



P17	membrane binding	nls	phos site	
B. FR. HXB2	MGARASVLSGGELDRWEKIRLRPGGKKYKLVKHIWVWASRELERFAVNPGLLETSEGC	QILQQLQPSLQTGSEELRSLYNTVATLYCVHQR	IEIKDTKEALDKIEEQNKSK	.KKAQQ....AA..A.
CONSENSUS D	-----K-a-----r-----l-----L-----k-i-----ai-----e-----v-----e-m-----?			
D. CD. 842R085	-----K-A-----L-----L-----L-----K-ME-----A-K-----I-----K-----N-----R-----			
D. CD. ELI	-----K-K-----R-----Y-L-----K-I-----AI-----T-----K-G-DV-----E-M-----			
D. CD. NDK	-----K-T-R-----A-----LI-----TL-----K-I-----I-----I-----E-----V-----VE-M-----			
D. CD. Z2Z6	-----K-A-----R-----L-----L-----D-K-I-----AIR-----F-----E-----V-----E-M-----			
D. UG. 94UG1141	-----K-E-----R-----L-----L-----IR-----I-----IK-----V-----E-----KVAS-----A-----			
F. BR. BZ162	-----K-A-----R-----L-----I-----OQ#I-----V-----F-----V-V-----L-----O-----Q-TK-----			
F. CD. VI174	-----K-A-----Q-----RM-----L-----ID-----P-----K-I-----T-----F-----IVV-----Y-----V-----E-L-----			
F. RW. VI69	-----K-A-----R-----M-----LI-----V-----F-----LD-----K-----I-----V-----F-----KV-V-----E-L-----			
F1. BE. VI850	-----I-----K-E-----Q-----R-----M-----LI-----LD-----OQ-IR-----K-----F-----V-----Y-----AGVT-----L-----			
F1. BR. 93BR020.1	-----K-A-----R-----L-----L-----LD-----K-----I-----K-----I-----V-----Y-----KV-V-----E-L-----			
F1. FI. FIN9363	-----K-A-----Q-----RI-----L-----ID-----OQ-IA-----I-----I-----I-----V-----F-----K-----V-----L-----			
F1. FR. MP411	-----K-A-----R-----RM-----L-----D-----P-----K-----IR-----F-----V-----K-----K-----E-L-----			
F2. CM. MP255	-----K-A-----K-----R-----R-----L-----L-----S-----T-----KK-I-----S-----K-----A-----VV-----Y-----DVR-----			
F2. CM. MP257	-----K-A-----R-----R-----K-----L-----T-----K-----I-----V-----V-----K-----V-----LQ-----D-----Q-----Q-E-----K-----			
G. BE. DRCLB	-----K-A-----R-----RM-----L-----D-----L-----A-----OQ-MA-----A-----T-----IK-----F-----K-----V-----T-----			
G. FI. HH8793	-----K-A-----R-----R-----L-----M-----L-----A-----H-----MS-----AI-----T-----IK-----F-----K-----V-----T-----			
G. NG. 92NG083	V-----K-----S-----R-----L-----G-----L-----RD-----A-----V-----MK-----A-----S-----T-----F-----K-----V-----			
G. SE. SE6165	T-----K-----A-----R-----S-----I-----L-----L-----D-----A-----O-----MR-----A-----T-----IK-----F-----A-----			
H. BE. VI991	-----K-A-----R-----R-----L-----L-----D-----AD-----Q-----A-----K-----T-----D-----Q-----I-----V-----			
H. BE. VI997	-----R-----TL-----R-----R-----L-----L-----SA-----L-----IE-----R-----IK-----T-----x-----F-----L-----V-----			
H. CF. 90CF056	-----K-A-----R-----R-----L-----L-----P-----L-----IE-----I-----AIK-----T-----K-----F-----L-----V-----			
J. SE. SE9173	-----I-----K-----D-----Q-----RI-----L-----D-----L-----SAK-----Q-----V-----A-----T-----IK-----F-----L-----V-----			
J. SE. SE9280	-----I-----K-----D-----R-----RI-----L-----D-----L-----SAK-----Q-----V-----A-----TQ-----IK-----M-----E-----I-----N-----			
K. BE. VI325	-----K-----T-----S-----R-----R-----L-----L-----S-----T-----IR-----K-----F-----V-----R-----L-----			
K. CD. EQTB11C	-----K-----K-----Q-----R-----R-----L-----L-----N-----V-----IR-----F-----I-----V-----W-----S-----QVR-----L-----			
K. CM. MP535	-----K-----A-----L-----L-----L-----T-----IT-----I-----I-----IK-----I-----V-----F-----K-----V-----L-----			
N. CM. YBF30	-----T-----K-----Q-----S-----Y-----RM-----L-----V-----C-----MD-----AD-----AKL-----N-----E-----A-----K-----			
O. CM. ANT70C	-----S-----T-----SK-----A-----Q-----K-----S-----R-----L-----L-----C-----E-----A-----NEKL-----Q-----E-----A-----K-----			
O. CM. MVP5180	-----T-----SK-----A-----R-----S-----A-----R-----L-----Y-----C-----A-----TE-----L-----Q-----E-----A-----K-----			
CRF01_AE.CF.90CF40	-----I-----K-----A-----R-----Q-----RM-----L-----L-----A-----O-----LIE-----STIK-----K-----F-----I-----W-----			
CRF01_AE.TH.93TH25	-----K-----A-----R-----M-----L-----L-----A-----O-----LIE-----ST-----K-----K-----F-----I-----W-----			
CRF01_AE.TH.CM240	-----K-----A-----R-----R-----R-----L-----L-----SF-----A-----O-----IE-----ST-----K-----L-----K-----F-----W-----			
CRF01_AE.TH.TH022	-----I-----K-----A-----R-----RM-----L-----L-----A-----O-----LI-----SN-----K-----F-----W-----V-----			
CRF01_AE.TH.TH047	-----K-----K-----A-----R-----H-----L-----L-----A-----O-----LIE-----ST-----K-----F-----IV-----W-----			
CRF02_AG.FR.DJ263	-----K-----S-----R-----R-----L-----L-----L-----A-----O-----LIE-----TA-----G-----K-----I-----W-----K-----D-----			
CRF02_AG.FR.DJ264	-----K-----S-----A-----R-----R-----L-----L-----L-----A-----O-----LMK-----SA-----G-----K-----I-----W-----D-----			
CRF02_AG.NG.IBNG	-----K-----A-----R-----R-----L-----L-----L-----A-----O-----LME-----SA-----R-----K-----F-----I-----W-----D-----			
CRF03_AB.RU.KAL15	-----K-----A-----E-----RI-----L-----L-----S-----Q-----E-----T-----K-----K-----I-----I-----I-----			
