


```

                                     protease
                                     /
                                     <- gag cds ends
B.FR.HXB2      FFREDLAFLQ...GK.AREFSSEQT..RANSP.....T.RRELQVWGRD...NNSPSEAGADRQG...TVSFNFPQVTLWQRPLVTKIGGQLKEALLDTGADDTVLEEMSLPGRWPKPKMIGG 105
CONSENSUS D   ---n--p---g-l---??---S--R--g---??-pl--t--e---I-----I--N--K-----104
D.CD.84Z085   ---N--P---G-L-----S-#-R--G---NPLPETGTGEGO---LS-I-----V-----DIN--K-----105
D.CD.ELI      ---N--P---G-L-PK-----S--R-----PL-KT-E-----I-----A-----N--K-----104
D.CD.NDK      ---P-----G-----S--R--G---PL--T--E-----S--I-----I--N--K-----104
D.CD.Z2Z6     ---P---G-L-----S--R-----PL--T--E-----C--I-----N--K-----104
D.UG.94UG1141 ---N--P---W---P---PS-----S-D-RIR-G---TS--T--E-----L--I-----V--V-----I--N--K-----106
F1.BE.VI850   ---N--Q---E--K-P-----S--R--QRG---PL--E--R---TVP-LS-I-----I-----DIN--K-----105
F1.BR.93BR020.1 ---N--Q---E--KLHP-A---V---A.S--R--G---PI--E--R---TVP-LS-I-----RV-----DWN--K-----105
F1.FI.FIN9363 ---N--Q---E--K-P-$.---A.S--PRDQR-G---L--E--R---TVP-LS-I-----I-----DIN--K-----104
F1.FR.MP411   ---N--Q---E--K---A---A.SG--R--QRGN---PL--EGR--TGTVS-LSL-I-F-----RV--R-----DID--K---I---107
F2.CM.MP255   ---N--Q---E--K-----A.S--R--RRG---PLP--E--R---TGS-LS-I-----A-RV--R-----DIN--K-----105
F2.CM.MP257   ---NV--Q---E--K-----A.S--R--R-G---S-LP--E---TGS-LD-I-----V--V-----DIN--K-----105
G.BE.DRCBL    ---N--Q---E--P--A---R--R--G---SPLP--EGK---I--SI--I-----I--KVR--I-----ID--K-----104
G.FI.HH8793   ---N--Q---E---A---R--RRGN---SPLP--R--EGK---DT-LS-I-----V-----I-----DIK--K-----104
G.NG.92NG083  ---N--Q---E--KL-P--D---S--RIRRG---SPLP--KGE---AI-L--I-----V--I-----GIN--K-----104
G.SE.SE6165   ---N--Q---E---D---T---C-KPR-RRG---SPLP--DEGK---AISL-I-----V-----I-----IN-----102
H.BE.VI991    ---N--Q---PP-EA-----S--R--RRG---HPL--E--T---T---I-----I--V--E-----DIN--K-----103
H.BE.VI997    ---N--Q---RE--K--P--A---S--R--R-G---DLLP--EG---T-LC-I-----V--E--R-----IN-L-----103
H.CF.90CF056  ---N--Q---RE--K--P--A---T---S--R--RRG---DPL--AEGQ---GT-LS-I-----V--E--R-----IN--K-----104
J.SE.SE9173   ---N--Q---RE--P-----S--PR--RRG---PLP-T-EG---S--I-----R--R-----ID--K-----103
J.SE.SE9280   ---Q---RE--L-P-----S--PRARRG---PLP-T-EG---S--I-----R--R-----DID--RK-----103
K.CD.EQTB11C  ---V--SQ---RE--K-----S--W--R--E---PL--T-NE-S---TGS--I-----V--V--V-----IN--K-----105
K.CM.MP535    ---N--P---E---S--R--R-G---PL--DQ-----TEP--I-----I-----I-----IN--K-----105
N.CM.YBF30    ---E-VS---RE-T-KLPPDNNKE-H---A.T--W-S-GEEHTGEGDAG-P-E-EL---SVPT--I-----VI-V--KEVR-----I-LQ-E-K---112
O.CM.ANT70C   ---QI--SGG...HE--QLCA-TS..TPI---DG-GS...EGTG-S-TE-GP..ERAL-VCL--IP--D--I--ARV-H-C-V---NNIQ-E-K-----101
O.CM.MVP5180  ---V--SGG...HE--QLCA-TS..VPI---NGGSGEGT-E...-E-G-SG...A-PICL-IP--D--I--A-V-H-C---NNIQ-E--T-----101
CRF01_AE.CF.90CF40 ---N--Q---E--K-P-----NG-GDG-----LLP--E--E---TAS-S-I-----V--V-----DIN--K-----105
CRF01_AE.TH.93TH25 ---N--Q---G--S---A.S-K-GDG-GA.....E---TSS-S-I-----I-----DIN--K-----97
CRF01_AE.TH.CM240 ---N--Q---G-----S-K-GDG--NGGRD--LLT---E---TSS-S-I-----V-----DIN--K-----110
