HMMER Sequences in the Pol Alignment

A_U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
B_HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 484 (1985)
D_ELI	HIVELI	KO3454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
O_ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
O_MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virology 221, 346 (1996)
A_ROD	HIV2ROD	M15390	Clavel,F.	Nature 324, 691 (1986)
B_EHOA	HIV2EHOA	U27200	Rey-Cuille,M.A.	Virology 202, 471 (1994)
SD_MM251	SIVMM251	M19499	Franchini,G.	Nature 328, 539 (1994)
STM_STM	SIVSTM	M83293	Novembre,F.J.	Virology 186, 783 (1992)
VER_AGM3	SIVAGM3	M30931	Baier,M.	Virology 176, 216 (1990)
GRI_AGM677	SIVAGM677	M66437	Fomsgaard,A.	Virology 182, 397 (1991)
TAN_AGMT17	SIVAGMT17	L19254	Hirsch,V.M.	Virology 197, 426 (1993)
SAB_SAB1C	SIVSAB1C	U04005	Jin,M.J.	EMBO J. 13, 2935 (1994)
SYK_SYK	SIVSYK	L06042	Hirsch,V.M.	JVI 67, 1517 (1993)

The following alignment was generated using the HMMER program as described in the introduction to this Part and in Part III. For simplicity, only representative types and subtypes are shown. An ordinary consensus sequence (lowercase signifies majority, uppercase signifies 50% or greater) was constructed from these representatives using MASE; this is not a "most likely sequence" derived from the HMMER model (Part II). Annotation is based on HIV-1s, therefore the user should be cautious about its applicability to other PIV sequences.

```
POL_CONSENSUS A??????AGaag???gagatgttggaAatgtGgacA????g?a?????????????????????????????     29
B_EHOA                 ---GCA-G----C--------------GCAA-G-CA..........................     36
SD_MM251               GT-TTG--AT---G----GGAG-----CTCT-C-AGGCAATGCAGAGCCCCAAGAAGACAG     61
STM_STM       -GGCCCG-----ACAAG-T-----------------ACAG-GCCA........................     45
VER_AGM3      -CC...A----AGAT------C-T---------GA-...ACC-GG........................     39
GRI_AGM677             GT-CGGC-A-AT-G-CC-TATG-C-A-..................................     27

POL_CONSENSUS ??????????????????????????????????atggcaaAatgcccagaa?GACAGGc?ggTTTTTTAg     64
A_U455                                                                       --------      8
B_HXB2R                                                                      --------      8
D_ELI                                                                        --------      8
O_ANT70C                                                                     --------      8
O_MVP5180                                                                    --------      8
CPZGAB                                                                       --------      8
CPZANT                                                                       --------      8
A_ROD                                                              ------A----------     17
B_EHOA        ..............................CATC---T--------------A-------G----------     77
SD_MM251      GGATGCTGGAAATGTGGAAAAATGGACCATGTT-----C-----------CA-------G----------    131
STM_STM       ............................TCAG-----C------------A------TG----------     86
VER_AGM3      ............................GCATT-A------GATTGCAG-G------TAAA--------     80
GRI_AGM677    ......................................-G-C---AAGA-TG-------AAA--------     59
TAN_AGMT17                                                   --G-G-------CAA-------A     23
SAB_SAB1C                                                                    --------      8
SYK_SYK                                                                      --------      8

POL_CONSENSUS Ggaa????ggccgg??????????gggaag???ga?gcc?agcaattt?????????????????????     93
A_U455        ----...AATTT--CCTTCCAACAA---G-...-CCAGGG-ATTT........................     48
B_HXB2R       -----...GAT-T--CCTTCCTACAA-------...-CCAGGG-ATTT.....................     48
D_ELI         ---G...AATTT--CCTTCCCACAA-------...-CC-GGG-A-TT......................     48
O_ANT70C      -C--...ATA-T--CCTCC...GGG---C-C...-G---AG------A....................     48
O_MVP5180     -----...GTA-T--CCTCC...GGG---C-C...-G---AG------A....................     48
CPZGAB        -----...A--TT--CCTTCCCGCAGC--G-...-CCAGGC-A-TT......................     48
CPZANT        ----ACCGAC--CCACGTG...GTG---GT-...C-GA--AG-G--C--TGTGCA..............     57
A_ROD         -ACT...G----CTTG.........-----A...-A---CC----C--CCCCGT...............     57
B_EHOA        --TT...C----CCTG.........-----A...-A---TC-------CCCCGTCCAGGCACCCCAGGG    132
SD_MM251      -CCT...T--T-CATG.........-----A...-A---CC-------CCCCAT...............    171
STM_STM       -CTT...T----CATG.........-----A...-A---CCA---C--CCCCAT...............    126
VER_AGM3      --T-...T------TGGAT.....----GC...-AA--C--A-----TCCCGC...............    123
GRI_AGM677    --T-...T----ATTG.........----G-AGC--AA--A--A-----TGTGCAATACAG.........    108
TAN_AGMT17    ---G...AATG-CCGCACCCTAAGGTTCC-A...-CC--GC-ATTT---AGAGCAAGGAGG.........     78
SAB_SAB1C     --TT...T----CCTGGGG......CA--G-...-AA--C--G-----.....................     45
SYK_SYK       -----...A--AT--GGGGT...CTCCA-G-...-CCC--AGC---C--CCCAGTGAGGAGCGAGCCATC     69

POL_CONSENSUS ?????????????????????????????????????????????????????????????????????t     94
A_U455        ......................................................................-     49
B_HXB2R       ......................................................................-     49
D_ELI         ......................................................................-     49
O_ANT70C      ......................................................................-     49
O_MVP5180     ......................................................................-     49
CPZGAB        ......................................................................-     49
CPZANT        ...........................................................GAAGGAGGAA     67
A_ROD         ............................................................GGCCCAAGT-     67
B_EHOA        GATAGTGCCATC.......................TGCGCCCCCGATGAACCCAGCATTCGGCATGACA    178
SD_MM251      ...............................................................GGCTCAAGTG    181
STM_STM       ...............................................................GGCCCAAATA    136
VER_AGM3      ..............................................................CGCTACTCT-    133
GRI_AGM677    ...........................................................AGGAGACACAGT-    121
TAN_AGMT17    ...............................................................AGCCGTTCCGACG     91
SAB_SAB1C     ......................................................................C     46
SYK_SYK       TGCTCCCCCTCTGGAGGACATCGAAGATGGGCCATGGCTCACATGGTCAGCACAGATGAGCCAACAAGCA    139
```

HIV1 POL

```
POL_CONSENSUS c?tcagag?????????gccaacagcccc?ccag?agag???g?tg??????????gga???g???aa??    130
A_U455        -C------CAGACCAGA------------A----C---AATCTT--GGAT...GGG---AAA-ATG-C..    114
B_HXB2R       -T------CAGACCAGA------------A----A----AGCTTCAGGTC...TGG--TAGA-ACA-CAA    116
D_ELI         -TC--A--CAGACCAGA------------A----C----AGCTTC-GGTT...TGG---AGA-ATA-C..    114
O_ANT70C      GTG-----ACCAGCACAC---T-------A--GATG---GAG-AA-T......................     96
O_MVP5180     GTG----AACAAGTGTCC---T-------A---ATG---GAG-CA-T.........-A-GGAACAAG-GA    110
CPZGAB        GTG----ACAGAACAGAA-----G-----A--GAT----AGTTA--GGTACCAGGA---AGA........    111
CPZANT        GTAGT-GA.........---------T--A--CAT----ATCTA-CA.........---GGA-CAC--..    117
A_ROD         -CG---G-...GCTGACA--------A--C----TG--TCCA-CA-T..........---TCTACTGG-..    123
B_EHOA        -C----G-...TGCGATT---T-T--A--C--T-C---TCCA-CA-A..........---GAT-CTA--..    234
SD_MM251      -A----G-...GCTGAC------T--T--C----AG--CCCA-C--T..........---TCT-CTA--..    237
STM_STM       -C----G-...GCTGAC------T-----T----A---CCCA-C--C..........---TCT-CTG-G..    192
VER_AGM3      GGGGT-GA.........------T--G--C--TCC-CC-AGTCCATA.........C--CCCTGCA--..    183
GRI_AGM677    GG--T-GA.........A-----------C---ATG--AACA-C-TA.........C--TCCAGCA--..    171
TAN_AGMT17    GC--CCCCGATCGCCGC--ATGG-TT---CA---GTCC-CCA-T--C........A-GAGCCTACG-TC    152
SAB_SAB1C     -C--T--CCTCCATCAGA--------T--C---ATG--ACGG-A-TA......................     93
SYK_SYK       -AAGC--A.................................................--CACA-AACTC..    159

POL_CONSENSUS ????c???a?gcagcagga?aa?????????????????????????????????????????????gca    146
A_U455        .CTC-CCTGC-A-A-----.......................................................--T    135
B_HXB2R       CTCC-CCTCA-A-------.......................................................--C    138
D_ELI         .CCC-TCTCAAA-A-----.......................................................---    135
O_ANT70C      .......G-A-GGA-----G--TCA.........................................GGAA--    120
O_MVP5180     ATCAGAGTCA-A--GG---.......................................................T--    132
CPZGAB        .......G-A-AGC-----G--....................................................GAAAG-    132
CPZANT        .GAGGACTCA-A--GGTCT.......................................................CA-    138
A_ROD         .GAAATAT-T------A-GG--....................................................AAGA--    150
B_EHOA        .GAA-TAC-T---A-TA-GG--....................................................GAA---    261
SD_MM251      .GAA-TAC-T----TT--GC--....................................................GCA---    264
STM_STM       .AAGTTAC-T-----T--GC--....................................................GAA---    219
VER_AGM3      .GAAGCTCCT------AT-.......................................................    201
GRI_AGM677    .GAAGCTCCTC------T-TGCAGAGAAGGGACAGCGCCTGAGAGAGGAGAGAGAACAGACAAGGAAA--    240
TAN_AGMT17    CAGC-AAG-GA-TC-T--GGC-GTATGCAAAAAAAGG..............AGACCAACTAAGGAG---    207
SAB_SAB1C     ....-AGC-G--C-G----A--....................................TTG-T-    117
SYK_SYK       .TCC-TCG-A-A-A-CCCCC-CCAACAGGGA...........................AGTGCTCTC--C    201

POL_CONSENSUS gaaaGa??????cag???g?aac?????????????????????????????????????????????    159
A_U455        ------.....---...-G---A...................................................    150
B_HXB2R       --T---.......--A...-G---T.................................................    153
D_ELI         ------.......--A...-G---T.................................................    150
O_ANT70C      -----GGGGCCCG-A...CG-G-T..................................................    141
O_MVP5180     -G----GCT.................................................................    141
CPZGAB        -GG---......G--...CAGT-T..................................................    147
CPZANT        -GGG--......GGA...-G---T..................................................    153
A_ROD         --G---GCA...G--AGA-AG--CATACAAGGAAGTGACAGAGGACTTACTGCACCTCGA..........    207
B_EHOA        ---G--GAA...---AGA-AG--CCTACAAGGA.........................................    291
SD_MM251      --G---AAG...---AGA-A-G-CTTACAAGGA.........................................    294
STM_STM       --G---GAG...---GAA-AC--CCTACAAGGA.........................................    249
VER_AGM3      TGC---......--AGGG-A-G-AGTTGAGGGAACAAAGGAAAAAACCACC.......................    246
GRI_AGM677    ---G--......G-A...AG--GT..................................................    255
TAN_AGMT17    A-----......G-A...-G---T...................................................    222
SAB_SAB1C     TGC---......---...ACCT-CGACCAGAGGACCAGGGCCAGACGATCCAGCAACAGCCCTGTTAAAG    178
SYK_SYK       ---G--......G--...CAGTGGGAAGGAGGA.........................................    225

POL_CONSENSUS ??????????????????????????????????????????????????????????????????    159
A_U455        ..........................................................................    150
B_HXB2R       ..........................................................................    153
D_ELI         ..........................................................................    150
O_ANT70C      ..........................................................................    141
O_MVP5180     ..........................................................................    141
CPZGAB        ..........................................................................    147
CPZANT        ..........................................................................    153
A_ROD         ......................................GCAGGGGGAGACACCATACAGGGAGCCACCAA    239
B_EHOA        ...............................................................GGTGA    296
SD_MM251      ...............................................................GGTGA    299
STM_STM       ................................................................GGTGA    254
VER_AGM3      ...................................................AGCAGTGAATCCCGATTGGA    266