CRF04_cpx.CY.94CYO	-----K-----A-----R-----R-----L-----L-----L-----A-----O-----LME-----ST-----K-----IT-----W-----DVO-----			
CRF04_cpx.GR.97PVC	-----K-----A-----R-----R-----L-----L-----L-----A-----O-----LME-----T-----R-----VK-----F-----L-----W-----DV-----			
CRF04_cpx.GR.97PVM	-----G-----R-----A-----R-----R-----RI-----LI-----L-----L-----A-----O-----LME-----ST-----K-----K-----F-----LI-----W-----			
CPZ. CD. CPZANT	-----G-----R-----EK-----T-----S-----MI-----L-----RS-----Q-----LSSS-----EKA-----I-----S-----IE-----IR-----P-----II-----			
CPZ. GA. CPZGAB	-----T-----K-----V-----R-----R-----MM-----L-----L-----CD-----M-----SK-----TKL-----Q-----E-----A-----K-----G-----			
CPZ. US. CPZUS	-----T-----R-----A-----R-----MM-----L-----L-----C-----M-----AD-----L-----L-----K-----E-----A-----K-----G-----			

HIV-1 GAG

HIV-1/SIVcpz  
Amino Acids

	p17 \ / p24		cyclophilin A binding domain (CyPA)	
B. FR. HXB2	..DTG..HSN.QVSNQYPIVQNIQGMVHQAI	S	P	246
CONSENSUS A	..n-s-k-..a..sl..i..m..i..d..l..p..p..			246
A. KE. Q23-CxC-CG	..n-s-n-----A-I-SL-----I-----M-I-----D-----L-----P-----P-----			246
A. SE. SE6594	..n-s-k-----A-I-SL-----I-----G-N-----M-I-----D-----L-----P-----P-----			243
A. SE. SE6954	..-K...n-s-----L-----I-----I-----A-----S-----I-----D-----L-----N-----			246
A. SE. SE7253	..n-s-k-----A-----SL-----I-----V-----M-----I-----D-----L-A-----V-----P-----			243
A. SE. SE7535	..n-s-k-----A-----SL-----I-----M-----I-----D-----L-----P-----P-----			245
A. SE. SE8131	..n-s-k-----M-----A-----VM-----I-----R-----H-----M-----I-----E-----D-----T-----I-----V-----			246
A. SE. SE8538	..n-s-k-H-V-A-----I-NL-----I-----G-N-----L-----I-----D-----L-----P-----P-----			243
A. SE. SE8891	..n-s-n-r-----A-----SL-----I-----G-----G-----M-----I-----D-----L-----P-----P-----			243
A. UG. 92UG037	..n-s-k-----A-----I-SL-----I-----L-----M-----I-----D-----L-----V-----P-----			246
A. UG. U455	..N...s...A-----P-----L-----D-----L-----M-----V-----D-----L-----P-----V-----			242
CONSENSUS B	..??n-s?-----L-----M-----V-----D-----L-----P-----V-----			246
B. AU. AF128998	..n-s-----L-----I-----I-----L-----A-----N-----			246
B. AU. MBC18	..G...n-p-----M-----I-----I-----L-----AQ-----V-----D-----			251
B. AU. MBC200	..E...n-s-----L-----I-----I-----L-----AQ-----V-----D-----			246
B. AU. MBC925	..n-s-k-----M-----			247
B. AU. MBCC54	..G...n-s-----L-----G-----L-----AQ-----			246
B. AU. MBCC98	..GP...n-s-----L-----L-----AQ-----			246
B. AU. MBCCD36	..G...n-s-----A-----T-----L-----Q-----V-----K-----H-----			246
B. CN. RL42	..G...NNS-A-----L-----P-----A-----L-----V-----K-----			246
B. DE. D31	..A...NNS-----L-----P-----L-----V-----			246
B. DE. HAN	..A...NR-----L-----L-----L-----HP-----			246
B. ES. 89SP061	..n-s-----L-----P-----A-----L-----HP-----			246
B. GA. OYI	..n-s-----L-----P-----L-----			246
B. GB. CAM1	..G...n-s-----L-----L-----I-----L-----V-----			246
B. GB. MANC	..n-s-----H-----L-----S-----I-----L-----AQ-----			246
B. JP. JH31	..n-s-k-----L-----L-----L-----L-----AQ-----			246
B. NL. ACH3202A21	..n-s-----L-----L-----L-----L-----			246
B. TW. LM49	..G...NNS-P-----L-----H-----L-----			246
B. US. AF070521	..n-s-----L-----L-----L-----			246
B. US. 85WCIPR54	..n-s-k-----L-----L-----L-----			246
B. US. AD8	..AE...k-s-----L-----L-----L-----			246
B. US. BCSG3	..n-s-----R-----L-----L-----Q-----V-----			246
B. US. DH123	..n-s-----L-----L-----L-----L-----			246
B. US. JRCSF	..n-s-----L-----I-----L-----			246
B. US. JRFL	..n-s-----M-----L-----L-----			244
B. US. MNCG	..NRGN-s-----E-----L-----L-----T-----			249
B. US. NC7	..G...n-s-----L-----I-----L-----Q-----L-----			248
B. US. NY5CG	..n-s-----L-----L-----L-----L-----			246
B. US. P896	..n-s-----L-----L-----L-----Q-----V-----			246
B. US. RF	..n-s-----L-----L-----L-----			246
B. US. SF2	..G...n-s-----L-----L-----L-----			248
B. US. WEAU160	..E...NR-----L-----L-----I-----L-----L-----			246
B. US. WR27	..n-s-k-----L-----L-----F-----I-----D-----L-----Q-----V-----x-----xxx			246
B. US. YU2	..n-s-----L-----L-----L-----L-----			246
CONSENSUS C	..?-...k-----l-----i-----T-----D-----l-----			241
C. BR. 92BR025	..k-----k-----L-----P-----A-----T-----D-----L-----V-----			244
C. BW. 96BW01B22	..D...KI-----L-----PL-----I-----D-----T-----V-----L-----G-----N-----			243
C. BW. 96BW0402	..K-----K-----L-----I-----T-----D-----L-----V-----			244
C. BW. 96BW0502	..G...K-----L-----I-----T-----D-----L-----Q-----V-----D-----A-----			243
C. BW. 96BW1104	..K-----R-----L-----I-----T-----T-----L-----V-----			243
C. BW. 96BW1210	..K-----K-----L-----I-----I-----T-----D-----G-----L-----V-----N-----			244
C. BW. 96BW15B03	..n-s-k-----KI-----L-----I-----I-----T-----D-----L-----V-----			243