CRF01_AE.TH.TH022 ---N--Q---GK-----T---S-K-GDG-----LLP--E---TPS-S-I-----V-----DIN--K--R---105
CRF01_AE.TH.TH047 ---N--Q---GK-----S--GDG---LLA-T-E---TPS--I-----V--E-----DIN--K-----105
CRF03_AB.RU.KAL15 ---N--Q---RE--K-----I---S-K-WDG---PLP-T-TEG---TAS--I--R---VR-----DIN--K-----105
AE.TH.PAT-SC31.TH ---N--Q---GK-----S---S-K-GDG---LLTK--E---TSS-S-I-----V-----DIN--K-----105
CRF02_AG.FR.DJ263 ---N--Q---E--K--K---GT---S--GDG---L--SEGP---TIS-LS-I-----V-----I-----IN--K-----105
CRF02_AG.FR.DJ264 ---N--Q---E--K--K---GT---S--WDG---L--TEGP---TISPSS-I-----VR--I-----I--N--K-----105
CRF02_AG.NG.IBNG ---N--Q---E--K-----GT--S---S--WDG---T-L-T-TEG---AIS--I-----VR-E--I-----DIN--K-----105
CRF04_cpx.CY.94CY0 ---NV--Q---RE--K---A---A--GM-REERG---LL--TEG---I---I-----L--IR-----IN--K-----104
CRF04_cpx.GR.97PVC ---NV--Q---R--G---A---RDERG---LL--TEG---I---I-----P-----IR-----DIN--K-----104
CRF04_cpx.GR.97PVM ---NV--Q---E--K---D---A---RDERG---LL--TEG---I---I-----I-----IR-----IN-----104
CPZ.CD.CPZANT ---TDPHVV...VQT--LCA-GSSG--S---H-D-SGGAQE...D-EGSQ-GGG...T-LV-EIP-----MMEVL-Q-KCQ-----V-GIH-Q-N---T---105
CPZ.GA.CPZGAB ---R--P...RE--QLCA--N--T-G---D--W-P-GR...EE-G-ERGRE...QSI-T-L-I-----IPV-VE--C-----I-RIQ-Q-L---103
CPZ.US.CPZUS  ---T-VPIVERGIKE.T--LPGK-E..G-H-S---N-GFR-SR---SDTG-T-KGK...GAL-A---I-----LR-VA--IV-----DNIQIE-T-R---M---107

```

HIV-1 POL

	protease \ / p66, p51 reverse transcriptase										M41L	D67N	K70R								
B.FR.HXB2	IGGFIKVRQYDQILLIEICGHKAIGTVLVGPTVNIIGRNLLTQIGCTLNFPISPIETVPVCLKPGM.DGPKVKQWPLTEEKIKALVEIC.	T	234
CONSENSUS D	-----	t	233
D.CD.84ZR085	-----H-----	T	234
D.CD.ELI	-----P-----Q-----	T	233
D.CD.NDK	-----Y-----M-----	T	233
D.CD.Z2Z6	-----	T	233
D.UG.94UG1141	-----PL-----	T	235
F1.BE.VI850	-----K-----N-----	T	234
F1.BR.93BR020.1	-----K-----S-----R-----	T	234
F1.FI.FIN9363	-----K-----H-----	T	233
F1.FR.MP411	-----K-----T-----D-----	T	236
F2.CM.MP255	-----P-----Q-----	T	234
F2.CM.MP257	-----VS-----Q-----	T	234
G.BE.DRCBL	-----S-----K-----R-----	T	233
G.FI.HH8793	-----S-----K-----I-----M-----X-----	T	233
G.NG.92NG083	-----G-----K-----I-----M-----	T	233
G.SE.SE6165	-----VP-----S-----K-----I-----I-----M-----	T	231
H.BE.VI991	-----E-----VA-----F-----K-----I-----M-----L-----	T	232
H.BE.VI997	-----VA-----K-----	T	232
H.CF.90CF056	-----E-----VA-----K-----	T	233
J.SE.SE9173	-----NEVP-----E-----K-----I-----M-----L-----	TQ	232
J.SE.SE9280	-----NEVP-----E-----K-----I-----M-----L-----	TQ	232
K.CD.EQTB11C	-----VCM-----Q-----	T	234
K.CM.MP535	-----V-----Q-----	T	234
N.CM.YBF30	-----N-----TVD-----Q-----R-----V-----	T	241
O.CM.ANT70C	-----KE-----NVTV-----E-----REVQ-----	T	230
O.CM.MVP5180	-----KE-----NNVTV-----VQ-----KEVQ-----	T	230
CRF01_AE.CF.90CF40	-----K-----	T	234
CRF01_AE.TH.93TH25	-----K-----	T	226
CRF01_AE.TH.CM240	-----K-----	T	239
CRF01_AE.TH.TH022	-----K-----	T	234
CRF01_AE.TH.TH047	-----K-----	T	234
CRF03_AB.RU.KAL15	-----K-----	T	234
AE.TH.PAT-SC31.TH	-----K-----	T	234
CRF02_AG.FR.DJ263	-----K-----	T	234
CRF02_AG.FR.DJ264	-----K-----	T	234
