685
686
687
688
689
690
691
692
693
694
695
696
697
698
699
700
701
702
703
704
705
706
707
708
709
710
711
712
713
714
715
716
717
718
719
720
721
722
723
724
725
726
727
728
729
730
731
732
733
734
735
736
737
738
739
740
741
742
743
744
745
746
747
748
749
750
751
752
753
754
755
756
757
758
759
760
761
762
763
764
765
766
767
768
769
770
771
772
773
774
775
776
777
778
779
780
781
782
783
784
785
786
787
788
789
790
791
792
793
794
795
796
797
798
799
800
801
802
803
804
805
806
807
808
809
810
811
812
813
814
815
816
817
818
819
820
821
822
823
824
825
826
827
828
829
830
831
832
833
834
835
836
837
838
839
840
841
842
843
844
845
846
847
848
849
850
851
852
853
854
855
856
857
858
859
860
861
862
863
864
865
866
867
868
869
870
871
872
873
874
875
876
877
878
879
880
881
882
883
884
885
886
887
888
889
890
891
892
893
894
895
896
897
898
899
900
901
902
903
904
905
906
907
908
909
910
911
912
913
914
915
916
917
918
919
920
921
922
923
924
925
926
927
928
929
930
931
932
933
934
935
936
937
938
939
940
941
942
943
944
945
946
947
948
949
950
951
952
953
954
955
956
957
958
959
960
961
962
963
964
965
966
967
968
969
970
971
972
973
974
975
976
977
978
979
980
981
982
983
984
985
986
987
988
989
990
991
992
993
994
995
996
997
998
999
1000

	Vpr start	Vpr end	
MAC.US.x.239	ME...ERPP	ENEQPPQREPWDEWVVEVLEELKEEALKHFDPRLLTALGNHIYNRHGDTLEGAGELIRIQRALFMMFRGGCIHSRIGQPPGGNPLSAIPPPSRSM*	101
H2A.GM.x.MCN13	-TEAPT-F	-DGT-P--G--II-IRKI-K-----Y-HT-----R-NV-----A-RL-----T-RT-FP-TSTP-T-Q-	106
H2A.CI.88.UC2			65
H2A.DE.x.BEN	-TEAPT-F	-DGT-R-DLGS-D-I-T-R-I-----R-----I-D-Y-----N-----R-K-----S-L-V-GSR-----*	87
H2A.DE.x.PE12	-TEAPA-F	-D-T-P-G-G--IGI-R-I-----R-----T--YY-H-----R-KT-----V-A-NR-----*	106
H2A.GH.x.GH1	-TEAPT-F	-DGT-R-LGGD-IRI-G-I-----I--Y-HS-----P-R-----V-L-A-NR-----S-TRRRR-FP-A-TP-G-Y-	106
H2A.GM.x.ISY	-TEAPA-F	-DGT-P--G--II-IR-I-----R-----YY-T-----R-V-----T-A-G-----R-R-----TP-N-Q-	106
H2A.GM.87.D194	-TEAPT-F	-DGT-R-LGST-I-T-K-I-----C-I-Y-----R-V-----V-I-A-DR-K-TRRRR-CP-A-TP-G-H-	106
H2A.GW.x.A11	-TEAPT-F	-XR-GT-PX-GX-I-R-I-----R--M-I--GY-T-----R-R-NA-----A-GR-V-TR-R-----TP-N-Q-	107
H2A.GW.x.MDS	-TEAPT-L	-DGT-P--G--I-I-R-I-----R-----RS-----R-T-----R-----T-A-G-----TR-----TP--Q-	106
H2A.GW.86.FG	-TEAPT-L	-DRT-P--G-A-I-I-R-I-----R-----RY-T-----R-----A-A-G-----TR-----TP-G-H-	106
H2A.GW.87.CAM2C6	-TEAPT-L	-DGT-P--G--I-I-RDI-----R-----G-A-----R-R-V-----T-A-N-----TP-R--*	105
H2A.SN.85.ROD	-AEAPT-L	-VDGT-L-G--II-IR-I-----I--KY-T-----R-KV-----T-A-G-----TR-----TP-N-Q-	101
H2AB.CI.90.7312A	-AEAAS-T	--D--E--ED--I-Q--R-----F-S--A--K-----L--Q-----T--EG-Q-	106
H2B.CI.x.EHO	-AEAAP-I	--DKN--EQ--D--I-Q-----F--N--KL-----L--Q-----*	101
H2B.CI.88.UC1	-AEAAP-T	--S--E--ED-M--I-Q--R-----F-S--A--K-----L--A--Q-----*	101
H2B.GH.86.D205	-AEAAP-I	--N--E--IG-I--I-Q-----F-S--A--K-----L--A--Q-----S--T--P--*	101
H2B.JP01.KR020	-TEAAP-T	--D--E--ED--I-Q--R-----F-G--IA-----L--Q-----V--*	101
H2G.CI.x.AB796	-A...E-T	--D-A-----I-----Y-D-----K-----L--D-RC--GNA--T--GVF-	103
H2U.FR.96.12034	-A...-I-	-DGA--G--R-I--VR-----Y-----K-----I-L-----R--SSR-----TTV--*	97
MAC.US.x.251_1A11			101
MAC.US.x.251_32H_PJ5			101
MAC.US.x.251_BK28			97
MAC.US.x.MM142			102
MAC.US.x.SMM142B			102
MAC.US.x.1937			102
MAC.US.x.2065			102
MAC.US.x.95112			102
MAC.US.x.96114			102
MAC.US.x.80035			102
MAC.US.x.81035		X	102
MAC.US.x.85013			102
MAC.US.x.MAC239_87082			102
MAC.US.x.92050			102
MAC.US.x.92077			102
MAC.US.x.93057			102
MAC.US.x.93062		X	102
MAC.US.x.95058			102
MAC.US.x.95086			102
MAC.US.x.96016			102
MAC.US.x.96020			102
MAC.US.x.96072		X	102
MAC.US.x.96093			102
MAC.US.x.96123			102
MAC.US.x.96135			102
MAC.US.x.97009			102
MAC.US.x.97074			102
MAC.US.x.r80025			102
MAC.US.x.r90131			102
MNE.US.x.MNE027		D	102
MNE.US.82.MNE_8		D	102
SMM.SL.92.SL.92B		HA--D-TNP-----IRD-----YV-DTY--I--I-K-K-L-H-T--R-P--GS-SA-DV-	101
MAC.US.x.17EC1			102
MAC.US.x.17EFR			102
SMM.US.x.F236_H4		A...D-A-----Y-D-----I-S-A-----S-----GV-	90
SMM.US.x.H9		T...D-A-----X-X-NX-X-Y-D-----G-I-R-S-X-T-X-GV-	102
SMM.US.x.PBJ14_15		T...D-A-----I-N-Y-D-----I-R-S-----T-GV-	102
SMM.US.x.PBJA		T...D-A-----I-N-Y-D-----I-R-S-----T-GV-	102
SMM.US.x.PBJ_143		T...D-A-----X-R-NX-X-Y-D-----I-R-S-X-T-X-GV-	102
SMM.US.x.PBJ_6P6		T...D-A-----I-N-Y-D-----I-R-S-----T-GV-	102
SMM.US.x.PGM53		T...D-A-----K-V-N-Y-D-----I-R-S-----T-GV-	102
SMM.US.x.62K		A...D-A-----Y-D-----I-S-A-----SR-----D-	102
SMM.US.x.SME543		A...D-A-----I-----I-S-A-----SR-----T-A-	102
STM.US.x.STM		T...H--D-----I-Q--R-----S--Y-D-----K-----R-----AT--T-GV-	102

Vpr

HIV-2/SIV Proteins

	Rev start	exon 1 end	exon 2 start		Rev end	
MAC.US.x.239	MSNHEREEELRKRRLIHLHQTNPYPTGPGTANQRQRKRWRRRRQQLALADRIYSFPDPTDPLDLAIQQLNLAIIESIPDPPTNTPEALCDPTEDSRSPQD*					107
H2A.GM.x.MCN13	TGRAD	---RK---	Q-L-S-N-R--KQ-R-V--K-T--A-S--GRT-H-E-T-QDL--SF--SSEGTDSNO-LAKN			108
H2A.CI.88.UC2	CEKAD	---ORE---	YR-G-N-R-R-Q-LR-V--KLHTA--A-SS-W-H-G-T-REL--DL-S--DSNOGLAET			104
H2A.DE.x.BEN	ERAD	---G-ORQ-LR---	Q-S-N-R-R-Q-LR-V--NKLCAV--A-S--R-H-G-T-QEL--DL-S--NSNOGLAET			104
H2A.DE.x.PE12	NGRAD	---G-ORQ0---	Q-L-R--N-R--RKHQ-R-V--NS--T--A-S--R-H-G-T-QEL--L--SSESTNNQGLAETYNLSLPAIIVRVDPRAAPGPKDYERDSYERDLVGGGTDORQNTCSKSKDQAGGRTCPVVR			170
H2A.GH.x.GH1	HEKADG	---OE---	H-S-N-R-Q--LR-V--KL-T--S--R--D-R-T-HEL--DL-S--NSNOGLAET			104
H2A.GM.x.ISY	TERAD	---GV-RK---	Q-L-R--N-R--E--K-I--T--A-P--QT--G-T-QTL--TQ-LAETQGLPAVWVRVDPRAVPGPREGKYRDSYERGEELVGGSGTNRKGDTRSSTKDQAGSRNCPVVR			159
H2A.GM.87.D194	RDRAD	---G-ORQ---	I-H-Q-S-N-R-R-Q-FR-V--TKLHTI--S--R--G-T-QEL--DL-S--NSNOGLAET			104
H2A.GW.x.AL1	TERAG	---D-ORQ---	R-N-R-Q-G-IV--FT--ASS--R-V-H-G-T-QDL--DL--SSEADNNOGLAET			108
H2A.GW.x.MDS	NERAD	---G-ORQ---	Q-S-N-R-Q-R-I--S-T--A-S--QTV--G-T-QDL--HL-S--Q-PAAT			101
H2A.GW.86.FG	TERAD	---G-ORQ---	Q-S-N-R-KQ-R-I--S-T--A-S--R--H-G-T-QDL--HL--SPESTNSNQ-LAEA			108
H2A.GW.87.CAM2CG	TERAD	---G-ORQ---	Q-S-N-R-Q-R-I--S-T--A-P--RT-H-E-T-QDL--HP-S--Q-LAEA			101
H2A.SN.85.ROD	NERAD	---G-ORQ---	Q-S-N-R-KQ-R-I--S-T--A-S--QT-H-G-T-QEL--HL-S--Q-LAEA			101
H2AB.CI.90.7312A	TAR-K.	D-Q-GI-L	Q-S-N-R-K-GL-I--HPL-NS-AEE--RR--TV-DL-N--SS--TT-APVCVPIIWDRLVPRSPSSSGGYGRDSCHEHREDLMGGSQEDGEGNHRSPQKNTGTA*			150
H2B.CI.x.EHO	NAR	---D-Q-G-L---	Q-S-N-R-KQ-GL-I--HPL-S-EG--R--I-KDL-N--S--TA-ASTCIPPIWDQLVPRSNPSSSQGGRDSCERGEDLVGSPQESGRRDHCNTQEDOTRG*			150
H2B.CI.88.UC1	TTR-K.	D-Q-G-L---	Q-S-N-R-K-GL-I--R-LS-S-EE--V-R-E-TV-DL-N--S--TA-AFTCIPPVWDQLVPRSNPSSNEGGERDSCHEHRSKPMESSQKDSGNSHRDPOEDOTRT*			150
H2B.GH.86.D205	TAR-G.	D-Q-E-L---	Q-S-N-R-K-GL-I--H-STA-AEE-N--R--TV-DL-N--P-LNOSP--TT-APGCVPPVWDQLVPRSNPSSGSGYGRNSCECRDLMGGSQESGESNHRDPOENQTRT*			153
H2B.JP01.KR020	TTR-K.	D-Q-G-LR---	Q-S-N-R-GL-I--Q-HPL-S-EE-N--K-TV-DL-T--ST--TA-TSTCIPPIWDRLVPRSNPSSDEGGRDYSYKHKRKGPMGGSQKNSGNHRDPOEDQTRTRTRPLVR			157
H2G.CI.x.AB196	L-E	---F---	Q-X-N-R-K-KQ-L-I--X-ARE--S-T-QDX-S-AV-KN-Q-PSN			101
H2U.FR.96.12034	P-E.	GVOR---	N-R-Q-L-I--K-T--S-V--G--QDL-E-AVV-H--Q-TSAP			99
MAC.US.x.251_1A11	S	---	R--K			108
MAC.US.x.251_32H_PJ5	S	---	R--N			108
MAC.US.x.251_BK28	S	---	R--KQ			108
MAC.US.x.BK28_H824	S	---	R--RG			108
MAC.US.x.MM142	R5-TG	---R---	S-S-KR-Q--I--N--A			108
MAC.US.x.SMM142B	R5-TG	---R---	S-S-KR-Q--I--LRRIR--A			108
MAC.US.x.1937	XX	---R---	R--I--X			108
MAC.US.x.2065		---	R--X			108
MAC.US.x.95112		---	R--X			108
MAC.US.x.96114		---	R--X			108
MAC.US.x.80035		---	R--X			108
MAC.US.x.81035		---	R--X			108
MAC.US.x.85013	X	---	R--X			108
MAC.US.x.MAC239_87082		---	R--X			108
MAC.US.x.92050		---	R--I			108
MAC.US.x.92077		---	R--I			108
MAC.US.x.93057		X---	R--I			108
MAC.US.x.93062		---	R--V			108
MAC.US.x.95086		---	R--V			108
MAC.US.x.96016		---	R--V			108
MAC.US.x.96020		X---	R--X			108
MAC.US.x.96072	X	---	R--X			108
MAC.US.x.96081		---	R--X			108
MAC.US.x.96093		---	R--V			108
MAC.US.x.96123		---	R--V			108
MAC.US.x.90131		---	R--V			108
MNE.US.x.MNE027	S-AE	---R---	S--N-R-Q--F--V--I--I-H--SP			108
MNE.US.82.MNE_8	S-AE	---R---	N-R-Q--N--V--I--I-H--NP			108
SMM.SL.92.SL.92B	Q-P-E.	---R---	I--A--S--N-R-K--I-IV--A-DI--FDS-S-Q-L-E--TV--T-R-QSA			100
MAC.US.x.17EC1	N	---	R--T			108
MAC.US.x.17EFR	N	---	R--T			108
SMM.US.x.F236_H4	ST-E.	---R---	F--Q--R-R-Q--I--V--G--EL--SA--P-N-VAKSP			101
SMM.US.x.H9	SN-E.	---R---	F--XX--R-R-XO--I--X--A--G--XL-N-ASA--P-K-AA-SP			101
SMM.US.x.PBJ14_15	T-SNGE	---R---	F--S--D--R-R-Q--I--X--V--R--EL-N-ASA--P-K-AA-SP			101
SMM.US.x.PBJA	SN-E.	---R---	F--D--R-R-Q--I--V--G--EL-N-ASA--P-K-AA-SP			101
SMM.US.x.PBJC	SN-E.	---R---	F--D--R-R-Q--I--V--G--EL-N-ASA--P-K-AA-SP			101
SMM.US.x.PBJD	SN-E.	---R---	F--D--R-R-Q--I--V--G--EL-N-ASA--P-K-AA-SP			101
SMM.US.x.PBJE	SN-E.	---R---	F--D--R-R-Q--I--V--G--EL-N-ASA--P-K-AA-SP			101
SMM.US.x.PBJ_143	SN-E.	---R---	F--XX--R-R-XO--I--X--A--G--XL-N-ASA--P-K-AA-SP			101
SMM.US.x.PBJ_6P6	SN-E.	---R---	F--D--R-R-Q--I--V--G--EL-N-ASA--P-K-AA-SP			101
SMM.US.x.PGM53	SSAG	---R---	F--Q--R-R-Q--I--N--A-S--V--D-SL-N--SV--NP--R			105
SMM.US.x.SME543	ST-E.	---R---	F--Q--R-R-Q--I--N--A--V--D-SL-N--SV--T-K-AAKS--H			101
SMM.US.x.BFZ_m12	SNAG	---R---	F--Q--R-R-Q--I--N--A--V--D-SL-N--SV--T-LT--SP--H			108
STM.US.x.STM	DQ-E.	---QF---	Q--Q--N-R-Q--N--N--AS--V--G-S-QDL--P-L-KD-Q-TA-N			100

MAC.US.x.239	107
H2A.GM.x.MCN13	108
H2A.Cl.88.UC2	104
H2A.DE.x.BEN	104
H2A.DE.x.PE12	GSGINRÉTL*.....	179
H2A.GH.x.GH1	104
H2A.GM.x.ISY	DRDISKETL*.....	168
H2A.GM.87.D194	104
H2A.GW.x.AL1	108
H2A.GW.x.MDS	101
H2A.GW.86.FG	108
H2A.GW.87.CAM2CG	101
H2A.SN.85.ROD	101
H2AB.Cl.90.7312A	150
H2B.Cl.x.EHO	150
H2B.Cl.88.UC1	150
H2B.GH.86.D205	153
H2B.JP01.KR020	DAVLQEHKGEGRV*.....	171
H2G.Cl.x.ABT96	101
H2U.FR.96.12034	99
MAC.US.x.251_1A11	108
MAC.US.x.251_32H_PJ5	108
MAC.US.x.251_BK28	108
MAC.US.x.BK28_H824	108
MAC.US.x.MM142	108
MAC.US.x.SMM142B	108
MAC.US.x.1937	108
MAC.US.x.2065	108
MAC.US.x.95112	108
MAC.US.x.96114	108
MAC.US.x.80035	108
MAC.US.x.81035	108
MAC.US.x.85013	108
MAC.US.x.MAC239_87082	108
MAC.US.x.92050	108
MAC.US.x.92077	108
MAC.US.x.93057	108
MAC.US.x.93062	108
MAC.US.x.95086	108
MAC.US.x.96016	108
MAC.US.x.96020	108
MAC.US.x.96072	108
MAC.US.x.96081	108
MAC.US.x.96093	108
MAC.US.x.96123	108
MAC.US.x.90131	108
MNE.US.x.MNE027	108
MNE.US.82.MNE_8	108
SMM.SL.92.SL.92B	100
MAC.US.x.17EC1	108
MAC.US.x.17EFR	108
SMM.US.x.F236_H4	101
SMM.US.x.H9	101
SMM.US.x.PBJ14_15	101
SMM.US.x.PBJA	101
SMM.US.x.PBJC	101
SMM.US.x.PBJD	101
SMM.US.x.PBJE	101
SMM.US.x.PBJ_143	101
SMM.US.x.PBJ_6P6	101
SMM.US.x.PGM53	105
SMM.US.x.SME543	101
SMM.US.x.BFZ_m12	108
STM.US.x.STM	100

Env start	signal peptide end_gp120 start	
MAC.US.x.239	MGCLGNQLLIAILLSSVYGICT	LYVTVFYGVPAWRNATIPLF* . ATKNRDWTGTTQCLPDNGDYSEVALNVTEFADWANNVTQEAIEDVWQLFETSIKPKCVKLSPICITMRCKNCKSETDRWGLTKSI TTTASTTSTTASAK VDMVNETSSCIAQDN* 157
H2A.GM.x.CBL23	MGR	V A T C L N I S I D Q I T A D N N T A R T V A N N T D A R N P T A P R T I K P T E I S N R A N 150
H2A.CL88.UC2	EPGR	AV T A C L V K Q I V S I D Q I P A D R N P V T G N N T A K P T A A R P N P S Y L T I I S T V G A 154
H2A.DE.x.BEN	EPGR	F V V T A C L V S Q I K S I D Q I I A D V H R V O G N T P N P R S S T T S R P P T S A A S T I N F N N T 155
H2A.FR.x.96226		G K S L C V S A A L V Q V S I K D Q I T X A D V R L S A I P C S T I T P G S T M T A S K A S T P T I A V G K 84
H2A.GH.x.GH1		G K S L C V S A A L V Q V S I K D Q I T A D V S T V A S N S T N N T G T T G M E I N E T P S Y S 142
H2A.FR.x.96330		
H2A.FR.x.96206		
H2A.GM.87.D194	EPGR	V T T A C L S K Q I S R I D Q I T A D V R N N I T S G A T P S P P N I T I I D N T G D N 143
H2A.GM.90.CBL24	MSSR	V T A A C L V K Q I K S I D Q I T A D V R N M I T A P E G A Q A S T T A A T A G A M E I P V S T N 151
H2A.GW.x.ALI	AYKR	T A C L K R K Q I S I D Q I P A D V N D G N T S T G N S T R A R I S E E I K N S A 150
H2A.GW.x.CAM1	KGSK	V A A A L H K Q F I S I D Q I T A D V N T R N M T W G R D T O N I T I I D H A R A 143
H2A.GW.86.FG	ERGR	A A C L R Q Q K S I D Q I P A D I V N N I S T D T T M I R P A K E A P I S D N P R T N 149
H2A.GW.87.CAM2CG	KMGR	F V S A A C L V Q V S I D Q I T A D V S T S T E S S T G N S K S T T P T D Q E D E I S D T P A R A 152
H2A.SN.x.ST		
H2A.SN.85.ROD		
H2A.GM.x.ISY	SGKI	V F T A C L K V K S I D Q I P A D I V N N A S T E S A V A P S G P I D D P Q L N 143
H2B.CL.x.EHO	AHVN	Y V T L I I Y M G K N F I K S R V D T I Q I A D D T K S T V V K T W S S A S K E S A S L R S T Q T L L D K Q N S 151
H2B.CL88.UC1	AHTS	H F L L I F L G H K K N I K V T V D T I S V I A D D V D S T V A N T G T N K P I T P I T T P S E N L L D P K N T 153
H2B.FR.x.96200		
H2B.FR.x.97227		
H2B.GH.86.D205	AYFSSR	P L I G I S F V K Q I V I T V T I R I A D Q V D R N T T E G G N K N E T T A T I P T S T A K S A E P T S M M I G G A G 87
H2B.JI.01.KR020	AHINKY	F A L I F M G E D F I K V I V D D I I A D D I A D V R N A W T A N N I T S K W I S I G N D R O 149
H2G.CL.x.ABT96	AY	T X T F K I S V D L A D V N T G V T A P T V P T K M V T A E L S Q L M Y 157
H2U.FR.96.12034	A	L C N A C V Q I N D L A D V S T A S T N G T A A T P A M Q E S K V I E P R N N S 154
H2AB.CL90.7312A	GK	L F V S A A L K V S I D Q I A D V S N S T T A P P S T N N T T T E P T T G G P E I F P M R T 152
MAC.US.x.BR5		
MAC.US.x.270W		
MAC.US.x.BR5		
MAC.US.x.418		
MAC.US.x.BK28_H824		
MAC.US.x.MM142		
MAC.US.x.251_BK28		
MAC.US.x.SMM142B		
MNE.US.x.MNE027		
MNE.US.82.MNE_8		
SMM.SL.92.SL92B	A-P-LH	D F L T W A Q I I Q V D L V I A D N T A K N R A A T T T S P T P L T A A S P S G E E T D M T K N N 162
SMM.US.x.PT583		
SMM.US.02.YNPRC_FWS		
SMM.US.02.YNPRC_FAL		
SMM.US.02.YNPRC_FBL		
SMM.US.93.TNPRC_F102		
SMM.US.79.NIRC_Cf1233		
SMM.US.95.TNPRC_D175		
SMM.US.79.NIRC_6007_G932		
SMM.US.94.TNPRC_M927		
SMM.US.97.TNPRC_G080		
SMM.US.90.TNPRC_F100		
SMM.US.80.NIRC_6001_G930		
SMM.US.02.YNPRC_FVN		
SMM.US.02.YNPRC_FYN		
SMM.US.02.YNPRC_FUP		
SMM.US.02.YNPRC_FIP		
SMM.US.x.PT573		
SMM.US.x.H445		
SMM.US.x.P209C15		
SMM.US.x.H9		
SMM.US.x.SME543		
SMM.US.x.PBJ_6P12		
SMM.US.x.P236_H4		
SMM.US.x.PBJ14_15		
SMM.US.x.PGM53		
SMM.US.x.SMP209		
STM.US.x.STM	A-P	ACL T Q L I A D N T A K N R A A T T T S P T P L T A A S P S G E E T D M T K N N 162

MAC.US.x.239
H2A.GM.x.CBL23
H2A.CL88.UC2
H2A.DE.x.BEN
H2A.FR.x.96226
H2A.GH.x.GH1
H2A.FR.x.96330
H2A.FR.x.96206
H2A.GM.87.D194
H2A.GM.90.CBL24
H2A.GW.x.AL1
H2A.GW.x.CAM1
H2A.GW.86.FG
H2A.GW.87.CAM2CG
H2A.SN.x.ST
H2A.SN.85.ROD
H2A.GM.x.ISY
H2B.CL.x.EHO
H2B.CL88.UC1
H2B.FR.x.96200
H2B.FR.x.97227
H2B.GH.86.D205
H2B.H201.KR200
H2G.CL.x.ABT96
H2U.FR.96.12034
H2AB.CL90.7312A
MAC.US.x.BR5
MAC.US.x.270W
MAC.US.x.BR5
MAC.US.x.418
MAC.US.x.BK28_H824
MAC.US.x.MM142
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.SMM142B
MNE.US.x.MNE027
MNE.US.82.MNE_8
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.PT583
SMM.US.02.YNPRC_FWS
SMM.US.02.YNPRC_FAL
SMM.US.02.YNPRC_FBL
SMM.US.93.TNPRC_F102
SMM.US.79.NIRC_Cf1233
SMM.US.95.TNPRC_D175
SMM.US.79.NIRC_6007_G932
SMM.US.94.TNPRC_M927
SMM.US.97.TNPRC_G080
SMM.US.90.TNPRC_F100
SMM.US.80.NIRC_6001_G930
SMM.US.02.YNPRC_FVN
SMM.US.02.YNPRC_FYN
SMM.US.02.YNPRC_FUP
SMM.US.02.YNPRC_FIP
SMM.US.x.PT573
SMM.US.x.H445
SMM.US.x.P209C15
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.SME543
SMM.US.x.PB1_6P12
SMM.US.x.P236_H4
SMM.US.x.PB114_15
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SMP209
STM.US.x.STM
T.GLEEQEMTSCKFNMTGLKRDKKKEYNETWYSADLVCEQGNNT.....GNESRCYMHNCNTSIVIQES*CDKHYWDAIRFRYC*APPGYALLR*NDNTSYSGFMPK*CSKVVVSSCTRMMETQTSTWFGFNGTRAENRTYIYWHGRDNRITISLNKYNYLTMK*CRPRGNKTVL 320
S.-GE.EVNN-Q---E---Q---K-V--GNGT---TDT---T---M-K---F---A-N---AAT---F---H-K---V 310
A.-GD-G-VN-E---EQ--I-G-TD-D-V-DST-K---TNNT-R---K---SMK-T---A-N-P---AA---H-K---V 317
A.-GV-F-MQ-E---K---EQ--G-D---LR-V--DNIT---AGT---R---I-K---M---F---E-T---AA---R-K---V 314
A.-GD-D-VE---K---EQ--G-D---LR-V--DNITGTP---T-I---IR---I-K---M---F---E-T---AA---R-K---V 247
A.-GK-EIVN-Q-Y---E---Q---K-V--SN-TK---DGKN---T---K---E---A-T---S-IH-K---V 305
A.-GE-E-V-Q---E---L---K-V--SNRTE---NETNI---T---M---F---E-N---A-T---E---IR-K---V 179
A.-GD-DIMQ-N-S---R-EP-L-D-E---SNDTAG---I---IRT-T---M---F---S-N---A-T---K---T---H-K---V 178
A.-GK-EVVE-E---EQ--RK-DA---R-V-DKT-G---GT---R---K---MK---F---E-N---AAT---S-K---T---H-K---V 303
A.-GD-E-E-E---Q---L---K-V--DSTPNSI---Q---O---T---M---F---E-N---T---ATT---S---H-K---V 315
PR-GD-E-VN-R---Q---P---Q---K-V--PF-T-T---T---M---F---D-I---A-N---AAT---H-K---V 311
P.-KE-E-VM-Q---E---Q---N-V-KPNG-ST---T-OT---T---M---SM---T---F---E-N---IATT---S-S---VH-K---V 313
A.-KE-E--D-Q-S---E---R-Q-T-A---K-V-DNNT---SSO-K---T---M---F---A-N---AAT---K---NF---H-K---V 304
S.-E-KIVK-H---E---Q---S-V-DNSTDOT---T-TT---T---M---F-I---K---A-N---A-T---K---H-S-Y---V 313
C.-GE-E-VD-Q---E---L---K-V--SNDTK---KE-KT---T---M---F---E-N---AAT---F---VH-K---V 309
S.-RE-D-VE-Q---EL--Q-S---K-V--SD-S---DRK---T---M---FV---E-N---A-T---P--L---IL--E--V 305
A.-I-GL-E--D-Q-K---ES-Q-KD-KO---K-TR---S--K-IKT---I---SL---F---K---N---LY---K---S---H-K---M-V 312
P.-I-GL-NTVD-Y---R-E--Q-KD-EK-E-NGN---STSTI---RT---T---SL---E---T---M--SK---H---I 313
A.-GE-KIMN-Q---R-ET-Q-D---E-E-TNRKEQSTNRTP-T-K-IKT---T---Y---SL---N---AA---L-A-S---K---T---S-IH-K---V 222
A.-M-DIVQ-R---R-ESTQ-D---AE-I-DETQ-EANSS---GT-MK---IKT---SL---F---S---N---A---L---S---IR---V 255
A.-GE-EIMQ-N-S---R-EL-Q-KD-E---E-NNTRKY---T---IRT-TI---SL---FF---S---N---A---S---EK---V---K---S-IH-K---V 314
A.-I-F-N-V-T-R---V-EP-T-D---AE-VQ-NG---S---HIKT---I---QL---F-FM---S---N---A---T---KS---V---K---H---V 305
I-Q5-S-VG---QR---Q---QX--S-KS---E---R---F---A-N---T---IX---V 320
S.-PLV-R---R---Q--K---H-I---T---SES-K---R---N---T---RG---S---Y---V 316
S.-GE-E-VD-Q---E---T-Q-S---K-V--SN-AS---DGRD---T---F---K---N---M--SK---H-K---V 315
-----T-----E-----K-----V 308
-----D-----I----- 306
-----K----- 307
----- 309
-----N----- 319
-----P-----T-----T-----S-----D-----C--D--C-----N-----R-----H----- 323
-----P-----T-----T-----S-----D-----C--D--C-----N-----R-----H----- 322
-----P-----R-----S-----ED-----K-----N-----SK-----N----- 321
-----RR-----E----- 320
S.-I--P-G-Q---Q-RQ---R-I--G---NES---Y---A-N---GS---I--- 323
A.-R-P-G---I---R-I---G---S-K--Q---R---S-A---NS--- 323
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
----- 0
A.-P-G---I---R-I--SA---S-K-Q---S-A---NS---IR-K--- 323
A.-P-G---I---R-I--PA---S-K-Q---S-A---NS--- 323
A.-P-G---RR---R-I--SA-NS---A--K-Q---M--Q---S-A---NS---K---S---X---R--- 323
A.-P-V---R---R-I--NS-GN---ETD-K---A-N-T---X-S---X---R--- 323
A.-P-G---I---R-I--PA-GS---E-K-Q---S-L-A---NS--- 323
A.-P-V---R---R-I--NS---ETD-K---S-L-A---NT---S---R--- 326
A.-P-G---N---R---R-I--SA---ES-K-H---S-L-A---NT---KS---R---E--- 321
A.-P-V---R---R---R-I--NS---ETD-K---S-A-N-T---S---R--- 326
A.-P-V-R---K---R---R-I--STTS---R-K---S-S---IR--- 327
A.-P-G---RR---R-I--SA-NS---E-K-Q---S-A---KS--- 322
E-SLVG---R---S-I--NVTGE---R---T-A-N---S--- 319

MAC.US.x.239
 H2A.GM.x.CBL23
 H2A.CL88.UC2
 H2A.DE.x.BEN
 H2A.FR.x.96226
 H2A.GH.x.GH1
 H2A.FR.x.96330
 H2A.FR.x.96206
 H2A.GM.87.D194
 H2A.GM.90.CBL24
 H2A.GW.x.ALI
 H2A.GW.x.CAM1
 H2A.GW.86.FG
 H2A.GW.87.CAM2CG
 H2A.SN.x.ST
 H2A.SN.85.ROD
 H2A.GM.x.ISY
 H2B.CL.x.EHO
 H2B.CL.88.UC1
 H2B.FR.x.96200
 H2B.FR.x.97227
 H2B.GH.86.D205
 H2B.JP01.KR020
 H2G.CL.x.ABT96
 H2U.FR.96.12034
 H2AB.CI.90.7312A
 MAC.US.x.BR5
 MAC.US.x.270W
 MAC.US.x.BR5
 MAC.US.x.418
 MAC.US.x.BK28_H824
 MAC.US.x.MM142
 MAC.US.x.251_BK28
 MAC.US.x.SMM142B
 MNE.US.x.MNE027
 MNE.US.82.MNE_8
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.x.PT583
 SMM.US.02.YNPRC_FWS
 SMM.US.02.YNPRC_FAL
 SMM.US.02.YNPRC_FBL
 SMM.US.93.TNPRC_F102
 SMM.US.79.NIRC_CFI233
 SMM.US.95.TNPRC_D175
 SMM.US.79.NIRC_6007_G932
 SMM.US.94.TNPRC_M927
 SMM.US.97.TNPRC_G080
 SMM.US.90.TNPRC_F100
 SMM.US.80.NIRC_6001_G930
 SMM.US.02.YNPRC_FVN
 SMM.US.02.YNPRC_FYN
 SMM.US.02.YNPRC_FUP
 SMM.US.02.YNPRC_FIP
 SMM.US.x.PT573
 SMM.US.x.H445
 SMM.US.x.P209C15
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.SME543
 SMM.US.x.PBJ_6P12
 SMM.US.x.P236_H4
 SMM.US.x.PBJ14_15
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.SMP209
 STM.US.x.STM