C. BW. 96BW1626	..n-s-k-----K-----L-----S-----I-----T-----D-----L-----			243
C. BW. 96BW17A09	..G...K-----A-----A-----T-----D-----L-----			240
C. ET. ETH2220	..R...KD-----M-----P-----A-----T-----D-----L-----V-----D-----			244
C. IN. 95IN21068	..E...K-----L-----L-----I-----T-----D-----L-----I-----V-----S-----			243
C. IN. 93IN904	..G...K-----L-----P-----I-----T-----D-----L-----I-----I-----S-----			243
C. IN. 93IN905	..G...K-----L-----I-----I-----T-----D-----L-----L-----S-----			243
C. IN. 93IN999	..D...K-----L-----I-----I-----T-----D-----L-----P-----L-----			243
C. IN. 94IN11246	..AD...L-----L-----I-----T-----D-----I-----			240

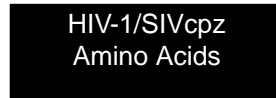
	p17 \/ p24	cyclophilin A binding domain (CyPA)																
B.FR.HXB2	..DTG...HSN.QV	SQNYPIVQNI	IQGQMVHQAIS	PRTLN	AWVKVVEEK	AFSPEV	IPMFSAL	SEGATPQDL	NMLNTLV	GGHQAAMQ	MLKETINEE	AAEWDRV	HPVHAGPI	APGQMRE	PRGSDI	AGTTSTL	QEQ	246
CONSENSUS D	..-..-..n?S	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..N	..-..-..L	..-..-..Q	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	245
D.CD.84ZR085	..G-..-..N-S	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..N	..-..-..L	..-..-..Q	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	246
D.CD.ELI	..-..-..NNS	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..Q	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	246
D.CD.NDK	..-S-..-..S	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..Q	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	243
D.CD.Z2Z6	..-A-..-..NNS	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..Q	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	247
D.UG.94UG1141	..-R-..-..N-S	..-..-..L	..-..-..HPL	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..N	..-..-..L	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..N	246
F.BR.BZ162	..-K-..-..N	..-..-..L	..-..-..S	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..AQ	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	241
F.CD.VI174	..-K-..-..N	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..Q	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	241
F.RW.VI69	..-K-..-..N	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..Q	..-..-..NP	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	242
F1.BE.VI850	..-K-..-..N	..-..-..L	..-..-..SL	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..T	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..AP	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	242
F1.BR.93BR020.1	..EK-..-..N	..-..-..L	..-..-..SL	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..TQ	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	242
F1.FI.FIN9363	..-K-..-..N	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	244
F1.FR.MP411	..-K-..-..N	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..A	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	242
F2.CM.MP255	..-K-..-..E	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	242
F2.CM.MP257	..-K-..-..V-K-G	..-..-..L-L	..-..-..SL	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	246
G.BE.DRCBL	..-E-..-..N-S	..-..-..A	..-..-..T	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..QQ	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..T	..-..-..A	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	239
G.FI.HH8793	..-E-..-..N-S	..-..-..A	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..M	..-..-..PQ	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..T	..-..-..A	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	246
G.NG.92NG083	..NE-..-..N-P	..-..-..A	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..D	..-..-..I	..-..-..QQ	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..S	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	245
G.SE.SE6165	..-K-..-..N	..-..-..L	..-..-..T	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..M	..-..-..QQ	..-..-..FP	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	246
H.BE.VI991	..-KE-..-..KDS	..-..-..KI	..-..-..A	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	248
H.BE.VI997	..-NKE-..-..RD	..-..-..K	..-..-..A	..-..-..P-x	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	246
H.CF.90CF056	..-KE-..-..KD	..-..-..K	..-..-..A	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	246
J.SE.SE9173	..-KK-..-..DNS	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	246
J.SE.SE9280	..-KK-..-..DNS	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..V	..-..-..V	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	246
K.BE.VI325	..-NK-..-..M	..-..-..PL	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..AD	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	242