GRI_AGM677    ..........................................................................    255
TAN_AGMT17    ..........................................................................    222
SAB_SAB1C     CAGTATGCTGTTCAGGGGAAACGGCAGAAACAGCAGTGGCAAAACCACTCGCCACAACAGAGCCCCTACG    248
SYK_SYK       ...............................................................GACCA    230
```

```
                                \/ prot                                <- gag cds end
POL_CONSENSUS ?ggag?cttt??c?tccctcaa?tc?ctCTTTGGaaaaGACCa?T?gtcacagtaaa?aTagagGG?ca?    217
A_U455        .-ACTC----AGTT--------A--A--------C--C----CC-T-----------A----GA--A--G    219
B_HXB2R       .-T-TC----AA-T-------GG--A--------C--C----CC-C------A----G----G---G--A    222
D_ELI         .-T-TC----AA-T--------A--A--------C--C----CC-T---G--A----A----G---A--G    219
O_ANT70C      .CT-TC-G--TG-C--------A--C--------G-C------A-A--T----C--GAG-T-G---C--C    210
O_MVP5180     .-T-CC-A--TG-C--------A--C--------G-C------A-A-------C---GG-T-G---T--T    210
CPZGAB        .AT-TC-ACCAA-C--------A--A--------C-GC----CC-CA--C-------AG----A--G--A    216
CPZANT        .ACCTC-C-CGTAT-----G--A--C--------C--------A-GA-GGA---TCTC---C----A--A    222
A_ROD         CA---GAC--GCTGCA------T--T----------------G-A-------C-T-C--T-----T--G    309
B_EHOA        CA---GA---GCTGCA------T--T---------G-------G-A----A--C--CT--T-----T--A    366
SD_MM251      CA---GA---GCTGCA------T--T---------GG------G-A-----T-CTC-T--T--A--A--G    369
STM_STM       CA---GA---GCTGCA------T--T---------G-------G-A-------CCC-T--T-----T--G    324
VER_AGM3      CA---GGA-ATT-T-TGAA-TCCCT...-------G-------A-AAAA-----TT-C-----A--GGTC    333
GRI_AGM677    .----GA-G-TT-C-TGAG-TCCCT...-------GG------A-GAAACG---C-TC-----A--AACG    321
TAN_AGMT17    .----GA--ATT-C-TGAGTTC                                                    243
SAB_SAB1C     A----G---ACAGC-------GG--T---------G-------A-GAAA--T--GT-C--------A--G    318
SYK_SYK       A-AGTCTC-ATC-C--T----GC--T---------G-------A-GA-AGA----G-TG----A--TG-C    300

POL_CONSENSUS c?a?t?gaagcttTatTaGAtACaGGaGCaGAtGAtaCagTa??????gtaga?g??ata?a???????t    267
A_U455        -TGA-A------C----------------------------CTTA...-A---CATA-ATTTG......C    280
B_HXB2R       -T-AAG------C----------------------------TTA...-A---AATG-GTTTG......C    283
D_ELI         -T-AAG------C----------------------------TTA...-A---AATG-ATTTG......C    280
O_ANT70C      -T-TGT----T---GC-G-----------------C------......C--A-CAAC---C-A......-    268
O_MVP5180     -T-TGT--G------C-G--------G----------------......T--A-TAAC---C-A......-    268
CPZGAB        -T-TGT--------GC-------------T-------------......A----GAGA---C-A......-    274
CPZANT        AA-TGTC-G---C----------------T-----C------.....-----G-GA--TC-T......-    280
A_ROD         -C-G-A----TC--G-----C-----G--T--C--CT--A--.....----CA-GA---G-G......-    367
B_EHOA        TC-G-A----TA---C----C--------T-----CT--A--.....----CA-GG---G-A......-    424
SD_MM251      -CTG-A----TA-----G--------G--T------T-TA-T.......---ACA-GA---G-G......-    427
STM_STM       -CTG-A----TAC----G--C-----G--T--C--CT--A--.......--G-CG-GG---G-G......C    382
VER_AGM3      -CCA-CAG---A-----------G--G-----------CA-TATAAAA-A--CA-ATT--C-A......-    397
GRI_AGM677    -C-G-GC----C--G--------------------C--TA--ATTCAA-A-A-G-ACT-GC-CTTTCCCC    391
SAB_SAB1C     AA-G-CACT---C-------C--------------CT-----......A--C-G-GT---G-A......-    376
SYK_SYK       -TGG-GC--ATG---G----------G-----------TA--ATTAGA-A---A-AT--TC-A......-    364

POL_CONSENSUS ta???ggaaaa???TggaaacCaAaaataaTaGG?GGaaTaGGaGG?tttaT?aa?gtaaaagaaTataa    327
A_U455        C-...------...--------------------G-----T-----T-----C--A----G-C-G---G-    344
B_HXB2R       C-...----G-...--------------G-----G-----T-----T-----C--A----G-C-G---G-    347
D_ELI         C-...------...--------------G-----G-----T-----T-----C--A----G-C-G---G-    344
O_ANT70C      -GGAA------...--------------G-----G--T--------T-----A--A------------G-    335
O_MVP5180     --GAA----G-...----C---------G-----G--T--------C-----A--A--------G-----    335
CPZGAB        --CAA---CTT...--------------G-----A-----T-----T-----C--A--C---C---T-G-    341
CPZANT        -GCAA-----C...-----G-------C---T--T-----T--G--T-----TTCC---C--C-G-----    347
A_ROD         --...--G--CAAT-AT-GC---------G----G--------G--A--C--A--TACC--G--------    434
B_EHOA        --...--C-GCAAT-AC-CC---------G----T--G--------A-----A--TACC--T-----C--    491
SD_MM251      --...--TCC-CAT-AT-CC---------G----A-----------T-----T--TACT--------C--    494
STM_STM       --...--GCT-CAA-AC-CC-----GG--G----T-----------A-----A--TACT--G----T---    449
VER_AGM3      --TCA----C-...--------------------G--C--T-----GGGAC-C--T--------G----G    464
GRI_AGM677    C-...CAT---CCA---CGTT-C--GG--G----A--T--------AGGG--TC-T--C---------C-    458
SAB_SAB1C     --...---G-CAAT----------G------T--A-----------A-G---T--T-------C---CC-    443
SYK_SYK       --...CACC--CCA---TC----------G----A---T-------AAAC--T-CA--T-GGC------G    431

POL_CONSENSUS ?aatgta?aaaTagaa?T?g?a?????????gg???????Aaaa??gtaa?aGg?aCagTatTggtaGGa    372
A_U455        TC-GA--CTT------A-TTGT...........--A...........----AGACT-T---T---------------    399
B_HXB2R       TC-GA--CTC------A-CTGT...........--ACAT.........-CT-T---T--------A------    402
D_ELI         TC-AA--CCC------A-CTGT...........--ACAG.........-CT-T---T--------A------    399
O_ANT70C      T-----GAC-G-----A-A-A-...........--A.......-GGGAG---CAG--A-----------G---    390
O_MVP5180     C-----GAC-G-----G-ACA-...........--A........-GGAA---CAG--A-----------G---    390
CPZGAB        T------C-C-----GA-A-A-...........-GAGA.........---GT---G--------A------    396
CPZANT        C--A---CCC---C--A-T-G-..........-AC......-GG-CA---CT--CA------C--T-G---    402
A_ROD         A------G--------G-TCT-.........AAT..........----AG---CGG-CC--CA--A--AC---C    489
B_EHOA        A------G--------G-A-T-...........--A..........----GA----G--CA------A--AC---G    546
SD_MM251      A------A--------G-TTT-...........--C..........----GGA-T-A---G---A-CA--AC---G    549
STM_STM       G------A-C-----GG-ATT-...........--C........-G-AAA---A---A--TA-TA--ACT---    504
VER_AGM3      TG--AGGG--G--AG-T-G-A-..........-AC..........----TTT-G-G---G--CA-----A-----    519
GRI_AGM677    GGGG---C--G--C--T-G-AG.........-AT..........----TCA-C-CC--CT--A-TC-AA-----    513
SAB_SAB1C     C---CAGG-GG--A--A-A-A-..........-AT..........----CTTGT-A--CT--CA-T---------    498
SYK_SYK       A---A-TAG-T-CACTG-T-TTAAACCCTCA--AAAAAGA--GCAA---GAG--G--TC-T--A--G--T    501
```

HIV1 POL

```
                                                                                  prot \/ p66, p51
POL_CONSENSUS cc?Ac?CC?gT?AAcATtaTtGGaAGaAAtaT?tTgacac??ttaGG????acttTAaattT?ccaataa    430
A_U455        --T--A--T--C-----A--------G-----G-----T-AGA-T--TTGT-----------T-----T-    469
B_HXB2R       --T--A--T--C-----A------------C-G-----T-AGA-T--TTGC-----------T--C--T-    472
D_ELI         --T--G--T--C-----A--C---------T-G-----C-AGA-T--CTGC-----------T-----T-    469
O_ANT70C      --T--T--T--T--T----------------A------GGA-----TTGT--AC----C--C--T----    460
O_MVP5180     --T--T--T--T--T---C----G-----C--A------GGA-----ATGT--AC-------C--T----    460
CPZGAB        --A--A--T--A--T--A--------------T-------AA--G--TTGT---C--GTG--C-----T-    466
CPZANT        --A-AC--A--A--------A--T------G-T--ATGT-TT-----ATGT-----------T-----T-    472
A_ROD         GAC--C--AA-C------T----C--------TC-----GCC-----CATGT-A------C-A---G-CG    559
B_EHOA        GAC--C--AA-A------T----C--------T--A-ATAGC-----CATG---C-------C---G--G    616
SD_MM251      GAC--T--GA-T------T----T--G---T-GC-A---GCTC-G--GATGT--C-----C-T--C---G    619
STM_STM       GAC--C--CA-T------T----C--G--CC-A------GCT--G--GATGT-A--------T---G--G    574
VER_AGM3      AGC--T--CA-A-----A--------------A--AG---CAGC---AGCC-AA---GTAA-GGGTCA-C    589
GRI_AGM677    AGT--A--AA-C--T-----A-----------T--AG-T-AGGC---CATG-AA---GT-A-GGG-G-TC    583
SAB_SAB1C     GAA--A--A--T--T-----A---------G-C--AG---AA-----AGTT---C-------GA--CA--    568
SYK_SYK       --T--G--A--A--T--AT-A-----G-----AC-T--CAAA--G--AGTC-AA---GTAA-GGTTCA--    571

POL_CONSENSUS g??c???????ataga?ccagtaaca???gTaaaatTaAAaccaGgaa?ggatggaCCaaaa?TaAaaCA    485
A_U455        -TC-T.......--T--AA-T---C--...----------------A--T------C-----GG-T-----    530
B_HXB2R       -CC-T........--T--GA-T---C--...------------G-------T------C------G-T-----    533
D_ELI         -TC-T.......--T--AA-T---C--...------------G-------T------C------G-T-----    530
O_ANT70C      -CC-C.......----CC-----GC--...------C------------T-------------G-------    521
O_MVP5180     -TC-C.......----CC-----GC--...-----GC------------T-------------G-------    521
CPZGAB        -TT-A.......--T--AA-T--CC--...--C-----G----------T------T-----GG----G--    527
CPZANT        -TAAA......G-T--AA----GC-C...--T---------GA-----T-----------G-G-------    533
A_ROD         CCAAA......G----G---A---A-...A---TGC----G-----G-AA------------C-G-G---    620
B_EHOA        CAAGG......-----A-------A-...--CC-G-----G--T-A--AA-----G------A-C-G---    677
SD_MM251      CTAAG......G----G--T----A-...--C-CC-----G-------A--T----------T-G--G--    680
STM_STM       CTAAA......G----A-------AG...--G-C--------------AA------------A-------    635
VER_AGM3      TGT-AGAA...CA-ATT--CA-T--CCCT--G---------GA---GGCTAGA-----TTTCT-------    656
GRI_AGM677    TAT-TAGTCAG--T--GGA-AC--A-...---C--C-----GA---G-AA--------T---T-G-----    650
SAB_SAB1C     -AGAG......-----A--TA---A-...--CC-C-----G------CAA-----G----GGA---GG--    629
SYK_SYK       CAG-A......T----G-----C-A-...----GTC-G-------AC-AA--ATTG--CCGGC-------    632

POL_CONSENSUS aTGGCC?tTatCaaaAGAaAAaaTagaaGC?tTaa?aGaaAT?tgtgaagAaaTggaaaaggaaggaaAa    551
A_U455        ------A--GA--G----G------A----A----C------T---A-T--G------------------    600
B_HXB2R       ------A--GA--G----------A----A---GT------T---AC---G--------------G---    603
D_ELI         ------A--GA--G-----------A----A----C------T---AC---T------------------    600
O_ANT70C      ------CC----T-----------------C--G-C--C---A---C-G---------C-A---------    591
O_MVP5180     ------CC----T-G---G-----------AC---CT-C---A---C-----------C-----------    591
CPZGAB        ------C------GC---------TA----C----C------T---C-------------------G---    597
CPZANT        ------GC-C--------G--------G--CC---A------T-----TA-GT-A---GCA---AAT--G    603
A_ROD         ------C---A-------------------AC---A------C------A----------A-----CC-G    690
B_EHOA        ------CC----C-----G------CT---CC-C-A------C------A----------A--G---C-G    747
SD_MM251       G-----A--------------G----TT--A----G------C------A-G----------T--TC-G    750
STM_STM       ------A--------------G-----G--AC---A---G--C------A-------G-----T--GC-G    705
VER_AGM3      ------CC-C--C------------A----C---CAG-----A-----CC--T-A--G--A---------    726
GRI_AGM677    ------C-------G---------T-----T----C------A--CA--C--------G----G------    720
SAB_SAB1C     ------T--G-----------------G--C----AG-CC--T--------CT-A-----AC-----C-T    699
SYK_SYK       ------A-----GGT---G---T----G--CC-C-AG-C---AGTA-----C---CTC----C----C--    702

POL_CONSENSUS aT?tcaaaaatagg?cctgaaAAtcCaTAcAAtaC?CCaat?TTtgc?ATaAagAAaAAaGAcaa?ac?a    614
A_U455        --T--------T--G--------------------T---G-A-----T-----------G----GC--T-    670
B_HXB2R       --T--------T--G--------------------T---G-A-----C----------------GT--T-    673
D_ELI         --T----G---T--G--------------------T-----A-----C----------------GT--C-    670
O_ANT70C      --T----G------A-----------T--T-----A--T--C-----T-----A--G-----TGGT--T-    661
O_MVP5180     --C----G------A-----------T--T-----A--T--T-----T-----A--G-----T-GC--T-    661
CPZGAB        --A--G--------A--------------------T--T--T-----A--C--A--G-------GT--T-    667
CPZANT        --T--T-G------G--A--T--C-----------A-----T-----A-----A--G-------CTT-A-    673
A_ROD         C-AGAGG--GC-CCT--AACT-----T--T-----C--C-CA-----A--C--------G-----A-AC-    760
B_EHOA        T-AGA-G-GGCGCCT---ACT------------T-G--C-CC--C--C-----A--G--------A-AC-    817
SD_MM251      T-GGAGG--GCTCCC--GACC-----------C--C--C-CA-----C--------------T--G-AC-    820
STM_STM       C-AGA-G--GCTCCT--AAC------T--------C--C-CT-----T-----------G-----A-AC-    775
VER_AGM3      --TAGC--G-----AGGA--G---G-------C--T---G-G---TGC-----------------GT-AC    796
GRI_AGM677    T-A--T-GG-----AGGA--------T--T-----A---G-G-----C-----------G--T--A--AC    790
SAB_SAB1C     T-GGA--G------G--A-----------T--C--C---G-C-----A----G---G-----T--A--TC    769
SYK_SYK       T-GGAG---GCTA-T---ACC-----T--T-----C---G-A----TA--T-G------G-----A-AG-    772
```

```
POL_CONSENSUS AaTGGAGaAtgcTagTaGAtTTcAGagAacTaAAtaagagaAC?CAaGA?TTtt?gGAagT?CAgtTaGG    680
A_U455        -------G-AAT-------------------C-----A-----T--G--C--C-G------T--A-----    740