PVTIMSGLVFHS..QP.INDRPKQAWCFWGGKWKDAIKEVKQTIVKHPRYT.GTNNTD.KINLTAP.GGG.DPEVTFMWTNCRGEFLYCKMNVFLNVEDRNTAN.....QKPKQEHKRVYVPC*HIRQIINTVHKVGNVYLP*PREGLDTC*NSTVTSLIANIDW...ID 474
 I-L-R-V-K-R-K-E-G-MQ-E-LA-K-E-K-N-F-K-S-AY-N-T-I-NKT-H-QY-E-I-AN 455
 I-L-HR-AV-KK-R-K-N-G-MQ-LAG-K-D-S-FVK-V-S-Y-F-N-T-N-TSQK-Q-A-K-QY-E-I-T-KM 460
 I-L-Q-R-R-K-R-RE-MQ-L-Q-K-I-D-G-F-K-A-S-A-F-N-T-K-OT-R-A-K-Y-F-A-E-I-ID-KN 460
 I-L-Q-R-E-N-G-MQ-LA-KHK-A-AE-T-KFRE-RMS-AY-F-N-T-I-N-TKP-Q-A-K-Y-F-A-E-I-ETN-ST 393
 I-L-K-R-K-RE-MQ-LI-K-D-K-N-F-K-R-S-AY-I-R-N-T-N-PNOT-QH-A-K-I-A-N 452
 I-L-T-R-K-E-MQ-E-LA-K-E-N-TF-K-S-AY-F-N-T-N-TNOI-RH-A-R-K-N-T-I-A-N 326
 I-L-RR-R-VY-KK-G-Q-N-IE-MR-LA-G-D-G-F-K-I-S-Y-F-N-T-NKTGT-RN-A-R-K-N-T-I-YV-NES 326
 I-L-I-N-R-K-R-K-E-MQ-E-LA-K-D-S-FIG-K-S-AY-F-N-T-N-TNTT-HG-A-K-T-T-E-S-I-S 451
 I-L-I-N-R-K-R-K-E-MQ-E-LA-K-D-N-Q-F-K-R-S-A-VY-F-N-T-NKTGOE-QH-A-K-I-A-T-V-K 462
 I-L-R-R-K-N-TE-MQ-L-R-D-G-N-F-K-S-AY-F-N-T-NKTGE-H-A-K-I-A-TDM-N 461
 I-F-FK-V-KK-R-E-Q-E-MQ-E-LA-K-NRSRTEN-KFK-R-S-Y-S-N-T-N-TGQK-Q-A-R-K-R-L-E-I-A 452
 I-L-OR-R-I-K-R-K-N-TE-MQ-LAE-K-K-IT-D-TFK-ER-S-Y-S-F-N-T-NKPNIT-Q-A-R-K-E-R 462
 I-L-H-HY-K-R-K-E-MQ-E-LA-K-D-R-N-SFA-K-S-AY-F-N-T-N-TQK-QH-A-K-I-A-T-G 456
 QTML-I-L-RR-KI-KK-R-R-K-E-RE-MQ-L-K-D-N-F-EKDS-AY-N-T-NKTGQ-QH-E-R-E-S-E-I-V-DG 453
 I-RTV-TL-K-K-N-TE-Q-E-KN-S-T-IS-Q-R-A-EHARSS-RY-N-TF-N-TGL-AS-V-I-R-E-S 459
 I-N-L-T-R-K-N-IE-R-E-I-K-E-R-R-VG-SA-S-RH-F-N-T-N-TGTT-QK-T-K-V-Y-E-S-S-VYDGN 464
 I-V-I-T-R-K-N-TE-E-I-K-A-N-S-VSEHAR-S-AAY-N-T-GKNTK-R-I-E-S-D-NA-G 370
 I-V-I-K-R-K-N-TE-R-E-IN-P-E-N-S-A-EHSV-S-RY-N-T-YN-AG-V-D-P-V-N-I-E-S-D-A 401
 I-RTV-L-K-R-K-N-TE-R-I-K-GAK-TT-SVK-VSEH-K-S-T-Y-N-T-NKTNTT-R-A-P-V-I-E-S-NS 463
 I-I-N-T-Q-E-A-N-T-K-A-EHSQ-S-RY-N-T-N-TGL-K-K-V-H-I-TN 463
 I-E-R-E-MQ-E-V-S-K-D-K-X-TT-E-S-K-T-I-MTL-L-Q-RQR-EE-NRS 476
 I-A-NN-N-G-Q-E-AN-H-K-IS-Q-AE-A-S-K-T-N-SMGG-TSR-R-V-R-M-R-N 470
 I-L-K-R-K-E-RE-MQ-LI-K-D-R-N-TF-K-T-S-AY-N-T-N-TGQK-QH-A-K-Q-V-DVG 464
 R-R-E-N-D-N-D-T-Q-TA 453
 R-R-E-D-N-D-T-Q-R 460
 R-R-E-D-N-D-T-Q-R 457
 R-E-R-K-R-VT-RS-G-T 463
 A-V-E-R-N-E-M-S-R-SLTT-R-R-N-T 473
 A-V-E-R-N-E-R-SLTT-R-R-R-T 477
 A-V-E-R-N-E-R-SLTT-R-R-T 476
 R-E-N-E-R-K-LTG-TT-Q 477
 R-E-N-E-R-K-LTG-TT-Q-R 476
 E-R-RE-MQ-K-D-R-D-R-A-N-SSPRV-TT-TK-R-E 482
 E-N-SE-Q-E-L-D-R-A-N-DQNSNRW.KQ-KPG-Q-E-N 482
 SMM.US.02.YNPRC_FAL 0
 SMM.US.02.YNPRC_FBL 0
 SMM.US.93.TNPRC_F102 0
 SMM.US.79.NIRC_CFI233 0
 SMM.US.95.TNPRC_D175 0
 SMM.US.79.NIRC_6007_G932 0
 SMM.US.94.TNPRC_M927 0
 SMM.US.97.TNPRC_G080 0
 SMM.US.90.TNPRC_F100 0
 SMM.US.80.NIRC_6001_G930 0
 SMM.US.02.YNPRC_FVN 0
 SMM.US.02.YNPRC_FYN 0
 SMM.US.02.YNPRC_FUP 0
 SMM.US.02.YNPRC_FIP 0
 T-T-E-N-SK-Q-E-L-D-R-AR-N-DQNSNRW.KQ-ES-K-A-K-N 482
 T-K-N-SE-Q-E-L-D-R-AR-DQNSNRW.KQ-KT-Q-K-N 482
 E-L-R-N-SE-Q-E-L-D-K-A-L-DQNSNRW.EQ-KS-KQ-E-TN 482
 E-E-R-XXL-K-XXX-Q-K-XIKNGS.RW.TS-NO-RYQK-X-X-E-N 481
 E-R-N-SE-Q-E-L-D-R-A-S-DQNSNRW.KQ-KP-Q-E-N 482
 E-E-K-Q-E-L-D-R-Q-K-A-IQNGS.RW.TS-NO-RQR-E-N 484
 E-E-K-Q-E-L-D-R-Q-K-A-DQGG.RWKQ-NR-Q-K-E-N 480
 E-E-K-Q-E-L-K-E-Q-K-IQNGS.RWTS-NO-RQR-E-N 484
 I-E-S-RE-Q-E-L-E-K-SGS.LWTO-TRADEK-R-D-E 486
 E-R-N-SE-Q-E-L-D-K-A-S-DQNSN.RWKQ-KP-Q-E-N 481
 E-E-RG-E-L-D-A-RIV-I-N-S-SEMRDW.NKNK-Q-V-Q-I-TN 478

Accession	gp120 end_gp41 start	640																																																	
MAC.US.x.239	GNQTNITMSAEVAELYRLELGDYKLVETPIGLAPTVDVKRYTGGTSSRNKRGVFVLGFLGFLATAGSAMGAASLTLTAQSRLLAGIVQ00Q0LLDVKRQ0EQLRLTVWGTKNLQTRVTAIEKYLKDQA0LNAWGCAFRVQCHTTPVW...	PNASLTPKWNNETWQEW 640																																																	
H2A.GM.x.CBL23	--N-D--F--F--F--AE--SSTP.M--S--M--A--S--S--V-DT--E--M--620																																																		
H2A.CI.88.UC2	-----F-----I-----F-----SE-----SSAP.A-----L-----S-----I-----M-----A-----S-----T-----V-D--E--R--M--630																																																		
H2A.DE.x.BEN	RTH-----F-----I-----F-----OR-----SSTP.V-----M-----R-----S-----M-----A-----H-----S-----T-----V-D--S-D-K-M--625																																																		
H2A.FR.x.96226	E-R-----F-----F-----AQ-----SSAP.V-----M-----M-----M-----A-----H-----S-----T-----V-D--Q-D-I-M--626																																																		
H2A.GH.x.GH1	S-----F-----I-V-----F-----RE-----SSAP.V-----S-----M-----A-----S-----S-----D--S-D--M--617																																																		
H2A.FR.x.96330	E-----F-----I-V-----F-----SE-----SSAP.G-----M-----T--A-----S-----M-----A-----S-----S-----V-DT--D--M--K--491																																																		
H2A.FR.x.96206	T-R-----F-----I-----F-----SE-----SSAP.P.H-----M-----TV-----S-----M-----M-----A-----S-----S-----V-D--N-E-M--491																																																		
H2A.GM.87.D194	H2A.GM.90.CBL24	N-----F-----I-V-----PF-----KE-----SSAP.V-----T--A-----G-----S-----M-----M-----A-----S-----S-----V-D--D--M--616																																																	
H2A.GW.x.A1	N-----F-----F-----F-----SE0-----SSP.K-----T--A-----S-----M-----M-----A-----S-----S-----V-D--Q-D--M--627																																																		
H2A.GW.x.CAM1	H2A.GW.x.ST	N-----F-----F-----F-----SER-----SSTP.R-----M-----T--A-----S-----M-----M-----A-----S-----S-----V-N--K-D-D-M--Q--623																																																	
H2A.GW.86.FG	H2A.GW.87.CAM2CG	H2A.GW.x.ROD	H2A.GM.x.ISY	H2B.CI.x.EHO	H2B.CI.88.UC1	H2B.FR.x.96200	H2B.FR.x.97227	H2B.GH.86.D205	H2B.JP01.KR020	H2G.CI.x.ABT96	H2U.FR.96.12034	H2AB.CI.90.7312A	MAC.US.x.BR5	MAC.US.x.270W	MAC.US.x.BR5	MAC.US.x.418	MAC.US.x.BK28_H824	MAC.US.x.MM142	MAC.US.x.251_BK28	MAC.US.x.SMM142B	MNE.US.x.MNE027	MNE.US.82.MNE_8	SMM.SL.92.SL92B	SMM.US.x.PT583	SMM.US.02.YNPRC_FWS	SMM.US.02.YNPRC_FBAL	SMM.US.02.YNPRC_FBL	SMM.US.93.TNPRC_F102	SMM.US.95.TNPRC_CF1233	SMM.US.95.TNPRC_D175	SMM.US.79.NIRC_6007_G932	SMM.US.94.TNPRC_M927	SMM.US.97.TNPRC_G080	SMM.US.90.TNPRC_F100	SMM.US.80.NIRC_6001_G930	SMM.US.02.YNPRC_FVN	SMM.US.02.YNPRC_FYN	SMM.US.02.YNPRC_FUP	SMM.US.02.YNPRC_FIP	SMM.US.x.PT573	SMM.US.x.H445	SMM.US.x.P209C15	SMM.US.x.H9	SMM.US.x.SME543	SMM.US.x.PBJ_6P12	SMM.US.x.F236_H4	SMM.US.x.PBJ14_15	SMM.US.x.PGM53	SMM.US.x.SMP209	STM.US.x.STM	N-E-----A-----N-----ST--T-----T-----S-----D--V-D--M--648

MAC.US.x.239	ERKVDFLEENITALLEAAIQIQEKNMYELQKLNWSDFVGNWFDLASWIKYIQGYVIVGVILLRIVYIVQMLAKLRQGRYPVFSPPSYFQ0THIQDDPALPTREKGERDGGEGGSSWPWQIEYIHLRQLIRLLTLWFSNCRTLRSRVYQIOLPQLRSATLQ	810
H2A.GM.x.CBL23	-G-IRD--A-500-Q-----T-----II-IVV-----SR-K-----G-L-I-HK-WEQ-A-ET-E-V-MNV-D-L*-P-R-----H-----G-YNI-N-----ISLT-R-VF-S-QRA-T	789
H2A.CL88.UC2	-KQ-RY--A-505-----IL-----T-V-----H-----I-A-A-V-L-SRF-K-----G-L-I-HT-RGO-AN-ET-G-A-DAS-YDF--P-N-QL-HL-T-----G-Y-I-D-----ANSPTRRLL-S-N-----T	796
H2A.DE.x.BEN	-KQ-RY--A-505-----T-----H-----V-A-V-ISR-K-----G-L-I-HK-RGO-AN-ET-E-V-DSS-YDL--P-N-VO-HL-T-----IG-YNI-D-----KNSPTRRL-S-S-----T	791
H2A.FR.x.96226	-KQ-RY--A-505-Q-----T-----H-----V-A-V-ISR-K-----G-L-I-HT-RGO-AN-ET-E-V-DSS-YDL--P-N-VO-HL-T-----G-YNI-D-----KNSLTRRL-S-N-----A	726
H2A.GH.x.GH1	-KQ-RY--A-505-Q-----T-----V-A-V-L-SR-K-----G-L-I-HT-RGO-AN-T-E-DRDD-YDL*-P-N-----HL-T-----G-YKI-D-----TNSPTRRL-S-N-----T	782
H2A.FR.x.96330	-QLIRH--A-SES-Q-----T-----R-A-I-VF-V-V-SR-K-----G-V-I-HK-WEQ-D-GET-E-V-DNV-D-L-P-R-----G-YNI-DS--SF-T-L-SR-G-----XG	658
H2A.FR.x.96206	-E-RY--A-50K-----M-E-Q-Y-----I-I-VF-A-VI-SR-K-----G-V-I-HKGRGO-AN-ET-EG-D-DYR-----L-RN-I-YNS-----KTF-T-RLLVAY-----	656
H2A.GM.87.D194	-KR-HY--A-505-Q-----T-----I-G-A-L-SR-K-----G-L-I-HT-RGO-AN-ET-E-A-DDS-FGL--PLN-Q-HL-T-----G-YNS-G-----KNSPTRRL-S-S-----T	782
H2A.GM.90.CBL24	-H0-RY--A-SE-Q-----T-----VII-I-G-A-L-SR-K-----G-L-I-HRWEO-D-GET-E-V-DNV-T-L-P-A-----L-----IG-YNI-D-----SS-L-S-ORA-T	797
H2A.GW.x.A1	-Q0-RY--A-SE0-R-----T-----T-L-TA-V-----I-IVA-V-SR-K-----G-I-I-HK-DEQ--GET-E-V-DNV-DRL-P-A-L-HL-A-IG-Y-I-D-----ISP-----FRS-ORA-T	793
H2A.GW.x.CAM1	-Q-RY--A-505-Q-----R-----I-V-SR-K-----G-I-I-HK-LEOLA-ET-E-V-SNV-DRF-P-A-L-----L-----R-YNS-D-----IFLT-----F	791
H2A.GW.86.FG	-Q-RY--A-505-Q-----T-L-FT-VR-----V-IVA-SR-K-----G-I-I-HK-DEQ-A-ET-E-V-SN-DR-P-A-----L-----G-YNI-D-----ISP-----F-S-ORA-T	787
H2A.GW.87.CAM2CG	-Q-RY--A-505-L-----N-T-T-S-----I-V-V-SR-K-----S-G-I-I-HK-EQ-AS-ET-E-V-GN-DR-----L-----G-YNI-N-----IF-T-----N	792
H2A.SN.x.ST	-QRTRN--A-SES-Q-----T-----I-V-V-SR-K-----A-I-HK-REQ-A-ET-E-V-NSV-DNW--P-R-----NR-YNI-D-----SF-T-L-S-S-RRR-T	791
H2A.SN.85.ROD	-KQ-RY--A-SKS-Q-----I-----T-V-----L-I-A-A-V-SR-K-----G-I-I-HK-RGO-AN-ET-EG-SN-DRY--P-A-----R-Y-I-D-----SFLT-----LY-N	791
H2A.GM.x.ISY	-H-IR--A-SES-Q-----T-----M-IVA-V-SR-K-----G-I-I-HK-WEQ-D-ET-E-V-DNV-SR-P-----L-----R-YNS-D-----YL-P-----	779
H2B.CL.x.EHO	-Q-R-DA--K-----Q-I-S-----FT-MA-RL-L-I-IVV-A-I-R-K-----T-IP-RK-RGO-AN-ET-EG-NNE-YR-----P-RD-I-Y-G-----KTF-T--V-----	787
H2B.CL88.UC1	-KR-N-DA-----R-----FT-MA-RL-L-V-A-L-V-M-R-K-----T-IP-RKRGQ-AN-ET-DE-NE-AYR-----A-RN-I-YNG-N-LKTS-----A-----	792
H2B.FR.x.96200	-KQ-N-DA-----I-----T-----HL-L-V-A-L-V-V-E-K-----T-IP-RK-RGO-AN-ET-EG-SD-D-----P-T-----HX-----G-YNS-N-V-TFLT-LF-N-----	700
H2B.FR.x.97227	-KQ-N-DA-KS-----Q-----FT-MV-RL-L-V-A-L-V-I-R-K-----T-IP-HKRGQ-AN-ET-DE-SD-VYR-----L-GN-----YNG-N-LKTF--A-R-----	729
H2B.GH86.D205	-KQ-H-DA-----I-----T-----HL-L-A-LVV-V-L-R-K-----T-IP-RK-RGO-AN-ET-EG-ND-DYR-----L-RN-I-YNS-----LKTF--HO-STN-----	791
H2B.J101.KR020	-NQ-R-D--K-V-----E-K-Q-S-----FT-A-I-L-VI-LVV-L-R-K-----V-I-HKGRQ-AS-ET-EG-DDEYR-----R-----L-RN-I-YNS-----LKTF-P-LVF-----	779
H2G.CL.x.ABT96	-KQIN--D-R-----T-V-VYL-L-V-A-V-V-I-GR-----X-----V-I-RK-QEX-K-EI-GES-NK-YR-----X-GN-----Y-A-----IX-T-LF-T-R-----	815
H2U.FR.96.12034	-E-NY--Q-A-----N-I-----T-V-VYL-L-V-A-I-I-V-L-GS-K-----H-VE-IP-R-REQ-KGEI-EGA-DS-YR-----R-H-----Y-S-D-----IC-S-LF-SI-----	800
H2AB.C1.90.7312A	-KQIRD--A-SES-Q-----V-EG-ND-YR-----IVA-VI-V-IGR-R-----G-IR-HK-RGO-AN-ET-EG-ND-YR-----RN-I-YDG-----LKTF-T-A-----	792
MAC.US.x.BR5	-----S-S-----T-----I-R-----R-----X-----G-D-----I-----F-----	789
MAC.US.x.270W	-----S-S-----T-----I-R-----R-----X-----G-D-----I-----F-----	796
MAC.US.x.BR5	-----S-S-----T-----I-R-----R-----X-----G-D-----I-----F-----	793
MAC.US.x.418	-----S-S-----T-----I-R-----R-----X-----G-D-----I-----F-----	799
MAC.US.x.BK28_H824	-R-----A-----I-V-----P-----G-----A-----R	809
MAC.US.x.MM142	-A-----T-----I-I-----R-----*-----K-KG-GS-----A-----F-----R	812
MAC.US.x.251_BK28	-A-----T-----I-V-----R-----*-----T-----G-----A-----F-----R	811
MAC.US.x.SMM142B	-A-----T-----I-I-----R-----*-----T-----K-KG-GS-----A-----F-----YG	811
MNE.US.x.MNE027	-----R-----R-----R-----*-----R-Q-----K-T-G-DS-----A-----F-F-T-----	813
MNE.US.82.MNE_8	-----R-----R-----R-----*-----R-Q-----K-T-G-DS-----A-----F-F-T-----	811
SMM.SL.92.SL02B	-K-E--A-OM--RL-----T-VR-----FL-I-IV-----V-SR-----H-I-----R-DE-AK-T-GE-N-YRL-----I-----YN-LTR-A-A-N-OLC-----ETS	817
SMM.US.x.PT583	-G--A-Q-----I-----T-VR-----L-L-VG-----V-R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	818
SMM.US.02.YNPRC_FWS	-R-S-T-OM--H-----IL-----T-----AL-L-GS-----V-R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	154
SMM.US.02.YNPRC_FAL	-A--M-----T-----R-----V-----MS-----V-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	144
SMM.US.02.YNPRC_FBL	-Q--A-Q-----I-----C-IL-----T-----R-----L-L-G-----I-V-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	146
SMM.US.93.TNPRC_F102	-A--MM-----S-----T-----G-----L-I-----V-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	144
SMM.US.79.NIRC_CFU233	-Y--SL-----T-----G-----L-I-----V-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	163
SMM.US.95.TNPRC_D175	-KQ-AY--A-Q0-----L-----D-----T-V-VYL-F-V-A-I-V-----VI-G-----FS-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	150
SMM.US.79.NIRC_6007_G932	-A--SOMF-----T-----P-----T-I-----G-----V-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	148
SMM.US.94.TNPRC_M927	-KQ-N--A-Q-----K-----T-----P-----T-I-----G-----V-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	163
SMM.US.97.TNPRC_G080	-A--M-----R-----R-----V-I-M-----VI-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	146
SMM.US.90.TNPRC_F100	-Q--A--M-----R-----R-----V-M-----V-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	163
SMM.US.80.NIRC_6001_G930	-A--SOM-----R-----R-----I-----FSR-G-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	150
SMM.US.02.YNPRC_FVN	-A--M-----V-----M-----V-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	144
SMM.US.02.YNPRC_FYN	-A--LM-----V-----S-----R-----L-I-----V-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	144
SMM.US.02.YNPRC_FUP	-Y--A-EM-----V-----M-----V-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	144
SMM.US.02.YNPRC_FIP	-A--M-----V-----M-----V-----R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-G-R-----	144
SMM.US.x.PT573	-G-N--A-Q-----R-----I-----T-----R-----L-L-VG-----V-R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-R-----	818
SMM.US.x.H445	-G-N--A-Q-----R-----I-----T-----R-----L-L-VG-----V-R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-R-----	818
SMM.US.x.P209C15	-Q-S--A-Q-----F-----T-----R-----L-L-VG-----V-R-----P-A-V-IPVHKQEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-R-----	818
SMM.US.x.H9	-KQ-N--A-XX-----X-----XX-XX-X-TX-----L-L-G-----V-R-----AXVX-IP-XTGOE-K-E-GE-XR-R-X-----S-DW-L-XC-----V-S-R-----	817
SMM.US.x.SME543	-G--A-Q-----I-----T-----R-----L-L-VG-----V-R-----P-A-V-IP-HK-QEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-I-----V-R-----	818
SMM.US.x.PBJ_6P12	-KQ-N--A-QS-----T-----I-----T-----R-----L-L-G-----V-R-----A-V-TP-HK-QEP-K-E-GE-GR-R-----S-DW-L-NC-T--V-S-R-----	820
SMM.US.x.F236_H4	-Q--A-Q-----T-----I-----T-----R-----L-L-G-----V-R-----A-V-TP-HKQEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-S-----V-S-T-----	816
SMM.US.x.PBJ14_15	-KQ-N--A-QS-----T-----I-----T-----R-----L-L-G-----V-R-----A-V-VP-TGOE-K-E-GE-GR-R-----S-DW-L-NC-T--V-S-R-----	820
SMM.US.x.PGM53	-Q-D--A-QA-----T-----I-----T-----R-----L-L-VG-----V-I-R-----V-V-IP-HKQEQ-K-E-GE-DR-R-----N-Y-L-I-----VF-----	818
SMM.US.x.SMP209	-Q-S--A-Q-----F-----I-----T-----R-----L-L-VG-----V-R-----A-V-IP-HKQEP-K-E-GE-DR-SR-----S-DW-L-S-----V-----T-----	817
STM.US.x.STM	-----A-Q-----V-----T-VR-----L-I-LVM-VA-----M-L-R-K-----CR-IP-HKQEQ-K-E-GE-DR-IN-----T-----V-----YN-F-AC-----I-T-H-TF--I-R-----	813

MAC.US.x.239 RIREVLRTELTYLQYQWSYFHEAVQAVWRSATETLAGAWGLDWETLRRGGRWILAI PRRI RQGLELTL*
H2A.GM.x.CBL23 A--DW--DAA---CEWIOG-F-FA-ATR---T-R--GA-Q-I-G--V-----A-IA---
H2A.CI.88.UC2 A--DW-LKAA---CEWIO--F-IA-T-R-----RG-CKAVQ-I-G--V-----A-IA---
H2A.DE.x.BEN A--DW-LKAAQ---CEWIO--F-FA-TTR-----W--AA-I-G--V-----A-A---
H2A.FR.x.96226 A--DW-LKAA---CEWIO-----T--AA-I-G--V-----A-A---
H2A.GH.x.GH1 A--DW-LKAA---GEWIO--F-FAKTTR---S--G-CAAVQ-V-G--V-----A-IA---
H2A.FR.x.96330 G--DW-----
H2A.FR.x.96206CEWIOKE
H2A.GM.87.D194 A--DW-LKAA---CEWIO--FR-FA-T-R-I---RG-C-AAQ-I-G--V-----A-IA---
H2A.GM.90.CBL24 A--DW-L-AAA---CEWIO-I-LT-ATR-----RN--GA-Q-I-G--V-----A-A---
H2A.GW.x.AI T--DW-LKAA---CEWIO--FR-FA-I-R-----TNT-R--GAVQWV-R-V-----A-IA---
H2A.GW.x.CAM1 ..-DW-ASTAF---CEWIO-F-FG-A-K-TS-CRS-R-G-I-G--V-----A-A---
H2A.GW.86.FG A--DW-LKAA---CEWIO-F-LA-TTR-----GR--RA-Q-I-G--V-----A-A---
H2A.GW.87.CAM2CG ..-DW-PKVAF---CEWIO-F-AA-A-R-----CR-V-GM-Q-I-G--V-----A-A---
H2A.SN.x.ST AV-DW-FNTA---GEWIO--FR-FA-ATG---TN--RGF-G-QQI-G--V-----A-IA---
H2A.SN.85.ROD ...-DW-LRTAF---CEWIO-F-AA-ATR-----CRG-RV-E-I-G--V-----A-IA---
H2A.GM.x.ISY ..-DW-LKAA---CEWIO-F-LA-VTR---TS-GRS-GA-G-I-G--V-----A-IA---
H2B.CI.x.EHO ...-P-LPPA--R-I-W-Q-I-AA-A-G---S-ARTS-GV--AAGE-I-----A-A---
H2B.CI.88.UC1 ...-P-LS-A---I-W-Q-I-AT-A-R---NTGRA-KA--TAEA-I-----A---
H2B.FR.x.96200 ..-DW-LRAAL---CEWI-----
H2B.FR.x.97227 ...-P-LP-A-I---CEWIO-G-----
H2B.GH.86.D205 ...-QP-LPVA---I-W-Q-LR-AA-ATG---S-GET--A-AA-A-I-----A---
H2B.JP01.KR020 ...-QQ-LP-A---IGW-Q-I-AT-A-G---TNTGRA-A--TA-A-V-----A---
H2G.CI.x.ABT96 A--H-L-AA-FS--FRWLQ--CT-AT-A-Q---TST-RA-K--G-V-G-----A---
H2U.FR.96.12034 ...-R-HL-IA---Q-K-F-FGKA-R---SRTGRE--G-V--LR-----F-A---
H2AB.CI.90.7312A ...-P-LLFA---IGW-Q---AAGATG---STGRT--A--TA-G-I-V-----A---
MAC.US.x.BR5 -----I-----G-----
MAC.US.x.270W -----R-----A-----R-----
MAC.US.x.BR5 -----A-----R-----
MAC.US.x.418 -----A-----R-----
MAC.US.x.BK28_H824 GV-----Q-----G-----R-----
MAC.US.x.MM142 -----L-----Q-----AQ-----E--A-Q-----
MAC.US.x.251_BK28 -----V-----G-----R-----
MAC.US.x.SMM142B EFG--L-----Q---ARDLRQLR-RARGEK--A-Q-----
MNE.US.x.MNE027 -----V-----Q---VA-----G-V-----E-----
MNE.US.82.MNE_8 -----V-----Q---VA-----G-V-----E-----
SMM.SL.92.SL92B P--LV-R-AG-IR--N-I-C-EA---Q-AIV---LI--G-V-G-A-----M-N-
SMM.US.x.PT583 -V--I-I-I---Q-A-W-KF-R---S-R-I---G-V-G-----V--A---
SMM.US.02.YNPRC_FWS
SMM.US.02.YNPRC_FAL
SMM.US.02.YNPRC_FBL
SMM.US.93.TNPRC_F102
SMM.US.79.NIRC_Cf1233
SMM.US.95.TNPRC_D175
SMM.US.79.NIRC_6007_G932
SMM.US.94.TNPRC_M927
SMM.US.97.TNPRC_G080
SMM.US.90.TNPRC_F100
SMM.US.80.NIRC_6001_G930
SMM.US.02.YNPRC_FVN
SMM.US.02.YNPRC_FYN
SMM.US.02.YNPRC_FUP
SMM.US.02.YNPRC_FIP
SMM.US.x.PT573 -V--I-I-I---H-----Q-A-W-KF-R---S-R-I---G-V-G-----V-----
SMM.US.x.H445 -V--I-I-I---Q---A-W-KV-R---S-R-I---G-V-G-----V-----
SMM.US.x.P209C15 -V--I-I-I---Q---W-KF-R---S-R-I---G-V-G-----V-----
SMM.US.x.H9 -A--I-V-I---R-LQ-AXXW-KFXR---S-R-I---G-V-G-----XX-V--A---
SMM.US.x.SME543 -V--I-I-I---Q---W-KF-R---S-R-I---G-V-G-----V-----
SMM.US.x.PBJ_6P12 -A--I-VQIA---R-LQ-A-W-KFVR---S-R-I---G-V-G-----V-----
SMM.US.x.F236_H4 -V--I-I-IA---R-Q---W-KL-R---S--I---G-V-G-----V-----
SMM.US.x.PBJ14_15 -A--I-VQIA---R-LQ-A-W-KLVR---S-RH-----G-V-G-----V-----
SMM.US.x.PGM53 -----V--IS---CRW-Q---A-ARG---S-R-S---G-V-V-----V--A---
SMM.US.x.SMP209 -V--I-I-I---Q---W-KF-R---S-R-I---G-V-G-----V--A---
STM.US.x.STM -----V-LGAA---CIWIO--A-A-A-G---S-GR-----G-V-R-G-----

879
859
866
861
74
852
665
666
852
867
863
859
857
860
861
859
847
853
858
718
748
860
846
885
868
858
841
848
845
851
879
882
881
881
883
881
887
888
154
144
146
144
163
150
148
163
146
163
150
144
144
144
144
888
888
888
887
888
890
886
888
887