K.CD.EQTB11C	..-K-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..M	..-..-..Q	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	242
K.CM.MP535	..-K-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..T	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	242
N.CM.YBF30	..-S-..-..NI-R	..-..-..L-TA	..-..-..PLT	..-..-..L	..-..-..I	..-..-..M	..-..-..S	..-..-..V	..-..-..D	..-..-..T	..-..-..PV	..-..-..LP	..-..-..L-D	..-..-..A	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	248
O.CM.ANT70C	..-E-..-..SAR	..-..-..AG	..-..-..A	..-..-..N-I	..-..-..M	..-..-..ISY-I	..-..-..AI	..-..-..G-L-V	..-..-..V	..-..-..V	..-..-..T	..-..-..PPV	..-..-..LP	..-..-..I	..-..-..T	..-..-..Q	..-..-..L	244
O.CM.MVP5180	..-E-..-..SPR	..-..-..T	..-..-..A	..-..-..N-I	..-..-..M	..-..-..V-Y-I	..-..-..AI	..-..-..G-L-V	..-..-..V	..-..-..T	..-..-..PAM	..-..-..LP	..-..-..I	..-..-..T	..-..-..Q	..-..-..L	..-..-..P	244
CRF01_AE.CF.90CF40	..-G-..-..S-S-K	..-..-..A	..-..-..L	..-..-..G-N	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..P	..-..-..A	..-..-..H	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	246
CRF01_AE.TH.93TH25	..-G-..-..S-S-K	..-..-..A	..-..-..PL	..-..-..I	..-..-..G-N	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	246
CRF01_AE.TH.CM240	..-G-..-..S-S-K	..-..-..A	..-..-..A-PL	..-..-..I	..-..-..G-N	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..P	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	246
CRF01_AE.TH.TH022	..-G-..-..S-S-K	..-..-..A	..-..-..PV	..-..-..I	..-..-..G-N	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..P	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	246
CRF01_AE.TH.TH047	..-G-..-..S-S-T-H	..-..-..A	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..G	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..P	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	246
CRF02_AG.FR.DJ263	..-A-..-..S	..-..-..A	..-..-..T-PM	..-..-..I	..-..-..T	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	243
CRF02_AG.FR.DJ264	..-A-..-..S	..-..-..A	..-..-..T-PM	..-..-..I	..-..-..T	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	243
CRF02_AG.NG.IBNG	..-A-..-..S	..-..-..AK	..-..-..T-SM	..-..-..I	..-..-..G	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	243
CRF03_AB.RU.KAL15	..-G-..-..S-S-K	..-..-..A	..-..-..T-SM	..-..-..I	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..L	..-..-..AQ	..-..-..FP	..-..-..SS	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	246
CRF04_cpx.CY.94CY0	..-AA-..-..G-S-N	..-..-..A	..-..-..S	..-..-..I	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..D	..-..-..T	..-..-..P	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	246
CRF04_cpx.GR.97PVC	..-G-..-..S-S-K	..-..-..A	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..S	..-..-..A	..-..-..P	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	246
CRF04_cpx.GR.97PVM	..-GN-..-..S-N	..-..-..A	..-..-..S	..-..-..I	..-..-..G	..-..-..M	..-..-..I	..-..-..D	..-..-..A	..-..-..NPA	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	..-..-..P	..-..-..I	..-..-..L	244
CPZ_CD.CPZANT	LLNKQWCQRHLSGEGR	IVDAG-IAR	PLT	C	N-N	H	A	D	G	V	V	L	T	VQA	L	T	V	262
CPZ_GA.CPZGAB	..SQ-A..SASAGI	G-L-A																254
CPZ_US.CPZUS	Q...EAS.G	IG-S	VI-A	M	A	N	M	V	AI	G	V	A	D	S	T	L		247

		Major homology region								p24 \/ 'p2'		
		MHR										
B. FR. HXB2	IGWMTN...	NPPIPVGEIYKRWIILGLN	KIVRMYSP	SILDIRQGPKEPFRDYVDRFYKTLRAEQASQEVKNWMTETLLVQNPDPCKTILKALGPAATLEEMMTACQVGGPGHKARVLA	EAMSQV	TNS	..				373	
CONSENSUS A	---	? ..	-d -t -?	-	v -k -	f -t -?	-	s -r -ag			-gqt ..	370
A. KE. Q23-CxC-CG	---	G ..	-D -	V -K -	F -F -	T -D -	D -	A -R -G			-OHT ..	373
A. SE. SE6594	---	S ..	-D -	V -K -	F -V -	T -G -	I -	S -R -TG			-HQT ..	370
A. SE. SE6954	---	S ..	-	V -			RD -				A -N ..	373
A. SE. SE7253	---	G ..	-D -	V -K -	F -	T -D -		S -R -AG		S -	AQQH ..	370
A. SE. SE7535	---	G ..	-D -	V -K -	F -	D -	I -	S -R -AG			-QHP ..	372
A. SE. SE8131	---	-A S ..	-V -D -	V -K -	F -A -	T -G -	D -	S -RG -AG		S -	AQQT ..	373
A. SE. SE8538	LQ---	S ..	-D -	V -K -	F -A -	T -G -	D -	S -RG -AG			-QOP ..	370
A. SE. SE8891	---	S ..	-D -	V -K -	F -	T -G -		S -R -SG			-QQA ..	370
A. UG. 92UG037	---	-A G ..	-D -M -	V -K -	F -	T -G -	I -	S -R -AG			-OHT ..	373
A. UG. U455	---	G ..	-D -R -	V -	F -	T -D -		S -R -G			-QQT ..	369
CONSENSUS B	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---??	373
B. AU. AF128998	---	S ..	-V -	V -				D -		S -I -	-SP ..	373
B. AU. MBC18	---	G ..	-A -	I -K -			T -			S -	A -A ..	378
B. AU. MBC200	---	---	---	---	---	---	---	G -				373
B. AU. MBC925	---	---	---	---	---	---	---	D -				374
B. AU. MBCC54	---	S ..	---	---	S -	---	---	D -	S -			373
B. AU. MBCC98	---	---	-D -	I -				R -	K -	S -I -	A -Q ..	373
B. AU. MBDC36	---	---	D -								A -S ..	373