B_HXB2R       ---------AAT-------------------T-----------T-----C--C-G------T--A-----    743
D_ELI         -G-------AAT-------------------T-----------T-----T--C-G------T--A-----    740
O_ANT70C      ---------AAT-G--------T--G---T-------------A-----G--C-G---G--A---C----    731
O_MVP5180     -G-------AAT-G-----C---------T-------A-----A-----T--C-G---G--G--A-----    731
CPZGAB        ---------AAT-------C-----------------------A-----C----G------G-------    737
CPZANT        ---------A------T------------T-------A-----A-----T----G---GA-A--A-----    743
A_ROD         -------G------A-------------------C---GT---T-----T--CACA---A-T--------    830
B_EHOA        -------G------A-------------------C---GT---C-----A---ACA--G--C---C-G--    887
SD_MM251      -------------GA-------T--G----------G-GTC--T--G--C---ACA-----C--A-----    890
STM_STM       -G-----G-----GA----------------------AGTG--A-----T---ACA---A-T---C----    845
VER_AGM3      -----------T----------T--G--------C--AGC---A-----T----TC-----A--------    866
GRI_AGM677    -------------T-----------G--------C--AGCT--T-----C----TT--G--T---C-G--    860
SAB_SAB1C     -G--------A--CA-G--C-----GC-GT-------A--T--T-----C---CA------C--------    839
SYK_SYK       -------G-----CA-T-----T---A--T-----G--GCC--A-----T----TC--G--A--A--G--    842

POL_CONSENSUS aATaCC?CAccCagcaGG?tTa?aaaaaaagaaa??a?T?ACagTa?TaGAtgTagg?GAtGC?TAtTtt    740
A_U455        ---C--G--TA----G--TC--A----G--A---TC-G-A------C-------G--G--C--A------    810
B_HXB2R       ------A--T--C-----G---A----G--A---TC-G-A------C-G-----G--T-----A------    813
D_ELI         ------G--T--T-----GC-GA----G--A---TC-G-A------C-G-----G--T-----A------    810
O_ANT70C      T--C--A--T--G-GG--T--GA-GC-----C--TCTG-T-----CT----------A-----T-----C    801
O_MVP5180     T--T--A--T----GG--T---A-GC---G-C--TCTG-T-----CT----------A-----T-----C    801
CPZGAB        C-----T-----------G---A----G--A---TC-G-G------T----------A-----C--C--C    807
CPZANT        ---T--T--T-----C--A---A-GC--------TC-G-G------T-G-----G--A-----C-----C    813
A_ROD         ---T--A-----------G--GGCC--G----G-AG-A-T--T---C----------G-----T--C---    900
B_EHOA        T--T--T-----------AC-GGC-TC-------AG-A-A------C----------A-----C--C--C    957
SD_MM251      ------A-----T-----AC--GC-----G----AGGA-T------C-G---A----T-----A-----C    960
STM_STM       T-----A-----T-----AC--GC---G-G--G-AG-A-C------T-G--------G-----A------    915
VER_AGM3      C-----T--T---T----G--CG----G-T--CGGA-A-A------T----CA----G-----C----A-    936
GRI_AGM677    ---T--T--------G--CC-TC-G--------GCA-A-C------A----CA----G-----C----A-    930
SAB_SAB1C     G-----C-----------C---C-GC---G-G-GCAGA-T-----GT-G--CA----A-----C------    909
SYK_SYK       ------C-------G---AC--...---CG-C--AA-C-A---A-TA-----T--AAA-----A----AC    909

POL_CONSENSUS tca?t?CC?tTagat?aagacTTtagaaaaTAtACtGC?TTtAC?aT?cCaag?gTaAAtAATgag?c?C    800
A_U455        ---G-T--T------G--AG---------G--------G--C--C--A--T--TA----C------A-A-    880
B_HXB2R       ---G-T--C------G-------C--G--G--------A-----C--A--T--TA----C------A-A-    883
D_ELI         ---G-T--C------G----T-----G--------C--C-----C--AT-T--TA----C------A-A-    880
O_ANT70C      ---TGT--C-----CCC---T-----------------T--C--T--T--T--T--G---------A-C-    871
O_MVP5180     ---TGC--T------CC---------------C-----C--C--T--T--T--T--G--C------A-C-    871
CPZGAB        --TTGT--CC-G---A----T--C--G-----------A-----A--T--C--TA-----------A-C-    877
CPZANT        --CA-A--C------C-G-----------------A--T--C--A--T-----C--G--C------A-C-    883
A_ROD         --CA-A--AC--C--G-G---------CC---------A-----TC-A---TCA--G--C----CAGAA-    970
B_EHOA        AGTG-C--AC-----CC------C---C-------A--A-----TT-G---GCA----------CAGAA-   1027
SD_MM251      --CA-A--TC-----G----A-----GC-G--C-----C-----TT-A---TCA----------CAGAG-   1030
STM_STM       --CA-A--CC-----G-G-G------GC-G--------T--C--CT-A---TCA-----C----CAGAA-    985
VER_AGM3      ---A-A--A-----CCC---G--------G-----C--T-----C--T---TCA---------C-AGGG-   1006
GRI_AGM677    ---A-A--A---TGCA-G--A--C-----------A--A-----C--C--CTCA---------ACAGGG-   1000
SAB_SAB1C     AGCTGC--T------CC-------CAG--------A--A--C--C--C---TCA--C------AG-GAG-    979
SYK_SYK       ---G-C--CC-G--CA----G-----GCC---C--G--A-----AG-G-----CA---------CCT-C-    979

POL_CONSENSUS CaGGaataaGaTAtcagTacAatgt?cT?CCaCAgGGaTGGAAaGGaTCaCCagCaAT?TTcCAaa??ac    865
A_U455        -----G-C--G--------------G--T--G---------------------T----A-----G-GT-G    950
B_HXB2R       ----G--T-----------------G--T-----------------------------A-------GT-G    953
D_ELI         ----G--T-----------------G--T------------------------G-----A-------GT-G    950
O_ANT70C      -------------C-----------C--C--G--A-----------T--------T--A-------GTT-    941
O_MVP5180     -----G-------C-----------C--C--G--A--G--------T--------C--A--T--G-GTT-    941
CPZGAB        -----G-T--------A--T-----TT-G-----A-----------G--T---T-T--C-------GC-G    947
CPZANT        --------------TGT--T-----T--A-----A--C-----------------T--T--T---GCA-G    953
A_ROD         ------A------CATA--T--A--CT-G--------------G--------------T--T---CAC--   1040
B_EHOA        ------AG-------TT-----A--C--A--------------G-----C--------T-----GTAC--   1097
SD_MM251      ------A-C----CATT--T--G--T--G--T--G--T------------G--G--------C--C------TAC--   1100
STM_STM       ------A------CATC-----G--T--G--------------G--------------T--T---TAT--   1055
VER_AGM3      ----T-CT----------T---CTGT--T-----A--------G-----C---A-T--T--T--G-AC--   1076
GRI_AGM677    ----G-----G-------T----TGT--G--T-----------------T--TA----T-----G-AT--   1070
SAB_SAB1C     ----C--------------T--G--G--C--------G--------C-----CA----T--T--G-CA--   1049
SYK_SYK       -G---GA---------A-TT-CA--GT-A--------------------T--CA-T--C-------GC--   1049
```

HIV1 POL

```
POL_CONSENSUS ?atgacaaa?aT?cTaga?ccatT?Agaaaa?a?aatccaga??Tag?taT?t?tCAaTAcATgGAtGAc    923
A_U455        C--------A--CT----G--C--T---TC-C-AC-------CA---T---C-A----------------   1020
B_HXB2R       C--------A--CT----G--T--T------C-A--------CA---T---C-A----------------T   1023
D_ELI         C--------A--CT----G--C--T------C-A--------AA-G-T---C-A----------------T   1020
O_ANT70C      A--------A--T-----T-----C--G-G-G-C--C-----AT---AA--T-G---G------------   1011
O_MVP5180     A--------G--T-----T-----T------AGC--C-----AG---AA--T-A---G-----A------   1011
CPZGAB        T--------A--T-----A--C--C---G--A-G-----T--CA-TAC---T-AC--G------------   1017
CPZANT        C-----C--G--CT---CA-----T--GG-TA-GT------CAG---AA--T-A----------------T   1023
A_ROD         A----G-C-GG-AT----A-----C------GCA--CAAG--TG-CAT---CAT---G-----------T   1110
B_EHOA        C---G----GG-A-----C--T--C------GCC--CAAT--TG-CAC---AATC--G------------   1167
SD_MM251      T----G-C-TG-G-----A--C--C--G--GGCA--------TG-GACCT-AGTC--G--T---------   1170
STM_STM       A----G---T--AT----G-----C--G-G-GCC--C-----TG--AC-C-GATC--------------T   1125
VER_AGM3      AGCAG-TTCC--T-----AGA-A-A-A---GG-GTTAAA-CCCC--ACC--TGTG----------------   1146
GRI_AGM677    GGCAG----C--TT----GGAGA-C-A--GGC-C-C---T-GGT---AA--TGTC-----------C--T   1140
SAB_SAB1C     AGCC-AC--A--T--GC-GGA---T--GC--A-G--C-----TG---A---A-A---------------T   1119
SYK_SYK       A--A-ATC-G--A---C-G-----T-----GA-GT--T----TC-CAC-C-AATA--G------------   1119

POL_CONSENSUS ?T?t??gTaGg?tctgA??????aga??t?g??catcataga??a???gTagaa?agcTaagagaacatc    971
A_U455        T-G-AT--G--A-----T...TT---AA-A-GG--A------GC-AAAA----GG-AT------CT----   1087
B_HXB2R       T-G-AT-----A-----C...TT---AA-A-GG--G------AC-AAAA----GG----G---C------   1090
D_ELI         T-G-AT-----A-----C...TT---AA-A-GG--G-----GAC-AAAA----GA-AT------------   1087
O_ANT70C      C-A-AT-----A--A--T...TT-CCCC-GACAG-A------AA-AGGA-T---TT---T--------C-   1078
O_MVP5180     T-A-AT-----A--A--T...TT-CCAT-G-CAG-A------AAGAGG--C---TT---T--G------T   1078
CPZGAB        C-A-AT--G--G-----T...CTT--AA-T-AT--A------AA-AAG--G---G-A------C-----T   1084
CPZANT        C-C-AT-----A-----T...ATG--AA-TACTGCA------GA-ATGA-----A----T---C-----T   1090
A_ROD         A-C-TAA---CTAG---CAGGAC---TT-A-AA---G----GGT-...--CCTGC----C-AG----T--   1177
B_EHOA        A-TCTC--G-CAAG---CAGGAGC--TC-G-AG---G-C--GGT-...--GTCTC-A----A---G-TAT   1234
SD_MM251       A-C-TAA---CTAG---CAGGAC---CC-G-AA---G-C--GGT-...--TTT-C------AG----TCT   1237
STM_STM       A-C-TGA---CCAG---CAGAAC---TC-A-AG---G-C--GGT-...--TTT-C--T-G-AG----TC-   1192
VER_AGM3      C-A-GG-----G---C-GGAAGAT--ATACACG---G--C-GTTG...------C-A------ATGA-AT   1213
GRI_AGM677    T-G-GGT-G-CG--A--CCATGAT--GACTAGA---A--CA-CAG...-----CATAG-----A-GATG-   1207
SAB_SAB1C     A-G-TAA---CCAG---TAGGCC-A-GGCA-AA----TAGT-ATG...---C-GC--T-------CT---   1186
SYK_SYK       T-A-TGA-T--CA----TAGATC---GAAG-CA-----GGAGAT-...---C--C-AA--GTGAC-GCA-   1186

POL_CONSENSUS Ta?ata??tggGGatT?ac?accCCagA?aAaAAa??tCAgaaagAacctCCatttcaaTGGaTgGG?TA   1032
A_U455        --TTG-GC--------C-TT--------C-----GCA--------------------TT--------G--   1157
B_HXB2R       -GTTG-GG------C-T--C--A-----C------CA------------------C-TT--------T--   1160
D_ELI         --TTG-GG--------T--C-GA-----T------CA------------C-------TT--------T--   1157
O_ANT70C      --T--CAG--------C--T-----T--C-----GCA---A--G--------C----T---------G--   1148
O_MVP5180     --T--CAG--------T--T-----T--T-----GCA------G--------C---TT---------A--   1148
CPZGAB        -GCT--AA-----G--C--A--------C------CA---A--G--G--A--C---TT---------A--   1154
CPZANT        --C-GGTC------C-AGAG--T--T--C-----GCA-----------------------------A--   1160
A_ROD         --A--GGCCTA-----TT-T--------TG-G--GTTC--A-----C-------AC--C--------C--   1247
B_EHOA        --A---ACAT------CT-T--T-----AG----GTTC--A-----C--------CA----------G--   1304
SD_MM251      --A---GCATA--G--CT-T--------AG-G---TTC--A-----T--C-----------------G--   1307
STM_STM       --A---AT-TA-----TT-C-----T--AG-G---TT------G--T--------------------A--   1262
VER_AGM3      --AG-GCC--------AGAA--A-----C--G---GTA------A----A--T-A-G-G--------A--   1283
GRI_AGM677    -GCTAGAAAAA--TC-AGAA--------C--G---GTC--A-G------G----GGG----------G--   1277
SAB_SAB1C     --G-A-CT-----G--T-AA-----T--A--G--GTT---A--G--T--A----AC-TC--------G--   1256
SYK_SYK       --TTA-AAGT------T-AGGT----A-AG-----TGG---G-CC--TA----A-G--G---T-A--T--   1256

POL_CONSENSUS tgaacT?catCCaga?AAaTGGaca?T?cagaa?ATa?aatT?ccagaa???aaaGA?g?????tggACa   1086
A_U455        ------T-----T--C---------G-T---CCT---C-GC-G------...-----CAGC...-----T   1221
B_HXB2R       ------C-----T--T---------G-A---CCT---GTGC-G------...-----CAGC...------T   1224
D_ELI         ------C-----T--T---------G-A---TCT---A--C-G------...--G--GAGC...------T   1221
O_ANT70C      ---G--C--------C---------G-A---TCC--CC----G--TA-C...--G--T-TG...-------   1212
O_MVP5180     ---G--C--C-----C--G------G-A---CCC--CC----G--T--C...------A-TG...-------   1212
CPZGAB        ---G--C--C-----C---------G-C---CCT--TC----A------...-----G-TA...------T   1218
CPZANT        ---GT-A--------C--------TG-A-----A---A-GC-A-----G...CC---T-AT...-------   1224
A_ROD         ------ATGG---ACT-------AGT-G-----A---C-G--G--CC--...-----AATA...-------   1311
B_EHOA        ---G--CTGG---A-G-------A-C-G--A--A---C-GC-A------...-----G-TT...-------   1368
SD_MM251      C---T-GTGG--GACA-------AGT-G--A--G---G-G--G---C--...-G---GACC...-------   1371
STM_STM       ---GT-ATGG---ACA--G----A-C-G--A--A---G----A--TC-G...-G---C-TT...-------   1326
VER_AGM3      CA--T-GTGG---C-C--G---CAGA-AAGC-GC---G----AGA---C...-----A-AA...------T   1347
GRI_AGM677    -A--T-G-----GA-T--------CA-TA-C--A---G----A--CCCC...TT---A-GAGAA------   1344
SAB_SAB1C     ----T-GT-----A-G------CA-C-G---G-G--CACCC-A------...-GG--A-AA...-------   1320
SYK_SYK       CACT--T--------C--G---CAGT-G-----A---G--C-C--TA-TATAG-T--C-AA...ATC---   1323
```

```
POL_CONSENSUS GT?AAtgAtaTaCAgAaatTagTaGgaaaatTaAAtTGGGCAagtCAaaTtTatccaGGaaTtAaaac?A   1154
A_U455        --C---------------------------C----------------G------G----G------GTA-   1291
B_HXB2R       --C-----C--------G-----G--G-----G--------------G-----C-----G------GTA-   1294
D_ELI         --C--------------C-----G-AG-G------C--------C--G------------------GTA-   1291
O_ANT70C      --A-----------A---C--A-------GC-------------------C----A--------G-GTG-   1282
O_MVP5180     --A-----------A-----------------------------------C----A--------G-GTA-   1282
CPZGAB        --C-----------A---C-GA-------G-----------------G--------------A----TA-   1288
CPZANT        --T-----C--C------C----------------------------G--C--C--------C-----T-   1294
A_ROD         --C-----C--C-----GC----G--TGTCC-----------GCA---C-C--C-----G--A--G--C-   1381
B_EHOA        --A-----C--T-----G-----G---GT-------------GC----C---TC--G--G-----G--C-   1438
SD_MM251      --G--------------G---------GT-------------GC---------------T--A-----C-   1441
STM_STM       --G--------C--A---C-G-----GGTC-----C------GCA-----------------------T-   1396