MAC.US.x.239	Nef start	R17Y mutation	premature stop in Mac239	max HIV-1 similarity
H2A.CL88.UC2	--ASG-KKL-KQ-QG-E	--GG-V-QCSASGGES	--Q-SGREOK-P	166
H2A.DE.x.BEN	--ASG-KKL-KH-RG-E	--DG-KORDASGGE	--FOEESGREON-P	166
H2A.DE.x.PE12	--ASG-KKC-SLQG-E	--C-GWDGSAGE	--LFOESGRONLP	166
H2A.GH.x.GH1	--ASG-KKH-KH-OR-E	--H-GG-WOOCNASGGE	--LFOESGRONLP	166
H2A.GM.x.ISY	--ASG-KK--RG-QE	--GAC-G-WD-S-G	--FHE-SGREOKLP	166
H2A.GM.87.D194	--ASG-KK-EH-QG-E	--GG-VKORNASGGES	--QESGREOK-P	166
H2A.GW.x.ALI	--ASG-KK-G-LOG-E	--QTP-C-GOCSGSGG	--Q-SGR-OKLP	166
H2A.GW.x.MDS	--ASG-KK--RG-QE	--AGAC-GHWD-LGGE	--R-OESGR-OR-P	166
H2A.IC76124	I-S-G-K-P-R-PGX-KK	--KKG-R-HHNR-KNCF	--R-OESGR-NAP	166
H2A.GW.87.CAM2CG	--ASG-KK--LOG-QE	--AG-C-EYCNAL-GEISLR	--Q-S-REON	166
H2A.PT.x.MP1	--ASG-K-P-SLOE-E	--F-A-C-GRCNKS-G	--L-FHE-S-REOR-P	166
H2A.PT.x.MP2	--ASG-K--SLOG-QE	--C-GRCN-S-G	--L-FHE-S-REOR-P	166
H2A.PT.x.EP	--ASG-KT--RG-E	--Q-C-S-GRW-GS-G	--L-OESGREONLP	166
H2A.PT.x.794	--ASG-KK--QG-Q	--AG-C-EYWN-LGGE	--L-OESGREOR-P	166
H2A.PT.x.1069	--ASG-KKH-K-LOG-E	--Q-G-CGRSN-S-GEFL	--Q-ESGREON-P	166
H2A.PT.x.1147	--ASG-KKP--PRG-QE	--AGAC-GHWEOL-G	--L-OESGREOKLP	166
H2A.PT.x.1227	--ASG-KKQ-K-RG-E	--S-EGWR-LGGE	--L-OEESGREOR-R	166
H2A.PT.x.1215	--ASG-KK--QG-Q	--AGAC-GYWN-LGGE	--L-OESGREOK-P	166
H2A.PT.x.1320	--ASG-K--K-QG-Q	--AGAC-GHWD-SGVV	--R-OESGREOK-P	166
H2A.PT.x.483	--ASG-KKP--PRG-QE	--AG-C-GYWE-LGEE	--L-OESGR-OK-P	166
H2A.PT.x.546	--ASG-KK-K-OG-QE	--QTH-GAC-GHCNGS	--G-FL-O-ESGR-ON-P	166
H2A.PT.x.1543	--ASG-KK--LOG-QE	--G-C-GOCSGS-G	--L-OES-EG-ON-P	166
H2A.PT.x.B1_1	--ASG-KK-K-RG-QE	--AGAC-GHWD-LGGK	--L-OEESGREOK-P	166
H2A.PT.x.1544	--ASG-KKH-K-RG-Q	--AGAC-GHWD-LGGE	--LRF-FOESGREOK-P	166
H2A.PT.x.1428	--ASG-KT--RG-QE	--AGAC-GHW-LG-GE	--LFO-ESGREOK-P	166
H2A.PT.x.1567	--ASG-KKQ--RG-E	--T-EG-C-GSHGS-G	--L-O-ESGR-Q-P	166
H2A.PT.x.268	--ASG-KKP--RG-QE	--AG-C-GYWO-LGGE	--R-OEESGREOR-P	166
H2A.PT.x.1378	--ASG-KK-T-LRG-QE	--QTG-RDLWGRCSRSG	--S-RFO-ESGREON-P	166
H2A.SN.x.ST	--ASG-KK-E-RG-E	--QTP-AS-GHWDKLGGE	--L-OESGR-OK-P	166
H2A.SN.85.ROD	--ASG-KKH--PRG-QE	--AGAC-GYWN-SGGE	--RFOES-REOK-P	166
H2A.DE.92.NEP	--ASG-KTH--RG-QE	--AG-C-GHWD-LGGE	--R-OEES-OK-P	166
H2A.DE.91.HOM	--ASG-KKP-K-RG-E	--QTP-S-GHWRHLGGE	--L-OESGREOD-P	166
H2B.CL.x.EHO	--S-G-KKQ-KOORP-E	--RGRPR-ESS-RROERSL-Y	--S-N-N-P-D-TLGAE	148
H2B.CL88.UC1	--S-G-KKQ-KOOR-E	--TOE-P-K-SEGQRKOS-R	--S-D-N-P-RNAPRAE	148
H2B.CL.IC762993	--ES-S-KKQ-KORRE-EK	--QTQEGP-RK-SE-OQGSLR	--EKS-NSK-P-KKRNTPRAE	148
H2B.GH.86.D205	--S-G-KK-ERQOG-EK	--VPERP--S-RREOS-R	--ES-D-N-P-NARGAE	149
H2G.CL.x.ABT96	--S-G-KK-APQQLG-K-Q	--P-K-WEGL-E	--YREESS	166
H2U.FR.96.12034	--S-KKH-KR-K-E	--A-N-W-GL-FELYQ-SG-D	--RF-EAQ-G-SE-EF-T-TGKD-Q-KQ	168
H2AB.CL.90.7312A	--S-G-KKQ-KOOR-E	--Q-GP--S-GRGES	--EES-R-N-P-TAPGAE	148
MAC.US.x.251_1A11	--T-----ST-----	E-----S-L-E-----	E-----E-----	166
MAC.US.x.251_BK28	--K-A-----K-----	S-L-G-R-----	K-----K-----A-T-----	166
MAC.US.x.MMI42	--KK-K-PR-----N	--FKG-S-L-----	E-----K-P-I-----IP-E-AR-----	165
MAC.US.x.251_32H_P15	--R-KSA-----	S-L-G-R-----	V-E-----P-M-R-----T-V-----	166
MAC.US.x.BK28_H824	--R-A-----	S-L-G-R-----	E-----E-----	166
MNE.US.82.MNE_8	--T-K-KSP-----	WEGL-----L-S-S-L-----	F-K-G-----I-E-N-P-R-II-V-----E-K-M-M-N-P	166
MNE.US.x.MNE027	--T-K-KSP-----	WEGL-----L-S-S-L-----	F-K-G-----I-E-N-P-R-II-V-----E-K-M-M-N-P	166
SMM.US.x.H9	--VT-KKORXAG-N-XE-Q	--WEGL-GE-XDASG	--P-CE-F-TK-A-D-Q-V-NE	164
SMM.US.x.PBJC	--VA-KKORXHG-N-E-Q	--WEGL-GE-XDASG	--P-CE-F-TK-A-D-Q-V-NE	164
SMM.US.x.PBJ_143	--VT-KKORXAG-N-XE-Q	--WEGL-GE-XDASG	--P-CE-F-TK-A-D-Q-V-NE	164
SMM.US.x.PBJD	--VT-KKORXHG-N-E-Q	--WEGL-GE-XDASG	--P-CE-F-TK-A-D-Q-V-NE	164
SMM.US.x.PBJE	--VT-KKOR-RG-N-YE-Q	--WEGL-GE-XDASG	--P-CE-F-TK-A-D-Q-V-NE	164
SMM.US.x.PBJ14_15	--VT-KKOR-RG-N-YE-Q	--D-WEGL-GE-XDASG	--P-CE-F-TK-A-D-Q-V-NE	164
SMM.US.x.PBJA	--VT-KKOR-RG-N-YE-Q	--WEGL-GE-XDASG	--P-CE-F-TK-A-D-Q-V-NE	164
SMM.US.x.PBJ_6P6	--VT-KKOR-RG-N-YE-Q	--WEGL-GE-XDASG	--P-CE-F-TK-A-D-Q-V-NE	164
SMM.US.x.PBJ_6P12	--VT-KKOR-RG-N-YE-Q	--WEGL-GE-XDASG	--P-CE-F-TK-A-D-Q-V-NE	164
SMM.US.x.PBJ_6P2	--VT-KKOR-RG-N-YE-Q	--WEGL-GE-XDASG	--P-CE-F-TK-A-D-Q-V-NE	164
SMM.US.x.SME543	--VT-KKOR-RG-N-YE-Q	--WEGL-GE-XDASG	--P-CE-F-TK-A-D-Q-V-NE	164
MAC.US.x.17EC1	--S-----	S-----	K-----Q-----I-----K-----	166
MAC.US.x.17EFR	--S-----	S-----	K-----Q-----I-----K-----	166
SMM.US.x.PGM53	--A-G-KKQ-OR-G-GEK-Q	--H-K-WEGL-----R-E-GRDWNHL-F	--G-SE-F-----R-Q-K-Q-V-DD-E-I-H-A-----	166
SMM.SL.92.SL92B	--IT-SKPA-KH-KK-S-DS	--WDGL-E-SQ-Q-S-RA-N-CLT-RD	--Y-V-EF-----T-Q-QQ-C-----D-E-A-V-W-----D-E-----T-N	166
SMM.US.x.F236_H4	--KKQYKRG-N-E-Q	--WEGL-E-----L-ASG-----	--P-SE-----T-A-G-Q-V-DE-----I-H-R-A-T-----NE-M-----	166
STM.US.x.STM	--ASG-KKORQH-E-E	--K-EGLGE-SGP-Q-AS-----N-H	--P-R-E-F-----K-A-SA-E-Q-V-E-N-A-H-R-E-T-L-S-----E-M-V-N-A	166

262
258
258
254
256
257
258
263
257
254
261
260
257
257
257
261
257
257
258
258
257
258
255
257
258
258
256
255
257
256
257
257
256
257
239
238
237
241
261
240
264
264
263
264
264
262
262
262
262
262
262
262
262
262
262
264
264
264
264
264
264
264
264
264
264
264
264
264
264

	<u>mac HIV-1 similarity</u>				normal Nef end
MAC.US.x.239	YPKTFGWLWKLVPVN.VSDEAEQDEE...	HYLMHPAQTSDWDDPVEVLAWKFDPTL	LAYTYEAYVRYPEEFGSKSLSEEVRRLT..	ARGLLNMAD.KK.ETR*	
H2A.CI.88.UC2	..MC-----M-Q-ED-T..NC-----RY-IH-T-V-R-NSM--E-K-FTL-----H---	P-K-WKAK-K.	IPYS.E		
H2A.DE.x.BEN	..MY-----S-E-L-Q-E--A..NC-V-----RH-EH-T-V-Q-SM--N-K-FTL-----H---	P-K-WKAK-K.	IPYS.E		
H2A.DE.x.PE1	..F-----D-P-G--E-D...C-L-----GS-H-T-M-R--R--E-T-FNC-----Y---	P-WKAK-K.	IPFS.		
H2A.GH.x.GH1	..MC-----D-Q-ED-T..W-T-----RH-EH-T-L-R-----D-K-FILH--H---	P-K-WKAK-K.	IPYS.		
H2A.GM.x.ISY	..MF-----T-PO-GEDT-T..LC--S-V-RF--H-T-V--M-HE-TFIL--H---	ME.DDWKAK-K.	IPFS.		
H2A.GM.87.D194	..MY-----D-I-Q-E-V-T..NC-V-----RY-TH-T-V-R-M--S-K-FILH--H---	P-K-WKAK-K.	IPYS.E		
H2A.GW.x.ALI	..MF-----D-PO-GEDT-T..C-L-V--RH-TH-T-V-R-K-HD-K-FILH--Y---	P-D-WKA-K.	IPFSKNRNS.		
H2A.GW.x.MDS	..C-----D-LPODENTET...C-V--I-KF-QH-T-V-R-SL--E-T-FKL--HQ---	P-WKA-K.	IPFN.		
H2A.CI.x.IC763124	L-FY-----TPO-EE-T..GC-T-----RY-IH-T-V-R-N--N-R-FIK--Y---	AK-DKA-K.	IPFS.		
H2A.GW.87.CAM2CG	..MF-----D-T-Q-GEDT-TOTET..C-L-----RH-MH-T-V--SM-LK--FT--H---	P-D-WKAK-K.	IPFS.		
H2A.PT.x.MP1	..MF-----D-IPR-EE-N-A..NC-L-----RL-OH-T-V-R--D-A-FN-F--HN--	P-K-WKA-K.	IPCRSTLX.		
H2A.PT.x.MP2	..MF-----D-IPR-EE--A..NC-L-----RL-OH-T-V-R--D-T-FN-F--HN--	P-K-WKA-K.	IPYR.		
H2A.PT.x.EP	..RF-----D-PO-GDD-GT..C--K-F--HR-T-V-R-M--E-K-FNL--H---	P-WKA-K.	IPFS.		
H2A.PT.x.794	..MF-----D-PO-GDDT-T..C-----KF-LH-T-V-E--M-FD--FT--KH--	P-D-WKA-K.	IPFS.		
H2A.PT.x.1069	..F-----STLPEEGE-D-DGT..C-----L-----KF-H-P-V-R-N-LU-K-FNL--Y---	P-K-WKAK-K.	IPFS.		
H2A.PT.x.1147	..F-----D-PO-GEDI-T..C--IGRF--H-T-V-R-M-FD-V-FKH--H---	P-WKA-K.	IPFS.		
H2A.PT.x.1227	..MF-----D-PO-GEDI-T..C-----RF--H-OT-V-R-M--D-V-FT--H---	P-WKA-K.	IPFS.		
H2A.PT.x.1215	..FY-----D-IPQ-GNGT-T..C--HF--H-T-V-R-K-HD-V-FNLF--YO---	P-K-WKAK-K.	IPFSE.		
H2A.PT.x.1320	..F-----D-IPQ-GNDT-T..C-----I-HF-QH-T-I-R-K-HD-T-FRL--YO---	P-WKAK-K.	IPFSE.		
H2A.PT.x.483	..MH-----D-PO-GKDT-T..C-----V-RF--H-T-L-R-N-HD-V-FRL--H---	P-WKA-K.	IPFS.		
H2A.PT.x.546	..M-----STLPGGED-GT..C-L-----GRF--H-T-V-R-M-HE-K-ILH--H---	P-WKA-K.	IPFS.		
H2A.PT.x.1543	..Y-----E-PO-DE--T..C-L--I-KF--H-T-V--HM--E-T-F--YO---	P-D-WKAK-K.	IPFS.		
H2A.PT.x.B1_1	..F-----D-PO-GEDT-T..C-V--I-KF-QH-T-V-R-M-FD-V-FRL--H---	P-D-WKA-K.	IPFS.		
H2A.PT.x.1544	..MF-----NPODENDT-T..C-----HL--H-T-V-R-SK--N-V-FNL--H---	P-K-WKAK-K.	IPYSE.		
H2A.PT.x.1428	..RF-----E-D-ITO-EDT-DT..C-V--KF--H-T-V-R-H--N-FN--Y---	P-WKA-K.	IPFH.		
H2A.PT.x.1567	..MF-----E-E-PODDG-D..C-L--GF--H-T-V-R-SR--E-T-FIK--Y---	E-WKA-K.	IPYS.		
H2A.PT.x.268	..F-----D-QAEEDT-T..C-----F-IH-T-V-R-M-S-T-FIKH--H---	P-WKA-K.	IPFN.		
H2A.PT.x.1378	..F-----D-IPQ-EEED-T..NC-L--PF--HR-R-V-R-M-HE-T-K--Y---	P-WA-K.	IPFN.		
H2A.SN.x.ST	..F-----D-PO-GDDS-T..C-V--RF--H-T-V-R--FS--FI--Y---	P-D-WKA-K.	IPFS.		
H2A.SN.85.ROD	..MF-----D-PO-GEDT-T..C-V--KF--H-T-V-E--L-S--FI--H---	P-WKA-K.	IPFS.		
H2A.DE.92.NEP	..MF-----D-TQ-GDDT-D..C-----I-KF-KH-T-V-R-M--E-K-FQL--H---	P-WKA-K.	IPHS.		
H2A.DE.91.HOM	..MF-----D-NPO-EE-SDT..SC-----I-RH--H-T-R-----S-FI-H--H--MP--	WKA-K.	IPHS.		
H2B.CI.x.EHO	..F-----I-MIA-PEDE-T..C-V--A--HE-T-V-Q-SL--D-V-FS-F--YO--	MP-K-WKAK-R.	IPTE.		
H2B.CI.88.UC1	..R-----D-IPR-ERGA-T..SC-V--I-S-IH-T-R-L-HD-V-FN--YO--	P-K-WKA-K.	IPTE.		
H2B.CI.x.IC762993	..R--K*--*-----IPEKNK-AKT..SC-----P-NNLH-KT-V-Q-NSF--N-V-FN-F--K-KYO-E-P-XK-KAK-K.-KKIPYRX.				
H2B.GH.86.D205	..Y-----E-IPAATR-E-T..C--I-S-IH-T-I-Q-SL--D-V-FN-F--YO--	P-WKA-K.	IPTE.		
H2G.CI.x.ABT96	..X-----T-----T..C-V--P-ET-----D-R-FILH--RW--	P-AVKKEK-K.	Q-PIE.		
H2U.FR.96.12034	W-MC-----E--DAN-K--R..L-VGS--CEE-H-A-V--SS-S-Q-FIK--K--	PVKNC.			
H2AB.CI.90.7312A	..H-----E-AAVTR-E-T..C-V--AA--H-T-V-Q-SL--SD-FN-F--YQ--	P-K-WKA-K.	IPTE.		
MAC.US.x.251_1A11	-----P-----				
MAC.US.x.251_BK28	-----A-X-----R				
MAC.US.x.MM142	--L-M--I-----R-Q-K-----A-X-----K-K-A--E-R-S				
MAC.US.x.251_32H_P15	-----R-Q-K-----S-----P-K-K-A				
MAC.US.x.BK28_H824	-----R-Q-K-----S-----				
MNE.US.82.MNE_8	-----G-N-L-V-----I-----K-R-S				
MNE.US.x.MNE027	-----G-N-L-V-----I-----K-R-S				
SMM.US.x.H9	..MF-X-----T-----C-----X-X-K-F-EH--Q-K-Q--K-K-K-S				
SMM.US.x.PBJC	..MF-----T-----C-----E-D-K-F-KH--K--K--K-K-S				
SMM.US.x.PBJ_143	..MF-X-----T-----C-----X-X-K-F-EH--Q-K-Q--K-K-K-S				
SMM.US.x.PBJD	..MF-----T-----C--R-----E-D-K-F-KH--K--K--K-K-S				
SMM.US.x.PBJE	..MF-----T-----C-----K-N-K-F-EH--Q-K-Q--K-K-K-S				
SMM.US.x.PBJ14_15	..MF-----T-----C-----K-N-K-F-EH--Q-K-Q--K-K-K-S				
SMM.US.x.PBJA	..MF-----T-----C-----K-N-K-F-EH--Q-K-Q--K-K-K-S				
SMM.US.x.PBJ_6P6	..MF-----T-----C-----K-N-K-F-EH--Q-K-Q--FK-K-S				
SMM.US.x.PBJ_6P12	..MF-----T-----C-----K-N-K-F-EH--Q-K-Q--FK-K-S				
SMM.US.x.PBJ_6P9	..MF-----T-----C-----K-N-K-F-EH--Q-K-Q--FK-K-S				
SMM.US.x.SME543	..MH-----D-----T..C-V--H-----E-S-K-FIK--K--IYK--*X-S				
MAC.US.x.I7EC1	-----P-----				
MAC.US.x.I7EFR	-----P-----				
SMM.US.x.PGM53	..MF-----S-A-----T-----V--I-----SQ--R--FI-H--K--K--S				
SMM.SL.92.SL92B	..MHY-----Q-----D--NM--T-----C-V--Y-HS--K--N-H--F-H--W--T--E--ANKPKPKK--K--S				
SMM.US.x.F236_H4	..MHY-----Q-----D--NM--T-----C-V--Y-HS--K--N-H--F-H--W--T--E--ANKPKPKK--K--S				
STM.US.x.STM	..Q-----D-M-N--DGT--V--H--V--L-H--F-H--PK-E--K--S				

VII

PLV Proteins

Contents

VII-1	Introduction	395
VII-2	Sequences	396
VII-3	Alignments	402
	VII-3.1 Gag	402
	VII-3.2 Pol	406
	VII-3.3 Vif	413
	VII-3.4 Vpx	415
	VII-3.5 Vpr	416
	VII-3.6 Tat	417
	VII-3.7 Rev	419
	VII-3.8 Vpu	420
	VII-3.9 Env	421
	VII-3.10Nef	428

VII-1 Introduction

The selection of Primate Lentivirus Protein sequences for the following alignments was based on the sequences in the complete genome alignment as a starting alignment, and complete or nearly complete genes from other isolates were added if they increased the diversity of samples represented. For example, several diverse African green monkey virus isolates have been sequenced only in a region of the *env* gene, and recent Gorilla sequences are only available in the XXX gene. When necessary, some of the more common sequences (such as HIV-1 M group) were removed to make room on the Compendium pages for these diverse virus sequences. More complete alignments are available from our web site http://www.hiv.lanl.gov/content/hiv-db/ALIGN_CURRENT/ALIGN-INDEX.html where space limitations are not an issue.

The annotation is mainly based on knowledge from HIV-1, and should therefore be taken “with a grain of salt”.

VII-2 Sequences

Sequences included in the PLV protein alignments.

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
BLU.KE.x.KE31	DQ222474	Nef	Bibollet-Ruche, F	<i>J Virol</i> 78 (14); 7748-62 (2004)
COL.CM.x.CGU1	AF301156	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 75 (2); 857-66 (2001)
CPZ.CD.90.ANT	U42720	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Vanden Haesevelde, MM	<i>Virology</i> 221 (2); 346-50 (1996)
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	AY169968	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env	Nerrienet, E	<i>J Virol</i> 79 (2); 1312-9 (2005)
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	DQ373065	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	DQ373064	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	DQ373063	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	DQ373066	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Keele, BF	<i>Science</i> 2006 May 25;
CPZ.CM.98.CAM3	AF115393	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Corbet, S	<i>J Virol</i> 74 (1); 529-34 (2000)
CPZ.CM.98.CAM5	AJ271369	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Vpu, Env, Nef	Muller-Trutwin, MC	<i>J Med Primatol</i> 29 (3-4); 166-72 (2000)
CPZ.GA.88.GAB1	X52154	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Huet, T	<i>Nature</i> 345 (6273); 356-9 (1990)
CPZ.GA.88.GAB2	AF382828	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Gao, F	<i>ARHR</i> 20 (12); 1377-81 (2004)
CPZ.TZ.01.TAN1	AF447763	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Santiago, ML	<i>J Virol</i> 77 (3);2233-2242 (2003)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
CPZ.US.85.CPZUS	AF103818	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Gao, F	<i>Nature</i> 397 (6718); 436-41 (1999)
DEB.CM.99.CM40	AY523865	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F	<i>J Virol</i> 78 (14); 7748-62 (2004)
DEB.CM.99.CM5	AY523866	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F	<i>J Virol</i> 78 (14); 7748-62 (2004)
DEN.CD.x.CD1	AJ580407	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Dazza, MC	<i>J Virol</i> 79 (13); 8560-71 (2005)
DRL.x.x.FAO	AY159321	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hu, J	<i>J Virol</i> 77 (8):4867-4880 (2003)
GRV.ET.x.GRI_677	M66437	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Fomsgaard, A	<i>Virology</i> 182 (1); 397-402 (1991)
GSN.CM.99.CN166	AF468659	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 76 (16); 8298-309 (2002)
GSN.CM.99.CN71	AF468658	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 76 (16); 8298-309 (2002)
H101_AE.TH.90.CM240	U54771	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Vpu, Env, Nef	Laukkanen, T	<i>J Virol</i> 70 (9); 5935-43 (1996)
H102_AG.NG.x.IBNG	L39106	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Vpu, Env, Nef	Howard, TM	<i>ARHR</i> 10 (12); 1755-7 (1994)
H103_AB.RU.97.KAL153_2	AF193276	Vpu	Liitsola, K	<i>AIDS</i> 12 (14); 1907-19 (1998)
H104_cpx.CY.94.CY032	AF049337	Vpu	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (12); 10234-41 (1998)
H1A1.UG.85.U455	M62320	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Oram, JD	<i>ARHR</i> 6 (9); 1073-8 (1990)
H1B.FR.83.HXB2	K03455	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Wong-Staal, F	<i>Nature</i> 313 (6000); 277-84 (1985)
H1B.US.90.WEAU160	U21135	Vpu	Tozser, J	<i>FEBS Lett</i> 281 (1-2); 77-80 (1991)
H1C.ET.86.ETH2220	U46016	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Salminen, MO	<i>ARHR</i> 12 (14); 1329-39 (1996)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
H1D.CD.84.84ZR085	U88822	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Gao, F	<i>J Virol</i> 72 (7); 5680-98 (1998)
H1F1.BE.93.VI850	AF077336	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 269 (1); 95-104 (2000)
H1G.SE.93.SE6165	AF061642	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Laukkanen, T	<i>Virology</i> 247 (1); 22-31 (1998)
H1H.CF.90.056	AF005496	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Murphy, E	<i>ARHR</i> 9 (10); 997-1006 (1993)
H1J.SE.93.SE7887	AF082394	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Laukkanen, T	<i>ARHR</i> 15 (3); 293-7 (1999)
H1K.CM.96.MP535	AJ249239	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Peeters, M	<i>ARHR</i> 16 (2); 139-51 (2000)
H1N.CM.95.YBF30	AJ006022	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Simon, F	<i>Nat Med</i> 4 (9); 1032-7 (1998)
H1O.BE.87.ANT70	L20587	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Vanden Haesevelde, M	<i>J Virol</i> 68 (3); 1586-96 (1994)
H1O.CM.91.MVP5180	L20571	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Gurtler, LG	<i>J Virol</i> 68 (3); 1581-5 (1994)
H2A.DE.x.BEN	M30502	Pol, Vif, Vpx	Kirchhoff, F	<i>Virology</i> 177 (1); 305-11 (1990)
H2A.GW.x.ALI	AF082339	Gag, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Azevedo-Pereira, JM	Unpublished (1998)
H2A.SN.x.ST	M31113	Pol, Vpx	Kumar, P	<i>J Virol</i> 64 (2); 890-901 (1990)
H2B.CL.x.EHO	U27200	Pol, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Rey-Cuille, MA	<i>Virology</i> 202 (1); 471-6 (1994)
H2B.GH.86.D205	X61240	Gag, Pol, Vif, Vpx, Env	Kreutz, R	<i>ARHR</i> 8 (9); 1619-29 (1992)
H2G.CL.x.ABT96	AF208027	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Brennan, CA	<i>ARHR</i> 13 (5); 401-4 (1997)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
H2U.FR.96.12034	AY530889	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Damond, F	<i>ARHR</i> 20 (6); 666-72 (2004)
LST.CD.88.447	AF188114	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, BE	<i>J Virol</i> 74 (8); 3892-8 (2000)
LST.CD.88.485	AF188115	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, BE	<i>J Virol</i> 74 (8); 3892-8 (2000)
LST.CD.88.524	AF188116	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, BE	<i>J Virol</i> 74 (8); 3892-8 (2000)
LST.KE.x.lho7	AF075269	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 73 (2); 1036-45 (1999)
MAC.US.x.239	M33262	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Kestler, H	<i>Science</i> 248 (4959); 1109-12 (1990)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	Vpx, Rev	Planelles, V	<i>ARHR</i> 7 (11); 889-98 (1991)
MAC.US.x.251_BK28	M19499	Vpx, Rev	Franchini, G	<i>Nature</i> 328 (6130); 539-43 (1987)
MAC.US.x.EMBL_3	Y00295	Pol, Rev	Franchini, G	<i>Nature</i> 328 (6130); 539-543 (1987)
MND_1.GA.x.MNDGB1	M27470	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Tsujimoto, H	<i>Nature</i> 341 (6242); 539-41 (1989)
MND_2.CM.98.CM16	AF367411	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Takehisa, J	<i>ARHR</i> 17 (12); 1143-54 (2001)
MND_2.GA.x.M14	AF328295	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Env, Nef	Souquiere, S	<i>J Virol</i> 75 (15); 7086-96 (2001)
MND_2.x.x.5440	AY159322	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Env, Nef	Hu, J	<i>J Virol</i> 77 (8); 4867-4880 (2003)
MNE.US.x.MNE027	U79412	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Kimata, JT	<i>J Virol</i> 72 (1); 245-56 (1998)
MON.CM.99.L1	AY340701	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 77 (23); 12523-12534 (2003)
MON.NG.x.NG1	AJ549283	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Barlow, KL	<i>J Virol</i> 77 (12); 6879-88 (2003)
MUS_1.CM.01.1085	AY340700	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 77 (23); 12523-12534 (2003)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
MUS_1.CM.01.CM1239	EF070330	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Aghokeng, AF	<i>(er) Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS_2.CM.01.CM1246	EF070329	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Aghokeng, AF	<i>(er) Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
MUS_2.CM.01.CM2500	EF070331	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Vpu, Env, Nef	Aghokeng, AF	<i>(er) Virology</i> 360 (2):407-418 (2007)
RCM.GA.x.GAB1	AF382829	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Gao, F	<i>Science</i> 300 (5626); 1713 (2003)
RCM.NG.x.NG411	AF349680	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, BE	<i>J Virol</i> 75 (24); 12014-27 (2001)
SAB.SN.x.SAB1C	U04005	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Jin, MJ	<i>EMBO J</i> 13 (12); 2935-47 (1994)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Pol, Vpx, Rev	Chen, Z	<i>J Virol</i> 70 (6); 3617-27 (1996)
SMM.US.x.H9	M80194	Gag, Vpx, Rev, Env	Courgnaud, V	<i>J Virol</i> 66 (1); 414-9 (1992)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Nef	Novembre, FJ	<i>J Virol</i> 72 (11); 8841-51 (1998)
SMM.US.x.SIVsmH635FC	DQ201174	Vpx, Rev	Kuwata, T	<i>J Virol</i> 80 (3); 1463-75 (2006)
SMM.US.x.SIVsmH635F_L3	DQ201172	Vpx, Rev	Kuwata, T	<i>J Virol</i> 80 (3); 1463-75 (2006)
SMM.US.x.SIVsmH635SB10	DQ201173	Vpx, Rev	Kuwata, T	<i>J Virol</i> 80 (3); 1463-75 (2006)
STM.US.x.STM	M83293	Gag, Pol, Vif, Vpx, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Novembre, FJ	<i>Virology</i> 186 (2); 783-7 (1992)
SUN.GA.98.L14	AF131870	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Beer, BE	<i>J Virol</i> 73 (9); 7734-44 (1999)
SUN.GA.x.SOL_36	DQ222476	Nef	Schindler, M	<i>Cell</i> 125 (6); 1055-67 (2006)
SYK.KE.x.KE44	DQ222473	Nef	Bibollet-Ruche, F	<i>J Virol</i> 78 (14); 7748-62 (2004)
SYK.KE.x.KE51	AY523867	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Bibollet-Ruche, F	<i>J Virol</i> 78 (14); 7748-62 (2004)
SYK.KE.x.SYK173	L06042	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 67 (3); 1517-28 (1993)
TAL.CM.00.266	AY655744	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F	<i>Virology</i> 349 (1):55-65 (2006)

Name	Accession	Proteins	Author	Reference
TAL.CM.01.8023	AM182197	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Liegeois, F	<i>Virology</i> 349 (1); 55-65 (2006)
TAN.FR.x.B87_14	DQ222475	Nef	Schindler, M	<i>Cell</i> 125 (6); 1055-67 (2006)
TAN.UG.x.TAN1	U58991	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Stivahtis, GL	<i>Virology</i> 228 (2); 394-9 (1997)
VER.DE.x.AGM3	M30931	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Baier, M	<i>Virology</i> 176 (1); 216-21 (1990)
VER.KE.x.9063	L40990	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Hirsch, VM	<i>J Virol</i> 69 (2); 955-67 (1995)
VER.KE.x.AGM155	M29975	Gag, Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Env, Nef	Johnson, PR	<i>J Virol</i> 64 (3); 1086-92 (1990)
VER.KE.x.TYO1	DJ048201	Gag, Env	Omori, T	Patent: WO 2007049749-A 13 03-MAY-2007; Dनावेक CORPORATION
VER.KE.x.TYO1	X07805	Pol, Vif, Vpr, Tat, Rev, Nef	Fukasawa, M	<i>Nature</i> 333 (6172); 457-61 (1988)

	membrane binding	Gag start, p17 start	nuclear localization	phosphorylation site	nuclear localization	p17 end	p24 start
H1B.FR.83.HXB2							
H1A1.UG.85.U455							
H1C.ET.86.ETH2220							
H1D.CD.84.84ZR085							
H1F1.BE.93.VI850							
H1G.SE.93.SE6165							
H1H.CF.90.056							
H1J.SE.93.SE7887							
H1K.CM.96.MP535							
H1O1.AE.TH.90.CM240							
H1O2.AG.NG.x.IBNG							
H1N.CM.95.YBF30							
H1O.BE.87.ANT70							
H1O.CM.91.MVP5180							
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505							
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7							
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13							
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66							
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145							
CPZ.CD.90.ANT							
CPZ.CM.98.CAM3							
CPZ.CM.98.CAM5							
CPZ.US.85.CPZUS							
CPZ.GA.88.GAB1							
CPZ.TZ.01.TAN1							
CPZ.GA.88.GAB2							
H2A.GW.x.ALI							
H2B.GH.86.D205							
H2G.CL.x.ABT96							
H2U.FR.96.12034							