B. CN. RL42	---	---		C -				D -		S -I -	-AI	375
B. DE. D31	---	---					T -					373
B. DE. HAN	---	---			K -		T -				G -	373
B. ES. 89SP061	-A---	---			K -							373
B. GA. OYI	---	---					D -					372
B. GB. CAM1	---	---								S -I -		373
B. GB. MANC	---	---										373
B. JP. JH31	---	S ..		S -								373
B. NL. ACH3202A21	---	H ..			S -						G -	373
B. TW. LM49	---	---				T -D -				S -	R -P -	373
B. US. AF070521	---	H ..						E -	G -			373
B. US. 85WCIPR54	---	---						S -		S -	A -S -	373
B. US. AD8	---	---										373
B. US. BCSG3	---	---			S -	S -					G -	373
B. US. DH123	---	---	M -					S -			I -TS ..	374
B. US. JRCSF	---	---		V -			T -				P -	373
B. US. JRFL	---	---									P -	371
B. US. MNCG	---	---		S -			RT -					376
B. US. NC7	---	S ..		I -						G -		375
B. US. NY5CG	---	H ..									P -	373
B. US. P896	---	---		S -K -						G -		373
B. US. RF	---	---		I -			D -	F -		S -I -		373
B. US. SF2	---	---					D -				P -	375
B. US. WEAU160	-A---	---		V -			T -			G -D -	T -	373
B. US. WR27	---	H ..	x -							G -	x -G -	373
B. US. YU2	---	---										373
CONSENSUS C	---	-a s ..	-v -d -	V -k -	F -	t -d -	d -	r -g -s		s -	an?? ..	366
C. BR. 92BR025	---	-T ..	-V -D -	V -K -	F -	D -	D -	R -G -S			K -N -T ..	371
C. BW. 96BW01B22	---	-A A ..	-V -D -	V -K -	F -	D -	D -	R -G -SI -		S -	G -ANSM ..	370
C. BW. 96BW0402	---	-A S ..	-D -	V -K -	F -	ST -	D -	R -G -S		S -	TNTN ..	371
C. BW. 96BW0502	---	-A S ..	-V -D -	V -K -	F -	D -	D -	R -G -S			ANSV ..	370
C. BW. 96BW1104	---	-A S ..	-D -	V -K -S -	F -	D -S -	D -	R -G -S		S -I -	AN -..	370
C. BW. 96BW1210	---	-N S ..	-D -	V -K -	F -	T -D -	D -	R -G -S		S -	HAG -A ..	371
C. BW. 96BW15B03	---	-A S ..	-D -	V -	F -	T -D -	D -	P -R -G -			A -SA ..	370
C. BW. 96BW1626	---	-A S ..	-V -	V -	F -	T -D -	D -	R -S -G -S			AN -T ..	370
C. BW. 96BW17A09	---	-A ..	-D -	V -K -	F -	T -D -	D -	R -G -		S -	HAN -T ..	367
C. ET. ETH2220	---	-A G ..	-V -D -	V -K -	F -	D -	D -	R -G -S		A -	N -T ..	371
C. IN. 95IN21068	---	-A G ..	-V -D -	V -K -	F -	D -	D -	R -G -S		S -	TNSA ..	370
C. IN. 93IN904	---	-A G ..	-V -D -	V -K -	F -R -	D -	D -	R -G -S			ANSN ..	370
C. IN. 93IN905	---	-A G ..	-V -	V -K -	F -	T -D -	D -	R -		S -	AN -T ..	370
C. IN. 93IN999	---	-A ..	-V -D -	V -	F -	D -	D -	R -G -S		S -	TNSA ..	370
C. IN. 94IN11246	-A---	S ..	-V -	V -TK -	F -	T -D -	D -	R -G -S		S -K -	TNSA ..	367

	Major homology region																			
					MHR						p24 \/'p2'									
B.FR.HXB2	IGWMTN	..	NPPIPVGEIYKRWII	LGLN	KIVR	MYSPTS	SILDIR	QGPKE	FFRDY	VDRFY	KTLRAEQASQEVKNWMTETLLVQ	NPANPDCKTILKALGPAATLEEMMTACQVGGPGH	KARVLA	EAM	SQV	TNS	..	373		
CONSENSUS D	-a--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	373	
D.CD.84ZR085	-S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	374	
D.CD.ELI	-A--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	374	
D.CD.NDK	-A--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	371	
D.CD.Z2Z6	-A--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	375	
D.UG.94UG1141	-S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	374	
F.BR.BZ162	-Q--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	368	
F.CD.VI174	-Q--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	369	
F.RW.VI69	-Q--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	369	
F1.BE.VI850	-Q--G	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	369	
F1.BR.93BR020.1	-Q--G	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	369	
F1.FI.FIN9363	-Q--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	370	
F1.FR.MP411	-Q--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	369	
F2.CM.MP255	-T--G	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	369	
F2.CM.MP257	-A--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	373	
G.BE.DRCBL	-R--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	367	
G.FI.HH8793	-R--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	374	
G.NG.92NG083	-R--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	373	
G.SE.SE6165	-T--G	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	-----V	374	
H.BE.VI991	VA--G	..	-----D	-----V	-----K	-----FRV	-----T	-----D	-----D	-----R	-----R	-----RG	-----SI	-----S	-----AS	-----	-----	-----	376	
H.BE.VI997	-A--G	..	-----S	-----D	-----V	-----K	-----F	-----D	-----T	-----D	-----R	-----QG	-----SI	-----S	-----AN	-----	-----	-----	374	
H.CF.90CF056	-A--G	..	-----A	-----D	-----V	-----K	-----F	-----T	-----D	-----R	-----QG	-----SI	-----S	-----TN	-----	-----	-----	-----	374	
J.SE.SE9173	-----G	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----F	-----A	-----T	-----D	-----D	-----SG	-----	-----	-----T	-----	-----	-----	373	