VER_AGM3      --A-----------A-G-C----G--G---C-----------GCA--GC----C------C-C-G---T-   1417
GRI_AGM677    --A--CA-A--------GG--------GTTC-------------------------------------C-   1414
SAB_SAB1C     --G--------T--A--------------G-----------------------CA----G--A--G--T-   1390
SYK_SYK       --G---C-GT----------GA-----GT-C-T-----------C--G------T----------G--A-   1393

POL_CONSENSUS aacA?tt?TGtaaa?taaT?AGaGGaac?Aaaa?????cTaacaGAagtagTacc?ttgAcagaagaaGC   1213
A_U455        -G--AC-G------C-TC-C--G---G-C---GCA...--------TA-----A-CC----T--------   1358
B_HXB2R       GG--A--A------C-CC-T--------C---GCA...------------A----AC-A-----------   1361
D_ELI         G---A--A------C-CC-T--G-----C---GCA...------------A----AC-A-----------   1358
O_ANT70C      G-G-A--G-----GT----T-----C--C--GTCA...T----------------T--A-GTAG---G--   1349
O_MVP5180     --G-A--G--C--GT----C--------C---TCA...T-G-----G--------T--A-GTA----G--   1349
CPZGAB        -G--A--A-----GC-G--A--------A--G-AA...--G-----T-----T--TC-C---CC------   1355
CPZANT        -G--G--G----G-C-C--C------GTC--G-GT...---------TAG-----AAA----TAGG-----   1361
A_ROD         ----C--A----GGT----C------...----TGACA--C-------A-----AG-G-------TT---   1448
B_EHOA        GG--TA-A------C----A--G---...--G-TGACC----------AG----AA-G---T---TTG--   1505
SD_MM251      ----TC-C----GGT----T------...----TGACT--------G-A---T-AG-G---T--GATG--   1508
STM_STM       ----TC-G--C---T----C-----T...--G-TGGCA--G--T--G-AG----AG-G-------ATG--   1463
VER_AGM3      --A-C--G------T----C-------AA--G-AC...T--CT----AC----A-C-G------G-----   1484
GRI_AGM677    ----TACC---GCCA-GT-G-----G-AA--G-AC...--CCT-----A-A--GTA-G---------G--   1481
SAB_SAB1C     ----T--G----G-C----T------G-T-G-CCT...T-G-----GA----C-AA-G---------G--   1457
SYK_SYK       --G-GC-C-----GTGT--C--------T---CAA...T-----------C-CA-AC-T-------C---   1460

POL_CONSENSUS aGAa?taGAatt?gaagAaAAcagaga?At?????????cTaaaa?a?gaacaagaa???GGa???TAt   1262
A_U455        ----T-------G-C---G-----G--G--T.......------...--C-CT-TGCAT---GTA---   1416
B_HXB2R       ---GC-----C-G-C------------G--T.......------...----C--T-CAT---GTG---   1419
D_ELI         ----T-----C-G-C---------G--A--T........T-----...----C--T-CAT---GTG---   1416
O_ANT70C      ---GC-G-----A--G-----------A-GG.........T-----...C---C--TGCAT--GGTA--C   1407
O_MVP5180     ----C-------A--------------A-AG.......------...--G-C--T-CAT---GTA---   1407
CPZGAB        ----T-------A-C------T--G--G--A.........G---GC...AC--C--T-CAT--GGTA--C   1413
CPZANT        ----T-------A--------T-A-C-A--TNNNNNNNNN---C-GC-GA--AT---G...---TAC--C   1428
A_ROD         ----GC---GC-A------------ATT--C.----------GCC-G--------G...---CAC---   1506
B_EHOA        ---GGC------CC-G-------A-ATC--C.----------G--C-A--G--G---...---TCC---   1563
SD_MM251      ----GC-----AT--G-----T-AGATA--T----------C-GTC-G---------...---TGT---   1566
STM_STM       ---GGC-----AT-C------T-A-ATT--T----------C-GTC-G--G--G---...--GCAA--C   1521
VER_AGM3      ----GC-----AT-C--------A---G--C.........T-----ACG-----G---...--GACC--C   1542
GRI_AGM677    ---GGC-----ATA-GA-C--TCA--GG--A.........G-GC-GG-AAC-------...---ACA--C   1539
SAB_SAB1C     ----C-------A--------T---C-G--C.........T---G-C-AA-G--GC-G...---CAA---   1515
SYK_SYK       T--GGC------A-----G--T---C-A--C.........T----GG-A-----G-C-...--GTCT---   1518

POL_CONSENSUS TAt?a?ccag??aaaga?tTa??aGcaa?aaT?cagAAaca?gg?ga?gg?CAaTGGacaTAtcaaaT?t   1318
A_U455        ---G-C---TCA-----CC--GT----GA---A--------A--GC-A-AC-----------------T-   1486
B_HXB2R       ---G-C---TCA-----C---AT----GA---A-----G--G--GC-A--C-----------------T-   1489
D_ELI         ---G-C---TCA-----C---AT----GA---A--------A--GC-C--C-----------C-----T-   1486
O_ANT70C      ---C-A--T-AT--G--TC--TGG-TT-AT--T-----G--A--A-GG-AG--------T--C--G--A-   1477
O_MVP5180     --CC-G--T-AC-----C--GTGG-TT-GT--T-----G--T--A--A--G--------T--C--GG-A-   1477
CPZGAB        ---G-T----AC-----GC-TAT----GA---A--------G--CA-CT-C--G-----T-----G--A-   1483
CPZANT        ---C-G--T-GTCT-CCAC--AA-----CC--A--------A--GTCA--A--------C--------A-   1498
A_ROD         --CC-AGA--AA-----GC--GA-----C-G-C--A--GG-TCAA--GAAT--G---------A----AC   1576
B_EHOA        --CA-AGA--GGGT-CCT---GA-----C-G-G------A-TCTA-CAAAT--G--------CA-G--TC   1633
SD_MM251      --CC-AGA--GC--GCCA---GA---C-CGG-AATA--GAGTCAG--CAAT--G---T-T---A----TC   1636
STM_STM       --CCGAGA--AC--GCCTC--GAG----C-G-AGT----G-TCAG--CAAT------T-C---A-G--AC   1591
VER_AGM3      --CA-A----GA-G-CCCA-CAG----GC-G-G--A----TA-AA-GA--T-------GT--C---T-CA   1612
GRI_AGM677    ---G-C--TCTC-----A---AT-----C-G-T--A--G--A--A--A--G-----------C---T-CA   1609
SAB_SAB1C     ---G-C--T-CTCTTCCT---AGG--T-AGG-T-TT----TG--A--T--C------GG------G--A-   1585
SYK_SYK       ---G-C--TAAA---CCT---GA----CAC--CACT----TA--GTCCCAG------GG---CATG--TA   1588
```

HIV1 POL

```
POL_CONSENSUS atCAagaagaa??????aaaat?cT?AaagcaGGaAaatatgCaAag???aa?????C?CAcAc?AATGa   1370
A_U455        -------GCC-TTT...----AT--G---A---------------GAAAA-GGTCTG-T-----T-----   1553
B_HXB2R       -------GCC-TTT...----AT--G---A---------------GAATG-GGGGTG-C-----T-----   1556
D_ELI         --------CC-TTT...----AT--G---A-------G-------GAATG-GGGGTG-C-----T-----   1553
O_ANT70C      ----G------CAT...--G-AC--C---A----G------A-T-G-CAA--GGCCT-C-----A-----   1544
O_MVP5180     ----G--T---CAT...--G-AC--T---A-------------T-G-CAA--GGCCT-C-----A-----   1544
CPZGAB        T---G---CC-CAT...--G-ATT-G--GA----G--------C-GACAA-GGTCAG-A-----A-----   1550
CPZANT        -----A-T---GGA...---C-GT-A----------------T-G-CCT-CAGGAA-T-----T-----   1565
A_ROD         -C--G------.....-----T--A----T----------------GTG--AAACA-C--T--C----G   1640
B_EHOA        ----G-G---T.....-----C--A----T----------------GTT--AAACA-T-----C----G   1697
SD_MM251      -C--------C.....-----A--G----T--------T-------ATA--GAATA-A--T--C----G   1700
STM_STM       -C--------C.....-----AT-G----T---C--G-T------AATA--AAACA-A--T--A----G   1655
VER_AGM3      -G-----G-G-......C--G-AT-A----T---T-----CA-----CAG--AAACA-T--T--C-----   1676
GRI_AGM677    CC-------GG......GC-G-AT-A--G-TG----G------C---CAA-GAGAAA-T--T--T-----   1673
SAB_SAB1C     -C--GCC----AAT...-----A--G--G-TT--C-----------AATC--AACAG-A-----C-----   1652
SYK_SYK       -G-----GC--AAAGGCCC-CCC--A-T-A-------GACA-----AACCTTTGCAG-A--T-GT-----   1658

POL_CONSENSUS ??taagac?atTagCaga?gtagT?cAaAaaaTagg?aaagAA?c?aTagt?at?TGGGGaaagat?CCa   1429
A_U455        TG---A--A----A----A--G--G------G-GTCC-C----AGC-----A--A-----------C--T   1623
B_HXB2R       TG---A--A----A----G-C---G---------ACC-C----AGC-----A--A----------CT--T   1626
D_ELI         TG---AG-A---------G-C---G----G----TCC-C----AGC-----G--A-------G--CT--T   1623
O_ANT70C      TA------A---------A---A-C--G--GG-GTCTC-----T-T---A-T--C--------AT-G--T   1614
O_MVP5180     TA------A---G-----A-----C--G--GG-GTCTC-----G-T-----T--A-----G--AT-A--T   1614
CPZGAB        CA-C--G-A-C-G--G--A-C---A--------T-CT-CT---AGC-----A--T--------A-CA--T   1620
CPZANT        GG-T--G-A------T-GA-----G-----------ATT----AGT-----T--C------G--G-A---   1635
A_ROD         AA-C---TTG------C-G-----T--G--------A------G-AC----C--T------CGA--A---   1710
B_EHOA        AG------T---G--TC-T-----C-----------A--G---G-AT-G--C--C------G----A---   1767
SD_MM251      AG-T----T-------C-T---A-A--G--------A--G---G-A-----G--C------C--G-C---   1770
STM_STM       AG-T---TT---G---C-T--GA-T--G--G-----G------G-A-----G--C------C----C---   1725
VER_AGM3      GT-CC-TGT---G----GAT----A------C-TT-T------T-TT----T--A------G--T-G---   1746
GRI_AGM677    TC----GACTC-----C-CC-T--C--------CT-T--G---G-AC-TACC--T-------GAC-T---   1743
SAB_SAB1C     AT-----ATG-------GCC----A--G--G-----A--G---AGC-----C--C------C----A--T   1722
SYK_SYK       CTATCA-TCTC-T--TC-AT-GT-AA-T--------G-TCC--T-AC--TGGTAT---------G-A---   1728

POL_CONSENSUS aaatTt?a?cT?CCagTa?a?AgagAaacaTGGGAa??aTGGTGG?cagA?TAtTGGCAgGc?accTGGa   1489
A_U455        ------AGA--A--CA--C-A-AG------------GC-------ATG--G-----------T-------   1693
B_HXB2R       ------A-A--G--CA--C-A-AG------------AC-------A----G--------A--C-------   1696
D_ELI         ------AGA--A--CA--C-A-AG------------AC-------G----G--------A--C--T----   1693
O_ANT70C      ------A-G--G-----CACT--------T------AC-------G-G--C--------A--C-------   1684
O_MVP5180     -----CAGG--G-----TACT--------T------ACT------G----A-----------C-------   1684
CPZGAB        ------AGGT-A------C-G-A-----GT------GC-------G----A--C--------A-------   1690
CPZANT        ------C-AT-A--CA--ACT--G-----T-----TGCC------T----C-----------C-------   1705
A_ROD         ------C-C--A------G-G-------TC-----GCAG------GATA-C--C-----A-TG--A----   1780
B_EHOA        -TG--CC-T--A------G-A-----G--------TCAG------A----T--C-----A-TA-------   1837
SD_MM251      -----CC-CT-A-----TG-G--G--TGT-------CAG------A----C----------TA-------   1840
STM_STM       -----CC-CT-G------G-G-----GGTC------CA-------G----T----------TA--A----   1795
VER_AGM3      GTCC--G-A--C---A--G-G--G---GT-------CA-------G-T--T--C-------TA-GT----   1816
GRI_AGM677    CG-G-AC-A--C------G-C-AGA----------TATG------CAG--C--------A-TAT------   1813
SAB_SAB1C     -TTA-GG-A--G------G-A-----GCTC------CA-------T-T--C----------TC-------   1792
SYK_SYK       -C---CC-T--C------A-A-----GGA-------AA-------A----C--------A--C--A---G   1798

                                        <- CRS
POL_CONSENSUS T?CCaGAatgggA?tTtgTca?tACcCC?CcatTagT?AaattatggTacaa?tTagtaaaaGAaCCcaT   1553
A_U455        -T--T--------G-------A------T--CC----A------------C-G----AG-----C-----   1763
B_HXB2R       -T--T--G-----G-----T-A------T--C-----G------------C-G----AG-----------   1766
D_ELI         -T--T--G-----A-------A------T--T-----A------------C-G----AG--G--------   1763
O_ANT70C      -T-----------A-------GC--A--C-----GA-C-------------GGC---A--GT-----T--   1754
O_MVP5180     -T--T--------A-------GC--A--C-----GA-C------------C-G----A--C------T--   1754
CPZGAB        -C--T--------A---A---A------A--C-----C-------------GT----AG-C------T--   1760
CPZANT        -A-----------G-----T-A---A--C------A-T-G-C-C-----T--TC--T-GGC---C--T--   1775
A_ROD         -C-----C-----C--C--GTC------A---C-G--C-GG---GC--TT--CC-G---GGG--T--T--   1850
B_EHOA        -C-----------T------TCA-----A------A-A-GG---GCC--T--CC-G--C-----C---C-   1907
SD_MM251      -A--G--G-----T---A--TCA--G--A---C----A-G----GTC-T---TC----G--G--C--T--   1910
STM_STM       -A-----------T-----ATCC--A--T--T-----A-G----GTC-TT--T---------------T-   1865
VER_AGM3      -T-----C-----A-------G------A--CC----A-----------T-CCC-GAC------------   1886
GRI_AGM677    -A----------G-----T-GC--A--A-TCC----A---C-G-----TTCC--------------A--   1883
SAB_SAB1C     -C--G--------AA-G----G---T--T-A---GA-T-G---G--------A-----------T-----   1862
SYK_SYK       -A------GTCA-A--CA-A-G------G-----G--T-GG-GG-AC--T--C--G---CC---------   1868
```

```
POL_CONSENSUS a??aggagcaGaaaccTttTAtgtaGATGGagCagctaatAgaga?ac?aaa??aGGaAAaGCaGGaTAt   1617
A_U455        -GC---------G--A--C-----------G-----------G--A--T--GCT------------G---   1833
B_HXB2R       -GT---------------C-----------G--------C--G--G--T---TT----------------   1836
D_ELI         -AT------------T--C-----------G--------------G--T---TT----------------   1833
O_ANT70C      TATG--G----------A---------------------------G--A---CT------G---------   1824
O_MVP5180     TGT---G-----------------------------------GA-T--A---CT------G--G------   1824
CPZGAB        -CC-ACCA----T--T-A------------------A-----G--A--A---ACT--G------------   1830
CPZANT        TCC--AG--T--------------T-----G------------A-CT-TC--TTG--G--G-----C---   1845
A_ROD         -CC---T-----G-----C--CAC-------T-CTGC-----GC-AT-A---GA----------------   1920
B_EHOA        -GA-----T------T-AC--CAC-------T-CTG---C-A--CCT-A---GA---G------------   1977
SD_MM251      -GAG----A--------A----AC-------T--TG-----A-C-GT-A---GA---G------------   1980
STM_STM       GGA----A-------A--------G-----CT--TG---C--GC-AT-T---GA---G--------C--C   1935
VER_AGM3      -CC-AAG-A---TGT--AC-----G--------TTG-------A-TT-A-GGGA----------------   1956
GRI_AGM677    CAA-----A---TGTT-A------G-----G-----ATCC-A--TG--C---TT---T--G---------   1953
SAB_SAB1C     CCC-----A--C-GT--A------------G------------A-TT-C---GA---------------C   1932
SYK_SYK       -CC--A-----T------C--C-----------------------C-GC--GAC------T---------   1938

POL_CONSENSUS gT?aCaga?agaGGaaaaca?AaagT?a?a???tTagaa?A?AC?AC?AAtCAacAagCaGAatTa?a?G   1673
A_U455        --C--T--C-------G---A--G--TGTTTCCC--ACTG-G--A--A------A-GA-T------C-T-   1903
B_HXB2R       --T--TA-T-------G---A-----TGTCACCC--ACTG-C--A--A-----GA-GA-T--G---C-A-   1906
D_ELI         --T--T--C-------G---G-----TGTCCCT--GACTG-C--G--A-----GA-GA-T--G---C-A-   1903
O_ANT70C      --T-----ACA---G-----G--GA-A-T-AAA-----TG-G--C--C------A----T------ATG-   1894
O_MVP5180     --T-----ACA---------G--CA-A-T-AAG------G-G--A--C------A-G--T------ATG-   1894
CPZGAB        --A-----C-A---G-----A---A-C-TTAGC------A-T--C--T-----G------------A-G-   1900