	Gag p15 start	p15	p27
MAC.US.x.239			
SMM.US.x.H9			
STM.US.x.STM			
MNE.US.x.MNE027			
DRL.x.x.FAO			
MND_1.GA.x.MNDGB1			
MND_2.GA.x.M14			
MND_2.CM.98.CM16			
MND_2.x.x.5440			
TAL.CM.01.8023			
TAL.CM.00.266			
TAN.UG.x.TAN1			
VER.KE.x.TYO1			
VER.DE.x.AGM3			
VER.KE.x.9063			
VER.KE.x.AGM155			
GRV.ET.x.GRL_677			
SAB.SN.x.SAB1C			
RCM.NG.x.NG411			
RCM.GA.x.GAB1			
SUN.GA.98.L14			
MON.NG.x.NG1			
MON.CM.99.L1			
MUS_1.CM.01.CM1239			
MUS_1.CM.01.1085			
MUS_2.CM.01.CM2500			
MUS_2.CM.01.CM1246			
DEB.CM.99.CM40			
DEB.CM.99.CM5			
GSN.CM.99.CN166			
GSN.CM.99.CN71			
DEN.CD.x.CD1			
LST.CD.88.447			
LST.CD.88.485			
LST.KE.x.lho7			
LST.CD.88.524			
SYK.KE.x.SYK173			
SYK.KE.x.KE51			
COL.CM.x.CGU1			

H1B.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1J.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H101.AE.TH.90.CM240
H102.AG.NG.x.IBNG
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT70
H10.CM.91.MVP5180
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.US.85.CPZUS
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.TZ.01.TAN1
CPZ.GA.88.GAB2
H2A.GW.x.ALI
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.AB796
H2U.FR.96.12034
MAC.US.x.239
SMM.US.x.H9
STM.US.x.STM
MNE.L.x.MNE027
DRL.x.x.FAO
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.CM.98.CM16
MND_2.x.x.5440
TAL.CM.01.8023
TAL.CM.00.266
TAN.UG.x.TAN1
VER.KE.x.TYO1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
GRV.ET.x.GRL_677
SAB.SN.x.SAB1C
RCM.NG.x.NG411
RCM.GA.x.GAB1
SUN.GA.98.L14
MON.NG.x.NG1
MON.CM.99.L1
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_1.CM.01.1085
MUS_2.CM.01.CM2500
MUS_2.CM.01.CM1246
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
DEN.CD.x.CD1
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.KE.x.lho7
LST.CD.88.524
SYK.KE.x.SYK173
SYK.KE.x.KE51
COL.CM.x.CGU1

Table with 2 columns: CyPA binding and major homology region. Rows list amino acid sequences for various HIV strains, with positions 1-300 indicated on the right side of each row.

	p24 end_p2 start	p2 end_p7 start	Zn motif	Zn motif		
H1B.FR.83.HXB2	ASQEVKNMWTETLLVQANPDCKITLKALGPAATLEEMMTACQGVGGPGHKARVLAEAMSQVTSNAT	IMMQRGNFRNQR	KIVKCFNCGKEGHTARNCRAPRK	GCWCKCGKEGHQMKDCT	ERQ 430	
H1A1.UG.85.U455	-T-D-----S-R--G-----	-QOTS-----GP-----	RII-----L-K-----		424	
H1C.ET.86.ETH2220	-T-D-----D-----R-G-S-----	-N-TT-----KS-KGPK-----	RAI-----L-----		427	
H1D.CD.84.84ZR085	-T-D-----D-----G-----S-----	-A-SASAA-----KS-KGT-----			431	
H1F1.BE.93.VI850	--D-G-D-----TG-----S-----	-ANSA-----KS-KG-----	RV-----I-----	R-----	424	
H1G.SE.93.SE6165	--D-G-D-----R-QG-S-----S-----	-ASGA-AA-----S-KGP-----	RTI-----L-----		431	
H1H.CF.90.056	-T-D-----D-----R-QG-SI-----S-----	-TN-A-----K-KG-----	F-----F-----	R-----	431	
H1J.SE.93.SE7887	-T-D-----D-----SG-----TN-----	-DHK-----	R-----Q-I-K-----		429	
H1K.CM.96.MP535	-T-D-----D-----G-S-----S-I-----	-PV-----V-K-KGH-----			425	
H101_AE.TH.90.CM240	-T-----S-----TG-----S-----	-HAQHA-----KG-----	-RI-----R-L-Q-----		428	
H102_AG.NG.x.IBNG	-T-----S-R-TG-----	-QOAN-----V-G-----	RTI-----L-K-R-----		425	
H1N.CM.95.YBF30	-T-----QL-G-----	-A-----QOPT-S-VFA-KGI-----	PI-----L-K-RG-----	Q-----KNE-G-----	435	
H1O.BE.87.ANT70	-T-----Q-S-G-----V-T-----	-ATAQDLKGGYTAVF-----QNPPIRK-----	GPI-----I-----	Q-----RN-G-----	435	
H1O.CM.91.MVP5180	-T-----S-Q-----E-----V-T-----	-KI-ASAQDLKGGYTAVF-----QNP-RK-----	GPI-----I-K-R-----	Q-----KN-G-----	435	
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-T-----N-R-G-S-----	-A-----T-AQTATS-----VF-KGI-----	TI-----L-K-----	Q-----RSG-----	435	
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-T-----D-----S-R-G-S-----	-A-----ANAA-TV-KGPK-----	RVI-----I-K-R-----	Q-----R-Q-NM-G-----	430	
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	--T-D-----Q-----G-S-----	-A-----TM-QSQ-RT-D-FF-K-PGATP-----	RKI-Y-----L-K-R-----	Q-----S-G-----	437	
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-T-----D-----S-R-G-----GDEP-F-----	-S-----AOH-ND-----KRO-KGPK-----	R-----I-K-R-----	Q-----RN-NE-----	426	
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	--D-----D-I-----N-R-G-----	-S-----NKT-----EIF-ORG-QN-PPN-----	KI-----L-R-----	Q-----NONN-G-----	422	
CPZ.CD.90.ANT	--P-A-----I-----H-----TG-S-L-----	-A-----ASAN-AQGT-AVFLORGNNGN-GGK-----	RPL-----K-R-----	R-Q-----L-N-PAT-----NTGK-----	455	
CPZ.CM.98.CAM3	-T-----D-----N-R-G-----	-A-----LQ-PT-GVFL-NGKPT-----	RKI-----L-R-----	Q-----N-ENG-----	432	
CPZ.CM.98.CAM5	-T-----D-----S-R-G-----	-A-----Q-S-NVF-NGRVN-----	KI-Y-----V-R-----	Q-----N-E-TG-----	431	
CPZ.US.85.CPZUS	--P-T-----R-G-----V-A-----	-C-MK-PS-SVFL-K-AGKPG-----	RKI-----L-R-----	Q-----AG-N-----	433	
CPZ.GA.88.GAB1	--P-----D-----Q-----G-----S-----	-M-Q-OGRA-DVFF-K-OGAGPK-----	RKI-----L-K-R-----	R-Q-----G-----	440	
CPZ.TZ.01.TAN1	--P-T-----H-----QG-L-----S-KI-----	-ASA-AGG-VN-L-G-KRPL-----	RGGGQLQ-----V-----	R-Q-----TRN-----NSTG-----	461	
CPZ.GA.88.GAB2	--D-----Q-R-G-----	-A-----IQOTS-----S-F-AGG-TPP-----	RR-----I-K-R-----	Q-----QN-----	434	
H2A.GW.x.ALI	TDPA-----Q-----LV-G-MNP-----L-----	Q-LM-LKEAMTP-PIP-FAAA-Q-----	RRTI-W-----S-Q-----	P-L-AN-P-----	429	
H2B.GH.86.D205	TDPA-----Q-I-----LV-G-MNP-----L-I-----	Q-LM-LKEALTP-PIP-FAAV-QKAGK-----	RGT-T-W-----Q-----	T-I-SK-P-----	428	
H2G.CL.x.ABT96	TDPA-----Q-I-----LV-G-MNP-----L-X-----	Q-LM-LKEAL-PTALP-FAAA-QKTGG-----	KRSTI-W-----V-Q-----	P-I-AK-P-----	434	
H2U.FR.96.12034	TDPA-----Q-I-----LV-G-MNP-----L-I-----	Q-LM-LKEALQPMPIP-FAAV-QRGGP-----	RRP-R-W-----	Q-K-----	433	
		p27_p2	p2_p8			
MAC.US.x.239	TDAA-----Q-I-----LV-G-VNP-----L-----	Q-LM-LKEALAPVIP-FAAA-ORGP-----	R-PI-W-----S-Q-----	MD-V-AK-P-----	D-- 431	
STM.US.x.H9	TDPA-X-----Q-X-LM-----LV-G-XINP-----L-----	X-X-LM-LKDALTQGPLP-FXAV-QKGG-----	X-IX-X-X-----S-QF-RX-----	A-V-AK-P-----	432	
STM.US.x.STM	-DPS-----R-I-----LV-G-MNP-----L-----	Q-LM-LKE-FOPDPLP-FAAA-QQG-----	RRT-W-----A-KQ-KG-RQ-----	QO-----AK-P-----	432	
MNE.US.x.MNE027	TDPA-----Q-I-----LV-G-MNP-----L-----	Q-KLM-LKEALAPGLP-FAAAA-QKGP-----	R-PI-W-----S-Q-----	QO-----AK-P-----	D-- 431	
DRL.x.x.FAO	TDAA-----Q-I-----V-G-MNPS-----LL-----	-M-REQOAA-----QNP-P-----	RGPRPPP-NPR-P-QF-L-Q-TK-----	FR-ALD-MLRN-----	PK- 438	
MND_1.GA.x.MNDGB1	-G-M-QOH-IE-----E-Q-RS-KG-LE-----	Q-LM-M-RT-VGQ-SQNFVQQRGQGR-----	GPVROPTGRKPI-----N-V-F-LF-KAPRRK-----	N-AMD-KAQ-Q-----	PKPA...QQOR 430	
MND_2.GA.x.M14	TDPO-----T-Q-I-----S-G-MNPS-----LL-----	KY-QMM-QKMQS-----EV-NSGGPPRG-----	PPROPNPR-P-F-VL-D-----	F-DT-M-RN-P-----	KM 436	
MND_2.CM.98.CM16	TDPO-----T-Q-I-----S-G-MNPS-----PL-----	KY-QMM-KEAQS-----AV-NSGGPPRG-----	PPROPNPR-P-F-GL-D-IS-----	F-DL-I-RN-P-----	KM 436	
MND_2.x.x.5440	TDPO-----T-Q-I-----AT-G-MNP-----LL-----	KY-QMM-Q-AQAA-----V-NSGGPPRG-----	PPROPNPR-P-F-VL-D-----	F-DP-L-RN-----	PKM 436	
TAL.CM.01.8023	TD-A-----Q-----E-A-M-Q-----LQ-----	Q-S-LM-AEALKON-QQ-VIA-V-QGGP-----	KGRGGPRRTPPGQIR-Y-F-I-K-P-Q-PRGPPG-----	S-F-QM-RAAQ-R-----	QP- 456	
TAL.CM.00.266	TD-A-----Q-----E-A-M-Q-----LQ-----	Q-S-LM-AEALKON-QQ-VIA-V-QGGP-----	KGRGGPRRTPPGQIR-Y-F-I-K-P-PROKVPPG-----	T-Y-P-IA-Q-S-----	SA- 453	
TAN.UG.x.TAN1	TP-D-----I-----LV-G-IHP-----L-----	-KLMV-Q-MQG-----VN-V-GAPRGG-----	RGRGPPR-K-QI-IQKD-PRAGPN-----	K-L-P-LA-----	R-----SG- 440	
VER.KE.x.TYO1	-G-Q-Q-S-I-----V-G-MHP-----L-----	-SY-K-M-M-QTMQ-Q-----N-V-Q-GPKR-----	RPLR-Y-----F-MQ-Q-PE-----	T-----	K-L-L-LA-----	R-----G- 436
VER.DE.x.AGM3	-G-Q-Q-S-I-----V-G-MHP-----L-----	-SY-K-M-M-QMMSQ-----N-V-Q-GQ-GRP-----	RPP-Y-----F-MQ-Q-PE-----	M-----	R-L-P-LA-----	R-----G- 441
VER.KE.x.9063	-G-Q-Q-S-I-----V-G-MHP-----L-----	-SY-M-M-QMMSQ-----N-V-Q-AAGV-----	RORPPY-----F-MQ-Q-PE-----	I-----	K-L-L-LA-----	R-----G- 439
VER.KE.x.AGM155	-G-Q-Q-S-I-----V-G-MHP-----L-----	-SY-K-M-M-QNLQSQ-----N-V-Q-GG-GRP-----	RPPY-----F-MQ-Q-PE-----	I-----	K-L-P-LA-----	R-----G- 437
GRV.ET.x.GRL_677	-P-D-----Q-I-----L-G-MNP-----LI-----	Q-KLMV-M-NGO-----N-V-V-PQKPG-----	RGPL-----F-MQ-E-K-----	QI-----	K-F-----I-MA-----	K-----NG- 430
SAB.SN.x.SAB1C	TDPA-----QS-I-----V-G-MNP-----L-----	I-AQ-LM-TAAFQQQ-V-GN-FV-Q-ARPRGP-----	LGGRPLNPN-I-Y-P-L-F-K-----	RQ-----	SPD-----Q-----	K----- 455
RCM.NG.x.NG411	-DPA-----QS-I-----V-G-MNP-----L-----	A-Q-QM-Q-----SM-A-Q-GP-KGP-----	PKLGGGPRF-L-Y-----	T-----Y-KTS-----	R-E-L-----	P-----KE 436
RCM.GA.x.GAB1	-DPA-----QS-I-----MV-G-MNPS-----L-----	Q-QMMQSN-----Q-ASAN-----	RGPPRSGGNPNLR-Y-----P-IS-Y-K-----	R-----	SPD-LL-----	K----- 435
SUN.GA.98.L14	G-E-E-K-KM-----LVI-ETPS-----R-----	S-GKI-ASAFRQVQV-RQA-V-QNLPPRSQGRFVRIGGGPR-PMT-----	P-L-NQ-E-K-G-PPG-----	S-----M-KAQ-P-----	QK- 440	
MON.NG.x.NG1	L-----M-G-S-LQ-----A-S-L-----	ATAT-NMP-M-N-V-GRGG-----	XPPRRGXQIR-Y-F-V-K-T-----	FR-----XS-N-----	PNGGQNPNNR 115	
MON.CM.99.L1	TD-A-----Q-----L-M-G-S-DLQ-----	M-S-I-AGAI-ANMPNMVQARGPPORRG-----	P-----F-M-K-K-QRR-----	K-Y-N-QP-LA-----	P-----QPPKQNG 436	
MUS_1.CM.01.CM1239	SD-A-----S-----E-L-SM-G-----LQ-----	A-S-LM-ASALRONS-QLN-V-G-----	ARGKSGQGGPRNPR-Y-QF-M-S-PK-KTR-----	K-F-R-LA-Q-R-----	SEGAKS 440	
MUS_1.CM.01.1085	SD-A-----S-----E-L-SM-G-----LQ-----	T-S-LM-LASAFKQ-G-TLN-V-GAKG-----	ARGRNGSQGNRGNPR-Y-QY-V-D-PK-RN-----	K-----	K-F-R-LA-Q-R-----	SDNTKA 436
MUS_2.CM.01.CM2500	-D-A-----QS-----E-LV-M-G-----LQ-----	-I-SKLM-ASALRON-IE-TIN-V-G-QGPR-----	GGAGGPRRTPR-QF-I-KD-PK-VR-----	K-F-R-LA-Q-R-----	TNSDKGA 445	
MUS_2.CM.01.CM1246	-D-A-----QS-----E-LV-M-G-K-LQ-----	-IE-M-S-LM-TNALRON-IN-TIN-V-QSPR-----	GVMGKRENSTR-Y-QF-L-D-PK-KST-----	R-F-----	LARQ-R-----	TDTGKSA 444
DEB.CM.99.CM40	-D-A-----T-MI-----RI-G-QNP-----LH-----	QQ-LM-ASALKE-GS-LG-V-QRRGPPGS-----	RRRIQ-----QI-LQKD-KR-----	T-----	K-F-Q-----IA-N-GO-----	TPR 462
DEB.CM.99.CM5	-D-A-----T-MI-----RI-G-QNP-----LH-----	QQ-LM-ASALKE-GS-LG-V-QRRGQGG-----	RRRLR-----QI-VQ-D-KK-----	V-----	K-F-----IA-N-GO-----	VPR 459
GSN.CM.99.CN166	-D-A-----QS-----E-L-MPG-N-----L-----	T-S-L-ATALKGTSS-YN-V-K-PPGR-----	G-TP-Y-QF-L-D-PK-KER-----	K-F-----RA-FS-P-----	GTPIKE 442	
GSN.CM.99.CN71	-D-A-----QL-----E-L-MPG-S-----L-----	T-S-L-ATALKG.SS-YN-V-PPGR-----	G-TP-Y-QF-L-D-PK-KER-----	K-F-----LA-RQ-KT-----	GTPAKE 441	
DEN.CD.x.CD1	-D-S-L-TS-----Q-E-NP-----LQ-----	Q-Q-PT-LASAFQKGLCHGSRKAQPPVER-----	RGLR-----QI-L-KO-RKP-RVTPG-----	A-F-----L-A-N-----	R-----SNTNDQG- 470	
LST.CD.88.447	G-H-E-K-KM-----RMVI-EG-----R-----	A-G-I-ATAMQ-QMR-QN-V-VTPP-AQ-GRFVRTGGGPR-PLT-----	P-----M-Q-QE-----	N-SKE-RFAQ-PKP-----	KGK 433	
LST.CD.88.485	G-H-E-K-KM-----RMVI-EG-S-D-K-----	A-GKI-ATAMQ-QMR-QN-V-VTPP-EQ-GRFVRTGGGPR-PLT-----	P-----M-Q-QE-----	N-SKE-RFAQ-PKP-----	KGK 433	
LST.KE.x.lho7	G-H-E-K-KM-----RLVI-EG-S-K-----	A-GKI-ASAQQQVR-QN-V-VTPL-AQ-GRFVRTGGGPR-PLT-----	P-----M-Q-QE-----	N-SKE-RFAQ-PKP-----	KPKGK 436	
LST.CD.88.524	G-H-E-K-KM-----MVI-EG-----K-----	A-RKI-ATAMQGMK-HL-V-QTPP-AQ-GRFVRTGGGPR-PLT-----	P-----S-KM-Q-QE-----	N-AKD-R-AQ-PKP-----	KGK 431	
SYK.KE.x.SYK173	-DPS-G-L-Q-----I-----E-RQ-----MVK-P-----LQ-----	L-KLM-VMAQV-V-----N-V-GPSK-----	RRMI-Y-----QI-MQKD-KK-L-A-----	K-FN-----T-LARA-ROPKRNOGPPVA-----	461	
SYK.KE.x.KE51	-DPA-----L-QS-I-----E-RS-----MVK-P-----LQ-----	QY-KL-VMTQH-L-----G-I-GPRQSNP-----	RRGTR-----QL-LQKD-PR-K-L-----	K-FN-GT-IARQ-ROPKRNOGPPVA-----	462	
COL.CM.x.CGU1	-AG-I-A-ANN-I-H-----R-G-QK-PS-D-LA-----	D-K-----Q-FQER-N-----	MIEV-TA-----QGI-L-L-M-PKPIGGAGRGRGRGGFRGAPRRPVR-FT-NQ-----	MQR-PN-----	K----- 435	

	p7 end	p1 start	p1 end	p6 start	Vpr binding	Vpr binding	p6 end	Gag end						
H1B.FR.83.HXB2	ANFLGKIW	PSYKGRPNFL	SRPEPTAPPEE	SFRSGVE	TTTTPPQKQE	PIDKELY	PLTSLRSLF	GNDPSSQ*	500
H1A1.UG.85.U455	500
H1C.ET.86.ETH220	505
H1D.CD.84.84ZR085	503
H1F1.BE.93.VI850	492
H1G.SE.93.SE6165	496
H1H.CF.90.056	501
H1J.SE.93.SE7887	498
H1K.CM.96.MP535	496
H101_AE.TH.90.CM240	504
H102_AG.NG.x.IBNG	493
H1N.CM.95.YBF30	513
H1O.BE.87.ANT70	499
H1O.CM.91.MVP5180	499
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	512
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	504
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	507
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	500
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	492
CPZ.CD.90.ANT	523
CPZ.CM.98.CAM3	508
CPZ.CM.98.CAM5	503
CPZ.US.85.CPZUS	506
CPZ.GA.88.GAB1	509
CPZ.TZ.01.TAN1	525
CPZ.GA.88.GAB2	508
H2A.GW.x.ALI	522
H2B.GH.86.D205	522
H2G.CL.x.ABT96	510
H2U.FR.96.12034	523

	p8_p1	p1_p6	PTAP motif	PSAP in HIV-2 B, U	p6 end	Gag end
MAC.US.x.239
SMM.US.x.H9
STM.US.x.STM
MNE.US.x.MNE027
DRL.x.x.FAO
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.CM.98.CM16
MND_2.x.x.5440
TAL.CM.01.8023
TAL.CM.00.266
TAN.UG.x.TAN1
VER.KE.x.TYO1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
GRV.ET.x.GRL_677
SAB.SN.x.SAB1C
RCM.NG.x.NG411
RCM.GA.x.GAB1
SUN.GA.98.L14
MON.NG.x.NG1
MON.CM.99.L1
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_1.CM.01.1085
MUS_2.CM.01.CM2500
MUS_2.CM.01.CM1246
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
DEN.CD.x.CD1
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.KE.x.lho7
LST.CD.88.524
SYK.KE.x.SYK173
SYK.KE.x.KE51
COL.CM.x.CGU1

Table with columns for Gag-Pol TF start and Gag-Pol TF end protease start. Rows include protein names like H1B.FR.83.HXB2, H1A1.UG.85.U455, etc., and their corresponding amino acid sequences.

Table with columns for Pol p15 start (-1 from Gag) and p15 protease. Rows include protein names like MAC.US.x.239, MAC.US.x.EMBL_3, etc., and their corresponding amino acid sequences.

Table with columns for Gag-Pol TF end protease start. Rows include protein names like H1B.FR.83.HXB2, H1A1.UG.85.U455, etc., and their corresponding amino acid sequences.

Table with columns for Pol p15 start (-1 from Gag) and p15 protease. Rows include protein names like MAC.US.x.239, MAC.US.x.EMBL_3, etc., and their corresponding amino acid sequences.

Table of HIV sequence alignments. Columns include: Accession ID (e.g., H1B.FR.83.HXB2), protease end_p66_p51 RT start, M41L, K70R D67N, and D110 catalytic site. The table shows amino acid sequences for various HIV strains, with gaps represented by dashes.

H1B.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1J.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1O1.AE.TH.90.CM240
H1O2.AG.NG.x.IBNG
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT70
H1O.CM.91.MVP5180
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.TZ.01.TANI
CPZ.US.85.CPZUS
H2A.DE.x.BEN
H2A.SN.x.ST
H2B.GH.86.D205
H2C.CL.x.EHO
H2G.CL.x.ABT96
H2U.FR.96.12034

MAC.US.x.239
MAC.US.x.EMBL_3
SMM.SL.92.SL92B
STM.US.x.STM
MNE.US.x.MNE027
DRL.x.x.FAO
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MND_2.CM.98.CM16
TAL.CM.00.266
TAL.CM.01.8023
TAN.UG.x.TAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TYO1
GRV.ET.x.GRI_677
SAB.SN.x.SAB1C
RCM.NG.x.NG411
RCM.GA.x.GAB1
SUN.GA.98.L14
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_1.CM.01.1085
MUS_2.CM.01.CM2500
MUS_2.CM.01.CM1246
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
DEN.CD.x.CD1
LST.CD.88.447
LST.CD.88.447
LST.CD.88.424
LST.CD.88.525
LST.KE.x.lho7
SYK.KE.x.SYK173
SYK.KE.x.KE51
COL.CM.x.CGU1

polymerase motif

K219Q
T215Y

DEDFRKRYTAFTIPSINNETPGIRYQNVLPQGWKSGPAIFQSSMTKILEPFRKQNPDIIVYQYMDLLYVGSDLIEGQHRTKIEELRQHLLRWGLTTPDKKHQKEPPFLWMMGYELHPDKWTVQPIVLPKEDS. . .WTVNDIQIKVLGKLNWASQIYPGKIRQLCKLLRG. TK 441
--S-----T-----V-----S-----S-H-----A-----A-----S-----FI-----Q-----A-----K-----A 440
--G-----T-----P-----PQ-----AP-----E-----AP-----E-----K-----F-----Q-----A-----A 448
K-----I-----EV-----A-----K-----E-----S-----T-----E-----K-----A 442
-K-K-----V-----C-----MK-----E-----F-----H-----Q-----N-----P-----A 441
-----V-----R-----AN-----EM-----A-----E-----K-----F-----Q-----D-----E-----TH-----A 438
-KE-----A-----E-----EM-----A-----A-----K-----F-----TVK-----N-----K-----A 440
Y-----C-----K-----ER-----E-----E-----R-----K-----E-----K-----F-----Q-----ED-----K-----K-----A 439
-K-----V-----H-----IK-----EM-----P-----E-----K-----F-----Q-----D-----V-----A 441
-S-----I-----K-----EM-----K-----A-----S-----F-----R-----E-----A-----K-----R-----A 446
-K-----V-----A-----TK-----E-----A-----G-----K-----F-----VE-----A-----IK-----R-----A 441
-K-----T-----EKH-----E-----I-----LA-----EAV-----D-----D-----K-----F-----R-----K-----I-----A 448
-P-----D-----RD-----ELE-----C-----PLTE-----KR-----L-----E-----YQ-----F-----S-----Q-----N-----V-----I-----Q-----R-----E-----I-----A 437
-P-----V-----V-----D-----S-----EVE-----I-----PLAE-----KRV-----L-----E-----YQ-----F-----Q-----D-----EV-----Q-----R-----KE-----I-----A 437
-Q-----V-----C-----A-----A-----DKY-----AVE-----M-----TA-----EM-----K-----QV-----E-----Q-----K-----K-----P-----D-----TK-----R-----I-----V-----A 441
-N-----V-----I-----T-----Q-----H-----LI-----LRE-----E-----V-----L-----T-----F-----K-----K-----IK-----A 446
-K-----V-----AK-----TV-----D-----T-----Q-----V-----H-----F-----K-----EV-----L-----I-----IK-----I-----A 440
-N-----V-----T-----EAV-----R-----S-----T-----F-----K-----T-----Q-----T-----Q-----K-----I-----A 447
-N-----V-----R-----K-----E-----N-----V-----A-----K-----F-----Q-----E-----Q-----IK-----I-----R-----V-----A 444
-N-----V-----E-----I-----K-----EL-----E-----V-----A-----K-----F-----Q-----E-----I-----C-----R-----K-----I-----A 444
-N-----V-----V-----X-----D-----H-----LI-----K-----E-----V-----L-----T-----F-----Q-----Q-----EI-----S-----K-----IK-----A 442
-N-----V-----V-----D-----QK-----EL-----SLEE-----KRV-----Q-----E-----F-----Q-----Q-----EN-----IK-----I-----A 444
-K-----V-----S-----G-----V-----D-----QK-----EL-----EK-----T-----D-----K-----V-----K-----F-----IK-----I-----A 439
-P-----F-----TKH-----E-----I-----P-----EE-----KRV-----A-----K-----F-----Q-----K-----Q-----EV-----IK-----I-----A 440
-P-----L-----N-----K-----F-----D-----H-----VD-----I-----NEEE-----KL-----KK-----T-----F-----E-----Y-----EK-----M-----N-----T-----PEQ-----H-----IK-----I-----A 437
-KE-----V-----D-----H-----VI-----D-----H-----VI-----NLEK-----E-----V-----L-----Y-----T-----F-----E-----Q-----Q-----EI-----IK-----I-----A 443
H-----Q-----L-----AV-----ME-----K-----I-----K-----YT-----RQV-----A-----V-----LLI-----ILIA-----RTGLE-----DKVV-----LQ-----KEL-----NGL-----FS-----EE-----F-----D-----D-----Q-----C-----W-----T-----KL-----KLO-----Q-----I-----V-----A-----S-----TKH-----R-----I-----A-----KM 466
H-----Q-----L-----AE-----K-----I-----K-----S-----YT-----RQV-----A-----L-----ILI-----ILIA-----RTDLE-----DRV-----LQ-----KEL-----NGL-----FS-----EE-----F-----D-----YQ-----W-----T-----KL-----R-----Q-----Q-----EV-----V-----A-----T-----N-----R-----I-----A-----KM 466
-PN-----Q-----L-----V-----AE-----K-----I-----K-----S-----Q-----S-----C-----Y-----R-----V-----D-----A-----S-----VI-----ILIA-----RSDLE-----DRV-----SQ-----KEL-----NDM-----FS-----EE-----F-----D-----K-----W-----K-----KL-----K-----Q-----EV-----A-----V-----A-----LF-----T-----HI-----I-----A-----KM 467
-P-----Q-----L-----AV-----AE-----K-----L-----K-----YT-----A-----V-----D-----A-----N-----VT-----I-----IL-----A-----RSDLE-----DRV-----SQ-----KEL-----NDM-----FS-----EE-----F-----D-----YQ-----W-----K-----KL-----K-----Q-----EV-----V-----A-----LF-----T-----HI-----I-----A-----KM 466
-V-----Q-----L-----V-----AE-----K-----I-----K-----HT-----R-----V-----D-----A-----E-----X-----IXI-----IL-----A-----RTDLE-----DQV-----LQ-----KEL-----NKX-----FS-----EE-----F-----D-----YQ-----XW-----K-----KL-----K-----X-----ET-----V-----X-----A-----L-----TK-----X-----I-----A-----XM 449
C-----Q-----L-----AE-----K-----I-----K-----T-----YT-----RNL-----A-----E-----A-----I-----ILIA-----RNDLE-----DQV-----SQ-----KEL-----NKT-----FS-----EE-----F-----D-----HK-----W-----K-----KL-----K-----E-----R-----V-----V-----A-----V-----TKH-----IK-----A-----KM 463