J.SE.SE9280	-----G	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----F	-----A	-----T	-----D	-----D	-----SG	-----	-----	-----T	-----	-----	-----	373	
K.BE.VI325	-T--S	..	-----V	-----V	-----K	-----S	-----F	-----T	-----D	-----R	-----SG	-----	-----	-----I	-----T	-----	-----	-----	369	
K.CD.EQTB11C	-T--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----FRV	-----T	-----D	-----R	-----SG	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	369	
K.CM.MP535	-A--S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----F	-----T	-----D	-----R	-----SG	-----	-----	-----I	-----P	-----	-----	-----	369	
N.CM.YBF30	VA--A	..	-----V	-----D	-----R	-----V	-----R	-----V	-----E	-----K	-----QL	-----G	-----A	-----QQPT	-----	-----	-----	-----	376	
O.CM.ANT70C	-H--T	..	-----R	-----P	-----Q	-----D	-----RK	-----V	-----M	-----K	-----V	-----K	-----V	-----ATA	-----QDLK	-----	-----	-----	374	
O.CM.MVP5180	-I--T	..	-----R	-----GANS	-----D	-----RK	-----V	-----M	-----K	-----V	-----S	-----Q	-----E	-----V	-----T	-----KI	-----ASA	-----QDLK	374	
CRF01_AE.CF.90CF40	-----S	..	-----K	-----V	-----V	-----V	-----F	-----T	-----T	-----S	-----TG	-----S	-----HHT	-----	-----	-----	-----	-----	373	
CRF01_AE.TH.93TH25	-----S	..	-----D	-----Q	-----V	-----V	-----V	-----T	-----T	-----S	-----TG	-----S	-----AQHA	-----	-----	-----	-----	-----	373	
CRF01_AE.TH.CM240	-----S	..	-----D	-----V	-----V	-----V	-----T	-----T	-----S	-----TG	-----S	-----HAQA	-----	-----	-----	-----	-----	-----	373	
CRF01_AE.TH.TH022	-----S	..	-----D	-----V	-----V	-----V	-----T	-----T	-----S	-----TG	-----S	-----H	-----QQA	-----	-----	-----	-----	-----	373	
CRF01_AE.TH.TH047	-----S	..	-----S	-----V	-----V	-----V	-----T	-----T	-----S	-----TG	-----S	-----HAQA	-----	-----	-----	-----	-----	-----	373	
CRF02_AG.FR.DJ263	-----S	..	-----D	-----V	-----V	-----V	-----F	-----D	-----T	-----R	-----S	-----R	-----G	-----QQ	-----	-----	-----	-----	370	
CRF02_AG.FR.DJ264	-----S	..	-----D	-----V	-----V	-----V	-----F	-----D	-----T	-----R	-----S	-----R	-----G	-----S	-----QQ	-----	-----	-----	370	
CRF02_AG.NG.IBNG	-----S	..	-----V	-----V	-----V	-----V	-----F	-----T	-----T	-----S	-----R	-----TG	-----	-----	-----QQA	-----	-----	-----	370	
CRF03_AB.RU.KAL15	-----S	..	-----D	-----V	-----V	-----V	-----F	-----T	-----D	-----R	-----SG	-----V	-----Q	-----A	-----	-----	-----	-----	373	
CRF04_cpx.CY.94CY0	-----S	..	-----V	-----T	-----I	-----V	-----F	-----C	-----T	-----S	-----TG	-----S	-----AS	-----AA	-----	-----	-----	-----	374	
CRF04_cpx.GR.97PVC	-----S	..	-----D	-----V	-----V	-----V	-----F	-----C	-----T	-----S	-----TG	-----S	-----AS	-----AA	-----	-----	-----	-----	374	
CRF04_cpx.GR.97PVM	V--S	..	-----D	-----V	-----V	-----T	-----F	-----C	-----T	-----D	-----S	-----TG	-----S	-----ASS	-----AA	-----	-----	-----	372	
CPZ.CD.CPZANT	MQ--STPQQ	GGV	-----D	-----M	-----V	-----x	-----V	-----E	-----K	-----I	-----P	-----A	-----H	-----TG	-----S	-----L	-----A	-----ASAN	-----AQ	393
CPZ.GA.CPZGAB	-----T	..	-----A	-----DV	-----R	-----V	-----V	-----C	-----V	-----D	-----I	-----Q	-----G	-----M	-----Q	-----NQ	-----	-----	-----	381
CPZ.US.CPZUS	V--A	..	-----D	-----R	-----VV	-----V	-----K	-----C	-----VG	-----K	-----P	-----T	-----R	-----G	-----V	-----A	-----C	-----MK	-----PSS	376

	'p2'	∖ p7	- Zn-motif -	pol cds start ->	'p1'	∖ p6	vpr binding						
B.FR.HXB2	..	ATIMMQRGNFRNQRKIVKCFNCGKEGHTARNCRAPRKKGCWKCCKEGHQMKDCT	..	ERQANFLGKIWPSYK	..	RPGNPLQSR	..	PEPTAPPE	..	ESFRSGVETT	..	TPPQKQEP	478
CONSENSUS A	..	??n	..	?	..	?	..	?	..	?	..	?	472
A.KE.Q23-CxC-CG	..	N	..	KG-KR	..	L	..	L	..	TCGM-E	..	VS-L	475
A.SE.SE6594	..	N	..	K	..	G-KR	..	L	..	ILGI-E-I	..	AS-PR	472
A.SE.SE6954	..	IN-A	..	KG	..	I	..	L	..	I	..	K	479
A.SE.SE7253	..	T-V	..	A	..	G-KR	..	M	..	S	..	P	473
A.SE.SE7535	..	N	..	G-KR	..	L	..	R	..	S	..	P	474
A.SE.SE8131	..	N	..	G-K	..	L	..	H	..	P	..	S	473
A.SE.SE8538	..	N	..	G-R	..	L-K	..	S	..	P	..	P	472
A.SE.SE8891	..	NV	..	KG-KR	..	L	..	NR	..	P	..	P	472
A.UG.92UG037	..	N	..	KG-KR	..	L-K	..	R	..	S	..	P	476
A.UG.U455	..	S	..	GP-R	..	L-K	..	N	..	P	..	P	471
CONSENSUS B	???	???	..	t	..	h	..	i	..	k	..	???	478
B.AU.AF128998	..	N	..	TI	..	L	..	H	..	R	..	R	479
B.AU.MBC18	..	V	..	S	..	N	..	I	..	R	..	R	493
B.AU.MBC200	..	V	..	S	..	N	..	I	..	K	..	R	478
B.AU.MBC925	..	V	..	S	..	N	..	I	..	K	..	R	479
B.AU.MBCC54	..	T	..	S	..	S	..	N	..	I	..	T	478
B.AU.MBCC98	..	V	..	S	..	K-NI	..	I-KY	..	IR	..	V	478
B.AU.MBCD36	..	AV	..	S	..	K-N	..	I	..	K	..	Y	478
B.CN.RL42	TNS	V	..	S	..	K-N	..	I	..	K	..	L	483
B.DE.D31	..	V	..	S	..	N	..	I	..	K	..	R	478
B.DE.HAN	..	A	..	T	..	I	..	H	..	R	..	R	477
B.ES.89SP061	..	K	..	K	..	T	..	V	..	I	..	K	481
B.GA.OYI	..	V	..	V	..	K	..	K	..	T	..	R	477
B.GB.CAM1	..	V	..	V	..	K	..	K	..	T	..	R	478
B.GB.MANC	..	T	..	I	..	L	..	K	..	R	..	N	478
B.JP.JH31	..	T	..	I	..	L	..	N	..	S	..	P	478