CPZANT        --G-----C-------G-AGT-GG--A-A-CACC--C--A-G--C--C------------------C-G-   1915
A_ROD         --A-----T-----G---G-C--G--A-AGAAAC----GC-A--T--C-----G---------C--G-A-   1990
B_EHOA        --C-----C--G-----GG-T-----T-A-CCA------C-A--A--A-----G--------GC-TG-A-   2047
SD_MM251      A-C-----T--G--C---G-C-----A-A-GTG------C-G--T--T------------------G-A-   2050
STM_STM       A-A--T--T---------A-C-----A-A-GCT------C-G--T--T------------------G-A-   2005
VER_AGM3      A-C---C-ATAT--G-----A-GG--GGA-AAA------A-T--A--A--C--G------------ATG-   2026
GRI_AGM677    C-GT----G---------AGT-G-A-T-GGGAA------A-C--C--T--C---------------ACA-   2023
SAB_SAB1C     T-A-----T-----GG-T--A--G--GGT-GCA-----GA-T--T--C--C--GA-------G---G-G-   2002
SYK_SYK       --AG--AGTGAT--G-C---G-G---ACAGTATC-G--GC-A--A--A--C-----G---------G-G-   2008

POL_CONSENSUS c??Tt???aTgGC?tTgcagGAttc?gga??aaaagtaAAtATagTaacaGAtTCaCAaTAtgcattggg   1734
A_U455        -AA-CCATC-A--C-----------A---TC-G-------------------C-----G--------A--   1973
B_HXB2R       -AA--TATC-A--T-----------G---TT-G-------C-----------C--------------A--   1976
D_ELI         -AA--AATC-A--C-----------G---TT-G-------C--------------------------A--   1973
O_ANT70C      -GA-ATTAC-A--C--A--------CAA-GA--C-----------------------------------   1964
O_MVP5180     -TG-ATTA--A--C-----------CAAGGAGC-------C-----------C----------T------   1964
CPZGAB        -TT-GCTTC----C-----------A-ATCA-C-G--T--C-----G--T--C----------TG--A--   1970
CPZANT        -GA--CTT-----TC-AG-------AAC-GGCCC---C--------C-----------------------   1985
A_ROD         -CT--GCG-----AC-AACA--C--G--TCC------T-----TA--GT---C-----G----T-A----   2060
B_EHOA        -AT--GCAC-A--AC-A-----C--A---CC-C-G--C-----CA--GT--------------TCA----   2117
SD_MM251      -AT--CTC-----A---ACA--C--A--GCC---GAC------TA--GT--------------TTA----   2120
STM_STM       -AT--GCC-----C---GC---C--A--TCC-----C------T--GGT---C----------TGA----   2075
VER_AGM3      -CA-AAAA-----AC-AG-A---AGT--GCCT--T-----C-----------------------A----   2096
GRI_AGM677    -AG--AAG-----A---G----CAGT---GA---T-----------C--------T-------T-A--AA   2093
SAB_SAB1C     -CA--CTGT-A--C--AAGA--C--T---AGC------------A-------C-----------TA----   2072
SYK_SYK       GCT-GCTC-----A--------C--AAA-GAC---------------GT------------CT-T-AT--   2078

              CRS ->
POL_CONSENSUS ?aTcat??cagcacaaCCaaca?a?agtgAatca????TAgT?aa?cAaATaATagaagaa?taataaAa   1792
A_U455        G-----TCAG---------GACAGG---------GAAA----C--T-----------GA-GC-----G--   2043
B_HXB2R       A-----TCA----------GATC-A---------GAGT----C--T-----------GC-GT--------   2046
D_ELI         A-----TCA----------GATA-G---------GAGT----C--T-----------GC-GT--------   2043
O_ANT70C      CG----CT-CT-C-----T---C-G--------CCCTA----TC-G-----------G---C---C----   2034
O_MVP5180     C-----AT-CT-C---------C-G-----C--CCCTA----TC-G--G--------G---C---C----   2034
CPZGAB        G--T--TCAGT----G---GATC-C---------GAAT----C--T--G-----------GT----T---   2040
CPZANT        AG--T-GCA--GTACC---GATC-A---------CCCC----GG-AG-------CC-GA--T--------   2055
A_ROD         G----GTG--AGC---------G-GTCA---AGTAAAA----G--C--G--C---------A-G------   2130
B_EHOA        A--AG-AG-T------------G-A-CA------CCGA----A-GAG-------T------A-G--C---   2187
SD_MM251      A--A--AA---G-TGC--T---G-ATCA--GAGCAGGC----T--C---------------A-G--T---   2190
STM_STM       A-----AA---G---G--C---G-ATCG--GAGCAAGT----A--T--G------------A-G--T---   2145
VER_AGM3      A--AT-AA-T--C-----C---C-G-----C---CCCT--A-AG-A-----T----C-CT-A-GG--C--   2166
GRI_AGM677    C---T-GA-----TGT---CAGG-A---A-C---CCCT----GG-A--G------C---CCC----G---   2163
SAB_SAB1C     T--T--AG---GGG----T---G-ATCA--TAATAACA----AC-A-----T-----G---C-------G   2142
SYK_SYK       C--TC-TATGA--TGC--C--TA-C-CA---CACCCAA----GG-G--G------C----GGCC------   2148
```

HIV1 POL

```
POL_CONSENSUS Aaggaa?aaaT?TAt?T??caTGGGTaCCaGC?cAcAAaGG?aTaGGaGGaAAtgaagaagTaGAtaAat   1855
A_U455        ------A--G-C--CC-GT-------------G--------G--T-----------GC------------   2113
B_HXB2R       ------A-GG-C---C-GG-------------A--------A--T------------C------------   2116
D_ELI         ------A-GG-T--CC-GG-------------A--------A--T------------C------------   2113
O_ANT70C      ------C-GG-G---C-TA-------T--T--C--T-----C---------------A--A---------   2104
O_MVP5180     ------CG-G-G---C-TA-------T--T--T--------C---------------A--A---------   2104
CPZGAB        --A---A----C--CC-CT-C-----------A--------T--------------GC----G-------   2110
CPZANT        -GA---C-G--T--CC-CT-C-----------A--T-----C---------------C-G-----C----   2125
A_ROD         ------GC---C---G-TG-------C-----C--------C-----G-----CC-G---------C-T-   2200
B_EHOA        ------A----A---G-AGG------------T-----G--AC-G--T--T---C-G--------CC-CC   2257
SD_MM251      ---TC-G----T---G-AG-------------A--------T-----------CC-----A----CC-CC   2260
STM_STM       ------GC---T---G-AG-------------A--T-----A------------C-G--G------C-T-   2215
VER_AGM3      --AC-TC-G--A--CT-GCA------------AG-------G--------C--------GA--------C   2236
GRI_AGM677    ---AGGC-GG-C--CT-ACA------------T--T--G--G--------C---AC----A---------   2233
SAB_SAB1C     -----GGC-G-G---A-AG----------T--C--T-----AG----T--C-----G---A-T-------C   2212
SYK_SYK       ------GCC--A---G-GA-------C-----C--T-----A----------------CT--T------C   2218

POL_CONSENSUS TaGT?AGtcaaGgaAT?AGaaaagT?cTaTTccTaGAaagaATaga??aaGC?CAaGAaGA?CATGaaAa   1918
A_U455        ----C---TCT-----C--G--G--G-----TT----TG-G-----TA-G--T-----G--C--------   2183
B_HXB2R       ----C---GCT-----C--G-----A-----TT----TG-------TA-G--C-----T--A-----G--   2186
D_ELI         ----C-----------C--G-----A-----TT-G--TG-------TA-G--T--------A-----G--   2183
O_ANT70C      ----A--CA-G-AT--T----G---C--G---------G-------CC-G--A--------T--------   2174
O_MVP5180     ----A--CA---AC--T----G---C--G-----G---G-------TC-G--A--------T--------   2174
CPZGAB        ----C---GC------C--G-----G-----------TG-------CAGG--C--------A-------G   2180
CPZANT        ----C--------G--C---C----C--C--T--G---G-C-----TA----T-----G--C-----T--   2195
A_ROD         ----G-----G--T--C---C----GT-G-----G----A------GCCC--T--G-----A--------   2270
B_EHOA        ----G--C--------T---C--A-C-----T-------A------ACC---T--------A--------   2327
SD_MM251      ----T-----G--G--T---C----T--C---T-G----AG-----GCC---A--------A-----T--   2330
STM_STM       -G--A-----G-----T---C-G--C-------------A------ACC---T--------G--------   2285
VER_AGM3      ----A-------G--G--G---A-TT----TT------A------AG----C--G--G--A-------G   2306
GRI_AGM677    ----A--CA-------A---C-GA-C--C---T----T--------AG----A-----T--C----C---   2303
SAB_SAB1C     ----T-----------A---C----A--------G--C-----T--AG----A--------G-----T--   2282
SYK_SYK       ----C---A-------A------A-C-----------------TCCCC----A--G-----T-------G   2288

POL_CONSENSUS aTAtCAtag?AAttggagag?a?Tggc???tga?Tttgg??TaCCacc??taGTaGCaAaagaaATagTa   1977
A_U455        ------CT-C--C-------C-A----TAG---T---AATC-G-----TG-G-----G--G---------   2253
B_HXB2R       ------C--T----------C-A----TAG---T---AACC-G-----TG--------------------   2256
D_ELI         ------C-AC----------C-A----TAG---T---AACC-------CG-G------------------   2253
O_ANT70C      ---------T-------A--C-C-A--TAG---A-----AC-------AG-G--G--C--G-----CA-T   2244
O_MVP5180     ---------T----------C-T-A--TAG---C-----AT-------AA-------C--G-----CA-T   2244
CPZGAB        G--------T-------A--CTA----TAG---T---AATT-------CA--------------------G   2250
CPZANT        ---------C---------TC-T-A--AGA---A-ACAATC-T--C--TA-T--G--T--------TA--   2265
A_ROD         ---------C---GTA-A--A-C--T-TCA-A-A-----AA----CAATT----G----GGC--------   2340
B_EHOA        --------AT---GTA-A--A-C-A-TCCA-A-A-----GA-T----AAT----G----G-C--------   2397
SD_MM251      ---C-----T---GTA-A--A-T---TATTCA-A-----AT----CAGAA----G--C-G-C-G------   2400
STM_STM       ---------C---GT--A--AGC-A-TCTTCA-G-----CA-----AGGC----------GC-------G   2355
VER_AGM3      G--C----AT--------GAACT-A--AGACACT-A---GC------AAA-T--G---------------   2376
GRI_AGM677    G--C----AC---------AGTA---TACAG--A-----AT----TAATA-------------G------   2373
SAB_SAB1C     ---C---GCC--------GAGTA--CAACAA--A-----CT----TG-TA--------------------   2352
SYK_SYK       G--C--CTCA---AT-GAGTATC-TAGGCAG--G---CATC----C-GACAG----------C---TA--   2358

POL_CONSENSUS gc?a??TGTgataAaTGtCA??taAaaGGaGAagC?at?CATGG?CAaGTAgAct??agtccagg?ataT   2036
A_U455        --C-GC---A----------AC-------G-----C--G-----A----------GT--------G----   2323
B_HXB2R       --C-GC--------------GC-------------C--G-----A----------GT--------A----   2326
D_ELI         --T-GC--------------GC-------------C--G-----A----------GT--------A----   2323
O_ANT70C      --T-GC---CC---------TA-------G-----A--T-----T--G-------GC-------AAG---   2314
O_MVP5180     --T-GT---CC------C--TA-------G-----A-CG-----T----------AC--C----AG----   2314
CPZGAB        --CCAT--------G--C--GG-------------C--G-----G--G-------GT--C-----G--T-   2320
CPZANT        --ACAG--------------CG----G--------C-GG-----A----------GC--------A----   2335
A_ROD         AACTCA----CCC-------ACAG-----G-----T--A-----G------A-TGCAGAA-T---C-CT-   2410
B_EHOA        AATTCC-----------C--ACA------G-----T--T-----A--G---A-T-CAGAA-T---G-C--   2467
SD_MM251      -AC-CC--------------TCAG-----------T--A-----G--G---A-T-CAGA--T---G-CT-   2470
STM_STM       -AT-CA-----C--G--C--CCAG-----------T--A-----G------A-TGCAGAGTT---G-CT-   2425
VER_AGM3      --C-TG---CCA--------GA-------G---C-AG-C-----G--------TGCCTCG-----GG---   2446
GRI_AGM677    --GGCA---CCC-----C--AA---G-------C-T-AG-----A--G------GCCTCCATT-AA-CT-   2443
SAB_SAB1C     --GGCA---CC------C--GA-------G--GT-TG-A-----G--------TGCT--------AG-G-   2422
SYK_SYK       CAACAA---CCA--------AAAT-G-------C-A-AA-----G--------TGTAGA-AT-TAT-AT-   2428
```

```
POL_CONSENSUS GGCAaaTgGAtTGtACaCAtttaGAaGGaAAagT?aTcataGTaGCaGT?cAtgtagC?AGTGgaTttAT   2103
A_U455        -----T-A-----C------C-------------A---C----------C--------C-----C-AC--   2393
B_HXB2R       -----C-A---------------------------T---C-G--------T--------C-------A---   2396
D_ELI         -----T-A-----------C--------------T---C-G--------T--------C-----C-A---   2393
O_ANT70C      -------A-----C------A-G-----C---A-C--A-----T--T--C-----G--A-----G--C--   2384
O_MVP5180     ----------------------------C---A-C--A-----T--T--C--------A----AC-----   2384
CPZGAB        -----G-A--------C--CC-------C-----G--------G-----T--C-----C-----C-A---   2390
CPZANT        -----G-A-----C--C-----------T-----A--------------G------T-T-----C--C--   2405
A_ROD         ----------C--C-----------------GA-C--T-----------A-----T--A-----------   2480
B_EHOA        ----------C--------------G-----G--T--A-----G-----T--------C--------C--   2537
SD_MM251      ----------C-----C---C-----------A-AG-------T-----A--------T--------C--   2540
STM_STM       ----G-----C---------C-------C--GA-A--T-----------A--------T-----G-----   2495
VER_AGM3      ----------C-----------------C--G--A--------------C--------C--------C--   2516
GRI_AGM677    ----G-----C--C--C-----------------T--A-----------A--------C---------C--   2513
SAB_SAB1C     -------------------CC-----------A-C--------G--T--T-----T--T-----------   2492
SYK_SYK       ----G-----C-----T---GAG-----C-----A---TGT--------AA-CAC---T-------A---   2498

POL_CONSENSUS AGAagCagAagT?aT?cca??aGAaaCaGGaaaagaaACaGCata?TTtcTgtTaaAatTagcagg?AGa   2167
A_U455        ------------T--C---GC----------C-G--G--------C---A-AC-------------A---   2463
B_HXB2R       ------------T--T---GC---------GC-G-----------T-----T--------------A---   2466
D_ELI         ------------T--T---GC---------GC-G-----------T-----T--------------A---   2463
O_ANT70C      ------------G--A---GC----------C-------T--C--C--C---------C-G--T-CA---   2454
O_MVP5180     ---------G--G--A---GC----------C-G-----T--C--T--C----------------CA---   2454
CPZGAB        ------------T--C---GCT--G------C----------T--T--C-----------------T---   2460
CPZANT        ------T-----A--GG--GAT--G-----G---AGT--------C--C--------------CA-C---   2475
A_ROD         ------------C--C---CAG---T------G-C--------CTC--C--A--G---C-G---A-T--G   2550
B_EHOA        ------------A--A--CCA-----------G-C-G-----TCTC--C--------GC-G--CA-C---   2607
SD_MM251      ------------A--T---CA---G-------G-C-G------CTA--------------G-----C---   2610
STM_STM       ---G--------A--C---CA---------G-G-C-G-------TG--------G--G------A-C---   2565
VER_AGM3      ------------T--A--TAG---------G------------A-A---T-A-----GA--CT-A-T---   2586
GRI_AGM677    ---------G--G--C---AG------T--G--G--G------C-C------C-G---C-GTT--CA---   2583
SAB_SAB1C     ------------A--C---CAG--------------CT------C-C--C---C-G--G-----CA-C---   2562
SYK_SYK       ----A-CA-GA-CT-AAA-AGG-----G--GG-T----------TG-----CA-GC--A----CA-T---   2568

POL_CONSENSUS TGGCCagTaAaaca??TaCAcACaGAcAAtGG??c?AAtTTtac?agt?a?ga?gT?aaagc?gc?tgtT   2225