DD catalytic site

--E-----Q-----L-----V-----AE-----K-----I-----K-----YT-----RHV-----A-----V-----TLV-----ILIA-----RTDLE-----DRV-----LQ-----KEL-----NSI-----FS-----EE-----F-----D-----D-----Q-----W-----T-----KL-----K-----E-----Q-----RET-----V-----A-----TKH-----R-----I-----A-----KM 453
--E-----Q-----L-----V-----AE-----K-----I-----K-----YT-----RHV-----A-----V-----TLV-----ILIA-----RTDLE-----DRV-----LQ-----KEL-----NSI-----FS-----EE-----F-----D-----D-----Q-----W-----T-----KL-----K-----E-----Q-----RET-----V-----A-----TKH-----R-----I-----A-----KM 449
-PE-----Q-----L-----V-----QE-----K-----I-----K-----AT-----RQV-----A-----V-----LLV-----LI-----MRGLTE-----DKM-----VTQ-----DM-----NNL-----FS-----ED-----F-----D-----L-----Q-----W-----T-----Y-----K-----KL-----K-----E-----ER-----A-----TKN-----MI-----A-----KM 446
--G-----Q-----L-----V-----AE-----K-----I-----K-----YT-----RN-----RA-----V-----TLI-----ILIA-----RTDLE-----DRV-----LQ-----KEL-----NNL-----FS-----EE-----F-----D-----Q-----W-----T-----KL-----K-----E-----QR-----V-----V-----A-----TKH-----I-----A-----KM 449
--E-----Q-----L-----V-----AE-----K-----I-----K-----HT-----RNV-----A-----V-----TLV-----IL-----A-----RTDLE-----DRV-----LQ-----KEL-----NSI-----FS-----EE-----F-----D-----Q-----W-----T-----KL-----K-----E-----Q-----ET-----V-----A-----TKH-----R-----I-----A-----KM 449
-P-----V-----V-----QG-----ATAD-----Q-----EK-----VI-----F-----RPHKL-----EQM-----K-----T-----KF-----E-----F-----DN-----YE-----Q-----K-----E-----R-----D-----EI-----V-----S-----TK-----I-----A-----GL 451
-P-----Y-----P-----V-----V-----QA-----K-----M-----C-----GTVASL-----V-----NH-----TVOL-----F-----YTAEE-----EKA-----V-----AL-----MT-----N-----E-----E-----Y-----H-----H-----KTEKVO-----LAEQ-----P-----E-----A-----L-----TK-----I-----A-----AR 454
-S-----V-----V-----QG-----ATAD-----KT-----KEY-----EVL-----F-----SASE-----NKM-----VNR-----E-----RF-----E-----F-----E-----V-----Q-----K-----Q-----ET-----S-----TK-----I-----A-----AR 454
-V-----V-----V-----QG-----ATAD-----KA-----KEK-----EVL-----F-----SASE-----SKM-----V-----E-----QF-----E-----F-----E-----V-----V-----K-----K-----Q-----E-----S-----TK-----I-----A-----AR 454
-MND_2.CM.98.CM16
-P-----S-----Q-----L-----DR-----R-----FK-----T-----HTSDQL-----RK-----DKY-----QV-----L-----L-----NESLEE-----RIV-----G-----AL-----NKV-----IQ-----EA-----Y-----DK-----IK-----L-----Y-----K-----E-----D-----L-----T-----EL-----I-----C-----S-----TKA-----R-----Y-----V-----A 450
-P-----AR-----L-----DR-----R-----FK-----T-----YTSDDL-----RK-----EKY-----QV-----L-----LI-----ESLPE-----RIV-----G-----AL-----NKV-----IQ-----EA-----Y-----DK-----IK-----L-----Y-----E-----K-----N-----E-----QT-----L-----S-----TK-----C-----V-----V-----A 451
-PE-----P-----QV-----V-----G-----F-----C-----T-----HTAQRV-----KEIG-----KVQ-----LE-----I-----M-----MI-----PE-----KE-----DE-----V-----V-----KL-----LR-----FE-----V-----V-----R-----YD-----K-----Y-----SH-----SLNK-----EI-----QEH-----L-----V-----L-----TKA-----I-----A-----AQ 461
-PE-----V-----Q-----V-----QG-----T-----F-----C-----T-----NTAAS-----L-----QEI-----EA-----LI-----NR-----SG-----RV-----VAQ-----NM-----KL-----IQ-----EE-----F-----DY-----LQ-----RG-----KI-----VT-----QOEN-----A-----A-----V-----TK-----CI-----V-----A 442
-PE-----V-----Q-----V-----V-----F-----C-----T-----NTAA-----L-----KIKEEL-----KPLT-----V-----W-----QOEDY-----TKL-----V-----Q-----VK-----KT-----E-----E-----V-----K-----YE-----K-----W-----Q-----QLNS-----N-----E-----EQ-----L-----L-----LRTK-----I-----R-----I-----A-----K 458
-PE-----TV-----Q-----G-----F-----C-----T-----NTAS-----L-----EIK-----ELKQ-----L-----V-----W-----QOEDY-----TKL-----V-----Q-----VK-----KT-----E-----E-----V-----R-----YE-----K-----W-----H-----KL-----S-----E-----EK-----EQ-----L-----L-----LRTKNI-----I-----K 461
-PN-----TV-----Q-----G-----F-----C-----T-----NTAAS-----L-----EIKRNL-----ALT-----V-----W-----QENHT-----DKLV-----Q-----TK-----QA-----E-----E-----M-----YE-----K-----W-----H-----ELSR-----Q-----E-----E-----L-----L-----L-----L-----T-----I-----IT-----GK-----A 461
CKE-----V-----TG-----F-----C-----T-----NTAAN-----L-----EIKRHT-----GLE-----V-----W-----LA-----HDETR-----NQVD-----IV-----KM-----EK-----E-----E-----V-----R-----WE-----K-----N-----INK-----E-----PLEG-----E-----K-----V-----V-----TKHT-----AM-----K 464
-P-----Q-----V-----RE-----K-----K-----T-----TTAN-----QE-----QK-----VD-----MLIA-----RPKAE-----LVM-----VQ-----DY-----ET-----FK-----E-----F-----D-----Y-----Y-----K-----QL-----E-----T-----REE-----HK-----Q-----S-----TKH-----R-----I-----AR 473
Y-----P-----LA-----Q-----G-----V-----V-----TTAN-----E-----V-----F-----RTAHE-----SQM-----KR-----E-----T-----FE-----F-----DK-----E-----V-----E-----K-----L-----EE-----S-----TK-----I-----V-----AR 459
Y-----P-----AV-----Q-----G-----V-----V-----A-----AN-----Q-----EE-----VI-----F-----RTKLE-----DKM-----KQ-----D-----F-----FE-----F-----DK-----Y-----KS-----E-----K-----EE-----S-----LRTK-----I-----A-----AR 455
-P-----Y-----V-----QA-----K-----V-----C-----GTVASL-----K-----R-----Y-----EVQ-----LI-----Y-----KKK-----EIVQK-----L-----ME-----N-----E-----E-----Y-----G-----YK-----I-----R-----EIEK-----K-----PLEEE-----P-----I-----VI-----L-----E-----LRTK-----I-----N-----60
W-----P-----S-----L-----AE-----AK-----FK-----TV-----HTAAEL-----POE-----I-----KY-----EVT-----LI-----M-----H-----SLPE-----KIV-----GV-----I-----AT-----K-----IQ-----PE-----FY-----DQ-----VQ-----L-----SH-----KIAK-----E-----DQEQ-----E-----I-----A-----S-----TKN-----SI-----AR 449
-N-----N-----S-----V-----AE-----AV-----FR-----X-----T-----Y-----ASEL-----XXKI-----RY-----EVT-----LI-----H-----SLPE-----KIV-----T-----AI-----TX-----SEK-----IQ-----IE-----Y-----DKY-----LQ-----LQ-----TH-----K-----E-----Q-----Q-----G-----V-----A-----TKH-----XCIX-----X-----452
-PA-----SL-----QV-----QG-----AR-----FK-----T-----Y-----TAA-----L-----QEI-----EA-----TLI-----LI-----NR-----SG-----RV-----VAQ-----NM-----KL-----IQ-----EE-----F-----DY-----LQ-----RG-----KI-----VT-----QOEN-----A-----A-----V-----TK-----CI-----V-----A 442
-P-----P-----SL-----QV-----L-----G-----AR-----FK-----T-----FTAA-----L-----EIK-----A-----V-----TLI-----LI-----NR-----LSS-----KVV-----AQI-----NM-----KL-----IQ-----EE-----F-----EDY-----VQ-----L-----RG-----KI-----VA-----QOEV-----V-----V-----A-----TK-----CI-----V-----A 442
Y-----P-----SV-----V-----L-----G-----AK-----FK-----T-----ATTA-----L-----QI-----E-----Q-----AL-----V-----LI-----R-----E-----RLV-----KRV-----DL-----TSK-----IQ-----QE-----F-----DY-----VE-----L-----GG-----RIR-----VE-----DOET-----E-----V-----A-----S-----TKH-----CI-----V-----A 446
-KE-----P-----SV-----AV-----MG-----AK-----FK-----T-----ATTA-----L-----QV-----D-----Q-----AL-----V-----LI-----R-----E-----RLV-----KKT-----DL-----SSK-----IQ-----EE-----P-----DY-----VE-----L-----KG-----RIK-----VE-----DQ-----T-----E-----V-----A-----S-----TKH-----RCI-----I-----A 447
-PT-----A-----V-----V-----IQ-----E-----EFR-----SA-----A-----V-----GRQ-----QI-----EK-----ELI-----V-----L-----R-----K-----D-----L-----K-----VAQ-----F-----ER-----R-----PE-----Y-----ED-----H-----K-----RLM-----VT-----DEEE-----HK-----Q-----S-----TKH-----RAI-----VP 447
-PQ-----AR-----V-----TQ-----E-----EFR-----SA-----A-----V-----GRQ-----KL-----KEY-----L-----V-----L-----N-----DKVS-----LE-----QVQ-----KF-----EK-----R-----PE-----Y-----ED-----YH-----K-----HLL-----E-----EEE-----HK-----Q-----S-----TKH-----AT-----AR 447
Y-----S-----V-----V-----QA-----AE-----FK-----A-----T-----NIVASL-----ROI-----D-----E-----V-----LI-----LI-----R-----KL-----E-----QV-----HKI-----ML-----TSY-----NIO-----EA-----PDY-----VK-----L-----KG-----RL-----VE-----DQ-----T-----V-----H-----RTK-----CI-----A-----AR 452
Y-----E-----SV-----V-----Q-----AE-----FK-----A-----T-----ATVASL-----YOI-----D-----E-----V-----I-----LI-----R-----KLAE-----QV-----HKI-----ML-----TSY-----NIO-----EA-----PDY-----VR-----L-----KG-----RL-----VE-----DQ-----I-----V-----H-----RTK-----RCI-----A-----AR 445
-P-----P-----AQ-----V-----G-----Q-----IFK-----V-----T-----ATAD-----M-----SQ-----AH-----V-----L-----LI-----L-----A-----RSLE-----KMKV-----DF-----AV-----FE-----A-----F-----ET-----IQ-----KH-----QI-----K-----D-----LPEDGQ-----A-----V-----L-----S-----TK-----SI-----V-----AR 469
-P-----Y-----Q-----V-----QE-----R-----R-----C-----ATVAGL-----SE-----L-----L-----L-----LI-----R-----R-----DKK-----G-----DOAVK-----DL-----VT-----N-----K-----E-----F-----A-----YH-----V-----R-----EIEK-----K-----DI-----LQKT-----N-----V-----A-----L-----E-----RTK-----I-----V-----A 459
-P-----Y-----Q-----V-----QE-----R-----R-----C-----ATVAGL-----SE-----L-----L-----L-----LI-----R-----R-----DKK-----G-----DOAVK-----EL-----MT-----N-----E-----E-----F-----A-----YH-----V-----R-----EIEK-----K-----DI-----LQKT-----N-----V-----A-----L-----E-----RTK-----I-----V-----A 459
-P-----Y-----Q-----V-----L-----QE-----K-----R-----C-----ETVAGL-----AE-----L-----L-----L-----LI-----R-----R-----KEG-----SOAVK-----EL-----IT-----N-----E-----E-----F-----DK-----YH-----V-----R-----EIERK-----I-----I-----TRK-----I-----V-----A 460
-PNY-----L-----QE-----K-----R-----C-----ETVAGL-----SE-----L-----L-----L-----MI-----FI-----R-----R-----K-----G-----DOAVK-----EL-----MT-----N-----E-----E-----F-----A-----YH-----V-----R-----EIEK-----K-----M-----LTKT-----Q-----V-----A-----L-----D-----RTK-----I-----V-----A 459
-KE-----P-----V-----AS-----E-----FT-----T-----T-----T-----INO-----Q-----K-----YS-----L-----L-----LI-----LI-----T-----R-----SEKA-----QEI-----VOI-----V-----K-----FKV-----KE-----W-----DOY-----M-----L-----T-----Q-----L-----K-----E-----NI-----DE-----I-----Q-----L-----I-----V-----S-----TKH-----CI-----V-----A 474
--E-----Q-----V-----SS-----E-----FK-----T-----ATVQ-----Q-----I-----EK-----S-----I-----V-----L-----L-----NR-----SEK-----GOI-----VS-----IVKS-----AV-----FSI-----PE-----W-----DKF-----LQ-----L-----T-----SL-----KVQ-----IT-----ES-----P-----EL-----II-----V-----S-----TKH-----CI-----A 480
-P-----YQ-----V-----LA-----T-----V-----K-----T-----GTVAR-----R-----R-----Q-----L-----Q-----A-----L-----L-----P-----L-----E-----RAVQ-----DA-----YY-----E-----E-----Y-----AD-----YK-----KQ-----KL-----KVKI-----Q-----K-----A-----L-----L-----RTK-----I-----K-----A 422

H1B.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1J.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1O1.AE.TH.90.CM240
H1O2.AG.NG.x.IBNG
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT70
H1O.CM.91.MVP5180
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.TZ.01.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS
H2A.DE.x.BEN
H2A.SN.x.ST
H2B.GH.86.D205
H2B.CL.x.EHO
H2G.CL.x.ABT96
H2U.FR.96.12034

MAC.US.x.239
MAC.US.x.EMB_L3
SMM.SL.92.SL92B
STM.US.x.STM
MNE.US.x.MNE027
DRL.x.x.FAO
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.x.x.5440
MND_2.CM.98.CM16
TAL.CM.00.266
TAL.CM.x.18023
TAN.UG.x.TAN1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TYO1
GRV.ET.x.GRI_677
SAB.SN.x.SAB1C
RCM.NG.x.NG411
RCM.GA.x.GAB1
SUN.GA.98.L14
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_1.CM.01.1085
MUS_2.CM.01.CM2500
MUS_2.CM.01.CM1246
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
DEN.CD.x.CD1
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.lho7
SYK.KE.x.SYK173
SYK.KE.x.KE51
COL.CM.x.CGU1

ALTEVIPLTEEAELAELENREILKPEVHGYYDPSKDLIAEIQKQQGOWTYQIYQEP...
---DIVT-----D-----V-----D-----K-----S-----V-----I-----R-----A-----M-----D-----A-----609
---DIVT-----F-----ND---F-F-----F-KRGT-----AV-----AL-----R-----R-----A-----D-----A-----V-----I-----610
-----M-----L-----I-----R-----I-----D-----I-----K-----611
---DIV--A--K--R-----D-----N-----KV-S-----AL-----RS-----L-----D-----D-----T-----A-----D-----S-----K-----610
---DIVS--A--M-----R-----E-----V-----LD-----Y-----KRGS-----V-----A-----R-----R-----I-----D-----R-----T-----P-----Y-----606
---DI---K-----R-----I-----R-----K-----T-----I-----S-----I-----R-----R-----I-----D-----H-----T-----A-----Y-----I-----608
---DIV--R-----K-----SA-E-----V-----LD-----H-----KR-S-----A-----V-----AL-----A-----R-----R-----R-----D-----M-----S-----T-----607
---DIV--A-----T-----V-----V-----D-----H-----RGS-----R-----V-----VA-----R-----R-----R-----M-----D-----S-----614
---DIVA-----T-----V-----L-----D-----KK-S-----V-----VAM-----R-----R-----R-----M-----D-----S-----I-----609
---VNF-----L-----G-----E-----V-----L-----H-----K-----S-----I-----V-----V-R-----VA-----R-----V-----V-----A-----DH-----T-----S-----616
S---V--SR-----E-----R-----Q-----D-----WVN-----GE-----E-----H-----T-----QKAS-----IR-----A-----VI-----VSQ-----I-----L-----VTR-----AD-----S-----I-----R-----S-----M-----Y-----605
S---V--SK-----E-----K-----Q-----D-----WVS-----H-----E-----V-----DE-----H-----QKAS-----IR-----A-----V-----VSQ-----A-----L-----R-----VTR-----A-----S-----I-----T-----N-----605
S---DRVQM-R-----E-----KQ-----QKQIE-----Y-----Q-----GLP-----K-----T-----S-----NE-----G-----L-----A-----PT-----T-----E-----R-----AGV-----GL-----EV-----Q-----R-----DA-----SD-----IR-----N-----LAD-----PE-----NSQ-----609
---DIVTM-Q-M-E-X-XD-----E-----X-----NS-----F-----Q-----H-----Q-----S-----IR-----A-----V-----A-----R-----R-----V-----V-----S-----D-----X-----I-----T-----P-----K-----614
R---D---P-----P-----VST-----N-----D-----E-----V-----E-----F-----Q-----HR-----Q-----ST-----IR-----A-----VI-----AV-----R-----R-----V-----S-----A-----I-----S-----TD-----PT-----D-----Y-----K-----608
---VT--R-----A-----N-----D-----E-----DL-----H-----K-----ST-----IR-----V-----VAL-----R-----R-----V-----V-----S-----D-----X-----I-----T-----S-----Y-----615
NS---VTF-R-----N-----A-----A-----V-----S-----Q-----QGS-----A-----VM-----AI-----I-----R-----A-----A-----D-----Y-----SH-----F-----Q-----P-----612
---VTF-T-----A-----E-----E-----F-----Q-----Y-----S-----V-----VAL-----V-----R-----R-----A-----D-----Y-----QD-----P-----612
---VAM-Q--M-E-----D-----E-----E-----V-----NS-----F-----Q-----H-----Q-----S-----IR-----A-----V-----A-----R-----R-----V-----V-----S-----D-----D-----P-----610
---IVEM-R-----E-----T-----E-----E-----V-----NN-----F-----T-----GR-----Q-----A-----P-----IR-----A-----V-----P-----VSP-----IL-----TV-----V-----R-----V-----A-----D-----R-----Q-----Y-----RR-----612
K---D---P-----P-----VST-----D-----E-----NC-----F-----H-----Q-----S-----IR-----A-----A-----R-----R-----V-----S-----A-----A-----I-----S-----T-----PTD-----Y-----T-----607
G---VA--P-----Q-----A-----E-----E-----F-----H-----GKQ-----A-----IR-----A-----T-----A-----R-----R-----V-----M-----A-----AD-----V-----I-----T-----E-----Y-----R-----608
G---PVEM-R-----E-----KQ-----K-----Q-----A-----KLP-----Q-----A-----E-----G-----KSP-----T-----EIR-----AGLI-----GN-----I-----TV-----L-----V-----SQ-----D-----V-----V-----I-----IR-----N-----LSD-----PE-----DS-----K-----R-----605
---VNF-H--M-E-----E-----V-----V-----RS-----F-----R-----H-----Q-----S-----IR-----V-----V-----A-----R-----R-----V-----V-----S-----D-----D-----K-----T-----A-----E-----Q-----K-----611
T---EVQW-L-A-E-KI-SQEQE-Y-QEE-E-E-T-SOGH--K-H-E--I-V--F-KIKNT--G-RL-AHV--GK-A--QV--H-VE-DV-Q--D--V--D-IS--R-VFN-V-D-E-E-Y-T-SC-KQ5-E--633
T---EVQW-L-A-E-KI-SQEQE-C-QEE-E-E-T-V-DODN--K-H-GD--RI-V-F-KIKNT--G-RL-AHV--GK-A--QV--H-VERD-Q--DN-V--D-D-IS--R-VFN-V-D-L-E-Y-T-SC-KQ5RE--633
T---EVQW-L-A-Q-KI-EQEQE-S-KERPVE-TV-NLAN--K-H-GN--V-V--F-KIKNT--G-RL-AHV--GK-A--QV--H-VERD-Q--DN-V--D-D-IS--IR-A-N-V-D-LE-R-Y-T-SC-TS-E--634
T---EVQW-L-A-FQ-KI-EQEQE-S-KGVVP-E-TV-NLAN--K-H-GD--I-V--F-KIKNT--G-RL-AHV--GK-A--QV--H-VERD-Q--DN-V--D-D-IS--IR-A-N-V-D-LE-V-Y-T-SC-KAS-E--633
T---EVQW-L-A-Q-KI-XQEQE-A-KEKEXPE-TV-NLDN--KVH-GN--RI-V--F-KIKNT--G-RL-AHV--X-GK-AL--L-F-H-VERD-Q--D--V--D-D-IS--H-R-V-N-V--LEQT-Y-T-SC-KTS-X--616
T---EVQW-M-A-A-F--KI-SQEQE-A-REENE-E-TVL-NQDN--K-H-GD--RT-V--F-KVNT--G-RL-AHV--GK-A--QV--H-VERD-Q--D--V--VLD-D-S--R-A-N-V--LL-E-Y-T-SC-AS-Q--629

p51 RT end_p15 RNase H start
T---EVQW-M-A-AYE-KI-SQEQE-C-QEG-P-E-TVI-SQDN--S-K-H-D--I-V--F-KIKNT--G-RL-AHV--GK-A--QV--H-VE-DV-Q--D--V--D-IS--R-VFN-V-D-E-E-Y-T-SC-KQ5-E--620
T---EVQW-M-A-AYE-NI-SQEQE-C-QEG-P-E-TVI-SQDN--K-H-D--I-V--F-KIKNT--G-RL-AHV--GK-A--QV--H-VERD-Q--DN-V--D-D-IS--R-VFN-V-D-EVE-Y-T-SC-KQ5-E--616
T---EVQW-L-A--I--NQEQR-R-REDEP-E-TVL-NQDN--S-K-H-GD--RI-V-F-KIKNT--G-RL-AHV--GK-A--QV--H-VERD-Q--DN-V--D-D-IS--IR-VFN-V-D-EKE-VY-I-SC-NS-E--613
T---EVQW-M-A-Y--I--SQEQE-Q-REDP-E-TVL-DODN--S-K-H-D--I-V--F-KIKNT--G-RL-AHV--GK-A--QV--H-VERD-Q--AD-V--D-D-IS--R-VFN-V-D-LE-T--SC-KQ5-E--616
T---EVQW-M-A-AYE-KI-SQEQE-C-QEG-P-E-TVI-NQDN--S-K-H-D--I-V--F-KIKNT--G-RL-AHV--GK-A--QV--H-VE-DV-Q--D--V--D-IS--R-VFN-V-D-E-E-Y--SC-KQ5-E--616
P-D-EVEW-R---YE-KL-I-QM---Q-E-P-K-K--L-N-S--E-DD-N-P--KVNKS--MRM-AGL--AK-AL--RL--I-Y-QR-V-Q-Q--V--D--IS--H-I--N-LSD--P-E-VY--VS-E--623
NI--KVTM---R--YEQ-K--A-EQE-S--N-E-YVRF--TTG-DISF-WK-GN--V-RA--GKQK--S-LMK-AG-T-VGR--FV--MQI-TTR-I-D-H--C--V--IS--M-ERE--S-SP--LE-V-Y--DS-M--618
P-D--VEW-R---YE-KL-VQ-E---Q-G-P-M-KV-LT--S--E--E-N-P-V--TKH--ELRV-AGL--AK-C--EL--Y--LER-V-DQ--HD--V--D--IS--IR--N-L--P-EDVY--NS-E--622
P-DKIVEW-R---YE-KL-VQ-E---Q-E-P-M-KV-LT--S--E--D-N-P-V--TKN--ELRV-AGL--VAK-CL--L--Y--LER-V-DQ--HD--V--D--IS--IR--N-L-D-P-EDVY--NS-E--622
P-D-KVEW-R---YE-KL-VQ-E---Q-E-P-M-KV-LT--S--E--D-N-P-V--TKN--ELRV-AGL--AK-AL--RL--I-Y--ER-V-DQ--P--S--H--IG--N-LR--VP-EDVY--NS-E--621
G-L-EVQ-S--A--A-E-T--QEGER-E-LT-LAE--G-M-K-GK--RL--F-K-Q-T-S-PYQ--IG-M--GK--F--QV--V-R-VV--E--Q--S--CS--L-TIVPIH--R--N-VS--VE--E-DY--H-S--E--617
G-L-EVT--A--A--A-E-T--S--KEGEP-E-LT-LAE--G-M-K-GK--RL--F-K-Q-T-S-PYQ--VG-M--GK-A--F--QV--I--RV-VV--E--Q--S--CS--L-TIVPIH--R--N-VS--VE--E--H--S--E--618
D--A-VQW-Q-V-FRQ-Q---EQO-A---S-R-T-LDD--G-FK-G--V--TKSKNT--EFRV-AGM-RVCK-A-TF--L--IMEV-V-Q-Q-SD--V-L-I--IS--I--N-V-D-PK-KVY-C--C--NS--628
N-L-TVTV---A-Y--K--TEQE-T-K-GRPIR-AV-LEG--S-FK-G--QV-V--TKQKNT--EFRV-AGL--LCK-L--EL--VLE--ER-V-Q-AD--VS--D--S--T--PKEDVY--C--NS--625
N-L-EVQW---A-Y--K--TEQE-T-A-G-P-R-AV-LEG--S-FK-G--I-V--TKQKNT--ELRT-AGL--CK-AL--RL--I-E-VERD-Q-AD--VS--D--S--V--T--P-EDVY--C--NS--625
N-LD-VEW-P---A-YE-K--TEQE-T-A-E-P-R-AV-L-D--S-FK-G--I-V--F-KQKAT--ELRV-AGV--GK-AL--QL--T-E-VERD-Q-AD--VS--D--SV--T--T--P-EDVY--C--QS--E--628
N-L-LVAV-P---A-Y--A--TEQE-T-K-GIPR-AV-LEG--S-FK-G--QV-V--TKQKNT--ELRT-AGL--CK-AL--IL--VLE--ER-V-Q-AD--VS--D--S--L--T--T--PKEDVY--C--NS--E--627
N-L-E-VW---A-YKN-QG-VQ-TQE-T--L-E-TV--E--FT--G--AV--V-R--KQ-ET--LRT-AHL--CK-ALT--RL--RVQ--VD-K-DM--QD--VS--S--L--S--V--K-EDVY--SKV--631
P---IVQW---E--Q--RQKQ-Q---ALP-R-KVL-L-D-G--PE-N-I-V--KIKT--ELRM-AGL--GK--QI--IME-VER-L-Q-SD--V--M-S-Q-IR--K-V-D-P-EAVY--NS-E--641
---DDKVEF-R---YE-KAV--KI--N-E-P--KV-LEG--S-E-G-D-S-P--KQKT--EIRM-AGL--CK-A--L--E--ER-V-Q-Q-SD--VS--S--IR--N-V-D-P-E-VY--NS--627
---D-KVEM-K--I-YE--KM--KL--EK-P-V-N--LEG--S-E--S-G-P--KQKT--EIRM-AGL--GR-A--RL--T-R--ER-V-D--RSQ--V--D--S--IR--G-N-V-D-P-E-VY--NS-I--622
P-A-KVKM---RE-YQS-Q-V-Q-S-S-S-E-D-E--CRV-VK-IL-F-WL-G--KQV-RV-R-QKRGA--E-PCQ--AA-L--AK--RV--IQV--R-I-SQ--AD--C--L--S--K-EQE--T-AT--VP--D-Y--EKLE-R--626
S---DTVV--SDL-QA-----EST-G---NEP-KV-LTSLAEN--G-RFF--K--SV-----F-KI-ST-S-YQ--AD-LA-LGK-A--T-RL--I-R-VV-Q-DA-ADN--IN-V-DI-A-YS-H-LRQ--T-VQD--E--P-Y--TS-E--616
---DIVE--SDL-QA-----SQST-G---KL--KV--TSLXG--G-XYF--F-KIKN--V--XRV-----F-KIKN--V--XRV--Q-D--ADN--V--I-P-HS-H-LRQ--T-VQX--EH-P-Y--AS-E--619
S---EVO-Q---Q---Q--QA-Q-A-F-EQOP-V--VSL-DS--G-NFL-NK--GI--S--F-KV-SV--SYQ--SD-IAR-GR--L--PPE-VRI-VI-Q-DO--H-VS--DI-A-H-TH-LRQ--FT-VP--LSE-P-Y--HKVS--610
S---EVO-Q---QA---Q---Q--QQT-Q-A---EQOP-V--VSL-DS--G-NFL-SK--GV--R--F-KV-SV--SYQ--AD-MA-GR--L--PPD-VRI-VI-Q-DO-IAH-VS--TI-A-H-TH-L-Q-FT-VP--LKE-P-Y--VS--610
---TVE-Q-Q---M-QE-K-A---E-P-L--VSL-EQ--G-TFT--K--NM--F-KV-T--I-TYQ--A--LA-AAR--L-C--PD-CRI-VV-Q-DH-A-S--T--V--I-A-H-H-LRQ--FT-VP--LEA-P-Y--NS--R--614
G---LVE-S-Q-Q---QEAG-A---E-P-VL--VSL-EQ--G-TFT-DR--NM-R--F-KI-T--S-PYQ--A--LSRASK-AL-C--PD-CRI-VV-Q-DH-ADS--T--DI-A-H-H-LRQ--FT-VP--ET-P-Y--NS--R--615
G---DPVT-S--QA-R-K-K---QE-S---KEQEP---LS-L-K--G-V-R-P-K--GI---FS-DK--Y--FH--AK-MY--G--Y--F--RI--Q-R-VV--E-DN--HNH--A--D--AIH--H--E-VS--PD-D-Y--S--614
G---DKVS-S--QA-R-K-TP-QE-S---KEDEP--S--S-I-R--G-V-R-TK--GL---FSKDK-T-Y--FH--AK-MY--G--Y--F--RI--Q-R-VV--E-DN--HNH--A--D--AIH--H--E-VS--PD-D-Y--S--M--614
G---DQVE---QI---QSSE-G---AE-P-VV--TSL-EQ--G-MFS--G--M--SA-F-KT-N-I-SYQ--FAD-LT-VGR-Q-T--VPD-RI-VV-Q-DA-MN---TI-AIH--H-LRQ--T-VS--LED-V-Y--TS--620
G---QVE---QI---QSSE-S---AE-P-VV--TSL-EQ--G-MFS-DS--M-RS-F-KT-T--I-SYQ--AD-MT-VGR-Q-T--VPD-RI-VV-Q-DA-MN---TI-AIH--H-LRQ--T-VS--LEN-V-Y--TS--613
D-G-T-S--G-A-K-AQ---SIS-S-R-E-D-E--S-L-EN--G-T-K-K--HL---HKDK-S-Y-PYQ--AKVMA--GR-AL--RL--T-R--V-VS-VD-DA-S--VN--D-M-S--LRNF-N-VS--DK-P-Y-T--Q-Q-R--636
---D--VTW-DA-LE-YEQ-QO---KLQ-A---T-E-VVRV-QSKK-II-F-WR-GN--SI-RA-R-Q-QKS---PLQK-A---GK---HV--IQV-VTR-V-DQ--SDH-V---L--IS--Q-EQE-S-A--E--VD-Y---EKVG-T--626
---E--VTW-DA-LE-YEQ-QO---KLQ-A---T-E-VVRV-QNKK-VI-F-WR-GN--SI-RA-R-Q-QKA---PLQK-A---GK---HV--IQV-VTR-V-DQ--SDH-V---L--IS--Q-EQE-S-A--E--VD-Y---EKVG-T--626
P-EQLVTV---LE-YET-KT---K-Q-A---E--VVRV-QNKK-VI-F-WR-GN--SI-RA-R-Q-QKS--M-PLQ-A---GK---FV--IQV-VTR--N--INF--V---DL--IS--Q-EQE-S-A--E--VD-Y---E-VG-T--627
P-E-I-NW---LE-YGQ-K-V--KMO-A---E--E--VRY-QNKK-II-F-WR-GN--SI-RA-R-Q-QKA---PLQK-V--I---GK---FV--IQV-VTR--N--H--SDH--V---DL--IS--Q-EQE-IW-A---I--VD-Y---EKVG-T--626
Q---LT---A-A-E---E---QEA-S---K-P-E-H-T-L-SO--G-M-K-K-QKQPP-I--T-KTFA-S--YQS-AQLLN-GIQ-LWY--V--T-H-VKR-E-K--D---V--VK-IS---RMY-N-VP--PE-V---DS-T-N--643
---DIVE---A-M-----VEQT-S-Q-E-P-E-H-S-L-Q--G-I-K-G-QE-P-I--TGKAYAT-H--YQA-AQLMN--GIAQ--V--I--E-H-VKR-E-K--DH---L--VKC-H-I--RMY-N-VS--V-E---NS-E-Q--648
H-L-EVQ-SA---E--DQ-KQ-I--E-Q---I-HE-IWVD-FRL-K--G-AVC-K--HGT-RR--HNTGKNQ-F-SMQE-ASVI---GR-A--T--V--M-V-AKR-D-Q-SD--SA---I--SSSYV---VMN-VL--LKE-P-YWT--GCS-KLGA---589

H1B.FR.83.HXB2
 H1A1.UG.85.U455
 H1C.ET.86.ETH2220
 H1D.CD.84.84ZR085
 H1F1.BE.93.VI850
 H1G.SE.93.SE6165
 H1H.CF.90.056
 H1J.SE.93.SE7887
 H1K.CM.96.MP535
 H1O1.AE.TH.90.CM240
 H1O2.AG.NG.x.IBNG
 H1N.CM.95.YBF30
 H1O.BE.87.ANT70
 H1O.CM.91.MVP5180
 CPZ.CD.90.ANT
 CPZ.CM.98.CAM3
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
 CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.88.GAB2
 CPZ.GA.88.GAB1
 CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
 CPZ.TZ.01.TAN1
 H2A.DE.x.BEN
 H2A.SN.x.ST
 H2B.GH.86.D205
 H2B.CL.x.EHO
 H2G.CL.x.ABT96
 H2U.FR.96.12034