B.NL.ACH3202A21	..	TN	..	Y	..	T	..	I	..	H	..	E	478
B.TW.LM49	..	I	..	K	..	T	..	H	..	I	..	K	477
B.US.AF070521	..	I	..	K	..	T	..	H	..	I	..	K	478
B.US.85WCIPR54	..	I	..	K	..	T	..	H	..	I	..	K	478
B.US.AD8	..	RT	..	T	..	I	..	K	..	R	..	R	478
B.US.BCSG3	..	G	..	TI	..	xx	..	x	..	x	..	K	478
B.US.DH123	..	G	..	TI	..	xx	..	x	..	x	..	K	478
B.US.JRCSF	..	G	..	TI	..	xx	..	x	..	x	..	K	479
B.US.JRFL	..	G	..	TI	..	xx	..	x	..	x	..	K	476
B.US.MNCG	..	I	..	K	..	T	..	V	..	I	..	K	481
B.US.NC7	..	A	..	K	..	M	..	V	..	I	..	I	480
B.US.NY5CG	..	I	..	K	..	T	..	I	..	K	..	R	478
B.US.P896	..	I	..	K	..	T	..	I	..	K	..	R	478
B.US.RF	..	L	..	K	..	D	..	V	..	I	..	K	479
B.US.SF2	..	N	..	S	..	FP	..	TI	..	xx	..	x	480
B.US.WEAU160	..	M	..	K	..	SP	..	TI	..	xx	..	x	478
B.US.WR27	..	NA	..	K	..	T	..	xx	..	x	..	x	478
B.US.YU2	..	NA	..	K	..	T	..	xx	..	x	..	x	478
CONSENSUS C	..	?	..	s	..	Kgpk	..	r	..	?	..	?	466
C.BR.92BR025	..	N	..	S	..	CKGPKRTI	..	L	..	V	..	V	475
C.BW.96BW01B22	..	N	..	S	..	K-PKR	..	I	..	H	..	N	472
C.BW.96BW0402	..	V	..	S	..	KGP-R	..	I	..	H	..	N	472
C.BW.96BW0502	..	N	..	S	..	KGP-RN	..	I	..	K	..	R	478
C.BW.96BW1104	..	N	..	S	..	KN-KGPTR	..	I	..	K	..	R	470
C.BW.96BW1210	..	G	..	S	..	KGP	..	P	..	I	..	H	473
C.BW.96BW15B03	..	N	..	L	..	S-KGPKR-I	..	I	..	H	..	N	472
C.BW.96BW1626	..	N	..	L	..	S-KGPKR-I	..	I	..	H	..	N	472
C.BW.96BW17A09	..	S	..	K	..	KGP-RTI	..	L	..	K	..	#	470
C.ET.ETH2220	..	L	..	S	..	KGPKRAI	..	L	..	K	..	E	484
C.IN.95IN21068	..	L	..	S	..	KGSKR-I	..	L	..	H	..	G	471
C.IN.93IN904	..	L	..	S	..	KGSKRT	..	I	..	H	..	N	480
C.IN.93IN905	..	L	..	S	..	KGSKR	..	L	..	K	..	R	471
C.IN.93IN999	..	L	..	S	..	KGSKR	..	L	..	H	..	A	471
C.IN.94IN11246	..	L	..	S	..	KGSKR-I	..	L	..	H	..	A	468

	'p2'	∖	p7	- Zn-motif -	pol cds start ->	'p1'	∖	p6	vpr binding				
B.FR.HXB2	..	ATIMMQRGNFRNQRKIVKCFNCGKEGHTARNCRAPRKKGCWKCCKEGHQMKDCT	..	ERQANFLGKIWPSYKG	..	RPGNPLQSR	..	PEPTAPPE	..	ESFRSGVETT	..	TPPQKQEP	478
CONSENSUS D	..	ta?	..	Kgp--i	..	i-k	..	??	..	Gf-E-I	..	s--Q	476
D.CD.842R085	..	-A	..	-KS-KGT	..	I	..	A	..	#-GF-E-I	..	S--QK	478
D.CD.ELI	..	T-A	..	-KGP-I	..	I-K	..	R-L	..	-GF-E-I	..	S--Q	478
D.CD.NDK	..	TAV	..	-KGP-SI	..	K	..	R	..	-GF-E-I	..	S--Q	475
D.CD.Z226	..	-AV	..	-KGP-TI	..	I-K	..	R-L	..	-GF-E-I	..	S--Q	479
D.UG.94UG1141	..	TA	..	-KGP-K	..	R	..	HN	..	PPA	..	A	480
F.BR.BZ162	..	-L	..	-KS-KG-R	..	T-I-K	..	R	..	G	..	H-N	471
F.CD.VI174	..	-A	..	-KS-KG-R	..	I	..	R	..	A	..	N-SP	473
F.RW.VI69	..	-A	..	-KS-KG-RT	..	V-K	..	R	..	N	..	S-A	472
F1.BE.VI850	..	-KS	..	-KG-RV	..	I	..	R	..	N	..	N-SP	471
F1.BR.93BR020.1	..	-A	..	-KS-KG-R	..	I-K	..	R	..	N	..	I-N	472
F1.FI.FIN9363	..	-KS	..	-G-R	..	I	..	Q	..	N	..	N-SP	473
F1.FR.MP411	..	-A	..	-KS-YKGP-RFI	..	I-K	..	R	..	N	..	N-SP	472
F2.CM.MP255	..	-A	..	-KS-KG-KR	..	I	..	R	..	N	..	N-SP	472
F2.CM.MP257	..	-A	..	-KS-KG-R	..	I	..	R	..	Q	..	M-N	476
G.BE.DRCBL	..	-A	..	-KS-KGP-RTI	..	L	..	E	..	N	..	N-SP	471
G.FI.HH8793	..	-A	..	-KS-KGPKRNI	..	L	..	R	..	N	..	N-SP	478
G.NG.92NG083	..	-A	..	-KS-KGP-R-I	..	L	..	E	..	N	..	N-SP	478
G.SE.SE6165	..	-A	..	-S-KGP-RTI	..	L	..	R	..	N	..	N-T	478
H.BE.VI991	..	-A	..	-K-KGP-RT	..	S-I	..	Q	..	G	..	S-P-K	480
H.BE.VI997	..	-A	..	-KS-KGP	..	I	..	R	..	A	..	S-SP	478
H.CF.90CF056	..	TA	..	-K-KG-F	..	I	..	R	..	A	..	S-M	479
J.SE.SE9173	..	-N	..	-DHKR	..	Q-I-K	..	R	..	S	..	S-SP	475
J.SE.SE9280	..	-N	..	-DHKR	..	Q-I-K	..	R	..	S	..	S-SP	475
K.BE.VI325	..	-N	..	-KG-I	..	R-I-KH	..	R	..	N	..	K-SP	472
K.CD.EQT811C	..	AV	..	-KG-R-I	..	L	..	S	..	F-LN-E	..	N-SP	472
K.CM.MP535	..	VV	..	-K-KGH	..	I	..	R	..	H	..	H-SP	472
N.CM.YBF30	..	TSVFA	..	-KGI-PI	..	L-K-RG	..	Q	..	KNE-G	..	S-SPF	486
O.CM.ANT70C	..	GGYTAVF	..	-QNP-IRKGTI	..	I	..	Q	..	RN.GK	..	Y-P-GT	479
O.CM.MVP5180	..	GGYTAVF	..	-QNP-RKGP-I	..	I-K	..	R-Q	..	KN.G	..	Y-P-GT	479
CRF01_AE.CF.90CF40	..	-N	..	-K-KG	..	L	..	R	..	S	..	P-M	475
CRF01_AE.TH.93TH25	..	-N	..	-KG-TR	..	L	..	Q	..	N	..	P-K	467
CRF01_AE.TH.CM240	..	-N	..	-KG-KR	..	R-L	..	Q	..	N	..	P-K	480
CRF01_AE.TH.TH022	..	-N	..	-KG-KR	..	L	..	R	..	N	..	P-P	475
CRF01_AE.TH.TH047	..	-N	..	-KG-KR	..	L-L	..	R	..	N	..	P-P	475
CRF02_AG.FR.DJ263	..	-N	..	-G-T	..	L-K	..	R	..	G	..	S-P	472
CRF02_AG.FR.DJ264	..	-N	..	-G-T	..	L-K	..	R	..	S	..	S-P	472
CRF02_AG.NG.IBNG	..	NV	..	-G-T	..	L-K	..	R	..	S	..	S-P	472
CRF03_AB.RU.KAL15	..	-N	..	-KS-GPKR	..	L	..	R	..	S	..	S-P	475
CRF04_cpx.CY.94CY0	..	-A	..	-KSK-KG-RTI	..	L	..	R	..	RM	..	S-N	478
CRF04_cpx.GR.97PVC	..	-A	..	-KS-G-KR-I	..	L	..	R-R	..	RM	..	S-N	478
CRF04_cpx.GR.97PVM	..	-A	..	-KS-KGP-RSI	..	L	..	R	..	RM	..	S-N	476
CPZ.CD.CPZANT	..	GT	..	-VFLQRGNNGN-GGKRPL	..	-PT-TW-C	..	V-KEEVV	..	I	..	IY	505
CPZ.GA.CPZGAB	..	GRAD	..	-VVF-K-QGAGPKRRI	..	-L-K-R-R-Q	..	L-N-PATNTGKV	..	G-V	..	G-RS	489
CPZ.US.CPZUS	..	VFL	..	-K-AGKPKRRI	..	-L-K-R-R-Q	..	AGN	..	H-SPSWSGSKRPGNFLENRK	..	I	483