A_U455        ------------GTAA----------------CAGC-----C--C--CGCT-CA--T-----A-TC----   2533
B_HXB2R       ------------ACAA----T--T--------CAGC-----C--CG--GCTACG--T-GG--C--C----   2536
D_ELI         ------------GTAG----T-----------CAGC-----C--C---GCT-CA--T--G--C--C----   2533
O_ANT70C      -----T--T---GTAA----T--------C--GC-T--------A---ACAACTA-G--G--T--A----   2524
O_MVP5180     -----T--C---GTAA----T-----------AC-T--------A---GCA-CCA-G-----T--A----   2524
CPZGAB        ------------ACTA-T--------T-----GC-A--------A---GCT-CA--C--G--T--C----   2530
CPZANT        ------------ACAA-------T--------AG-T-----C--A---GCA-CA--A-----G--A----   2545
A_ROD         ------A---C---CT-G--T-----T-----TG-C--C--C--TTCAC-G--G--G--GATG-TAGCA-   2620
B_EHOA        -----TA-C-C---CC-G-----------C--TG-C--C--C--TTCAC-A--T--G---ATG--AGCC-   2677
SD_MM251      -----TA-T-C---TC----------T-----TG-T--C---G-CTCGC-A--A--A--GATG-TTGCA-   2680
STM_STM       -----T--C-C---CC-G-----G--T-----CG-T--C--C--CTCGC-G--G--A--GATG-TAGCC-   2635
VER_AGM3      -----CA---CC--AC-G--T-----------AC-C--------GTC-C-A--A--AGC---AATG----   2656
GRI_AGM677    --------G-----TC-------T--T-----CC-A--C-----CTC-C-GA-T--GGC---G-TG--C-   2653
SAB_SAB1C     -----CA-C-C---GC-G--T-----T-----TA-C--C-----T--CC-GC-A--AGC---TATT--C-   2632
SYK_SYK       ------A-------GA-------T--T-----AC-A--C---GTC---G-CA-GT-C-----A--A----   2638

POL_CONSENSUS GGTGGgcagg?ATagAaCA??c?tttGGaaTaCC?TAcAAtCCacAaagtCAaGGagtagTaGAa?ccat   2289
A_U455        --------AAT--CC----GGAA-----G--C--C--------C-----------------G---T----   2603
B_HXB2R       -------G--A--CA-G--GGAA--------T--C--------C---------------------T-T--   2606
D_ELI         ----------T--CA----GGAA--------T--C--------C---------------------T-T--   2603
O_ANT70C      -------CAAC---C----TGAG-----------A--T---------------------------G----   2594
O_MVP5180     -----A----C---C----TGAG-----G-----A--T---------------------------G----   2594
CPZGAB        ---------AC--CA-G--GGAA-----------C--T--------G-----------G------T--T-   2600
CPZANT        -------TAAT--CC----GGAA-----------A---------------------------G---T----   2615
A_ROD         -----AT---T--------AT-C------G----T-----------G--C---------------G-A--   2690
B_EHOA        -----AT---G--------AA-A--C---G-G--C--T------G-------G------------G-A--   2747
SD_MM251      ----------G-----G--CA-C-----GG----A-----------G-----G--------G---G-A--   2750
STM_STM       -------G--A--------AA-C------G----T-----------G--C-----------G---G----   2705
VER_AGM3      ------G-AAA--------CA-CACA--TG----C--T--C--T---TCA-----CTCTA----GAGT--   2726
GRI_AGM677    ------GTAAT-----G--CA-CAC----------T--T--C-----GTCA--G--TAGT------AG---   2723
SAB_SAB1C     ------G-AAA-----G--CA-A-----GG----C-----C--C--------G------------T-T--   2702
SYK_SYK       -----TGT--C--------CA-TACA--T--T--A-----C--------C--G---A-------GT---A   2708
```

HIV1 POL

```
POL_CONSENSUS gAAtaa?cA?tTaAAaaaaat?ATagg?caaaT?AGaGAtcAagcagaaca??ta?aaACagcaGTac?a   2350
A_U455        ---C--GG-A-----G-----C-----G--GG-A-----G-----T-----CC-TA-G----------A-   2673
B_HXB2R       ------AG-A-----G-----T-----A--GG-A--------G--T-----TC-TA-G----------A-   2676
D_ELI         ------AG-A-----G-----T-----A--GG-A-----------T-----TC-TA-G----------A-   2673
O_ANT70C      ------GG-A------TC---T---CAG--GG-G--G--C-----------CT--AG-----------A-   2664
O_MVP5180     ------AG-A------TCT--T---CAG--GG-G--G--C--------G--TT--A------------A-   2664
CPZGAB        A-----AG-GC----G-----A-----A--GG-T--G--------------TT--A------------A-   2670
CPZANT        ------A--A--G--GC----T-----A-----T-----C-----------AT--A-G---------GT-   2685
A_ROD         ----C-C--TC-------CCAA---A-TAG---C-----A--G---A-TACAA--G-----AT-----T-   2760
B_EHOA        ---CC-T--TC-G-----TCAG----ACAG---T--------G----T-TCAA--G-G----TT--GTT-   2817
SD_MM251      ----C-C--CC-G-----TCAA----ATAG---C--G--A------A-TTCAG--G----CAT----TT-   2820
STM_STM       ----C-T--T-----G-CCCAG----ACAG---T------------A-CACAG--G----T-T-----TC   2775
VER_AGM3      ------A--G------G----A--T--GA----A------G-CTGTC--T-CAC-G------------TT   2796
GRI_AGM677    ---C-GA--GC-C--GG----C--CTCT-----A------G-TTGT--GAGAT-GG-G--------G-A-   2793
SAB_SAB1C     ------G--G------G----C-----A-----T------G-T------AGAT-GG----------CAT-   2772
SYK_SYK       A----GGT-T------G--GCT--CTCA-----T-----CG-C-TCAC---TT-GC----------GGC-   2778

POL_CONSENSUS ATGGCagt?cacatccacAATTTTAAaAgAAaagGgGGgaTtGGGGggtacact?caggagAaAGa?taa   2417
A_U455        --------ATT---T--------------------------------A----G-G----G------A---   2743
B_HXB2R       --------ATT-----------------------------------------G-G----G------A--G   2746
D_ELI         --------ATT--------------------G-A-------------A----G-G----G------A---   2743
O_ANT70C      --------ATTTG-T-----------------------------------------G----------GA---   2734
O_MVP5180     --------CTTTG-T-----------------------------------------G----G--G---C---   2734
CPZGAB        --------GTT---T-----------------------------------------G----G------A---   2740
CPZANT        --------G-----T-------------------------------------AC-T---C-G---A--T   2755
A_ROD         ------A-T--TTG-ATG-------------GG-----A--A----ATATG---C--TC-------T---   2830
B_EHOA        ------ACT---TG-ATG-------------GG--A--A--A----ATATG--CC-T-C-------A--G   2887
SD_MM251      --------T--TTG-ATG-------------GG--A--A--A----ATATG---C---C-------T---   2890
STM_STM       --------T---TG-ATG--------G-A--GG--A--AC-A----ATATG--CC---C-------T--G   2845
VER_AGM3      ------TGC----------------------G--A--A--A-------TA--AC-G-C---G---T---   2866
GRI_AGM677    -----TACG--T--------------------G--A--A--A-----TAT-T--AGT-C-------T-GG   2863
SAB_SAB1C     --------G-----T-------------------------------------T--G---C-------C---   2842
SYK_SYK       ------ACCTT----TTA--------------G--A--A--A------ATAT-AC----------GTAC-   2848

POL_CONSENSUS T?aAcATaaTa?caaCAgAa?tacaaacaa?a?aatta???cAaaaacaAattt?AAAAaTtcaaaAtTT   2478
A_U455        -AG--------G-------CA-------T-A-G-----...-------------C---------------   2810
B_HXB2R       -AG--------G-------CA-------T-A-G-----...------------AC---------------   2813
D_ELI         -AG--------G-------CA-------T-A-G-----...------------AT---------------   2810
O_ANT70C      -AG-----T--G--T--C--A---------C-G-----...-------------T----             2790
O_MVP5180     -AG-----C--G--T--C--A---------C-G--C--...-------------T------CA-C-----   2801
CPZGAB        -AG--------G-------CA---------GCG-----...-------------T----G-------A--   2807
CPZANT        -AG-----C--G-------CA----G----CTC-----...-----T-------T----------C-A--   2822
A_ROD         -C--T--G--CA-C------...---GAG-T-C----CCTC---GCCA---A--C----T-AA--G----   2897
B_EHOA        -C-----G---A-T------...---GA--T-C----CCTC----C-A---A--T----T-C--------   2954
SD_MM251      -T-----G--CA-T------...---GA--T-C----TCAA---TC-A---AC-C----T--A-------   2957
STM_STM       -T--T--G--CA-C------...---GA--T-C----TCAA---TC-A---A--C----T-CA-------   2912
VER_AGM3      -C--T--G--TA-T---C--...TT-GA-TT-C--CACCTA----CCA-----CA-------TT------   2933
GRI_AGM677    -T--T--GC--A-----C--...-T-GA-CT-A-TACTCTA-----C-----CCA-------TTG-----   2930
SAB_SAB1C     -C--T------CAT------C--G----C-A-AC-C-T...---C--A------C---------------   2909
SYK_SYK       -T--T--GC--TAT------...-T-CA-TT-C--CA-...A-T-C-AC-TCACC----T--TCG-----   2912

                              \/ 3'sj                                        5'sj \/
POL_CONSENSUS tcggGTctAtTaCaGagAagGcAgagAtcca?t?TGGAAaGGaCCaGca?a?cTacTgTGGAAAGGtGAa   2544
A_U455        ------T--------G--CA-------C--CA-T---------------A-A-----C------------   2880
B_HXB2R       ------T--------G--CA-----A-----C-T---------------A-G--C--C------------   2883
D_ELI         ------T-----------CA-----------A-T---------------A-G--C--C------------   2880
O_MVP5180     ------------------TA-------C--TA-T-----------G---C-A--C--------------G   2871
CPZGAB        ------T-----------CA-------C---A-T-----------G---ACCT----------------   2877
CPZANT        ------TC-------G--TA-------C--TG-G---------------C-A--T---------------   2892
A_ROD         -----------T-----------------AGT-G-----------T-GGG-A--------------A---   2967
B_EHOA        C----------------------------A-C-C-----G-----T-GTG-T---T----------G---   3024
SD_MM251      ------------------------------A-C-G-----G-----C-GTG-G---T----------G---   3027
STM_STM       ---------------G-------------A-C-A-----G-----C-GTG-G---T----------G---   2982
VER_AGM3      -A-A-----C-----------G--------TG-C-------------G-C-GT--A-T--------G---   3003
GRI_AGM677    -AA------C-----------T---------G-G--------------GCGA--CA-C--------A---   3000
SAB_SAB1C     ---------------G-----------C--TG-G--------T--G--TA-G--CA-C--------A---   2979
SYK_SYK       -A----T--C---C-CC-G--G-AGA-CGAG...-----G--------TCGT-----T------------   2979
```

```
POL_CONSENSUS GG?GCaGTagT?aTacAa???Ga?gagagaGAcaT?aaagtagtaCCaAGaAGaAAaGcaAAgAT?AT?A   2605
A_U455        --G--------A------...--CA-T--T--T--A--G-------------------------C--T-   2947
B_HXB2R       --G--------A------...--TA-T--T-----A--------G--------------------C--T-   2950
D_ELI         --G--------A------...--CA----T-----A--G-------------------T------T--T-   2947
O_MVP5180     --G--------C------...--TA-AG-------T-----G--------------G-----A--A--C-   2938
CPZGAB        --G--------G--C--G...--TC-AG-G--AC-A--G--------------G-----------C--T-   2944
CPZANT        --G--------A---                                                          2907
A_ROD         --A-----CC-AG-CA-G...-TA-GA-C------A---A--A----------G-----C-----C--C-   3034
B_EHOA        --A-----CA-C---A-G...-TA-G--C---A--C------A----C-----------------C--A-   3091
SD_MM251      --A-----CA-CT--A-G...-TA-G--C------T--G--------C--------G--T--A--T--C-   3094
STM_STM       --A-----CA-CG--A-G...-TA-G--C------T--------------G-----G--T--A--C--C-   3049
VER_AGM3      --T-----G--C--CA--...-GA-GTGTG--AT-A----A-TAC--------G--------A--T--A-   3070
GRI_AGM677    --C--G--G--A--TA--...--G-G-GA------C--G-----C--C--G-----G--T-----T--C-   3067
SAB_SAB1C     --A--------T------...--AC--G-T--AT-G---AC-A-C--------------C--A--T--A-   3046
SYK_SYK       --T--------GG-G---ACA--G---G-------TTTT-C---------------G-----A--A--T-   3049

          vif start ->
POL_CONSENSUS gagAttATGgA?aa?gaatgg?aggtgatg?t?gt?tg??????g??g??a??aga?aggct??????gA   2650
A_U455        -G---------A--CAG----C--------A-T--A--.........-CAGGT---C---A-.......--   3002
B_HXB2R       -G---------A--CAG----C--------A-T--G--.........-CA-GT---C---A-.......--   3005
D_ELI         -G---------A--CAG----C--------A-T--G--.........-CA-GT---C---A-.......--   3002
O_MVP5180     -----------A--CAG----C----AC--A-A--A--.........-CA-AT---C--A-A.......--   2993
CPZGAB        -----------A--CAG----C--------A-T--G--.........-CA-GT---C--AA-.......--   2999
A_ROD         ----C------GG-A--CAA-AGATG---AG-G--TCCCACCTG-AG-GTGCC--GG---A-GGA...--   3101
B_EHOA        -GA-C------GG-G---AA-A-TTG---TGCA--GCCGACGTG-AG-AT-CC-TGC-----AGA...--   3158
SD_MM251      A----------GG-G---AA-AG-TG---AGCA--TCCCACATG-AG-AT-CCG--G-----AGA...--   3161
STM_STM       A----------GG-G---AA-AG-TG---AG-G--TCCCACCTG-AG-AT-CC--GG-----GGA...--   3116
VER_AGM3      AG-------A-CC-A---AAAG-ATG-G--A-GAGAGTAACTTG-AA-GTGCCG--GGA---.......--   3134
GRI_AGM677    A----------G-GA---AAAC-ATG---AG-GAGGGTAGTATG-AG-GTGTC---G----AAATAAGC-   3137
SAB_SAB1C     A----------A--GC-T---ATA--C-G-CCCC-C--...GAA-GTAACGGGC-GACA--AGGA...--   3110
SYK_SYK       C---CC-----G--A------ATA---G-TCCCACG--...............GAGA-T-ACCCC...A-   3101

POL_CONSENSUS g???ga?gag??tA?tGA????C??G?T?A???ACCA                                    2669
A_U455        A...--T                                                                  3006
B_HXB2R       -...--T                                                                  3009
D_ELI         -...--T                                                                  3006
O_MVP5180     A...AGT--AAGC-TG--ACAG-CT-G-G-AAT----                                    3027
CPZGAB        -...--T                                                                  3003
A_ROD         AATG-CA                                                                  3108
B_EHOA        -GTG-CAC--TC--A-                                                         3174
SD_MM251      -GTG-CA                                                                  3168
STM_STM       -GTG-CA                                                                  3123
VER_AGM3      T...A-C                                                                  3138
GRI_AGM677    -ATG--G-G-GA--G---CTTA-AA-A-C-GGA-                                       3171
SAB_SAB1C     -GTG--C                                                                  3117
SYK_SYK       -ACA--T                                                                  3108