GYVTNRGRQKVVTLDTTNNQKTELQAIYLAQDSGLEVINIVTDSQYALGIIQAQPDQSESELVNQIEQLIKKEKYLAWPAHKGGTGGNEQVDKLVSAG .IR. .KVLFLDGDID. KAQDEHEK. YHSNWRAMASDFNLPVVAKEIVASCDKCKQLKGAEAMHGQVDCSPGI 774
 ---D---S-E---H-H---S---R-I---K-E---S---ED---C-----N-----773
 ---D---I-S-E---Q---S---L-K-I---S-R-S---S---E---NE-I-P-C---I---N---781
 ---D---PF-----N-----K-S-----S-----E-----775
 ---DK-K---S-E---A---S---K-I---Q-R-S---V-I---E---N---I---775
 ---DK-K---II---E---A---Q---RS---R-A---S---S---E---R-N---I---771
 ---D-K---S-E---S---K---E---S---S-V---E---E---R-N---V---I---773
 ---DK-E-----H---R---K---E---S---ED---S-----772
 ---D---SI-E---A---C---S---K-D---RI-S---E---N---I---I---774
 ---D---S-E---H-H---S---R-V---E---S---E---R---T---I---TN---779
 ---D---S-E---H-H---S---R---V---K-D-S---H-H---N---E---R---K---I---M---G---774
 -F-D---SIA---A---LM-E-RD---M-HS-K---S-E-R-S---S---I---E---ED-DR---K---I---N---V---781
 ---EQ-K---IIK-DE---A-M-L---KET---V-SS-T---PI-Q---E-T-Q-T---KI---KD---R-E-Q-ED---K-L-E-G---I-P-HI---I---EV---770
 ---EQ-K-NIIK-EE---A-M-VLI---KEQ---V-SS-T-D-PI-Q---E-T-R-T---KI---KD---R-E-Q-ED---L-G-I---I-P-HI---T---Y-E---770
 ---D---SR-KH-QK---QA---LM-E-TGP---VL-GT---P-EE-QK---R-QI-S---Q---Q-E---ED-D---SL-DEY---I---I-Q-HV---R---774
 ---D---I-N-EN---A-T-V---AEHI---V-HS---L-E---S-S---V---S-X---X-HKE---EX-N---I-HI---L-R---782
 ---I-DK-K---IIS-EN---QA-G-L---EQQ---V-S-H---E-D-S---S---E---R---K-L-GE---I---N---V---L---T---773
 -F-D---TSISE---QA---VLM---A-Q---V-HS-K---E---RI-S---I---T---E---R---K---I---N---I---IN---V---780
 ---D-K---IIP-E---A-Q---P---L---D---N---T---S---L---R-E---N---I---777
 ---DK---IIS-E---A-Q---EV---G-T---I---E---S---I---S---E---N---I---N---I---777
 ---I-D---IIN-EN---A-T-V---AEHI---V-HS---GS-E---S-S---S---E---N-K---775
 ---I-N-K---IS-EE---A-E-LRI---Q-V---V-NS---S-H---I---E---T---S---ED-R---DE-Q---T---I---775
 ---DK-K---IIS-EN---QA-K-LL---DQO---V-S-H---I---E---I-S---R---R-E---R---K---I---H---V---772
 ---IHS-E---A---VLM---Q-V---V-L-SH-H---DI---E---I-S---R---S---E---R---K-Q---I---Q---773
 ---YRSKD-EN---QA-WVD---K-AQ---VM-VL-GL---D-PI-E---QK-TQ-TAI---E---KN---I---N-E-ED-D---K-L-DEY---I-Q-P-HI---I---Y-E---770
 ---D---II-EN---A-T-V---K-ENT---V-G-V-HS---E---S-IS---I---S---ED-D---T---I---776
 ---D-KD-KV-EQ---QA-EVFRM---A-PK---IV---VM-VAG-TE-NRI---EM---A-V---QE-H-Q---Q---EK-E-P-E---IIKELTHK-GI-LL-RQ-N-AQ-Q---I---NAEI-V---798
 ---I-D---D-IIS-EN---QA-E-FAM-VT---PKA-IV---VM-VAG-TE-KI---EM---AI-V---QE-H-Q---Q---EK-E-P-E---VKELSHK-G-KL-RQ-NT-TQ-Q---I---NAEL-T---798
 ---D-KD-KV-EQ---QA-E-FA---T-EPO---IV---VM---A---TET-PI-AK---EM---A-VG---L-QE-H-Q---Q---EK-E-P-E---G-VKELVHK-GI-QL-Q-N-Q---I---NADL-T---799
 ---D-KD-KP-EQ---QA-E-FA---TET-PI-RE---EM---I-VG---L-QE-H-Q---Q---EK-E-P-E---N-VKELVHK-GI-QL-RQ-N-Q---I---INSEL-T---798
 ---D-KD-XV-EQ---QX-E-FAM---PK---IX---VMX-AX-TET-P-K---EX---XL-VG---QE-X-Q---Q---XK-E-P-E---X-F---VKELTHK-GI-QL-Q-N-YHS-Q---I---NAEL-T---781
 ---D---KDR-KP-EQ---QA-E-FAM-E---PK---IM---AG-TET-P-SK---E-R-A-VG---QE-H-Q---Q---EK-E-P-E---VKELQHK-GI-QL-Q-NT-HV-Q---I---NTEV-T---794

p66 RT, p15 RNase H end_p31 Integrase start

p15 RNase H end_p31 Integrase start

MAC.US.x.239
 MAC.US.x.EMBL_3
 SMM.SL.92.SL92B
 STM.IA.x.STM
 MNE.US.x.MNE027
 DRL.x.x.FAO
 MND_1.GA.x.MNDGB1
 MND_2.GA.x.M14
 MND_2.x.x.5440
 MND_2.CM.98.CM16
 TAL.CM.00.266
 TAL.CM.01.8023
 TAN.UG.x.TAN1
 VER.DE.x.AGM3
 VER.KE.x.9063
 VER.KE.x.AGM155
 VER.KE.x.TYO1
 GRV.ET.x.GRI_677
 SAB.SN.x.SAB1C
 RCM.NG.x.NG411
 RCM.GA.x.GAB1
 SUN.GA.98.L14
 MON.CM.99.L1
 MON.NG.x.NG1
 MUS_1.CM.01.CM1239
 MUS_1.CM.01.1085
 MUS_2.CM.01.CM2500
 MUS_2.CM.01.CM1246
 DEB.CM.99.CM40
 DEB.CM.99.CM5
 GSN.CM.99.CM166
 GSN.CM.99.CM71
 DEN.CD.x.CD1
 LST.CD.88.447
 LST.CD.88.485
 LST.CD.88.524
 LST.KE.x.lho7
 SYK.KE.x.SYK173
 SYK.KE.x.KE51
 COL.CM.x.CGU1

--I-D-KD-KV-EQ---QA-E-FLM-T---PKA-IV---VM-TGC-TE---R---EM---SEI-V---OEI-H-Q---Q---EK-E-P-E-E-D---VKELVFK-G-RI-RQ-DT---HQ---I---ANSDL-T---785
 ---I-D-KDI-KV-T---QA-E---HGIE---PKR---IVEL-VCY-NNRFT-PR---EM---VR-V---LE---OEIGP-Q-F-Q---EK-E-P-E-E-D---VKELVFK-G-RI-RQ-DT---HQ---I---NSDL-T---779
 ---D-KE-LP-EQA---QA---LL-K-PSK-V---V-N-TG-SE-D-DI-A---VQ-A-IG---NE-R-Q---Q---ES-E-P-E-ED-D---VKEL-QY-I-QL-Q-N-N-Q---I---TNAEV-T---778
 ---I-D-KN-KA-EQ---QA-E-FAM-A---PKA-V---VM-TG-TE-K---EM---AI-V---QE-H-Q---Q---EK-E-P-E---VKELVFK-GI-RL-Q-DT---P---I---NAEL-T---781
 ---I-D-KD-RV-EQ---QA-E-FLM-T---PKA-IV---VM-TGC-TE---R---EM---TEI-V---QEI-H-Q---Q---EK-E-P-E-E-D---VKELVFK-G-RL-Q-DT---HQ---I---NSDL-T---781
 ---S-KE-TAEE---A---L-K-K-PK---M-SSS-EI-DNPI---M-S-A-N---EE---R---Q---NME---E-DL-N---SL-QE-G-GI---Q-P-IH---PI---A---T---783
 ---I-D-F-R-EEYLN---Q---H-VK-E-SY---VV-LASR-TETDHI-KE---LMKG-I-S-L---I---S---QN-E-P-E---EAQLREK-H-AL---Q-Q-S-CHH-PIK-T-A-L-V---788
 ---Y-A-KS-IA-EN---A-E-L-K-PRR---LS-T-R-DNPI-RE-N-M-A-A---I---K---Q---E---E-D-N---SLQE-SI---I---Q-P-V---PI---AA---T---787
 ---Y-S-KS---A-EE---A-T-KM---PR---LS-A---DNPI-RE-LM-G-EI-S---I---K---Q---E---E-D-N---LSQ---I---Q-P-T---PV---NAD---T---787
 ---A-NKSR-IA-EN---A-E-KM---PK---M-LS-A---DNPI-RE-LM-H-A---E---R---V---Q---E---E-D-N---L-Q-CI-NI---Q-P-T---PI---T---T---786
 ---AT-KEH-ZK-EK---A-E-VL-K-PK---VY-LAGS-TETDNKIEED-QL-LS-A---L---I---VEQ-P-E-E---R-N---DLKAR-K-TI---A-IEA-P-VQ-PKT---NNAAV-T---782
 ---TS-KEH-G-SN---A-E-VL-KH-PK---VY-LVGN-TETDNKI-ED-Q-LG-A---T-L---Q---RI-VEQ-P-E-E---R-N---KDLKAR-K-TI---A-IEA-P-VQ-PKT---TNAAV-T---783
 ---FL-T-ESQ-IE-E---QA---VL-KH-KSK---VM-LT---T-D-V---EM-N-DAI-T---OEI-Q---Q---RME-E-ES-D---T-QFIRDA-GI-AL---A-P-IR-PI---A-V-V---793
 ---I-QY-K-R-EK-EN---QA-M-KM-E---PN---M-LT---T-D-P-E---ALMV-Q-HAI-Q---D---EI---Q-M---I---EK-E-E-E---R-N---NL-DTYG-QI---M-P-I---PV---A---V---790
 ---I-QY-K-R-EK-EQ---QA-V-KM-E---EK---M-LT---T-D-P-E---ALMV-RQI-Q---E---EI---Q---R---IGR-E-E-E---DR---KNL-DT-G-QI---M-PNAKI-PI---A---V---790
 ---I-QY-K-R-QQ-EN---QA-T-KM-E---PK---M-LT---T-D-P-E---A-MVQ-AI-Q---E---EI---K-V---RI-IGR-E-E-E---DR---NL-DT-G-QI---M-P-V---PI---A---V---793
 ---ISQY-K-R-E-EN---QAK-T-KM-E---PN---M-LT---T-D-P-E---ALM-Q-QOI-Q---E---EI---K---R---EK-E-E-EK-R-N---KNL-DTYG-QI---M-P-I---PV---A---T---792
 ---LSE-KSRIRE-EN---QA-T-VKM-E---EN---VMN-LT-C-QE-N-P-E---QA-M-RQ-Q---TEI---K---QI---R-E-E-D-A-N---S-VQE-G-NI---A-P-IR-PIK---A-IET---796
 ---L-D-D---A-EN---A-E-L-R-R-SK---I---M---AGE-TE-DNNI-Q---E---A-I---V---EIT---Q---Q---R-E-E-E-D---A-S-QQE-G-AI---A-P-I---SV---A---V---806
 ---D-KE-KE-EN---A-G-VL-K-KR---RHVF-LAGS-T---P-Q---M-G-E-S---E---Q---G---E---EE-QI-QI---Q-P-V---V---A---T---792
 ---KE-KE-EE---A-E-VL-K-KP---VY-LE---T-D-G-TE-N-M-G-A-S---E---K---Q---E---E---N---L-E-QI-QI---Q-P-V---I---A---T---787
 ---I-QG-SR-KK-EN---QA-E-KM-E-RSS---RLLSKR-TETD---KE-V-LTRO-DQ-G---OEI-Q-Q---KRO-M-IEK-E-P-VE-G-F-N-AASLQEM-DI-L---Q-NE-AQ-Q---IT---A---V---793
 ---F-AR-A---EQ---A-E-VL-R-GPPQM---I---V-LASC-EI---PI-EA-QE-L-DQ-F-S---E---R-GO---Q---MENLE-P-RED---KYLRTYHI-TLL---NH-H---NH-PKS---NAEV-V---781
 ---ST-OR-IP-EQ---A-E-VL---NGPAM---VM-LASK-EV---PI-EK-Q-LG-KQ-S---EX---XQ---Q---MEN-E-X-RED---KYLRTYGI-TLL---NH-P-HTQ---XSIDI---784
 ---T-KE---S-EN---A-E-VL-KEGPPSM---V-VAS-QE-T-P-EE-Q-LT-A-S---D---H---Q---MEQ-E-P-KED---KYLRTYI-ALL---NL-P---TH-PKT---NAEL-V---775
 ---T-KE-LS-ES---A-E-VL-KEGPPM-L---V-VAS-QE-T-P-E---QE-LS-AI-S---E---NS---Q---MEQ-E-P-KED---KYLRTYQI-ALL---NH-P---TH-PKT---NAEL-V---775
 ---D-QE-ADD-EN---A---LM-T-GPPKM---T-A-EV---P-EK-Q-LT-AI-S---QE-H-K---Q---MEN-E-P-IED-D---KYLRTYI-TLL---NH-SA-TH-PK---NADI-V---779
 ---D-QERAIN-EN---QA---L-M-GPP-M-L---T-A-EV---P-E---Q-MLS-NAIFISR---E-H-R---Q---MEN-P-VED---KYLRTYI-TLL---NH-SA-TH-PK---NADI-V---780
 ---EW-K-S-KC-EN---A-E-L-EEGPSKM---LEH-SET-HKI-EKV-QA-QG-QI---D---K---R---RI-ERVE-E-ED---G-KQLRDEYQ-TLI-Q-IQ-Q-P---TR-PT---A-M---779
 ---ISEW-K-G-KS-EN---A-E-L-EEGPSKM---LLEH-TET-H-I-EK-QA-QE-Q-N---D---R---R---RI-ERVE-E-ED---G-KQLRDE-Q-TLI-Q-I-Q-P---VH-PK---A-M-V---779
 ---T-KHRAIE-EE---QA-H-VL-KEGPPM-L---VM-L-S-EV-T-A-E-QE-L-AI-S---TE---K---Q---EN-E-P-VED---KYLRTYKI-ALL---NK-S---IH-PK---NAEL-M---785
 ---T-KYRAIE-EG---QA---VL-KEGPPM-L---VM-L-S-EV-T-P-E-QE-LG-A-S---TE---R---Q---MEN-E-P-VED---KYLRTYKI-ALL---NK-S---IH-PK---NAEL---778
 ---ATN-K---EE---A-IGVLM---PNK---AGT-TT-HQI-E-QAMQG-EI-T---TEI---K---QI---EQ-P-Q-E-D---KEIRDQYK-TM---INV-P---TH-PIR---A-L-T---801
 ---QS-KE-KE---QA-E-VL-R-KSR---VMKLSQR-TET-HPV-K---ECK-DQ-G---QE-H-K---KQK---GK-E-P-E-YS-F-N-AKDLK-HI-M-Q-N-N---T---IT---T---793
 ---QS-KE-KE---QA-E-VL-K-KSR---VMKLSQR-TET-HPV-K---ECK-DQ-G---QE-H-K---QI---EK-E-P-E-S-F-N-AKDLK-H-M-Q-N-N---T---IT---T---793
 ---I-QS-KE-IKE-Q---QA-E-VL---KST---VMKLSQR-TET-HPI-KN-KE-Q-DA-G---QE-Q-IK---TKQ-M-EK-E-P-VE-G-F-N-AKDLK-EYGI-M-Q-N-A-Q---IT---V-V---794
 ---I-QS-KE-KE---QA-E-VLM---NSK---VMKLSQR-TET-HPI-KD---CKO-DQ-G---QE-H-K---KQK-M-EK-E-P-VE-S-F-N-AKDLK-EK---M-Q-ND-AN-K---IT---V-V---793
 ---ASD-T-R-QY-EQ---QA-EGLLM---KDK---V---SY-LMTC-TNT-HPI-E-QEA---AI-VT---A---K---I---ER-P-Q-ED-R---MEYLROE-H-RQ---A-IQ-P---NR-PK---VDIYN---808
 ---I-D-K-TLKR-EN---A-E-VLM---P---LMMC-TS-HPV-E-MOKAME---I-IT---QE-Q-K---I---N-P---E---R---T-VEYIROE-H-RQ---A-EM-P---IR-PK---TDL-T---813
 ---WINSK-EEE-N-HEGS---QA-TGVL---KHGPKRM-L---L---TG-YDQLPSSRGE-QAGMA-AIHV-C---LI-QK---V---Q-MWI-K-E-A-EED-Q-F---VQYLKEQ-G-T---WER-SE-N-Q-V---L-Y-Y-L---752

Table with 2 columns: Accession ID and Sequence. Accession IDs include H1B.FR.83.HXB2, H1A1.UG.85.U455, H1C.ET.86.ETH2220, H1D.CD.84.84ZR085, H1F1.BE.93.V1850, H1G.SE.93.SE6165, H1H.CF.90.056, H1J.SE.93.SE7887, H1K.CM.96.MP535, H101.AE.TH.90.CM240, H102.AG.NG.x.IBNG, H1N.CM.95.YBF30, H1O.BE.87.ANT70, H1O.CM.91.MVP5180, CPZ.CD.90.ANT, CPZ.CM.98.CAM3, CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13, CPZ.CM.05.SIVcpzEK505, CPZ.CM.05.SIVcpzLB7, CPZ.CM.05.SIVcpzMB66, CPZ.CM.98.CAM5, CPZ.GA.88.GAB2, CPZ.GA.88.GAB1, CPZ.CM.05.SIVcpzMT145, CPZ.TZ.01.TAN1, CPZ.US.85.CPZUS, H2A.DE.x.BEN, H2A.SN.x.ST, H2B.GH.86.D205, H2B.CL.x.EHO, H2G.CL.x.ABT96, H2U.FR.96.12034, MAC.US.x.239, MAC.US.x.EMBL_3, SMM.SL.92.SL92B, STM.US.x.STM, MNE.US.x.MNE027, DRL.x.x.FAO, MND_1.GA.x.MNDGB1, MND_2.GA.x.M14, MND_2.x.x.5440, MND_2.CM.98.CM16, TAL.CM.00.266, TAL.CM.01.8023, TAN.UG.x.TAN1, VER.DE.x.AGM3, VER.KE.x.9063, VER.KE.x.AGM155, VER.KE.x.TYO1, GRV.ET.x.GRI_677, SAB.SN.x.SABIC, RCM.NG.x.NG411, RCM.GA.x.GAB1, SUN.GA.98.L14, MON.CM.99.L1, MON.NG.x.NG1, MUS_1.CM.01.CM1239, MUS_1.CM.01.1085, MUS_2.CM.01.CM2500, MUS_2.CM.01.CM1246, DEB.CM.99.CM40, DEB.CM.99.CM5, GSN.CM.99.CM166, GSN.CM.99.CM71, DEN.CD.x.CD1, LST.CD.88.447, LST.CD.88.485, LST.CD.88.524, LST.KE.x.lho7, SYK.KE.x.SYK173, SYK.KE.x.KE51, COL.CM.x.CGU1, WQLDCTHLEGGKVLVAVHVASGYIEAEVPAETGQETAYFLLLKLAGRPVKTI...HTDNGSNFTGATVRAACWVAGIKQEFIPYNPQSGVSVSMNKLKIKIGQVRDQAEHLKTAVMQAVFIHNRKFRKGGIGYSAGERIVDIIATDIQTKELQKQI...TKIQNFRVYYR

H1B.FR.83.HXB2
 H1A1.UG.85.U455
 H1C.ET.86.ETH2220
 H1D.CD.84.84ZR085
 H1F1.BE.93.VI850
 H1G.SE.93.SE6165
 H1H.CF.90.056
 H1J.SE.93.SE7887
 H1K.CM.96.MP535
 H101_AE.TH.90.CM240
 H102_AG.NG.x.IBNG
 H1N.CM.95.YBF30
 H1O.BE.87.ANT70
 H10.CM.91.MVP5180
 CPZ.CD.90.ANT
 CPZ.CM.98.CAM3
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
 CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
 CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
 CPZ.CM.98.CAM5
 CPZ.GA.88.GAB2
 CPZ.GA.88.GAB1
 CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
 CPZ.TZ.01.TAN1
 CPZ.US.85.CPZUS
 H2A.DE.x.BEN
 H2A.SN.x.ST
 H2B.GH.86.D205
 H2B.CL.x.EHO
 H2G.CL.x.ABT96
 H2U.FR.96.12034

MAC.US.x.239
 MAC.US.x.EMBL_3
 SMM.SL.92.SL92B
 STM.US.x.STM
 MNE.US.x.MNE027
 DRL.x.x.FAO
 MND_1.GA.x.MNDGB1
 MND_2.GA.x.M14
 MND_2.x.x.5440
 MND_2.CM.98.CM16
 TAL.CM.00.266
 TAL.CM.01.8023
 TAN.UG.x.TAN1
 VER.DE.x.AGM3
 VER.KE.x.9063
 VER.KE.x.AGM155
 VER.KE.x.TYO1
 GRV.ET.x.GRI_677
 SAB.SN.x.SAB1C
 RCM.NG.x.NG411
 RCM.GA.x.GAB1
 SUN.GA.98.L14
 MON.CM.99.L1
 MON.NG.x.NG1
 MUS_1.CM.01.CM1239
 MUS_1.CM.01.1085
 MUS_2.CM.01.CM2500
 MUS_2.CM.01.CM1246
 DEB.CM.99.CM40
 DEB.CM.99.CM5
 GSN.CM.99.CN166
 GSN.CM.99.CN71
 DEN.CD.x.CD1
 LST.CD.88.447
 LST.CD.88.485
 LST.CD.88.524
 LST.KE.x.lho7
 SYK.KE.x.SYK173
 SYK.KE.x.KE51
 COL.CM.x.CGU1

p31 Integrase end
 Pol end

DSRNPLWKGPALKLWKGEAVVIQDNS.DIKVVPRRKAKIIRDYQKMGAGDDCVASRQDED.....*
 --D-I-----M-G-----
 --D-I-----A-G-----
 --D-I-----
 --V-----E-I-----V-G-----
 --D-V-----N-E-----G-----
 --D-I-----E-E-----
 --D-I-----P-----E-----G-----
 --E-I-----E-----G-----
 --D-I-----G-----
 --D-I-----G-----
 --D-I-----G-----G-----NOEME.....
 --D-I-----Q-----KG-----E-----T-SM-G-T-SESVEQPSEIP.....
 --D-I-----Q-----KG-----T-SM-N-T-SESMEQPGEIP.....
 --D-V-----Q-----K-QE-E-----KE-R-KIEDR-DL-G-N-----
 --D-I-----R-----KERE.EV-I-----SM-GG-----SQGLE.....
 --D-I-----T-----QG-E-----
 --E-T-----G-----G-----SODME.....
 -R-D-I-----L-QE-E-----E-AN-L-D-----N-----
 --D-I-----L-QE-E-----NONME.....
 --D-I-----R-----KE-E.EV-----GSM-G-N-QNLE.....
 --D-I-----S-----G-----KH-V-----L-GG-----NQN.....
 --D-I-----T-----QG.EL-----N-----
 -KD-I-----QD-E-----A-S-----S-----
 -A-D-I-----R-----KEGE-----KE-----AGGMDD-N-T.....
 --D-I-----R-----KE-E.EV-----K-----A-SM-G-----S-----
 EG-DQ-----GE-----IVKVG.T-----GRQEL-SSPHLEGAREDDGEMACPCQVPEIX..
 EG-DQ-----D-----IVKVG.A-----II-----K-----GRQEM-SGSNLEGAREDDGVA..
 EG-DQ-----GE-----I-KVGT.E-----H-----GGKGL-CSADMEDTQROAREMAQSD..
 EG-DQ-----GD-----I-KVGT.E-----I-----N-----GGKEL-CSADVETMQAREVAQSN..
 EG-DQ-----GE-----I-KVGT.E-----K-----GGKEV-SSTNMDTROTGEVA..
 EG-DQ-----D-----L-KVGT-----I-----GGKEL-SSNLEGA-KVREMA.LPDQTPXV.X

p31 Integrase end
 Pol end

EG-DQ-----GE-----ILKVG.T-----K-----GGKEV-SSSHMEDTGEAREVA.....
 EG-DQ-----GE-----ILKVG.T-----K-----GGKEV-SSSHMEDTGEAREVA.....
 EG-DQ-----E-----KVGT.E-----K-----GRQEMGSSASMEDQ.....
 EG-DQ-----GE-----IVKVG.T-----K-----GGKEV-SGSHLEDTREAQVA.....
 EG-DQ-----GE-----ILKVG.T-----K-----GGKEV-SSSHMEDTGEAREVA.....
 EG-DQ-----E-V-----KEGT.-L-I-----K-----KNV-SHTNMES.....
 EG-DQ-----GI-----LKYQE.E-I-----C-----K-----ESGKNSQ-NLESV.....
 EG-EQ-----E-I-----KEGT.-L-----KTV-SNPHMEDRQETA.....
 EG-DQ-----E-I-----KEGV.-L-----KTV-SNPHMGR.....
 EG-DQ-----E-I-----KEGT.-L-----KTV-SDPNVEA.....
 KGA---Q---H-I-----LRTDEGEVIT-----KP-QALGNKIDLE-SKEQ-AEMGRDN..
 KGA---Q---H-V-----LRTDEGEVIT-----KP-QA-GNKTDLEGSKEQ-AEMGRDN..
 EG-E-V-----T-----KEGE.EL-----KE-ERKTVG-KTNMEG.....
 EG-D-V-----GQ-I-----KGGV.EL-EY-----K-EPRKRMG-ESNLEGAGGADN..
 EG-D-V-----Q-I-----KEGE.EL-I-----K-EPRKRMG-EGNMEGLRGPDNQMARNQSILDD..
 EG-D-V-----R-I-----LKEGE.EL-----K-EPRKTLG-ETHLEGAGGSDHQMAGDS..
 EG-D-V-----Q-I-----LK-G.-L-----K-EPKQRVNEGQVEGTRGSDN..
 EG-D-V-----R-I-----KEGE-----K-ERKTM-SEGSMEGVREANKQMEGDSLDLQDQE..
 EG-D-V-----I-----EQG.EL-TI-----K-----K-L-SQAPLEGNRGTAGEVD..
 EG-DQ-----I-E-----QE.-L-----C-----K-R-KEV-RETNMEGRQEEES.....
 EG-DQ-R-----I-----EETG-L-----KE-R-KDV-SEANLAGRQEEEN.....
 EG-D-Q-----QOGE.N-L-----LVK-----GESSVEM-G.....
 TGAD-Q-----R-----KTEEG-LT-----KP-T.TENVGGDTNQYNLRKQDGLAN..
 TGAD-S-----H-----L-KTDQGEVIT-----P-S.KEDVGSKP-AHQIREVDGMAD..
 TGSD-S-----A-----VKTEQGGVIT-----KP-A.KENVGSKSNTG-HRKEGDLDN..
 TGSD-S-----V-----R-----KTD-GEVIT-----KP-A.KEDVGSKSDTG-LRKEGRLDN..
 RGA-S-Q---Q-----I-----KTDQGE-IT-----K-T.KENV-SDPNPVYDRKEDGLAD..
 RGA-Y-LR-R-----L-KTKEGE-VT-----K-T.RQNV-SEPDVSHVRKEDGLAD..
 EGAD-T-----T-----CKTEVG-----V-KE-----K.D.M-SKVNT-NSNE.....
 EGAD-T-----T-----CKTEVG-----V-K-----K.G.V-SKTD-T-NPSE.....
 QGA---Q---V-----V-TQAGE-IT-----KP-EAKTE-VGG-THTNN.....
 QGA-H-Q---V-----V-TQAGE-IT-----KP-EAK-E-VGS-AHTSN-REEGRMAD..
 EGA-Q-Q---E-----KTQAG-FP-----KP-NAESRKGQONKGMDS-TDI.....
 QG-D-Q-----Q-----VKEGD.T-FS-----LVK-----E.GPK-SEGGLHNN.....
 QG-D-Q-----QI-----VKEGD.T-FS-----LVK-----E.GPK-SEG-LDNN.....
 QG-D-Q-R-----Q-----VKEGE.N-FSI-----LVK-----E.GPK-SQS-MDNO.....
 QG-D-Q-----Q-----VKEGE.N-FS-----LVK-----E.GPK-SES-LDNN.....
 QGK.NE---R-----V-TEEG-FA-----T-H-E.....RM-SGSHVENDPKTD.....
 HGT.SD-Q---S-----TPDQQVIA-----SSD-E.....RV-SGTHLEITSKSN.....
 EHT.GE-Q---GE-V-----RNSQGTLF-K---V---T-LQYGEDV-SENLL-NGQKAEYKGM.D.....

1002
 1002
 1010
 1004
 1004
 1000
 1002
 1001
 1003
 1008
 1003
 1014
 1009
 1009
 1003
 1015
 1002
 1013
 1006
 1010
 1008
 1007
 1001
 1002
 999
 1005
 1040
 1032
 1036
 1035
 1015
 1036

1019
 1013
 1005
 1015
 1015
 1012
 1009
 1016
 1011
 1011
 1019
 1020
 1019
 1022
 1033
 1031
 1024
 1040
 1039
 1022
 1018
 1016
 1017
 1020
 1011
 1011
 1013
 1016
 1007
 1007
 1015
 1016
 1031
 1019
 1019
 1020
 1019
 1040
 1040
 990

Table with columns for sequence identifiers (e.g., H1B.FR.83.HXB2), sequence alignments (e.g., MEN.....RWQVMIVWQVDRMR), and accession numbers (e.g., 104). Includes a 'Vif start' marker.

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239), sequence alignments (e.g., --EEK.....IAVPT-RIPER), and accession numbers (e.g., 106). Includes a 'Vif start' marker.

Vif end

QLIHLHYDFCFSDSA.IRKALLGHVSPRCEYQAGHN.....KVGSLQYLALAAI.I.....TPKKIKPPLPSVTKLTEDRWNKPKQTKGHRGSHTMNGH.* 192
 H--H-----E--R-I-Q-R-----K--V-----TRA-----K-----R-----R-L-R----- 193
 H--MH---AE---I-YR---D-----T-----K--A-----S-V-K-----R-R-N----- 193
 ---M-----A-----I-----T-----A--R-----K-----RQ---R----- 193
 ---I-----E-----I--RI---N-----T-----A-E-T-----Q-V-----E-R----- 193
 H--H-----I-Q-----Q-----KV-V-----S-RSR-----E-A-----R-ENP----- 193
 ---MH---E---I-RV-R--N-P--K-----Q-T-----T-V-----A-----R-V-----R----- 193
 ---MC-----I-Q-----D-----T-----R-RR-----Q-V-----T-E----- 193
 ---I-----E--V--I--R-----C-----T--V-----A-RRP--V--K--V-----R---Q----- 193
 K---Q-G---I-QV-RR--PS-----K--T-----R-R-----E-I-----RGHREN.P----- 191
 H102_AG.NG.x.IBNG-----I-E-R-----N-V-----A-T-T-----R-A-----KE--R-----RP----- 193
 HIN.CM.95.YBF30 K---H---TA---Q-V-RP-L---P--K-----Q-T-----T-WV-----GA--R-----EH--MQ---NPI----- 193
 H10.BE.87.ANT70 RM--H-T-TA--V--I-QR-LTK--PT-S-----Q-T-L--R-VV-----KARSR-----Q-----HLRTRDQLK-PS----- 193
 H10.CM.91.MVP5180 RM--H-T-TE---I-QR-LTK--L--S-----Q-T-F--K-VV-----KV-RN-----QR-----W-IRDQL--S----- 193
 CPZ.CM.05.SIVcpzEK505 K-----TA---Q-V-RP-I-K--P--K-----Q-----I-WV-----GVQ-RR-----RH--I-D-----T-L----- 193
 CPZ.CM.05.SIVcpzLB7 HM---N-AE---I-RV---FP--K-----T--IS--L-----QROPTR--S--A-----S-----I-S----- 193
 CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13 CPZ.CM.01.SIVcpzMB66 K--SQ---A---R-I---E--A-RE-R-----Q-T-F--K-V-----KE-RLR--A-----T-R---PEN--S----- 194
 CPZ.CM.05.SIVcpzMT145 ---AE---I-Q-----PT-----ST-----KS-PRR--R--A-----NS--RD-K-N-I----- 193
 R---H---TAT--N-I-EKA-L-K--FPE-S-----W-KQ-V-----KT-NR-----A-A-----R-RD-QE-PMSS-C----- 193
 CPZ.CD.90.ANT M--Q---P---Q-V-Q-I-ERILTY-H-KK-S-----Q-T-----FCKILEFR-----GY--GPRRQF--LSI-----RRMR--ENO*-S-C----- 197
 CPZ.CM.98.CAM3 K---Q---AA---V-KQ-Y-K--P--Q-----Q-----R-WV-----RVG-K-----RH--IRV-QE----- 193
 CPZ.CM.98.CAM5 R---H---AA---V-KQ-Y-K--PT-Q-----QX-----R-WV-----GVQ-KT-----IX-A-----Y--R--QEN---X----- 193
 CPZ.GA.88.GAB1 R---SQ---AET--R-I-QL-A---KE-R-----Q-----F--K-----SERRRH--A-----H-R--V-QENL-R----- 194
 CPZ.GA.88.GAB2 R---C---AA--V-R-I-E--TKV--FPR-P-----Q-Q-----IVQVV-----KT--K-----I-A-----RDQENL--S----- 193
 CPZ.TZ.01.TAN1 ---TR-T-AAG-V-Q-I-ERILTF-HF-S-R-----Q-T-F--FRKVESQ-----DKQ--GPRR-----HRT-T-R-EN--LS-C----- 194
 CPZ.US.85.CPZUS K-----TA---V-RP-I-K--PT-----F--K--V-----GQS-RR-----C-----QPEN--S----- 199
 H2A.DE.x.BEN I--ST-S--TAGE.V-R-IR-EKLLSC-N-PQA-KA-----Q-P-----VVVQQ-----NDRPQKGTARKQWRDHWRLVAREDRSLKQGGSE-SA-RAHFPVAVKLEILA..... 216
 H2B.GH.86.D205 --L-GS--S--ANE.V-R-IR-EKILSY-N-PSA-EG-----Q-P--F--RVQEQK-----NG.SOGESATRKQRRNRSSRIRLARKNNRRAQOQGSQ-FA-RTYFPLAEVLGLIA..... 217
 H2G.CL.x.ABT96 --L-GS--S--TAGE.V-R-IR-EQILSC-N-PTA-KR-----Q-P--F--QVQKG-----HG.SKGESXTRKQRRGDRNRGIRMARKNSXRDOQSSQSFTQAGYFPLAKVLGLIA..... 216
 H2U.FR.96.12034 --L-GS--S--TAGE.V-R-IR-EQLLSC-NFPSA-RQ-----Q-P--F--R-Q-----DGRSKRENPTRKFRRRNCRRGFLQARKNCERYQOQSSATSQSGTYFPLAKVLGLIA..... 215