CRF02_AG.NG.IBNG	-----K-----	T	234
CRF04_cpx.CY.94CY0	-----P-----K-----	T	233
CRF04_cpx.GR.97PVC	-----K-----	T	233
CRF04_cpx.GR.97PVM	-----T-----K-----T-----	T	233
CPZ.CD.CPZANT	-----S-----Q-----NKVP-----Q-----GDRTVLA-----L-----N-----V-----CLL-----KV-----E-----	T	234
CPZ.GA.CPZGAB	-----K-----F-----NVH-----E-----R-----VV-----	T	232
CPZ.US.CPZUS	-----K-----HVN-----E-----R-----Q-----S-----	T	236

HIV-1 POL

	polymerase motif																																					
	/ <---> /																																					
B.FR.HXB2	LNKRTQDFWEVQLGIPHPAGLKKKKS	SVTLVDVGD	YF	SVPLDEDFRKY	TAFT	TIPSINNETPGIRYQYNVLPQGWK	GSPAIFQSSMTKILEPFRKQNP	PDIVIQYMDDLYVGS	DLEIGQHR	KIEELRQHL	LR	366																										
CONSENSUS D												364																										
D.CD.84ZR085		I		I	C					I	EV	A	K	E	366																							
D.CD.ELI						S					EM		K	E	365																							
D.CD.NDK											E			E	365																							
D.CD.Z2Z6						K					E			E	365																							
D.UG.94UG1141						H					EMI		I	G	K	367																						
F1.BE.VI850						K	K			V		C		MK		E	366																					
F1.BR.93BR020.1						K		S		T	V	Y	D	AK			E	366																				
F1.FI.FIN9363						K				V		C		TR			E	365																				
F1.FR.MP411						KE				L		KE		AK			L	M	E	K	368																	
F2.CM.MP255						KE				L		C		AK	E				E	K	366																	
F2.CM.MP257						R				KE		E		E			I			A	E	366																
G.BE.DRCBL						P		G		Q	R	N		T			#	.		T	E	A	E	362														
G.FI.HH8793										RENQSA		S		T						IK	EM		A	K	E	365												
G.NG.92NG083										R		K								S	TK	EM		A	E	K	365											
G.SE.SE6165														V						R	AN	EM		A	E	K	363											
H.BE.VI991										S		G		H						T		EVI		E	A	E	364											
H.BE.VI997										S				K								E	I		A	A	E	364										
H.CF.90CF056										S				KE								A	E	EM		A	A	E	K	365								
J.SE.SE9173														Y								C	K	ER	E	E	R	K	E	K	364							
J.SE.SE9280														Y								C	K	ER	E	E	R	K	E	K	364							
K.CD.EQTB11C										P				K								C		RK	M	L		A	E	E	366							
K.CM.MP535														K								H		IK	EM			P		E	K	366						
N.CM.YBF30														Q								C	K	EKH	E	I		LA	EAV	D	D	K	373					
O.CM.ANT70C										E		G		Q	Q							C	P		V			RD	ELE	C		PLTE	KR	L	E	YQ	362	
O.CM.MVP5180												G		QRQ								C	P		V	V		D	S	EVE	I		PLAE	KRV	L	E	YQ	362
CRF01_AE.CF.90CF40														G								V		AR	E			V	D	A	A	S		366				
CRF01_AE.TH.93TH25														S										IK	EM						A	S		358				
CRF01_AE.TH.CM240														S										IK	EM			K			A	S		371				
CRF01_AE.TH.TH022														R								C	T	TK	E						A	S		366				
CRF01_AE.TH.TH047																							S		IK	EM					A	S		366				
CRF03_AB.RU.KAL15														Q											E						E		366					
AE.TH.PAT-SC31.TH														S											IK	EM				I		A	S	366				
CRF02_AG.FR.DJ263										S				K											A	N	HY	IK	E	M		E	A	E	K	366		
CRF02_AG.FR.DJ264										G		R		K											A		IK	E			A		E	K	366			
CRF02_AG.NG.IBNG														K											A		TK	E			A		G	K	366			