```

HIV1 POL CONSENSUS

```
        gag ->
CONSENSUS-A   TTTTTTAGGGAA...AATTTGGCCTTCCA?CAAGGGGAGGCCAGG?AATTT...................     46
CONSENSUS-B   ------------...g--C---------ca------a--------g-----??????????????????     48
CONSENSUS-D   ------------...g------------CA------A-----G--G--c--...................     48
CONSENSUS-O   ---------?--...?TAC------C-GGGGGGCAC---------C----A...................     46
CONSENSUS-U   ------------...-------------CA------A--------G-----...................     48
CONSENSUS-CPZ ------------??????????-?-???G??G??-?--?--------C--...................     29

CONSENSUS-A   .................TCCTCAGAG......CAGACC?GA?CCAACAGC?CCACCAGCAGA?A?CTTTG     88
CONSENSUS-B   ??????????????????--t------.....------A--g--------c-------a---G-G---Ca     95
CONSENSUS-D   ..................--T------.....------A--G--------C-----------G-G---C-     95
CONSENSUS-O   ..................-GTG----?......AC?-G?-??C---T----C-----?AT...........     75
CONSENSUS-U   ................C-T------.....------A--G--------C-----------G-G---C-     95
CONSENSUS-CPZ ................-GTG----A?????????-??----------?--------?AT---G--?-A-?     63

CONSENSUS-A   GGATGGGGGAA?AGAT??C???...CTC?CC.........?????A?CAGGA?C?GA??GA......CA?    122
CONSENSUS-B   --T-t------G---caa-AaCTCC---T-A?????????---GA-G-----g-c--tA--........--A    147
CONSENSUS-D   --T-T------G----...AACCCC---T-A............gA-A-----G-A--AA--........--A    144
CONSENSUS-O   ....--A---GG?AG-GAA...............GG?ACA-GAGA-T---??--A--A--GGG??C?G?A    115
CONSENSUS-U   --T-T-----GG----AAA...ACC---T-A............GA-A-----G-A--AA--........--A    144
CONSENSUS-CPZ ?-?A??A-?-?--???GA?---??????-??.............--?-?????-?-??--?????????--     72

                                          \/ protease                          <- gag cds
CONSENSUS-A   GG????......A?A??CTCCTTTA??TTCCCTCAAATCACTCTTTGGCAACGACCC?T?GT?ACAGTAA    174
CONSENSUS-B   --a.........-cTGTA-------gC--------g---------------------c-c--C---a---    208
CONSENSUS-D   --A.........-CTGTA-------aC-------------------------------C-t--c---A---    205
CONSENSUS-O   ?-A.........GCT-TA?--?--TGCC-----------C--------G-CA----AA-A-------C--    171
CONSENSUS-U   --A.........-TTGTA-------GC------------------------------AG-T--C-------    205
CONSENSUS-CPZ ??G---???????CTA-?---??C?--?-----?-----?----------??----?---A--??---??    110

CONSENSUS-A   ?AATAG??GGACAGCT?ATAGAAGC?CTATTAGA?ACAGGAGCAGATGATACAGT?TTAGAAGACATAAA    237
CONSENSUS-B   ag----gG--G--A--a-Ag-----T--------T--------------------A--------a--G--    278
CONSENSUS-D   A-----GG--------A-AG-----T--------T--------------------A--------A--g--    275
CONSENSUS-O   -?G-T-GG--?--?--ATGT--?-?TT-?C-G--T-----?--------?-----A?--A-?A-----C-    230
CONSENSUS-U   G-G---GA--------A-A------T--------C--------------------A--------A-----    275
CONSENSUS-CPZ -??--?A---?--A??ATGT?-?--T?-??----T--------T-----?-----A?----G?GA--?C-    163

CONSENSUS-A   TTT?CCAGGAAAATGGAAACCAAAAAT?ATAGGGGGAATTGGAGGTTTTATCAAAGTAAGACA?TATGAT    304
CONSENSUS-B   ---G-------g---------------G-----------------------------------g------    348
CONSENSUS-D   ---G-----------------------G-----------------------------------G------    345
CONSENSUS-O   A---GA-----?-----?---------G--------T--A-----?-----A-------A-G-----?-?    293
CONSENSUS-U   ---G-----------------------G-----------------------------------G------    345
CONSENSUS-CPZ ?----A----???-----?-------?---?--?--------?--------????--??A-----?-?-?    212

CONSENSUS-A   CA?ATACTTATAGAAATTTGTGGAAAAAAG?C?ATAGGTACAGTATT?GTAGGACCTACACCTGTCAACA    370
CONSENSUS-B   --g-----c--------c------C-T--AG-T--------------A----------------------    418
CONSENSUS-D   --A-----C--------C------c-t--AG-T--------------A----------------------    415
CONSENSUS-O   A-TG-GACAG-----?-A?AA----?GG-?GTACAG--A--------G--G--------T-----T--T-    359
CONSENSUS-U   --A---------------------------G-T---------A----G----------------------    415
CONSENSUS-CPZ A--G---?C---?-?--?G?A-??-G?-?AGTA?---??------?--?-?-----A-??--?--A--?-    261

                                                   protease \/ p66, p51
CONSENSUS-A   TAATTGGA?G?AATATGTTGACTCAGATTGGTTGTACTTTAAATTTTCCAATTAGTCCTATTGAAACTGT    438
CONSENSUS-B   --------A-A---c-------------------c--------------c--------------------    488
CONSENSUS-D   --------A-A---T-------C--------C--C-----------------------------------    485
CONSENSUS-O   -T?----?A-A--?--A-----AGGAT-A--?-----AC----?--C--T--A--?--C--A-CCC-A--    423
CONSENSUS-U   --------C-A-----------------------------------------------------G-----    485
CONSENSUS-CPZ -?--?--?A-A---?-T--????-??T-?--?------?--???--?---------??A?-------?--    310

CONSENSUS-A   ?CCAGTAAAATTAAA?CCAG?AATGGATGGCCCAAAGGTTAAACAATGGCCATTGACAGAAGA?AAAATA    504
CONSENSUS-B   A--------------G----G---------------A--------------------------a------    558
CONSENSUS-D   A--------------G----G---------------A----------------------------A------    555
CONSENSUS-O   G--------?C----A----G---------A-----A--A-----------CC-AT-TA?----------    490
CONSENSUS-U   A--------------G----GG-------------G--------------------------A------    555
CONSENSUS-CPZ ---?--?-----?--A??--G---------?----??--A--?--------??-?T--??---------?    363

CONSENSUS-A   AAAGCATTAACAGA?ATTTGTA??GAGATGGAAAAGGAAGGAAAAATTTCAAAAATTGG?CCTGAAAATC    570
CONSENSUS-B   ---------gt---a-------Ca--a--------------g-----------------g----------    628
CONSENSUS-D   --------------A-------CA--a--------------------------G------G----------    625
CONSENSUS-O   G----??-?--?-CA--A---CA---A------C-?-----------?----G---A--A-----------    553
CONSENSUS-U   --------------A-------AA--T----------------------T---------G----------    625
CONSENSUS-CPZ ?-?--C?---?---A------?A-?-??-?---???---???--?--?--?-?---A-----?--?--?-    409

CONSENSUS-A   CATACAATACTCCAGTATTTGC?ATAAAGAAAAAGGA?AG?ACTAAATGGAG?AAATTAGTAGATTTCAG    636
CONSENSUS-B   -----------------------c-----------a--c--T-----------a-----------------    698
CONSENSUS-D   --------------A-------C-----------A--C--T--C--G-----A-----------------    695
CONSENSUS-O   -T--T-----A--TA-?-----T-----A--G--A--T?-------?-----A-----G-----?--?--    617
CONSENSUS-U   -----------------------C-----------A--C--C-----------A--------GA-------    695
CONSENSUS-CPZ ----------?--?A-T-----A--?--A--G--A--C-?T?-?--------A--??----?--?-----    469
```

```
CONSENSUS-A   AGAACTCAATAA?AGAACTCA?GA?TTCTGGGA?GT?CA?TTAGGAAT?CC?CAT?C?GCGGG??TAAAA    694
CONSENSUS-B   ------t-----g--------a--c--------A--t--a--------A--A---C-c--a--gt-----    768
CONSENSUS-D   ------T-----G--------A--T--------a--T--A--------A--G---C-t--A--GC-g---    765
CONSENSUS-O   ?---T-A-----------A--A-----------G------?----T-----A---C---G---TT-?--G    678
CONSENSUS-U   ---G--T-----A--------A--T--T-----A--T--A--------A--A---C-T--T--GT-G---    765
CONSENSUS-CPZ ----?-A-----------A--A-----T------?----------?-----T--?C-A--?---T----?    526

CONSENSUS-A   AAGAAAAAATCAGTAACAGT?CTAGATGTGGGGGA?GCATATTTTTCAGTTCC?TTAGAT?AA??CTTTA    758
CONSENSUS-B   --------------------a--g--------t--t-----------------c---------ga---c-    837
CONSENSUS-D   --------------------A--G--------T--T-----------------C------g--GAt----    835
CONSENSUS-O   C-A-?GC----T--T-----CT-------A--A--T--T-----C---TG?--------?CC-GA?----    743
CONSENSUS-U   --------------C-----AT-G-----------T--------------C--T------G--GAT--C-    835
CONSENSUS-CPZ ?-?--?--------G-----AT-?-----?--A--T--C--?--C--????--C?-?-----?GA?--?-    580

CONSENSUS-A   GAAAGTATACTGC?TT?AC?ATACCTAGT?TAAA?AATGAGACACCAGG??T?AG?TA?CAGTACAATGT    818
CONSENSUS-B   -g-----------A--T--C---------a----C--------------ga-T--a--T-----------    907
CONSENSUS-D   -G--A-----c--a--T--C---------A----c--------------GA-T--A--T-----------    905
CONSENSUS-O   ----A--?--------C--T--T------G-G-----------C-----A--A--A--C-----------    809
CONSENSUS-U   -G-----------A--C--T-----C---A-T--T--------------GA-T--A--T-----------    905
CONSENSUS-CPZ -?--A-----?--------A--T--?--?--?-----------C-----A-----A--T???--T-----    636

CONSENSUS-A   GCTTCC?CAGGGATGGAAAGG?TCACC??CAATATT?CAG???AGCATGACAAAAATCTTAGAGCCCTTT    880
CONSENSUS-B   ------a--------------a-----AG-------c--aaGt-----------------------t---    977
CONSENSUS-D   ------A--------------A-----GG-------C--AAGT----------------------------    975
CONSENSUS-O   C--C--G--A--?--------T-----AG-?--------?AGTTCA--------?--TC----T--A--?    873
CONSENSUS-U   ---A--A--------------A-----AG-------C---AGT--------------------A------    975
CONSENSUS-CPZ T?-?--A--A--?-----------?--A--T--?-----A-----?-----?--?--??---?A--?--?    687

CONSENSUS-A   AGA?CA?AA?ATCCAGA?ATAGT?ATCTA?CAATACATGGATGA?TT?TATGT?GGATCTGATTTAGAAA    941
CONSENSUS-B   ---AA-C--A-------c-----t-----t--------------t--G-----A--------c-------   1047
CONSENSUS-D   ---AA-C--A-------A-----T-----T--------------T--G-----A--------C-------   1045
CONSENSUS-O   --?A?--?CA-C-----A?---AA--T-?T--G-----?-----C?-A-----A-----A------CC??    933
CONSENSUS-U   ---A--A--A-------A-----C--A--C--------------T--G-----A--G-------------   1045
CONSENSUS-CPZ --?GA?A-G-----?-?-?-???---T-----?------------C----------?------?-?----    738

CONSENSUS-A   TAGGGCA?CATAGAGCAAAAATAGAGGA?TT?AGAG??CATCTA?TGA??TGGGGATT?A??AC?CCAGA    999
CONSENSUS-B   -------G------a-------------ac-G---caa-----gt---gg--------t-cc--a-----   1117
CONSENSUS-D   -------G------A-------------A--A----AA------T---GG--------T-CC--A-----   1115
CONSENSUS-O   -G?CAG-A------AA?-GG?-?--ATTGC-T--?-AA--??--TATCAG----------CT--C--T--    995
CONSENSUS-U   ----A--A------A-------------AC-A----AA------T---AA--------T-CC--A-----   1115
CONSENSUS-CPZ -T??T??A------?A--?G?-?--A?--C-----CAA---T-?C???-------??--?-------?--    783

CONSENSUS-A   CAAAAAGCATCAGAAAGAACCTCCATTTCTTTGGATGGG?TATGAACT?CATCCTGA?AAATGGACAGT?   1065
CONSENSUS-B   ------a--------------------c-----------T--------c--------t-----------a   1187
CONSENSUS-D   T-----A--------------c-----------------t--------C--------T-----------A   1185
CONSENSUS-O   ?-----------?--G--------C---?-A--------------G--C--?--A--C--?--------A   1059
CONSENSUS-U   --------------------C-----------------G--------C--C-----C-----------G   1185
CONSENSUS-CPZ ------?-----?--?--?--?--?---??A--------A-----G?----?--A--C--------?---    840

CONSENSUS-A   CAGCCT?TA?A?CT?CCAGAAAAAGACAGCTGGACTGTCAATGATATACAGAAATTAGT?GGAAAACTAA   1130
CONSENSUS-B   ------A--gtg--g-----------------------------c--------g-----G------T-g-   1257
CONSENSUS-D   ---t--A--A-a--G--------g--g--------------------------g-----G--G---T---   1255
CONSENSUS-O   ---?-CA-CC-AT-G--T?-C--?--?GTG-----A--A-----------A---?--?-A-----??---   1121
CONSENSUS-U   ------A--C-A--G-----C--G--A-----------------------------G--G----------   1255
CONSENSUS-CPZ ---???A-?---?-A-----???---?G??-----?--?-----?--?--?---C-??-A-----?T---    889

CONSENSUS-A   ATTGGGCAAGTCAGATTTATGCAGG?ATTAAA?TAAAGCAACTGTGTA?ACT?CTCAGGGGAGCCAAAGC   1196
CONSENSUS-B   ------------------------G------G--------t-A----a---c--T------a--------   1327
CONSENSUS-D   -C--------C---------c----A------G---g----T-a----A---C--T------A-------   1325
CONSENSUS-O   -------------A--C---CA---A----G-G-?-?AG--T----?-AGT-AA-?--A--?A----?T-   1185
CONSENSUS-U   --------------------C----A------G--------T-A----A---C--T--------A-----   1325
CONSENSUS-CPZ ----------------?--?C----A--?---A??-----?T-?-----?---A-?--A---???--GA?    944

CONSENSUS-A   ACTAACAGATATAGTA?C?CTGACTGA?GAAGCAGAATTAGAATTGGCAGAGAACAGGGA?ATT......   1256
CONSENSUS-B   ---------Ag--a--c-a--a--A--A--------gc-----c-------A--------g---.......   1391
CONSENSUS-D   ---------AG--a--C-A--A--A--A----------------C-------A--------A---.......   1389
CONSENSUS-O   -T-?-----?G-----C-TT-A-G-A?A--G-----?C-?-----A-A?--A-----A--A-?G......   1242
CONSENSUS-U   ---------C------C-AT-A----CA--G-----------------------------A---.......   1389
CONSENSUS-CPZ ?--?------??---?C?-?-?--???------------------A-?---A--T-???----???????    989

CONSENSUS-A   ...CTAAAAGA?CCTGT?CATGG?GTATATTATGACCCA?CAAAAGAC?TAGTAGCAGAA?TACAGAAAC   1317
CONSENSUS-B   ...--------a--a--a-----A--g------------t--------T--a--------a-------g-   1458
CONSENSUS-D   ...--------A--A--A-----A--G------------T--------T--A--------a---------   1456
CONSENSUS-O   ...?-----?----A--------------?--?C-?--TGA?--?--?--?TGG-TTA?TA-T-----G-   1295
CONSENSUS-U   ...--------A--A--G-----G---------------T--------T--A--------A-------G-   1456
CONSENSUS-CPZ ????--?????-??A?-A?-?---???--C---?-?--?G????-???C-?A?----???A---------   1025
```

HIV1 POL CONSENSUS

```
CONSENSUS-A   AAGGGCAAGACCAATGGACATATCAAATTTATCAAGAGCCATTTAAAAAT?T?AAAACAGGAAAATATGC   1385
CONSENSUS-B   -g-------g----------------------------------------c-g-----------------   1528
CONSENSUS-D   -------C-G------------C--------------A------------C-g-----------G-----   1526
CONSENSUS-O   -?--AG??-?G--------T--C--G?-A-----G--?GA-CA---G--CC----------?------?-   1356