Vif end

MAC.US.x.239 I-L-ST-P--TAGE.V-R-IR-EQLLSC-RFPRA-KY.....Q-P-----KVVS-----DVRSQGENPTWKQWRDRNRRLRMAKQNSRQDKQRGG--TKGANFPFLAKVLGLIA..... 215
 STM.US.x.STM T-L-GT-P---EGE.V-R-IR-EKLLSC-KFPKA-KN.....Q-P-----TVVS-----HYRSQREDPTWKQWRDRNRIRMAKQNSRRNKQGSSESLAEGANFPFLAKVLGLIA..... 215
 MNE.US.x.MNE027 --L-GT-P--TAGE.V-R-IR-EKLLSC-RFTKA-KN.....Q-P-----KVVE-----HYRSORENTARKQWRDRNRGSRIVATONGRHH-KGS--STEGTDFPLAKVLGLIA..... 215
 DRL.x.x.FAO I-L-ST-P--TAGE.V-R-IR-EQLLSC-RFRA-KN.....Q-P-----RVVS-----HYRSORENTWKQWRDRNRRLRMAKQNSRQDKQRGS--TKGADFPFLAKVLGLIA..... 215
 MND_1.GA.x.MNDGB1 RI--E-P--T-Q---GV--YRIQA--YFPR--KG-----Q-----Q-H-KYLKH-----GRKTVSGESSGANGSRRGRVRRMATEESLKNQ--GGSITLP-R-PLPSLEHLHGALP..... 218
 MND_2.x.x.5440 H---HFY--M---VM-IR-EE-LKV-RFP--RQ-----G-L---F-C-RVIVGPEER-----VATQSSSTADLQTHSNTKASAKAHERSSRRNAYTLHKRGHWSLESLECRIASRP..... 173
 MND_2.GA.x.M14 RI--GE--P--T-Q---F-ERLVA--YFPW--KG-----Q-T-F--Q-YLRGRKH-----GREGTRGARRSRRTGTAMAGNVTGENQ--GGVPTLP-R-PFPLEHMCRTLA..... 214
 MND_2.CM.98.CM16 RM--WE--P--TAA--V--V-Y-ERIVA--YSPW--KG-----Q-T-L--R-Y-KFCRN-----GRKSTRTGGRRSGTRTVAGKIIGTSEQRGSITLP-R-PFPLEHLCRTLA..... 213
 TAL.CM.01.8023 RM--WK-LP--TEQ---Q---KRLTV--YFHW--KG-----Q-----LSYTAICNN-----GRRGPRDRRNRSGSKYLVGKISGENOQSGKITLP-R-PFPLE-MHRTLA..... 213
 TAL.CM.00.266 H---TK-P--TA---V-Q-IR-EVLLAV-VRHGRD-----SPP--F--KVAVRHGK-----VATQSSANNIKAHTNTKSSIRKTHERSKGRDAHTLHKRGHWSLESLECRVTSRA..... 228
 TAN.UG.x.TAN1 H---TK-P--TA---V-Q-IR-EVLLAV-GVRHGRD-----TPP--F--T-AVRYGK-----VATQSSSTADLQTHSNTKASAKAHERSSRRNAYTLHKRGHWSLESLECRIASRP..... 228
 VER.DE.x.AGM3 HM--CH-P--T-R---QQ-IR-ESFLW--T-KE--VAENH--WGQ-R--F--TVYTFDLR-----NGRRKRFQGGKTRMVRNLGSGQGVGRMIKRHGSRTQSGSTT-FWERTPLPMELLSGRRKQEWGNDTRDKGL..... 239
 VER.KE.x.9063 S---TH-T--TER-----QRFTF--QFPE--KKT-----GO-P-----L-HQNGLRQ-----RSQRKGTGTRNMGFEOGAVGRMAKRHARRYQSGSQDAFWARAPVPSMELLSGGRKES-SHARKL..... 233
 VER.KE.x.AGM155 GM--H--S--TER--Q---IR-ERFVF--QFPE--KTT-----G-P-----L-HQNGIRE-----RSQRQARRSRDLGSKQRTMGRMAKHVRRSOSGQITFWQRAPLPSLELLSGGRRET-SPNDGGL..... 232
 VER.KE.x.TYO1 SM--CH-T--T-R---QQ-R-NRFIF--QFPG--KLT-----GO-P-----L-HQNGLRK-----RSQRGETRTRNLGSGQGVGRMAQRYGRNRQORSQAFW-RTPIPSMELLSGGRGET-KTH-GGKI..... 233
 GRV.ET.x.GRL.677 SI--GH--N--KER--QQ-R-RFVF--QFPE--KST-----GO-P-----L-HQNGLRE-----RSRKGTRRNRNLGSKQGVAVGMQAKRYVTRSQ-GGEAAFWERTPVPSMELLSGRRKTYSHDQKGLQIL..... 236
 SAB.SN.x.SAB1C RM---N--T-R---QQ-IR-EKYTW--TFKE--KG-----Q-Q---L--V-YT-----NGIRKRSKRTFRMAGNLGSRQGMATRHAAQSKRRSQ-ALLWNEHANPSMELLCRGG-ET..... 220
 RCM.NG.x.NG411 HI--WS--P--T-R---VQQ-IR-EKYLW--KH-V--OPT-----GO-P-----RVYTNGLRRVAPTSRRGSSQGSQPSQESQRDRTRMARNMGFAQRAVRMRPHVHTQPQFRGVP-LPKESPFPPLVEYCGRTSH..... 235
 RCM.GA.x.GAB1 K-V-NQ--P--T-K---Q-I--EQ-LL--GFEX--RD-----Q-----IK-WARQQLK-----DGRGQRKSARGPHWGWRVCPCLASQANMRSQLRSQVALSSR-HFPSVAYLCGTLA..... 223
 SUN.GA.x.L14 S---KT--P--T-R---Q5---EK-LV--AF-G--RD-----Q-T-F--IQ-WAK-----SQLDRYGRKSPRGPHWGWRSRVPALATG..... 217
 MON.CM.99.L1 -M-FK---WTSRC--R-M-EKILHE-RN-VA-K-----GL-L---F-C-RV--HG-----QGERASRTATRRRATERAICTMAGRYHGRNRGSRG-AFPS-NSCPSLAICGLYVRVKG-VYESNHFAQ..... 242
 MON.NG.x.NG1 -IV-TH-A--QQLD.V-R-IR-EKLLG-QHL-V-Y-----T-PLT-EKL-FL-ALVR-----YGATPTKSSAPKLDLPGDSHRKTGPTGRHLGAKRRSP-TL-KGRAPWHLGTG-GAAC..... 256
 MUS_1.CM.01.1085 -I--TR--S--QA-D.V-R-IR-EAXLGN-HHIQT--YMKVG-----TPPT-EK--FL-CFK-----YGKCTTEPSTLDLPRGSHRRARSAGRHMGPKRGGXPAL-KGRAPWHLGSGH..... 258
 MUS_2.CM.01.CM1239 RI--TQ--S--YSQD--PRVIR-QHTLGD--HPDA-T.KVG-----PPP--V--L--KK-----HGKLAQPXPORPTPEWSPQPCARHKKPCGK..... 218
 MUS_2.CM.01.CM2500 KI--THH--S--YSQD--PRVIR-QPPLGD--HPGA-T.KVG-----PPPT--V--L--TK-----HGKSTTQPQTSMALQSGPNYHAAGPTGHVGPKRGRG-TL-FQRRAPWNLE..... 236
 MUS_2.CM.01.CM1246 I--T-H-S--QEOD--IR--R-ERILG-OH-TA-LPKVG-----TTP--EK--FF-Y-K-----QDGDATPSKSPMAKPPGNTNHGAGTKRHVGS-RRGRKALLQGRAPW-LGPSHGAPSRP..... 248
 DEN.CD.x.CD1 -E--TH--S--QQRD--QR-IR-EQLLRK--HIKT--YPKVG-----T-PL--EK--FF-Y-K-----HTNGASAKSPSLMAKSSNANNYSGSASRPVGT-RRGRKTLRQOAPWNLG..... 239
 DEB.CM.99.CM40 IT--KDH--S--TRO-V-Q-R-EV-LST-ARKKA-YHPRTPGREGPP---IV-Q-A-R-----YKVTITITPTSI5FKNRHNSKAATGSSMGYHRGGKTLQQRDHMMMSQLLVIT-APT-DRRTSHGSRHRF-KNHAER-MEAL..... 259
 DEB.CM.99.CM5 H---R--P---QQ-V-Q-IR-E-LLQQ-QOYHRGPEGK-----GPP---I--RVAVK-----HGKVTPLTPITFHLKNTHDKARVAAGHARSKRGS-FTHQRR-INSLESCLTRTRPRLD-RTS-GCIGH..... 231
 GSN.CM.99.CN16 H---R--P---QQ---VTQ--K-EKLLQ-QOYHRGPEGK-----GPP---I--RTAVK-----YGVKSTLPTTPTFHLKNSTNDKASTTSHAGSKRGS-F-TLHKRRVWGSLESLECR-SCPTRLDRRTS-G-VSN..... 231
 GSN.CM.99.CN71 -I--GK--P--QNEQ--R-IR-EQILGN--HPEA-L-----Q--TP-T-EQL--FFAVVKH-----YGNKNTQSSYALAQPKGAHNHGYSRKRVSVGNKRGGRETL-KGRAPWNLA..... 238
 SYK.KE.x.SYK173 -I--TR--P--QNEQ.V-R-IR-EQLLGY-DHPEA-P-----Q--TPHT-ERL--FFAVVRY-----YGNKNTQSSYALAQPKGAHNHGYSRKRVSVGNKRGGRETL-KGRAPWNLA..... 238
 LST.CD.88.447 A-V-SQ--P---R--VQO-R-EKLTSH-WNF--KE-----Q-L-----QKYLK-----DGGGFLQSLPACARNITMVLH5KCKCRVDPKRDQ-CHKXRGSDRS-QAFYS-RNIWSLESIL-RRGD..... 222
 LST.CD.88.485 -M--CK--N---TRD-----W-EKIMAF-AMPT--KG-----C-L-----F-C-RQ-QHVON-----KAAKESRKTSGRLWATKMGAMSMASRHGGNKRGGGT-FPRNFGPSLRILCQQYVVR-GSLHEIHYHSK..... 234
 LST.CD.88.524 -M--CK--N---TRD-----W-EKIMAF-AMPT--KG-----C-L-----F-C-RQ-QHVON-----KAAKESRKTSGRLWATKMGAMSMASRHGGNKRGGGT-FPR-HPGPSLGLICQQYVVR-GSLHEIHYHSK..... 228
 LST.CD.88.524 -ML-VK---WVHRD--VR-IR-EKILHS-KMPT--KG-----C-L-----C-RQ-QHVOT-----KTAAPQPKAPRGLWSSKRAMGSMASRHGGNKRGGGT-FPR-NFGPSLGLICQQYVVRGGLHEIHYHSK..... 227
 COL.CM.x.CGU1 -M--YK--N---IQRD--R---ERITMC-Q-PL--KG-----C-L-----FIC-RQ-QHVOA-----EAAKSRRETRGLWTTKMGAMSVSRHHGGNKRGGGT-FPR-NVGPSLAILCQQYVVRGGLHEIHYHPSQ..... 227
 GYM-IIRGK-VRIEEEA---IR-LPWN--DF-V--L-----G-LK--E-C-L--RE-----ERTHQMR-L-G-SHGCRTR..... 172

	Vpx start	Vpx end	
MAC.US.x.239	MSPRPRERIPPGNSGEETIGE..AFEWLNRTVEEINREAVNHL.PRELIFQVQWRSWEYWHDEQGMSPSYVKYRYLCLIQKALFMHCKKGCRCGLG...EG.HGAGGW.RPGPPPPPPPLA*		112
H2A.GW.x.ALID-----AL-----R-----Q--T-----M---MYT-FM--T-----G-...P---S-----V-		113
H2A.DE.x.BEN	-T---V-----E-I-AL-----R-----A--T-----M---I-T-F-R--T-W...D.M-RE-LEDQ-----V-		114
H2A.SN.x.ST	-AG--T-----D-----A-----R-----I--T-----M---M-I-S-R--T-----G-...P---S-----V-		113
H2B.GH.86.D205V---D---V---A-E-IT-L-V-----A-RE---I--T-----L-M--M-V-YT-----Q...P---S-----		112
H2B.CL.x.EHOV---V---ET-L-HL-V-----K-A-RE---I--T-----M---M-I-FA--G--R...P---S-----X		112
H2G.CL.x.ABT96X-E-D-----E-XT---I-----R-----A--T-----L-M--M-V-----T-Q...K...P---Q-----		112
H2U.FR.96.12034	-G-----E---V---S-E-RD--A-Q-----Q--R-----E--T-----Q-----P---S-----IX		113
MAC.US.x.251_1A11Q-----M-----		113
MAC.US.x.251_BK28E...G-A-----M---E--T-----T-----		113
SMM.US.x.S1VsmH635FCE...G-A-----M---E--T-----T-----		113
SMM.US.x.S1VsmH635SB10E...G-A-----M---E--T-----T-----		113
SMM.US.x.S1VsmH635F_L3E...G-A-----M---E--T-----T-----		113
SMM.US.x.H9	-XX---X-----XX---X-D-H-X-A---X-----R-X-----M---V--T-X-----GE-----		113
SMM.SL.92.SL92B	-T-----HN---AL-QT-Q-----R-C---V---Y---A---VQ-M--M-Q-FR--T-R...SQ---T-----X		113
SMM.US.x.PGM53A-E...H--D-----R-----R--M---E--T-----V--R-----E...S-----		113
STM.US.x.STMA-E...H--D-----R-----PG-----S-R-----		113
MNE.US.x.MNE027A-E...G-ERVPE.APTGA-DVEFAP--H-MLT-V-L--RL-FH...F--RL-RTCV-H---RL-R-LE-AG---L-M-----I--QS--SQR.....Q-QAREA-ERIQIL--M--		109
RCM.NG.x.NG411	-AE...RAPE.VPTGA--AEFQP--RDML-KV-L--RL-FH...F--RL-RTCV-H---VHOR-LE-AA---L-M-----I--QT--SQR.....PNPRAV-ERITIL--M--		105
RCM.GA.x.GAB1	-AERQSVVERAPA.EPMGA--VELE--Q-SLLR--Q--RL-FH...FL-RL-NTCM-HY--ALQL-FT-S---L-L--M--FQQ--S--QGRHPPPLRPA-D.-L-----		114
DRL.x.x.FAO	-AE...RAPE.AP-GA--VGLEQ--ETSL-R---RL-FH...FL-RL-NTCV-H---RHQR-LD-A---L-MH--MYT-MQQ--P-RN...RP.....M--		100
MND_2.x.x.5440	-AE...RAPE.APOGA--VGLEQ--E-SL-QV---QL-FH...FL-RL-NTCV-H---RLRRTLN-A---L-M--M-V-MQQ--P-RS...S.....		100
MND_2.GA.x.M14	-AE...GAPE.IP-GA--VDLNT--E-SL-K-Q--RL-FH...FL-RL-NACI-H---RHQR-L-A---L-MN--M-T-MQOE-P-RS...P.....MV-		100
MND_2.CM.98.CM16			

Vpr start	oligomerization	amphipathic α -helix	Vpr end in HXB2 frameshift in HXB2 H(S/N)RIG motifs	Vpr end
H1B.FR.83.HXB2	MEQA	PEDGGQREPHNEWTELEELKNEAVRHFPRRILWHLGLQHQHYETGYD	TWAGVEAIRILQQLLFTHXFRIGCRHSRIGVTR	QRRARNGASRS
H1A1.UG.85.U455		YA *A H-D		IIP G-G
H1C.ET.86.ETH2220		Y A Q P N Y	S L T M	Q IL
H1D.CD.84.84ZR085		A Y S		I P S
H1F1.BE.93.VI850		G Y A I		P N
H1G.SE.93.SE6165		Y A E		I P R V D PG
H1H.CF.90.056		Y A I		V Q N
H1J.SE.93.SE7887		H YH		P S Y S
H1K.CM.96.MP535		N I R		P N T
H1O1.AE.TH.90.CM240		E Y		P Q Y NN
H1O2.AG.NG.x.IBNG		A S H		P Q Y NN
H1N.CM.95.YBF30		N A Y A		E N
H1O.BE.87.ANT70		N AK F A A		P A Y
H1O.CM.91.MVP5180		L N A F		P QAC Y
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505		Y A A D		L P YF N
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7		V Y A V		P Q Y D
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13		P Y A I D		K Y S Q
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66		L Y I R		D Q T
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145		S YEQ L DT		I Q P A E
CPZ.CD.90.ANT		Q E M L T I		QPT QH NWV AN
CPZ.CM.98.CAM3		P Y A A		A F D
CPZ.CM.98.CAM5		I P Y X I		T L P R Y
CPZ.GA.88.GAB1		P YQ A T		P Q F D
CPZ.GA.88.GAB2		AG Y A I D		P Q L NN
CPZ.TZ.01.TANI		N N Y T L DI		I Q K PT Q V NWVFTI
CPZ.US.85.CPZUS		V A Y A DV		E L P Q Y S
H2A.GW.x.ALI		TE PTEFP AGM HOGARD		VI V R I E L DPRM IA GY TRH
H2B.CL.x.EHO		AE VPEIP KN		WEQ VVDV I Q LK DPRL TA NF NRH N
H2G.CL.x.ABT96		AEEIP EA		WD VV V I E LK DPRL TA NY DRH
H2U.FR.96.12034		AEEP GA		GD VR I E DPRL TA NY NRH
MAC.US.x.239		EERP NE		WD VV V E LK DPRL TA N NRH
SMM.US.x.PGM53		TER P EA		WD VVKV V E LK DPRL TA NY DRH
STM.US.x.STM		THR P E		WD VV V I Q L DPRL SA NY DRH
MNE.US.x.MNE027		ER P E		WD VV V E LK DPRL TA NY DRH
DRL.x.x.FAO		R P E		P YD LVDT V IQE LK D RL NW SV R
MND_1.GA.x.MNDGB1		G KR DEQVS		P Y Q LADTM I E RK L I NAVSEYCVNT Q S
MND_2.x.x.5440		P EA		G Y K LVGT A IQE LK D RL AV SW V
MND_2.GA.x.M14		P EA		Y LIDT A IQE LK D RL AV SW
MND_2.CM.98.CM16		P EA		Y LIDT A VQE LK D RL AV SW K
TAL.CM.01.8023		RL PPSHPLPITSRLIPTPRQALER MR VRD MLI		T DEVI VNN CV LPAEPD WTGEQAWA S IDFA KGNEM L QO F EQRR AHYPNIRPLSGRR NTMQ
TAL.CM.00.266		RL PPSHPLPITSRLIPTPRQALER MR VRD MLI		T DEVI VNN CV LPA PD WTGEQAWA S IDFA KGN M LL QO Y EQRR PHYNIRPLSGR ERTMQ
TAN.UG.x.TAN1		AAGR DSRRRPGWL IWDLS		WD L RDMVA NQ Q G EL FOVMNFCO EGER NGAPMIERAYRY LV KA V C RRPFPPEYEERRNGGGGRDREPPPGA
VER.DE.x.AGM3		ASGR DPREARPGEL IWDLS		WD L RDM DINQ KM G EL FOVMNYCO EGER NRTPMLEAYRYLV KA V C RRPFPPEYEERRDGGGGRGRVPPGLD
VER.KE.x.9063		ASGR GPRENRPGEV IWDLN		WD L RDM D NQ KL G EL FOVMNYCO EGER RGAPMIERAYRY LV KA V C RRPFPPEYEERRDGGGGRANRAPPGLD
VER.KE.x.AGM155		ASGR DPREERPGEL IWDLS		WD L RDMV IN KL G EL YOVMNYCO EGER QGRPIAERAYRY LV KA V C RRPFPPEYEERRNGGGGRGRVPPGLD
VER.KE.x.TYO1		ASGR DPREARPGEV IWDLS		WD L RDM QD NQ RL G EL FOVMNYCO EGER HGTPMIEAYRY LV KA V C RRPFPPEYEERRDGGGGRANRVPGLD
GRV.ET.x.GRL 677		ASGR DPREPLPGWL IWDLD		WD L QDM RD NE R GMM IRVNNYCV EGRH HTNPNWIEGYKY V V KSM V C RRGFPSPYEERRNGGGG APPPPGLA
SAB.SN.x.SAB1C		ASGGWLPVGGDPPKPPNPREIEPGWL TWDLP		FD L RDM QD NS QC NL FR WNV V EPAI DHGQTRLEGW KYCY KA V MKGR CKPKTHPAYGAGG PPGGLGASGGAASAPGL
RCM.NG.x.NG411		M L EE		YD LMDT I IQE KK TPEL TQE NY OH SLE K M TL NKA L H EG GA GG NPLRSILH NIL
RCM.GA.x.GAB1		L L		EE YD LMDT I QE KK TPEL TQI DYV OH SIE Q M L RA L N AG TS G SNPLRSIPOT NIM
SUN.GA.98.L14		AS RREPVEQP		E P FAQ LADTM IRD E AAIVA QVLQYCA DSTGSEKGC MRA TL NRA LPM PSYIRIRSGSG NWNPRPPTPRPGQDIRRGLQD
MON.CM.99.L1		V PPSHPLPITSRLIPTPRQALER MR VRD MLI		XVPIERAAQAIAWD NE LX SKEE R IWDQVT LPA PA WNADOAWA CAIDYT RV TXI R M D Y RHAR X RYPXLRPLRGTAPGTTSSVPHADPERLPHSRYHDE
MON.NG.x.NG1		SL PPSHPAPWHSRVVPTTMRQAQ AMW VNE		EK S EE R IWEQVT LPA PA WNADOAWA CAIDYT RV TXI R M D Y RHAR X RYPXLRPLRGTAPGTTSSVPHADPERLPHSRYHDE
MUS_1.CM.01.1085		RV PPSHR PWHSRVVPTTMRQAQ AMW VNE		EK S EE R IWEQVT LPA PA WNADOAWA CAIDYT RV TXI R M D Y RHAR X RYPXLRPLRGTAPGTTSSVPHADPERLPHSRYHDE
MUS_1.CM.01.CM1239		HW PPSHPLPWSLR VPTTMRQAQ AMW VNE		EK S DE R IWDVLT LPA PN WTVDQAAI CAIDY RT T R Y E Y RYNTI RYPNIRPLRGTQ PP NSMPNADPTPLSRYSYRME
MUS_2.CM.01.CM2500		H PPSHPLPWSLR VPTTMRQAQ AMW VNE		EK S DE R IWDVLT LPA PN WTVDQAAI CAIDY RW G R Y E Y RYNTI RYPNIRPLRGTQ PP NSMPNADPTPLSRYSYRME
MUS_2.CM.01.CM1246		SRQR PPSHPLPWSLR VPTTMRQAQ AMW VNE		EK S DK R IWDVLT LPA PN WTVDQAAI CAIDY KSV T R Y D Y YAOIT RYPNIRPLRGTQ PP NSMPNADPTPLSRYSYRME
DEB.CM.99.CM40		RYPSPHP HFTSRTIPMTRLGLQAQMD		NE LK T EE F VNN CVDLPAQPD WTGEQAWA S IDY K V KM WL L EA F RAREA RYPNIRPLTG RNVREVRDGE
DEB.CM.99.CM5		RYPSPHP HFTSRTIPMTRLGLQAQMD		NE LK T EE F VNN CVDLPAQPD WTGEQAWA S IDY K V KM WL L EA F RAREA RYPNIRPLTG RNVREVRDGE
GSN.CM.99.CM166		R R IPSHPMPLWSRVPTTMAIAQNA W INE		EK S DE R IWDVLT LPA PD WTVDQAAI CAIDY RV T R R Y E Y RYNTI RYPNIRPLRGTQ PP NSMPNADPTPLSRYSYRME
GSN.CM.99.CM71		R R IPSHPMPLWSRVPTTMAIAQNA W INE		EK S DE R IWDVLT LPA PD WTVDQAAI CAIDY RV T R R Y E Y RYNTI RYPNIRPLRGTQ PP NSMPNADPTPLSRYSYRME
DEN.CD.x.CD1		R R IPSHPMPLWSRVPTTMAIAQNA W INE		EK S DE R IWDVLT LPA PD WTVDQAAI CAIDY RV T R R Y E Y RYNTI RYPNIRPLRGTQ PP NSMPNADPTPLSRYSYRME
LST.CD.88.447		SRTR QORSPEKP		F P WGO LADTM I E R ETI AQVSEYCV SSTGSEK C MKF T VNRA LPT PSYAAARAGTAHTEAAP PTKRDIQGRY
LST.CD.88.485		SR SR QORSPERP		F P WGO LADTM I E R ETI AQVSEYCV SSTGSEK C MKF T VNRA LPT PSYAAARAGTAHTEAAP PTKRDIQGRY
LST.CD.88.524		SRQR QORSPERP		F P WGO LADTM I E R ETI AQVSEYCV SSTGSEK C MKF T VNRA LPT PSYAAARAGTAHTEAAP PTGRDIQRGHY
LST.KE.x.lho7		SRQR QORSPERP		F P WGO LADTM I E R EVM AQVQ YCV SSTGSEK C MKF T VNRA LPT PSYAAARAGTAHTEAAP PNEGDIQRGSD
SYK.KE.x.SYK173		AE FFPNSQH		VQGTWPFIPRNVLTLP NVZINVTYKA LVLT SK TPQEIY VMQSLNEEAG TDSPTMAWERTMLDMV A NLM E AA PORTYARHRYPHPS
SYK.KE.x.KE51		A FFRVYQR		QPEPLFYIPRNVND AGVISATAKA QVAQ C TAEIF VMQQL YEAG PEETPTMAWIRCLMDH A NFM E AA PORTYARHRYPHPS
COL.CM.x.CGU1		RXPREDFT		LQDQV NITR R LTHSIVIMGCTRR HW GRPW T L YV MECA YL VHA QCRFP STQNP

Table with columns: Tat start, disulfide bonding, NLS, exon 1 end, exon 2 start, Tat end. Rows include sequences for HIV-1 proteins like MEVPDP, H1B.FR.83.HXB2, H1A1.UG.85.U455, etc.

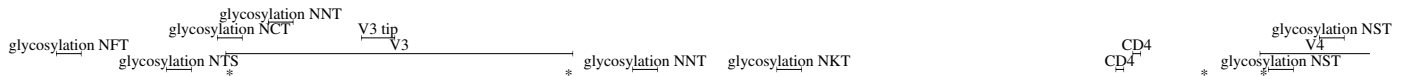
Table with columns: Tat start, exon 1 end, exon 2 start, Tat end. Rows include sequences for HIV-1 proteins like MAC.US.x.239, SMM.US.x.PGM53, STM.US.x.STM, etc.

H1B.FR.83.HXB2*	100
H1A1.UG.85.U455	102
H1C.ET.86.ETH2220	102
H1D.CD.84.84ZR085	103
H1F1.BE.93.VI850	102
H1G.SE.93.SE6165	102
H1H.CF.90.056	101
H1J.SE.93.SE7887	102
H1K.CM.96.MP535	102
H101_AE.TH.90.CM240	102
H102_AG.NG.x.IBNG	102
H1N.CM.95.YBF30	102
H1O.BE.87.ANT70	115
H1O.CM.91.MVP5180	116
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	94
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	100
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	100
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	102
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	102
CPZ.CD.90.ANT	114
CPZ.CM.98.CAM3	103
CPZ.CM.98.CAM5	108
CPZ.GA.88.GAB1	101
CPZ.GA.88.GAB2	100
CPZ.TZ.01.TAN1	SSGX.....	119
CPZ.US.85.CPZUS	103
H2A.GW.x.ALI	137
H2B.CL.x.EHO	139
H2G.CL.x.ABT96	129
H2U.FR.96.12034	128
MAC.US.x.239	131
SMM.US.x.PGM53	131
STM.US.x.STM	129
MNE.US.x.MNE027	131
DRL.x.x.FAO	Q.....	125
MND_1.GA.x.MNDGB1	116
MND_2.x.x.5440	100
MND_2.GA.x.M14	100
MND_2.CM.98.CM16	112
TAL.CM.01.8023	SATVTRP...	128
TAL.CM.00.266	111
TAN.UG.x.TAN1	102
VER.DE.x.AGM3	D.....	120
VER.KE.x.9063	A.....	120
VER.KE.x.AGM155	N.....	120
VER.KE.x.TYO1	114
GRV.ET.x.GRL_677	95
SAB.SN.x.SAB1C	94
RCM.NG.x.NG411	116
RCM.GA.x.GAB1	106
SUN.GA.98.L14	T.....	122
MON.CM.99.L1	104
MON.NG.x.NG1	112
MUS_1.CM.01.1085	99
MUS_1.CM.01.CM1239	114
MUS_2.CM.01.CM1246	KTSTT....	119
MUS_2.CM.01.CM2500	112
DEB.CM.99.CM40	GRISNNC..	116
DEB.CM.99.CM5	102
GSN.CM.99.CN71	DSRVSCGTT-	143
GSN.CM.99.CN166	159
DEN.CD.x.CD1	IREDS.....	97
LST.CD.88.447	101
LST.CD.88.485	101
LST.CD.88.524	112
LST.KE.x.lho7	112
SYK.KE.x.KE51	96
SYK.KE.x.SYK173	111
COL.CM.x.CGU1	WWS.....	85

Table with columns: Rev start, exon 1 end, exon 2 start, NLS, Leu-rich effector domain, Rev end. Rows list various HIV sequences and their corresponding amino acid alignments across these domains.