CRF04_cpx.CY.94CY0														PE											C		FK	E			A		E	365				
CRF04_cpx.GR.97PVC														PA											Y		TR	E					E	365				
CRF04_cpx.GR.97PVM														PE											C		TK	EM					KA	E	365			
CPZ.CD.CPZANT										I		Q		I		Q									A		DKY	AVE			M	TA	EM	K	QV	366		
CPZ.GA.CPZGAB														C		K									S		EK	T			D	K	V	K	364			
CPZ.US.CPZUS												R		C		KE											D	H	VI			NLEK	E	V	L	Y	T	368

	p51 \ / Rnase H															
B. FR. HXB2	QIYQEPFKNLKTGKYARMRGAHTNDVKQLTEAVQKITTESIWIWGKT.	PKFKLPIQKETWETWTEYWQATWIPEWEFVNTPLVLKWLWYQLEKEPIVGAETFYVDGAANRETKLGKAGYVTNRGRQKVVTILT	625													
CONSENSUS A	-----k-s-----a-v-vvm-----	-----md-----d-a-----d-----s--	623													
A. KE. Q23-CxC-CG	--F-----K-S-----R-A-V-VVM-----	--R-----D-MD-----L-----D-A-----DK-----S--	625													
A. SE. SE6594	-----K-SV-----A-M-VV-----	-----MD-----LW-L-ED-----DS-F-E---KEK-Lx-TGWF-AEG---V-P-A	620													
A. SE. SE6954	---QY-----KV-T---I---A---AQ-C-----	---R-----D-M-----D-----P--	624													
A. SE. SE7253	-----K-S-----R-A-V-VVM-----	-----MD-----D-A-----D-----S--	625													
A. SE. SE7535	---T-----K-S-----A-V-VAM-----	---RS-----D-ID-----D-----S--	623													
A. SE. SE8131	-----KKS-----R-A-V-VVM-----	-----D-D-D-MD-----D-A-V-----D-----S--	619													
A. SE. SE8538	-----K-S-----A-V-VVM-----	-----V---D---M-----D-A-----D-----S--	625													
A. SE. SE8891	-----K-S-----R-V-V-VVM-----	-----MD-----D-----D-----A	620													
A. UG. 92UG037	-----K-S-----A-V-VVM-----	-----MD---\$-----D-A-----D-----S--	625													
A. UG. U455	-----K-S-----V-VS-----I---R-----	-----A-M-----D-A-----D-----S--	624													
CONSENSUS B	-----a-----	-----a-----d-----s--	625													
B. AU. MBC18	---DQ-R-----D-----A-----	---R-----DA-----D-----S-A	637													
B. AU. MBC200	-----	---R-----D-----P--	625													
B. AU. MBC925	-----T-----	-----I-----K-----S--	627													
B. AU. MBCC54	-----V-----S---I-----R---A-----	-----I-----I-----K-----L--	625													
B. AU. MBCC98	-----R-----A-----	-----R-I-----K-----D-----S--	626													
B. AU. MBCC36	-----KT-----R-----A---K-----	-----A-K-----K-----I-----N---VK-----K-----L-N	625													
B. CN. RL42	---Y-----A-----	-----A---I---S-----EE-----K-----	625													
B. DE. D31	-----I-----A---G-----	-----R---A-----T-----D-----S--	625													
B. DE. HAN	-----	-----A-----D-----S-N	624													
B. GA. OYI	-----Q-----	-----D-----D-----S--	625													
B. GB. CAM1	-----K---T-----A-----	-----DA-ID-----R-----D-----P--	625													
B. GB. MANC	---RS-----K---T-----V---I---I-----	---DA-----D-----IS--	625													
B. NL. ACH3202A21	-----	-----A-----D-----S-N	625													
B. TW. LM49	---T-----T-----A-----	-----A-----I-----DK-----S--	625													
B. US. AF070521	-----K-----A-----	-----A-----I-----D-----P--	625													
B. US. AD8	-----K-----A-----	-----A-M-----D-----P--	625													
B. US. BCSG3	-----A---T-----C-I-----	-----R-----E-----K-----	625													