	vpr binding	p6 terminus	
B.FR.HXB2	.....IDKE..LY..PLTSLRSLFGNDPSSQ\$		500
CONSENSUS A	.....k-r..qm??-v-k-----?l---		493
A.KE.Q23-CxC-CG	.....K-R..QAQ--V-K-----LL---		498
A.SE.SE6594	.....TP.....-SV-K-----L---		490
A.SE.SE6954	.....K--...--A-K-----S---		500
A.SE.SE7253	.....K-R..QNS.-SV-K-----LL---		496
A.SE.SE7535	.....KGQD..P...-V-K-----LL---		495
A.SE.SE8131	.....NNP.-SV-K-----LL---		492
A.SE.SE8538	.....K--...QVP.-V-K-----L---		495
A.SE.SE8891	.....K-R..SEAP--I-K-----L---		496
A.UG.92UG037	.....N-RD..QNP.-SV-K-----LL---		499
A.UG.U455	.....K-R..QT..-V-K-----L---		493
CONSENSUS B	?????????-----??-a-----?		500
B.AU.AF128998	PSQKQET.--D.--..-A-K-----L---		508
B.AU.MBC18	.....--RD..SSLY-A-----		517
B.AU.MBC200	.....--A-----		500
B.AU.MBC925	.....-E--...--A-K-----		501
B.AU.MBCC54	.....--A-----		500
B.AU.MBCC98	.....D.....-A-I-----		500
B.AU.MBCD36	.....--A-----		500
B.CN.RL42	.....--A-K-----		505
B.DE.D31	.....--A-----		500
B.DE.HAN	.....--A-K--S-----		499
B.ES.89SP061	.....-SA-K-----L---		503
B.GA.OYI	.....G-----		499
B.GB.CAM1	.....--A-----		500
B.GB.MANC	.....--A-P-----		500
B.JP.JH31	.....R-----A-----P-		500
B.NL.ACH3202A21	.....R-----A-----		500
B.TW.LM49	.....D.....-A-E-----		500
B.US.AF070521	P.....--A-----S-----		500
B.US.85WCIPR54	.....Q.....-A-----		500
B.US.AD8	.....--A-K-----		500
B.US.BCSG3	.....E--M--..-A-----		500
B.US.DH123	.....--A-K-----S-R-		497
B.US.JRCSF	QEP.....--A-----		504
B.US.JRFL	.....M-----		498
B.US.MNCG	QET.....D.....-A-K-----L---		506
B.US.NC7	.....V-----		502
B.US.NY5CG	.....--A-----S-----		500
B.US.P896	.....--A-----		500
B.US.RF	.....--A-K-----		501
B.US.SF2	.....--A-----		502
B.US.WEAU160	.....--A-K-----		500
B.US.WR27	.....--A-----V-----		500
B.US.YU2	.....--A-----S-----		500
CONSENSUS C	.....k-r..????-k-s-L---		486
C.BR.92BR025	.....--K-----S-L-T-		496
C.BW.96BW01B22	.....K-R-----S-L---		492
C.BW.96BW0402	.....K-R-----K-S-L---		492
C.BW.96BW0502	.....K-R..P-RE--A-----SG-L---		502
C.BW.96BW1104	.....K-R-----I-K-----S-L---		490
C.BW.96BW1210	.....K-R..P...-A-K-----L---		494
C.BW.96BW15B03	.....K-R-----I-K-----S-L---		492
C.BW.96BW1626	.....K-R-----		492
C.BW.96BW17A09	.....DREP.....-FK-----S-L---		489
C.ET.ETH2220	.....K-R.....A--K-----HLL---		504
C.IN.95IN21068	.....K-R-----S-L---		491
C.IN.93IN904	.....K-R-----K-S-L---		500
C.IN.93IN905	.....K-R-----S-L---		491
C.IN.93IN999	.....K-R-----S-L---		491
C.IN.94IN11246	.....KER-----S-L---		488

```

                                vpr binding
                                | - |
                                \ p6 terminus
B.FR.HXB2      .....IDKE..LY..PLTSLRSLFGNDPSSQ$
CONSENSUS D   ?.....K----?----K-----L---
D.CD.84ZR085  D.....K-----A-K-----L---
D.CD.ELI       .....K-----Y-----K-----L---
D.CD.NDK       .....K-----A-K-----L---
D.CD.Z2Z6      .....K-----S-A-K-----LL--
D.UG.94UG1141 .....K-----K-----L---
F.BR.BZ162     .....KEEG...-P--A-K-#.....
F.CD.VI174     .....KGE...-P--A-K-#.....
F.RW.VI69      .....K-EG...-SP--A-K-#.....
F1.BE.VI850    .....K-G...-P--A-K-----S---
F1.BR.93BR020.1 .....K-EG...-P--A-K-----S---
F1.FI.FIN9363  .....KEEG...Q-P--A-K-----S---
F1.FR.MP411    .....K-EGQG--P--A-K---S--$-P-
F2.CM.MP255    .....KGE...QAP--V-K---S--$-
F2.CM.MP257    .....K...QVP--I-K---S-Q$-
G.BE.DRCBL     .....KE...--S--K---Q$-K-
G.FI.HH8793    .....KE...TH...A-K---S--$-
G.NG.92NG083   .....KE...--K---S--$-
G.SE.SE6165    .....KE...LYP-K---S--$-
H.BE.VI991     .....KEQ...P...Q$-
H.BE.VI997     .....K...P...FA-K---L---
H.CF.90CF056   .....K...P...A---S--LL--
J.SE.SE9173    .....K...--S--L---
J.SE.SE9280    .....K...--K---S--L---
K.BE.VI325     .....K...QGS...K-#.....
K.CD.EQT811C   .....K-Q...QGP...K---S--L---
K.CM.MP535     .....K...QSP...K---L---
N.CM.YBF30     QER...TENS...-P-
O.CM.ANT70C    .....GPN...-FA-K---T-Q$-L-Q
O.CM.MVP5180   .....DQE...-FA-K---T-Q$-Q
CRF01_AE.CF.90CF40 .....K-K...QPP--V-K---L---
CRF01_AE.TH.93TH25 .....K...HPP--SV-K---L---
CRF01_AE.TH.CM240 .....K...HPP--V-K---L---
CRF01_AE.TH.TH022 .....K...HPP--SV-K---L---
CRF01_AE.TH.TH047 .....K...PPP--I-K---L---
CRF02_AG.FR.DJ263 .....R-QG...-P--A-K-----S-L-
CRF02_AG.FR.DJ264 .....R-QG...YP-A-K-----S-
CRF02_AG.NG.IBNG .....R-G...-P--K---S-L-
CRF03_AB.RU.KAL15 .....K-R...QHP--SI-K---D-L-
CRF04_cpx.CY.94CY0 .....R...--K---S--L-
CRF04_cpx.GR.97PVC .....R...--K---H-L-
CRF04_cpx.GR.97PVM .....R...--I--K---S--L-R-
CPZ.CD.CPZANT  .....E...PPS.Y-K---K-Q$...
CPZ.GA.CPZGAB  .....S...-PP...K---S-
CPZ.US.CPZUS   .....KE...PF..Q---K---S---E-

```

```

500
498
501
500
497
501
502
485
487
486
493
494
495
496
494
498
499
499
497
500
499
500
497
497
486
495
495
512
501
501
498
490
503
498
498
494
494
494
498
500
500
498
522
508
505

```

HIV-1 GAG