	Env start	signal peptide gp120 start	glycosylation NVT	glycosylation NDT	glycosylation NSS	
H1B.FR.83.HXB2	MR..VKEKYQHLWRGWRGWTLLG	.MLMI*CSATEKLVVTVYVGPVWKEAT...TTLFCASDAKAYDTEVHNWVATHACVP	.TDPNPQEQ...VVLVNVTFENMMV..KNDMVEQMHEDIISLWDQSLKPCVKLTP	CVSLKCTDLKNDTNTNSSGR	146
H1A1.UG.85.U455	..VMGI-RNYPCL	..I..LIT..NAQO	..D..V..	..D..D..	..D..D..	142
H1C.ET.86.ETH2220	..K..VMGI-RNCQW-I	..ILGFV...NGMGN	..D..S..P..	..G..F..	..S..L..G..E..	143
H1D.CD.84.84ZR085	..K..VKGIRKRYOPL-K	..I..MLM-TY-ADN	..S..K..A..I..	..S..K..A..I..	..S..K..A..I..	144
H1F1.BE.93.VI850	..V..VRGM-RN-OHLGK-L	..L..F..I..I..N-ADN	..E..R..A..	..F..K..D..	..N..T..	143
H1G.SE.93.SE6165	..V..VTGI-RN-+HL-K	..L..L..LVI..SNN	..ED..D..	..S..S..A..S..	..I..M..E..Y..	151
H1H.CF.90.056	..E..ET-RNYPCL	..L..I..L..AQN	..K..K..	..E..K..	..M..E..S..	140
H1J.SE.93.SE7887	..E..ET-KN-OTL	..G..L..F..I..K-K-D	..D..K..	..S..K..	..M..P..	141
H1K.CM.96.MP535	..V..VRGM-RN-OTLGN	..I..L..F..I..I..NAD	..P..	..E..K..	..E..M..E..	145
H101.AE.TH.90.CM240	..V..VKET-MN-PNL-K	..L..I..L..LVI..SDN	..RD..D..	..HE..	..I..H..E..	146
H102.AG.NG.x.IBNG	..V..VMGI-KNYPLL	..NIFW.TMI..NA-Q	..T..E..	..T..E..	..I..H..E..K..	144
H1N.CM.95.YBF30	..K..VMMGMSQVMGMS	..LLFYL-VSLIKV-G	..S..QH	..R..E..	..HS..A..I..Q..	144
H1O.BE.87.ANT70	..K..KRNKKL-TL.YLAMALITPCL	..LRQ-YA-A	..ED..	..PV..	..NLTS-K-I-SQ	133
H1O.CM.91.MVP5180	..K..KNN-KS-SL.YIAMALLIPCL	..YSKQ-YA-S	..E..A..PV	..NLTS-Q-I-SQ	..H..FP-G-D-DI	134
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	..K..VTEMQKN-LICCL	..I-LIKI-G..SE	..RD..E..V	..HS..A..I..Q..	..LIP-R-D-K-N-D-Q	133
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	..V..VKGITWSCPYYVV	..ILS-CSLIISSTKN-N	..E..A..	..QKA-A-I-SQ	..D-KA-IE-S	140
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	..K..M-ERKRSFNGFYMTM	..ICMALLIPCLT..SDE	..R-VN..V	..HS..A..I..Q..	..H..D..N..Q..Q..S	143
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	..E..ETORNCRTLSLKEIILCT	..VLGIIG-IKCEDNM	..R..D..	..QNP	..S..N..E..IE-T	146
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	..K..GMKY-WMNRSCRSISIKLI	..IGWIAS-FGE-NM	..R-K..	..S..S..A..I..Q..	..T..L..P..E..Y..D..Q..	140
CPZ.CD.90.ANT	..K..KPIHII	..-ALLIQF-EKG-NEDY	..-F..RN	..P..TN-SMTS	..-TS..I..D..I..RL	137
CPZ.CM.98.CAM3	..E..ERKIGSLIEKY-FM-LIIPCLT	..GSDQ-A	..E..D..	..E..S..LNK-A-I-SQ	..QIP	144
CPZ.CM.98.CAM5	..E..ERKKLN-IICYM-MGLITP	..LTGHEW-A	..E..	..E..S..LNK-A-I-SQ	..V..YMP-S-S	137
CPZ.US.85.CPZUS	..K..VMEKRR-L.S.YCLLSSL	..IPGLSS-A	..RDVE	..KQ-A-I-Q	..H-P-K-D	131
CPZ.GA.88.GAB1	..K..VMEKRRD-NLSIITIIIT	..LTPL-SE	..HD-D	..PV..HS-A-I-Q	..S..F-P-I-S	142
CPZ.GA.88.GAB2	..K..V.MGKTR-RWQPYCI	..IMAILIIPCLKTESDQW	..P..	..AN-T-LKE-P-I-Q	..S..E..T-I-E-V	143
CPZ.TZ.01.TAN1	..K..KN-I	..IT-ILIIITIGIFSTYYT	..-F..Q..P	..DITSRDK	..I-N-L..Y	129
H2A.GW.x.ALI	..M..MSSRNQL	..LVTILLASA-LYVC-QY	..-F..A-N-S..IP	..KNRDT-G-TQ-L	..DNDYD	131
H2B.GH.86.D205	..Y..AYFSSRL	..PIALLIG-SGFVC-QY	..-F..I-A-RN..VP	..I..TNRDT-G-VQ-L	..DNGDYT	135
H2G.CI.x.AB796	..Y..AY-GNQL	..LIATXL-STYGYCTQY	..-F..I-A-RN-S..VP	..KNRDT-G-TQ-L	..DNDYS	140
H2U.FR.96.12034	..Y..AC-GNQL	..LIALLC-NA-VIYCTQY	..-F..I-A-RN..IP	..NNRDT-G-TQ-L	..DNGDYS	139
MAC.US.x.239	..G..GC-GNQL	..LIAILL-SVYGICT-Y	..-F..A-RN..IP	..KNRDT-G-TQ-L	..DNGDYS	138
SMM.US.x.H9	..G..GC-GNQL	..LIAILL-SVYGICT-Y	..-F..A-RN..IP	..KNRDT-G-TQ-L	..DNGDYS	140
STM.US.x.STM	..G..GC-GNQL	..LIAILL-SVYGICT-Y	..-F..A-RN..IP	..KNRDT-G-TQ-L	..DNGDYS	140
MNE.US.x.M0E027	..G..GC-GNQL	..LIAILL-SVYGICT-Y	..-F..A-RN..IP	..KNRDT-G-TQ-L	..DNGDYS	140
DLR.x.x.FAN	..I..IRHI	..IIG-CILGFLGI-IG	..H..-F..T-K-RP-S..H-I	..DN-SF-V-TS-I	..SLLHYE	131
MND_1.GA.x.MNDGB1	..K..KCPGLFL	..I-CLAX-VGIIIG	..-QY..-F..K..H-I	..DNSSL-V-TN-I	..SLPDYE	141
MND_2.GA.x.M14	..L..LRH	..LITAIIVIGIG	..-Q..-T-K-HP-R..H	..DNSSL-V-TS	..SLLHYE	134
MND_2.CM.98.CM16	..L..LRY	..II-GIIVGLGLG	..-NQ..-T-K-HK-E..H	..DNSSL-V-TS	..SLLHYEQ	133
MND_2.x.x.5440	..L..LRY	..LRYIVLGIIVSIVIG	..EQ..-T-K-HK-R..H	..DNSSL-V-TS	..SLLHYE	143
TAL.CM.01.8023	..K..KC-OVLCLAICVIWANIGKLSA	..QOFL	..N..PP	..MARDQ-S-SQ	..S-QNL	140
TAL.CM.00.266	..K..KY-AVI	..FCLAYLGRFIIIGNQY	..I..N..PP	..MARDQ-S-SQ	..S-QNL	129
TAN.UG.x.TAN1	..G..GP-RGK	..VLLVILGLSL-GLLYGTQYI	..-F..I..NSS..VQA-M	..PNT-L-TN-I	..D-HDYT	136
VER.KE.x.TYO1	..R..RYTIITL	..GIIVIG-GIVLS-Q	..I..-F..I..NSS..VQA-M	..PTTSL-TN-I	..D-HDYT	134
VER.DE.x.AGM3	..K..KLTLI	..I-LIGIGVVLN-RQQ	..-F..I..NSS..VQA-M	..PTTRL-TN-I	..D-HDYT	141
VER.KE.x.9063	..K..KP-LGIV	..IAIIGISSLLS-RQ	..-F..I..NSS..VQA-M	..PTTRL-TN-I	..D-HDYT	138
VER.KE.x.AGM155	..T..TKFLGIF	..IV-IGIG-GIS-KQ	..I..-F..I..NSS..VQA-M	..PTTRL-TN-I	..D-HDYT	135
GRV.ET.x.GRL_677	..G..GR-LIKI	..LIAIGIS-GIGN	..-Y..-F..I..NSS..VQA-M	..PNT-M-TN-I	..D-HDNT	131
SAB.SN.x.SABIC	..T..KL-TVLL	..WLSGCSLWMLVQY	..-F..I..NSS..VQA-K	..PNT-L-TN-I	..D-DEPTIAE	140
RCM.NG.x.NG411	..A..A.KLIS	..IGIIGL-G-IIVG-QY	..-F..RNS..VPM	..DNAQS-G-LN-I	..EGGISP	138
RCM.GA.x.GAB1	..D..DKKLIVLIVIGIIVGSGSQPKQYI	..-F..RNS..VPM	..V..DNTQS-G-LN-I	..EGGISP	..SI-S-R-D-A-N	135
SUN.GA.98.L14	..R..RC	..PEI-IGFSLLLGSIAIQY	..-F..T-K-EP-V..VP-I	..SANNSL-V-TS-L	..DLQTYA	133
MON.CM.99.L1	..R..RK	..LMA-STLC-MTLVNGSN-T	..-F..P..PP	..PNYGSK-AG-N-LASS-L	..T-S	137
MON.NG.x.NG1	..R..RMKTIIVLTLLCLMM	..TLTSGXSNG-S	..-F..Y-P..PP	..PXYGSK-AG-N-LASS-L	..S-V-RA	145
MUS_1.CM.01.1085	..P..PRMTWLRA	..ST-L-TLL-SSSIWGRQ	..-F..D..PP	..NIANR-PG	..I-T-L	134
MUS_1.CM.01.CM1239	..P..PRMS	..LMGMGT-L-TLL-SSSIWGRQ	..-F..D..PP	..NIANR-PG	..I-T-L	134
MUS_2.CM.01.CM2500	..P..AVMT	..SAMVF-TLL-SCSLWIG-Q	..-F..D..PP	..NIANR-PG	..I-T-L	130
MUS_2.CM.01.CM1246	..E..ERT	..ILTALSLT-ALSLSL-LRKHA-Q	..-F..R-S-N..PP	..NIANR-PG	..LT-T-L	134
DEB.CM.99.CM40	..P..PNVTQNFNAFD	..PTE-LWQ-MT-YK-F	69
DEB.CM.99.CM5	..P..PNVSQYFDSFS	..V-EQ-LWD-MT-YR-F	60
GSN.CM.99.CN166	..M..KTVESMMLAVSL-ALMA-L	..PGLKCCN-T	..-F..RD..PP	..PDIASN-PG-I-IST-L	..S-S-A	149
GSN.CM.99.CN71	..M..M	..RKVGLKMLVSLT-MAL	..IPGRSKGN-T	..-F..RD..K..PP	..DITSN-PG-I-IST-L	153
DEN.CD.x.CD1	..S..SQVR-TL	..KVLILWITG-ICT	..-QY..-F..I-A-RNSA	..AP-T	..AMDGR--AAS	144
LST.CD.88.447	..D..NCPLGIL	..-IILRVOGEK-K-QY	..-F..K-E-V..VP-I	..SANNSL-V-TS-L	..DLQSYAQ	134
LST.CD.88.485	..D..DC-KLLL	..F-LFLGAQGE-K-QY	..-F..K-E-V..VP-I	..SANNSL-V-TS-L	..DLQSYAQ	134
LST.KE.x.lho7	..L..ACPLGL	..ILL-LGII-WG-QY	..-F..N-DDNVS..VP-I	..SANTSL-V-TS-L	..DLQSYAQ	129
LST.CD.88.524	..L..ACPGNIL	..L-LCLGLTAGEK-QY	..-F..K-E-D-V..VP-I	..SANNSL-V-TS-L	..DLQSYAQ	136
SYK.KE.x.SYK173	..A..AARFYI	..VC-FSLISLGFMEKQY	..-F..I-H-E-D..Y..AP-T	..SHKGG-KN	..SADQIEV	124
SYK.KE.x.KE51	..K..KLFTIIS	..VV-GIVLSLIGIV-REQY	..-F..N-ED-Q..VPM	..PHTGG-KN	..SSEQIEV	131
COL.CM.x.CGU1	..L..LRYLFIN	..LLVLGIVL-SNK	..-Q..-A-E--DVNDQF	..-F..SSPE	..TQVGLG-L-PPPGK-V	130

	glycosylation NIS				glycosylation NVS			
	VI	glycosylation NCS	V2	glycosylation NDT	glycosylation NTS	glycosylation NGT	glycosylation NKT	glycosylation NGS
H1B.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1J.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H101.AE.TH.90.CM240
H102.AG.NG.x.IBNG
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT70
H1O.CM.91.MVP5180
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.01.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.US.85.CPZUS
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TAN1
H2A.GW.x.ALI
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.ABT96
H2U.FR.96.12034
MAC.US.x.239
SMM.US.x.H9
STM.US.x.STM
MNE.US.x.MNE027
DRL.x.x.FAO
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.CM.98.CM16
MND_2.x.x.5440
TAL.CM.01.8023
TAL.CM.00.266
TAN.UG.x.TAN1
VER.KE.x.TYO1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
GRV.ET.x.GRL_677
SAB.SN.x.SABIC
RCM.NG.x.NG411
RCM.GA.x.GAB1
SUN.GA.98.L14
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM2500
MUS_2.CM.01.CM1246
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
DEN.CD.x.CD1
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.KE.x.lho7
LST.CD.88.524
SYK.KE.x.SYK173
SYK.KE.x.KE51
COL.CM.x.CGU1



H1B.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.S6165
H1H.CF.90.05616
H1J.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1O1.AE.TH.90.CM240
H1O2.AG.NG.x.IBNG
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT70
H1O.CM.91.MVP5180
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.US.85.CPZUS
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TANI
H2A.GW.x.ALI
H2B.GH.86.D205
H2G.CL.x.AB796
H2U.FR.96.12034

MAC.US.x.239
SMM.US.x.H9
STM.US.x.STM
MNE.US.x.MNE027
DRL.x.x.FAO
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.GA.x.M14
MND_2.CM.98.CM16
MND_2.x.x.5440
TAL.CM.01.8023
TAL.CM.00.266
TAN.UG.x.TAN1
VER.KE.x.TYO1
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
GRV.ET.x.GRL_677
SAB.SN.x.SAB1C
RCM.NG.x.NG411
RCM.GA.x.GAB1
SUN.GA.98.L14
MON.CM.99.L1
MON.NG.x.NG1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM2500
MUS_2.CM.01.CM1246
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
GSM.CM.99.CN166
GSM.CM.99.CN71
DEN.CD.x.CD1
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.KE.x.lbo7
LST.CD.88.524
SYK.KE.x.SYK173
SYK.KE.x.KE51
COL.CM.x.CG1

glycosylation NNT

Table listing glycosylation NNT sequences for various proteins. Columns include protein names (e.g., H1B.FR.83.HXB2), glycosylation NNT motifs (e.g., NSTWSTEGSNNT), glycosylation CD4 motifs (e.g., EGSDTITLPR), glycosylation NIT motifs (e.g., *RIKQIINM), glycosylation NES motifs (e.g., *QTRCSSNITGLLLTRDGGN), glycosylation V5 motifs (e.g., *SNNSEEIFRPGGDMRDNRWSELYKY), and fusion peptide motifs (e.g., *KVVKIEPLGVAPTAKRRRVQ). The table ends with a column for sequence numbers (534-542).

Table listing HIV Sequence Compendium 2008 sequences. Columns include protein names (e.g., MAC.US.x.239, STM.US.x.H9), glycosylation NNT motifs (e.g., RN-AN...), glycosylation CD4 motifs (e.g., *QKPK-QHKRNYY), glycosylation NIT motifs (e.g., *H-R--T-H--NV-L-RE...), glycosylation NES motifs (e.g., *DLT-N-TV-S-IANI-WIDG...), glycosylation V5 motifs (e.g., *NQTNITMSAEVAELY-L-GD...), and fusion peptide motifs (e.g., *L-E-T-I-L--DV--YTTGG...). The table ends with a column for sequence numbers (547-592).

Table with columns for protein names (e.g., H1B.FR.83.HXB2, H1A1.UG.85.U455) and amino acid sequences. Headers include immunodominant region, glycosylation NAS, glycosylation NKS, glycosylation NHT, and glycosylation NYT.

	gp41 end		
	Env end		
H1B.FR.83.HXB2	* QGACRAIRHIPRRIRQGLERILL*		856
H1A1.UG.85.U455	-TIG---LN-----A--		856
H1C.ET.86.ETH2220	-RIW--FCN-----AA-Q		852
H1D.CD.84.84ZR085	RR--K-VL---T-----A--		857
H1F1.BE.93.VI850	-R-G--VLN-----A-A--		833
H1G.SE.93.SE6165	-R----LN--T-----A--		867
H1H.CF.90.056	-R-W--L-----F--S--		846
H1J.SE.93.SE7887	-R-F--L-----A--		849
H1K.CM.96.MP535	-R-F--LL-----A--		843
H101_AE.TH.90.CM240	--W--L-----T--		858
H102_AG.NG.x.IBNG	-RVG---N-----F-A--		855
H1N.CM.95.YBF30	-RIG-G-L-----A-I-		853
H1O.BE.87.ANT70	-RIGTG--N-----S--		857
H1O.CM.91.MVP5180	-RIGQGFL-----A---V-		870
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505	-RIG-G-L-----A--		836
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7	-RIG-G-L-----F-A--		846
CPZ.CM.01.SIVcpzCAM13	-IVF-I-GN-----T--		865
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66	-RFG-G-LN-----A--		878
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145	TRLG-G-L-----A--		853
CPZ.CD.90.ANT	-TIV-I--EV-----IA-N-		859
CPZ.CM.98.CAM3	-IIG-G-L-----S--		857
CPZ.CM.98.CAM5	-IVG-G-L-----S--		863
CPZ.US.85.CPZUS	RRLFLG-I-----S--		837
CPZ.GA.88.GAB1	-VTL-I--N-----A--		855
CPZ.GA.88.GAB2	TRIG-G-L-----A-E		856
CPZ.TZ.01.TAN1	VYIA-G--N-----LA-N-		872
H2A.GW.x.ALI	-WVG-R-LAV-----A-IA--		863
H2B.GH.86.D205	RR-A--IA-----LT--		860
H2G.CL.x.ABT96	GRVG-G-LA-----LT--		885
H2U.FR.96.12034	GRVG-WL-A-----F-LA--		868
	Env end		
MAC.US.x.239	RRGG-W-LA-----LT--		880
SMM.US.x.H9	GRVG-G-LA-XX-----LT--		887
STM.US.x.STM	GRVG-R-GA-----LT--		883
MNE.US.x.MNE027	GRVG-W-LA-----E-LT--		883
DRL.x.x.FAO	RALAQEVA-----A-VLFN-		896
MND_1.GA.x.MNDGB1	...GTC-W-L-----SA--P-N		880
MND_2.GA.x.M14	.AIG--GN-----A-VL-N-		868
MND_2.CM.98.CM16	.AIA-G-IN-----A-VL-N-		868
MND_2.x.x.5440	.AFG-G-WN-----A-AL-N-		891
TAL.CM.01.8023	RW-VQ--AA----T-----YC-A-		891
TAL.CM.00.266	RW-GE--AA----T-----YCFT-		873
TAN.UG.x.TAN1	RS-Y---LEH---M--E---WFN-		880
VER.KE.x.TYO1	RS-Y-N-VNS--V-----E--N-		864
VER.DE.x.AGM3	RS-Y---INS--V-----G--N-		878
VER.KE.x.9063	RSTY-H-ISS--V-----E--N-		878
VER.KE.x.AGM155	RS-Y---INS--V-----EV-N-		871
GRV.ET.x.GRL_677	RS-Y--VINS--V-----KV-G-		855
SAB.SN.x.SAB1C	RSIV--VIAH--M--E---WFN-		868
RCM.NG.x.NG411	RDPAGWPATLC-----F--F-N-		858
RCM.GA.x.GAB1	RDFAGWPAMVC-----LCN-		851
SUN.GA.98.L14	KWRPKWN-TRGS--PSETTETT--		920
MON.CM.99.L1	GRLW--VA-----A-IF-N-		870
MON.NG.x.NG1	GRLW-GLVAV-----A-IL-N-		882
MUS_1.CM.01.1085	RRVW-EFLA---V--A-IL-N-		898
MUS_1.CM.01.CM1239	RRVW-EFLA-----A-IL-N-		892
MUS_2.CM.01.CM2500	KQL+K-FLA--K-----A-IL-N-		879
MUS_2.CM.01.CM1246	-KIW-KFLA-----A-IL-N-		880
DEB.CM.99.CM40	VR-GG--LRV-A-----A-L-N-		800
DEB.CM.99.CM5	VWGG-NLLA--A-----A-LL-N-		784
GSN.CM.99.CN166	RRVW-EFLA-----A-ILFN-		882
GSN.CM.99.CN71	GRVW-EFLA-----A-IL-N-		887
DEN.CD.x.CD1	TR-A-EVVA-----IV-N-		865
LST.CD.88.447	KKRW-FRFRGRSGFPSETTETA--		916
LST.CD.88.485	KKRW-FRFRGRSGFPSETTETA--		915
LST.KE.x.lho7	KKRW-LRFGRSG--SSEATTETA--		913
LST.CD.88.524	NR.R-WRFRFRSGLPSETTETT--		917
SYK.KE.x.SYK173	RRVVE-VAAL---L-----IY-N-		833
SYK.KE.x.KE51	RRVAENVAAL---L-----IY-N-		841
COL.CM.x.CGU1	ARGW-RAPEYL-GWIYDRPQGA-		838

H1B.FR.83.HXB2
H1A1.UG.85.U455
H1C.ET.86.ETH2220
H1D.CD.84.84ZR085
H1F1.BE.93.VI850
H1G.SE.93.SE6165
H1H.CF.90.056
H1J.SE.93.SE7887
H1K.CM.96.MP535
H1O1.AE.TH.90.CM240
H1O2.AG.NG.x.IBNG
H1N.CM.95.YBF30
H1O.BE.87.ANT70
H1O.CM.91.MVP5180
CPZ.CM.05.SIVcpzEK505
CPZ.CM.05.SIVcpzLB7
CPZ.CM.05.SIVcpzMB66
CPZ.CM.05.SIVcpzMT145
CPZ.CD.90.ANT
CPZ.CM.98.CAM3
CPZ.CM.98.CAM5
CPZ.GA.88.GAB1
CPZ.GA.88.GAB2
CPZ.TZ.01.TAN1
CPZ.US.85.CPZUS
H2A.GW.x.ALI
H2B.CLX.EHO
H2G.CLX.ABT96
H2U.FR.96.12034

MAC.US.x.239
SMM.US.x.PGM53
STM.US.x.STM
MNE.US.x.MNE027
DRL.x.x.FAO
MND_1.GA.x.MNDGB1
MND_2.x.x.5440
MND_2.GA.x.M14
MND_2.CM.98.CM16
TAL.CM.01.8023
TAL.CM.00.266
TAN.UG.x.TAN1
TAN.FR.x.B87_14
VER.DE.x.AGM3
VER.KE.x.9063
VER.KE.x.AGM155
VER.KE.x.TYO1
GRV.ET.x.GRL_677
SAB.SN.x.SABIC
RCM.NG.x.NG411
RCM.GA.x.GAB1
SUN.GA.98.L14
SUN.GA.x.SOL_36
BLU.KE.x.KE31
MON.NG.x.NG1
MON.CM.99.L1
MUS_1.CM.01.1085
MUS_1.CM.01.CM1239
MUS_2.CM.01.CM2500
MUS_2.CM.01.CM1246
DEB.CM.99.CM40
DEB.CM.99.CM5
GSN.CM.99.CN166
GSN.CM.99.CN71
DEN.CD.x.CD1
LST.CD.88.447
LST.CD.88.485
LST.CD.88.524
LST.KE.x.lho7
SYK.KE.x.KE44
SYK.KE.x.SYK173
SYK.KE.x.KE51
COL.CM.x.CGU1

VRYP1LTFGWGCKLVPVEPKIEEANKGENTS...LLHPVSLHGMD...PE.REVLEWRFSRLAFHH.VARELHPEY..FKNC...
I-----D-AEV--TG--N-----ICQ--V-----E--K--M-K--T--LK--R-Y---F--Y-D
-----F--D-SEV--I-E--NC-----A-----ED---K-K--H--RR--M-----Y-D
-----FE--D-EVV-K-TE--DNC-----ICQ--E-----E--K--V--N-----E--K-K-KY
I-----L--F--D-EEV-K-E--NC-----M-Q--E-----ED---R-K--S--LR--I--R--F--YQD
T-F-----MD-AEV-----N-----ICQ--E-----ED---V--S--RR--I-----Y-D
E-F-----F--N-QEV-Q-E--N-----M-----E--DG---M-K-----LT--L-VK-----D
I-----D-SEV--E--NC-----ICQ--IE-----E--Q-K--S--RR--I-----F--Y-D
I-----D-AEV--TTE--DNC-----INQ--E-----EH---I-M-K--S--RR-----D--Y-D
I-F--C--F--DQREV--D-----NC-----M-Q--IE-----E--M-K--A--RK-----Q-----Y-D
T-F-----F--MD-AEV--E--N-----ICQ--E-----ED---D-----I-----R--T-----Y-D
I--V-----F--LSAEV--E--D-NA-----ICQ--A-----DH--K--V-----S--RR-----F--Y
T-F-----LF-----SEEEA-RLGNTCERA.N-----ACA--FE-----TH--K-I-M-K--RS-GNT--MIT--L--QKD
P-F-----LF-----SAEEA-RLGNTNEDA.S-----ACN--AE-----AH--G-I-K-Q--RS-GLT--I-LQK--L--PK
-----F--LS-EEV--Q-D-NV-----MCQ--E-----D--K--V-----S--RV-RAR-----F--YQ
I--I--G-F--LT-EEV-----NL-----ICQ--E-----ED--K--I-KY--Q--LR-IAR--S--Y
I-----F--L--EEV-R--E-D-NI-----ICQ--QE-----EA---V-T-----LK-RAR-----Y-D
-----F--LP-EEV-K-E--NC-----MCQ--E-----E-----V-T--K--LR-LAR--K-----YRD
-----CR--F-----SPDD...D-RNI-----ACT--DG-----H--K-I-R-E--AS-MRR--I--R-----RD
-----Y-G-F--LT-EEV-Q-E-D-NI-----ICQ--E-----AH--G--V-----LR--I--Q-----YQN
-----F--LT-EEV-K-E-DTNI-----ICQ--E-----EH--G--V-----LK--L--Q-----YGDHNPAPAQ
T-F--C--F--LTEEQV-Q-E-D-NC-----ICQ--E-----ED--K--V-----LR--I--Q-----YKD
-----Y--F--S-EAV-----D-NL-----LCT--FE-----E--K--I-K--Q--LR--L--K-----YRD
I--CR--LF-----D-PED...DEK...I--ACS--TT-----D-G-T-I-----S--RR--I--RY-----FK
-----Y--F--LTEEV-Q-----TNI-----MCQ--E-----EH--G--I-Q--TE--RR--R-K-----FRN
I--MF--LW-----DVPQEG-DTET..HC-----QTSRH...G-T-V-----PK--HDY--K-FI-----E-FGYK.SGLPEDEW...KARLKARG.IPFSKNRNS...
-----KF--LW-----INMIAEP-DEET..HC--V--AQTSAW-----H-E-T-V-Q--L--YDY--F--FRF--E-FGYK.SGMPEKEW...KAKLRARGIPTE...
I--X--LW-----TVSDEAODET..HC--V--AQTSPW-----T--A-K--PT--YDY--R-FI-----E-FRWK.SGLPEAVW...KEKLRQGLPIE...
T-W-MC--LW--E--DANDKAQEDER..LY--VGSQAQTSCEE...HM.G-A-V-K--S--YSY-Q-FIKC--E-FGSK.SGLSEEEV...KRRLTARGLPKVNC...

max HIV-1 similarity

I--K--LW-----NVSDEAQDEE..HY..M--AQTSQW-----W-G--A-K--PT--YTY..E-YVRY--E-FGSK.SGLSEEEV...RRRLTARGLLN..MADKKETR..
I--MF--LW-----SASDEAODET..HY..V--AQISQW-----W-G--A-K--Q--YRY..E-FIR--E-FGSK.SGLSEEEV...KRRLTARGLLK..MADKKTETS..
I--KQ--LW-----DMSNEAQEDD.T.HY..V--AQT-QW-----W-G--V-K--PL--HTY..E-FVR--E-FGSK.SGLPKEEV...ERRLTARGLLK..MADKKTETS..
P--K--LW-----NVSDEAQEGEE..NY-----AQTSQW-----W-G--V-K--PT--YTY..E-YIRY--E-FGSK.SGLSEEEV...RRRLTARGLLK..MADKKTETS..
I--KM--FLF-----V-EDLVNQCNR...N--SSQMGPI-----G-R-M-Q--PG--YTFQAC.IH--E-FGHVKS.IKSVEEPG...CCKRKKWQFKPTTEGCHDNLQKC-
T--K--FLF--E--SRAIGD-YAANN.H...S--SQ-CPOE-----G-T-M-SGTLI-PMTL...Q
I--K--FLF-----AVSPL-EDENR...N--SSQMGIQE-----G-R-M-K--G--YTF.Y-PIIR--E-YKCV.TSLSYEAYKKEKPCDCKRKKWQF
I--KR--FLF--I--QVPPDQ-NOECNR...N--SSQ-GIQE-----SMXG-R-M-K--PE--YTF.Y-PIK--KE.YRHV.TSLSYAYQOE..KSDCCKRKKWQF
I--K--RFLF--C--AVPPDQ-N-ECNK...N--SSQ-GIQE-----SLXG-R-V-K--G--YTF.Y-PIK--GE.FKHV.QSISHIAYAKEHKPECCCKRKKWQF
T--C--ILW--C--IHEDDTEGDH...L-M--AYDGOQE-----W-G-A-V-V-EK--YTPGAKMAEYDRLE...RKKKELLAPPOTASS
T--C--ILW--C--IHEDDTEGDH...L-P--AYDGOQE-----W-G-S-V-V-EK--YTPGAKMAEWDRL...REKRMLLAPPOTASS
T-K-RC--F-FE-----DVSQEAQD.ER..HC-----AQTEWES-----W-K-T-V-K-NPL--VQY.NPDSFKDMH..GLV...KPK
I-K-KC--F-FE-----RLSEAAAT-ER..HC-----AQTNV-----W-G-T-V-K-NPL--VQYNPDCFKDMHG.LV...KPK
I--RC--F-F-----DLHEEA-TCER..HC--V--AQVREDP-GI..NH.G--V-K--PM--VQY.DPNRKYLD.MHDL.G...KPK
I--RC--F-F-----MHHEA-TCER..HY..A--AQIKEDP-GI..SH.G-T-V-K--PM--VQY.DPNRQYF-D.MHAI.V...KPK
I--RC--F-F-----ALHEEA-TCER..HC--V--AQ--EDP-GI..NH.G-I-A-K--PM--VQY.DPSREYFTD.LYST.VGTGN...KPK
I-F-KC--F-F-----DLHEEAQTCER..HC--V--AQMGEDP-GI..SH.G-I-V-K--PM--IQY.DPNREYFTD.MHGL.V...KPK
I--RV--F-F-----DLHEEARNCER..HC..M--AQMGEDP...GIDH.G--V-K--PK--VEY.RPDMFKDMH.EHA...KR
T--KC--F-----DLSEEAKNSEN..HC-----AQVAYE-----AW.K-T-V-K--PL--VDY..-WR---Q.VPSA.QG...
I--TM--LWQ-----DVSDEATE-ER..HC-----AETS-----W-G--A-K-KPL--VDY.AGYR---F.FGER...KNKTK
I--TL--LWQ-----DVSDEAREDEEHS...AETS--E-----W-G--A-K-NPM--VDY.IGYR---F.FGER...KNKTO
---KA--LW--A--TI-EDRDP...HPCQA--SSQGVNE-----W-G-R-I-T--PT--YDF.R-IQK--E-FKHVTSLQWEV
P--K--LW--M--TI-EDRGP-HP...COA--SSQGVNE-----SW.G-R-I-T--S--YDFKAIQHP-E-F.KHVRSLQWEAD
I-F--L--LWE-----NDIEGYLDEEDTL...A-GK-AEED...H-G-N-M-N-NPH--YTPGEMARLQLE.ROTKPKQLKKSALK
---TIP--FLWC-R--AIQEDS-DGDX-F..L-T--AYQGRDE-----H.KQF-VXS-C-K-GVKSQGLDDELQOE...ERKRLTANRIL
---TMP--FLWC-R--ATTEDS-EGDED.F..L-T--AYQGR-E-----H-QF-VFS-C-K-VKSGRQLAQLOQE...ERKRLTANRIL
T--KIP--FLWC-RE-AMTEGS-EGDDQY..L-D--AFQGRE-----HH.KQF-VFS-C--LKSGLQLDQMOQE...ERKRLATNHIL
T--TLP--FLWC-RE-AITEDS-EGDE-Y..L-T--AAYQKREE-----H.KQF-VFS-C--MKSQRQLDQIQOE...ERKRLTANRIL
---MP-VLFC-R--HITENS-LGDD-H..L-C--AFITGEE-----H.KF-VFS-C--LKSQRQLNMQOE...ERKRLTANRIL.SQSP
T--ROP--FLWC-R--AMTEGS-PGDDQY..L-T--AYVGRDE-----HH.K-F-VFS-C--LKSQGLNLIQOQ...ERKRLTANRIL
---IY--FLF-----IADPDYE-DE..RN.I--DAHOGQ-E-PH...R-V-K--T--YCY.K-GHAEQRE.HTRR-MFP...KPK
P--TY--FLF-----IADPDYE-DE..RN.I--DAHOGQ-E-PH...K-R-V-K--S--YCY.K-GHEAKPEHNR-MFP...KPK
T--TIP--F-IC-R--ATTEDS-PGDD-Y.L.-T--AYQGRSE...QH.K-F-VFS-C-K-IKSGIQLDQLOQE...ERKRLTANRFL
I--TMP--F-WC-R--AMTEDS-PGDD-QYL..L-N--AYQOQE-----HH.-I-VFS-C--LKSQGLNLIQOQE...ERKRLTANRFL
I--E--FLW-----TIEEYDNKEE..NC-----DRYEQOQA-----W--T-V-----PE-WCYKAGHKLQTSOHNNY-QRA...KPRK
T-F--A--LWQ-E--AC-EYTDPSDYR.QC...SSQ-GVQE-----W-G-R-I-H-NPM--VDY..-LRKQ-KS.IQASAILG...QRK
T-----LWQ-E--AC-EYTDPSDAS.QC...SSQ-GVQE-----W-G-R-I-H-NPM--VDF..-LRKQ-KS.IQASAILG...NCKRK
T--A--LWQ-E--AC-EFKDPSDER.QC...SSQ-GVLE-----W-G-R-I-H-NPM--VDY..-LRKQ-AS.VOATAMRF...NCKER
T-----LWQ-E--AC-EYKDPSET.QC...SSQ-GVLE-----W-G-R-I-H-NPM--VDF..I-LKKQ-AK.IQNTAFAP...DCKRK
T--I--LWE-A-N-IEGYLSDDEEDTL...AAGK-ASED...I.H.G-N-I-N-NH--YTPGWELARRQLE.AQTGKPTQ...VKQALTKGGS
T--I--LWE--N-IEGCL-YEEHT...L--A-GQ-SSS.MGE-H.V-LQPPGYTPGW.E...MARLQLE.ROTG...KPOLQSALS.K.NIS
T--I--LWE-A-N-IEGYLVEEDT...LMM--AAGV-ASE...D-H--N-M-N-NPH--YTPGWEMARQLE.ROTG...KR--L.TAETTYIS
-----E-GALKEDRKP-AG-LW.KLVYIEQ.LGEYAYSID.LSLLSVTS...RKKKKPQQAIVEMVD

normal Nef end

normal Nef end

205
206
208
216
206
208
207
204
214
205
207
213
214
212
207
207
207
206
199
208
214
206
206
196
210
263
239
257
261