CONSENSUS-U   -G-------GT-----------------A--C-------A--A-------C-G--------G--G-----   1526
CONSENSUS-CPZ -?--?????G?--?-----?-----?--A-?---??-???-???--????T----??----?--------   1068

CONSENSUS-A   AA?AAA?AGGTCTGC?CACACTAATGATGTAAA?CAATTAACAGA?GT?GTGCAAAAAGT??C?A??GAA   1444
CONSENSUS-B   --g--tg---GG---C-----------------A-----------G-CA---------a-ag-C-ca---   1598
CONSENSUS-D   --G--tG---GG---C-----------------a------g----G-cA---------A-At-C-CA---   1596
CONSENSUS-O   T-GGC-A-A-G-CT-C-----A------A---GA-----?G----A--A?-C--G--G--GT-TCAA---   1424
CONSENSUS-U   --G--TA-A------C-----------------A-----------A-CA--------GA-AG-CCAA---   1596
CONSENSUS-CPZ ?-G?C?--????A?-------?-----??-?-GG---?-?G-?-?A-?A--?------A--G?-?-----   1112

CONSENSUS-A   AGCATAGTAATATGGGGAAAGA?CCCTAAATTTAGACTACCCATACAAA??GA?ACATGGGAA?CATGGT   1509
CONSENSUS-B   -----------------------ct----------a--------------Aa--a---------a------   1668
CONSENSUS-D   --------G------------CT------------------------AG--A---------A------   1666
CONSENSUS-O   ?CT---?-T--?-----?--ATT?--------?-?G--G--AG-?ACT-GA--A--T------A-?----   1485
CONSENSUS-U   --------------------A-CT-------------------------AA--A--------GG------   1666
CONSENSUS-CPZ --?-----?--?------?-??-A--?------???T----??--???-----A-?T-----?G-?----   1161

CONSENSUS-A   GGATGGAGTATTGGCAGGCTACCTGGATTCCTGAATGGGAGTTTGTCAATACCCCTCC?CTAGTAAAATT   1578
                                                                        /<- CRS
CONSENSUS-B   ---ca-----------A--c--------------g----------------------cT----g-----   1738
CONSENSUS-D   --g-A-----------A--C--t-----------G-----A-----------------TT----------   1736
CONSENSUS-O   --GC?--?--------?--C-----------?--------A-------GC--A--C--AT-GA-C-----   1551
CONSENSUS-U   ---CA--A--------A--C--------C-----------------------T-----C---------C-   1736
CONSENSUS-CPZ --?CA--?--?--------?--------?--?--------?---?-?-----?--?---T--?-?-?-?-   1215

CONSENSUS-A   ATGGTACCAGTTAGA?AAAGACCCCATAG?AGGAGCAGA?AC?TTCTATGTAGATGG?GCAGCTAATAG?   1642
                                        - - - CRS - - -
CONSENSUS-B   ---------------g-----a-------t---------A--t--------------g-----------g   1808
CONSENSUS-D   ---------------G--G--A------AT---------A--T--------------G-----------A   1806
CONSENSUS-O   -------??-?----A-??--A--T--T?T?--G-----A--C-?T-----------A------------   1612
CONSENSUS-U   ---------------A-C---A-------T---------A--T--------------G-----------A   1806
CONSENSUS-CPZ ?-----?A?T?--??G?C---?--T--?CC-????-?-------?T-----?-----------?------   1264

CONSENSUS-A   GA?ACTAAG?TAGGAAAAGCAGGGTATGTCACTGACAGAGGAAGACAAAAGGTTGTTTCCCTAACTGAGA   1710
                                        - - - CRS - - -
CONSENSUS-B   --g-----At-------------A-----t--------------------a-----c-----------C-   1878
CONSENSUS-D   --G-----AT-------------A-----T-----------------G--A-----CC-TT-?-----c-   1875
CONSENSUS-O   ?----A--AC-------G--?--A-----T--A--ACA---?-A---G--?A-AA-AAA?T--GA?----   1675
CONSENSUS-U   --A-----AAAG-----------A-----T---------------------------C---T-------A-   1876
CONSENSUS-CPZ ?--?-??-A-??--G--?-----?-----?--A----?---?-?-???-???-?A????-?--?AAA-?-   1306

CONSENSUS-A   CAACAAATCAAAAGACTGAATTACATGCAAT?CAT?TAGCCTT?CAGGATTCAGGATCAGAAGTAAATAT   1777
                                        - - - CRS - - -
CONSENSUS-B   ----------G--------g-----A-----T---c----t--G--------g----t---------c--   1948
CONSENSUS-D   -g--------G--------G-----A-----TA--c----t--g--------G----T---------C--   1945
CONSENSUS-O   -?--C--------?G--------ATG--??-ATTA-----------------CAA?GA???------?--   1734
CONSENSUS-U   ----------G--------------A-----C--CT----T--A----------------------C--   1946
CONSENSUS-CPZ -C--?-----?C-AG-A------?-G--??---T---G--??--?--------??????C??--?--?--   1355

CONSENSUS-A   AGTAACAGACTCACAGTATGCATTAGG?ATCATTCAGGCACAACCAGACAGGAGTGAATCAGA??TAGTC   1844
                                        CRS ->/
CONSENSUS-B   ---------------A-----------a--------a-----------T-aa-----------gt-----   2018
CONSENSUS-D   ---------T-----A-----------A--------A-----------T-A------------GT-----   2015
CONSENSUS-O   ---------?-----A----?---G--C?----?TCCT-C-----?ACACA------?--CCCTA----T   1798
CONSENSUS-U   ---------------------------G--T-----A-----------T-AA-----------GA-T--T   2016
CONSENSUS-CPZ ---?--?--?-----A----??--?---?-??-?--???????-----TCA?---------??------?   1401

CONSENSUS-A   AATCAAATAATAGAGAAGCTAATA?AAAAGGA?AAAGTCTACCTGTCATGGGTACCAGC?CACAAAGGGA   1911
CONSENSUS-B   -g-------------c--t-----A-------a--g---------g-------------A--------a-   2088
CONSENSUS-D   -g-------------C--t-----A-------A--G--T------G-------------A--------A-   2085
CONSENSUS-O   C-G--?---------G-A----C-A-------AC??--G--T--TA-------T--T-----?-----C-   1863
CONSENSUS-U   ---------------C-AT-----C-G-----C--G----------------------A----------   2086
CONSENSUS-CPZ ?-??-?-----??-??-?T----?A---?A--A?-?A-?-----C--C-----------A--?-----?-   1455

CONSENSUS-A   TTGGAGGAAATGA?CAAGTAGATAAATTAGTCAGT??TGGAATCAGGAAGGT?CTATTTTTAGATGG?AT   1976
CONSENSUS-B   -------------a---------------------gC------------A--a--------------a--   2158
CONSENSUS-D   -------------A---------------------CAg-----------A--A--------G-----A--   2155
CONSENSUS-O   -A-----------AA--A-------------A--CAA?-A?--T--A-GA--C--G--CC-?--A--A--   1930
CONSENSUS-U   -------------A--------------------CAG---------A-----A--------------G--   2156
CONSENSUS-CPZ -A--------------?--?--?--------------A--?-----??-A-----?--?C-?--?-----   1510

CONSENSUS-A   AGATAA?GC?CAAGA?GA?CATGAAA?ATATCAC?GCAA?TGGA??GCAATGGCTAGTGATTTTAATCTG   2037
CONSENSUS-B   ------G--c-----a--a-----g-A-------A-T--t----gA--------------------c---   2228
CONSENSUS-D   ------g--T-----A--A-----G-A-------AA---T----GA--------------------C--A   2225
CONSENSUS-O   ---?C-G--A-----A--T-------A------TA-T--T-----A---?-A--------?---GGA?-A   1995
CONSENSUS-U   ------G--T-----A--A-------A-------A----T----GA--------------C--------A   2226
CONSENSUS-CPZ ---?-?------------------?--?-----TA-?--T-----A?-??-?--???---?-??---?-?   1557
```

```
CONSENSUS-A   CCACCT?T?GTAGC?AA?GAAATAGT?GCCAGCTGT?ATAAATGTCA??T?AAAGGGGAAGCCATGCATG   2098
CONSENSUS-B   ------g-A-----A--A--------A---------g----------GC-A-----a-------------   2298
CONSENSUS-D   ------G-G-----a--A--------A--T------G----------GC-A-----A-------------   2295
CONSENSUS-O   -----A-----?--C--G-----CA-T--T--?---CC------?--TA-A-----------A-??----   2058
CONSENSUS-U   ------A-A-----G--G--------A---------G----------AC-A-------------------   2296
CONSENSUS-CPZ --?--?A----?-----A-----??----?CA?---G----?--?---G-A--?--A-------?-----   1612

CONSENSUS-A   GACAAGTAGACTGT?GTCCAGG?ATATGGCAATTAGATTG?ACACAT?TAGAAGG?AAA?T?ATC?TAGT   2160
CONSENSUS-B   --------------A-------A---------C-------t------t-------A---g-T---c-G--   2368
CONSENSUS-D   --------------A-------A-----------------T------t-------A---G-T---C-G--   2365
CONSENSUS-O   -T--?-------?CA-?----A-?--------A-?--------------?-----C---A-C--AA----   2119
CONSENSUS-U   --------------A-------G-----------------C------C-------A---A-A---A----   2366
CONSENSUS-CPZ -?--?--------?A-?--------?------G----------C--?------------G-----A----   1671

CONSENSUS-A   AGCAGTCCATGTAGCCAGTGGCTA?ATAGAAGCAGAAGTTATCCCAGCAGAAACAGGACAGGAGACAGCA   2229
CONSENSUS-B   ------t--------------a--t-----------------T--------g-----g-----a------   2438
CONSENSUS-D   ------T------------------T----------------T--------------G-----A------   2435
CONSENSUS-O   T--T--------?--A----??-T------------?--G--A-----------------?--A--T--C   2183
CONSENSUS-U   ---------------------A--T-----------------------------------------------   2436
CONSENSUS-CPZ ?-----?--?---?-?-------?---------?-----?--??---?T--G-----??-A???-----?   1723

CONSENSUS-A   TACTTTATA?TAAAATTAGCAGGAAGATGGCCAGT?AAAGTAATACACACAGACAATGGCAGCAATTTCA   2297
CONSENSUS-B   ------c-ct-------------------------A---ac------t----------------------   2508
CONSENSUS-D   --t---c-tT-------------------------A------G----T----------------------   2505
CONSENSUS-O   --?--CC-GT-----?-?--?-C---------T--------------T--------?--?CCT-----T-   2246
CONSENSUS-U   ---------C-------------------------A------G---------------------------   2506
CONSENSUS-CPZ --?--CC-GT----------??-?-----------A---AC?--?-----?--?-----??C?-----?-   1781

CONSENSUS-A   CCAG?GCTGCAGT?AA?GC?G??TGTTGGTGGGCAAAT?TC??ACA?GAATTTGG?AT?CCCTACAATCC   2355
CONSENSUS-B   ----Ta--A-g--T--g--C-CC------------GGga--AAG--G--------c--T-----------   2578
CONSENSUS-D   ----T--------T--G--c-CC------------GG-A--AA---G--------A--T-----------   2575
CONSENSUS-O   -A--T?-A?-?A-G-----T-CA---------?-???CA-ACA---T--G--------A--A--T-----   2307
CONSENSUS-U   ----T--------T--A--A-CC---------------A--AA---G--------A--T--------C--   2576
CONSENSUS-CPZ -A--T--?-------------C------------??-?A---A?--G--------A--A--?--?-----   1839

CONSENSUS-A   CCAAAG?CAAGGAGTAGTGGAATC?ATGAA?AA?GAATTAAAGAAAAT?ATAGG?CAGGT?AGAGA?CAA   2417
CONSENSUS-B   ------T-----------A-----T-----T--a--------------T-----a-----A-----T--g   2648
CONSENSUS-D   ------T-----------A-----T-----T--A--------------T-----A-----A-----T---   2645
CONSENSUS-O   A-----T-----------A---G-C-----T-----------ATC?--T---CAG-----G--G--C---   2375
CONSENSUS-U   ------T-----------------T-----T--G--------------C-----G-----A-----G---   2646
CONSENSUS-CPZ A--?--T--------?--?-----C?-?--T--A?-??-?---?----------A--??-T--?------   1894

CONSENSUS-A   GCTGAACACCTTAAGACAGCAGTACA?ATGGCAGTATTCATTCACAATTTTAAAAGAAAAGGGGGGATTG   2486
CONSENSUS-B   --------t-----------------a--------------C----------------------------   2718
CONSENSUS-D   --------T-----------------A--------------C----------------------------   2715
CONSENSUS-O   --A--?--?T-A-?A-----------A--------?--TG------------------------------   2441
CONSENSUS-U   -------------------------A--------G----------------------------------   2716
CONSENSUS-CPZ --A-----?T-A--?---------??A--------G??--------------------------------   1958

CONSENSUS-A   GGGG?TACAGTGCAGGGGAAAGAATAATAGA?ATAATAGCA?CAGA?ATACAAACTAAAGAA?TACAAAA   2551
CONSENSUS-B   ----g--------------------g----c---------a----c---------------t-------   2788
CONSENSUS-D   ----A--------------------------C---------A----C---------------T-------   2785
CONSENSUS-O   ----G----C------?--?--??-------C---?-----T--C-A--------A-C------------   2505
CONSENSUS-U   ----G--------------------------C--G------A----C---------------T-------   2786
CONSENSUS-CPZ ----G----C??-?--??-?------?----C---?-----A----C-----?--A-???--T-------   2016

                                                   \/ 3' sj
CONSENSUS-A   ACA?ATT??AAAAATTCAAAATTTTCGGGTTTATTACAGGGACAGCAGAGACCCCATTTGGAAAGGACCA   2618
CONSENSUS-B   ---A---AC-----------------------------------------t--ac---------------   2858
CONSENSUS-D   ---A--cAt-----------------------------------------T--A---------------   2855
CONSENSUS-O   ---A---TT----?-??-C--?--------C--------A--?-----------T--?-----------G   2569
CONSENSUS-U   ---A---AC-------------------------------------A---------A---------------   2856
CONSENSUS-CPZ ?--A---TT----?-----?-A---------?-------?--?-----------??-?-----------?   2076

                        5' sj \/
CONSENSUS-A   GCAAAACTACTCTGGAAAGGTGAAGGGGCAGTAGTAATACA?GACAATAGTGATATAAAGGTAGTACCAA   2687
CONSENSUS-B   -----G--t--------------------------------a--T--------c-----A-----G----   2928
CONSENSUS-D   -----G--c--------------------------------A-----------C----------------   2925
CONSENSUS-O   ---C-?--C--G-----------G--?--------C-----A--T--?G-A--C--T--?--?-------   2634
CONSENSUS-U   ---------------------------------------G----------------------------   2926
CONSENSUS-CPZ ---????-?--G-----------------------?--?--G--TC-AG-G--AC---------------   2139

                              vif cds ->
CONSENSUS-A   GAAGAAAAGCAAA?ATCATTAGGGATTATGGAAAACAGATGGCAGGTGATGATTGT?TGGCAGGTAGACA   2755
CONSENSUS-B   -------------g-----------------------------------------G-----a-------   2998
CONSENSUS-D   ---------T---G--t-------------------------------------G-----A-------   2995
CONSENSUS-O   ----?--G-----A--A--C--A--?---------------------AC----A--A-----A?-?----   2700
CONSENSUS-U   --------------A-----------------------------------G--------G----------   2996
CONSENSUS-CPZ ----G--------G--------A---------------------------------G-----A-------   2209
```

HIV1 POL CONSENSUS

```
CONSENSUS-A   GGATGA?GAT                                                2764
CONSENSUS-B   ------G---TAG                                             3011
CONSENSUS-D   ------G---                                                3005
CONSENSUS-O   -ACA--AAG-GAAAGC?TGGAACAGCCT?GTGAAATACCA                  2738
CONSENSUS-U   ------G---                                                3006
CONSENSUS-CPZ -A----G---                                                2219
```