B. US. DH123	-----T-----V---V---C-----	-----R-----S---R-----S-----	623													
B. US. JRCSF	---F-----T-----AN-----I-----	-----T-----S-----S-----	629													
B. US. JRFL	-----I---T-----AN-----I-----	-----A-----T\$-----V-----K-----S--	625													
B. US. MNCG	-----K-----A-----	-----A-----I-----D-----P--	625													
B. US. NY5CG	-----	-----A---D-----D-----S-A	625													
B. US. P896	---Y-----VA-----	-----A-----I-----D-----S--	624													
B. US. RF	-----VS-----I-----	-----A-M-----D-----SIA	625													
B. US. SF2	-----V-----	-----K-----R-----S--	625													
B. US. WEAU160	---Ix-x---T-----x-x---xA-x-----	---xI---SR-----x-----S-----D-----S-N	625													
B. US. WR27	-----T-----A-----	-----I-----S-----K-----S--	625													
B. US. YU2	-----K-t-----am-----	-----R-----d-----a-----i-----D-----i-s--	620													
CONSENSUS C	-----K-T-----R-----AL---I-----	-----R-----A-D---\$-----A-----I-M-----D-----I-SI--	622													
C. BR. 92BR025	-----K-T-----A-----#-----	-----R-----D-----A-----I-----D-----RI-S--	620													
C. BW. 96BW01B03	-----K-T-----V---M-----	-----R-----D-----D-----A-----DK-----T-P--	621													
C. BW. 96BW0402	-----K-T-----AQ-----	-----R-----D-----D-----P-V-----D-----I-S--	631													
C. BW. 96BW0502	-----K-T-----SM-----I-----	-----R-----A-A-D-----T---MA-----I-----DK-----E---	619													
C. BW. 96BW1104	-----KL-T-----R-----AQ-C-----	-----R-----A-D-----A-V-----M-----D-----I-S-N	622													
C. BW. 96BW1210	-----K-T-----AM-----	-----R-----D-----I-----D-----I-S--	621													
C. BW. 96BW15B03	-----K-T-----A---M---L-----	-----R-----D-----D-----K-----C-D-----I-S--	621													
C. BW. 96BW1626	-----K-KKST-----D---M-----	-----R-----D-----D-----A-----D-----DK-----S--	622													
C. BW. 96BW17A09	---F-----F-KKGT-----AV---AL-----	---R-----A-D-----D-----A-V-----I-----D-----I-S--	632													
C. ET. ETH2220	-----K-T-----AM-----	-----R-----D-----D-----A-V-----D-I-----D-----I-S--	621													
C. IN. 95IN21068	---V-----K-T-----AM-----	---R-----D-----D-----D-A-V-----K-----D-----I-S--	621													
C. IN. 93IN904	-----K-T-----A-----	-----R-----D-----D-----A-----I-----DK---N-I-S--	620													
C. IN. 93IN905	-----K-T-----AM-----	-----R-----A-D-----D-----I-----D-----I-P--	630													
C. IN. 93IN999	---V-----K-T-----A---AM-----	---R-----D-----D-----D-A-----D-I-----D-----I-S--	621													
C. IN. 94IN11246	-----K-T-----AM-----	-----R-----D-----D-----D-A-----D-I-----D-----I-S--	621													

p51 \ / Rnase H

B. FR. HXB2	QIYQEPFKNLKTGKYARMRGAHTNDVKQLTEAVQKITTESIWIWGKT. PKFKLPIQKETWETWWTYEQATWIPEWEFVNTPLVLKWLWYQLEKEPIVGAETFYVDGAANRETKLGKAGYVTVNRGRQKVVTLT	625
CONSENSUS D	-----a-----r-----i-----i-----D-----pf-	622
D. CD. 84ZR085	-----AI-----I-----ID-----I-----K-----D-----PF-	625
D. CD. ELI	-----A--R-S-----R-----R-----A-----I-----D-----P-	624
D. CD. NDK	-----T-----A-----A-----I-----I-----D-----PF-	624
D. CD. Z2Z6	-----A-V-S-----R-----V-----I-----D-----PF-	624
D. UG. 94UG1141	---QY---K--T-----AQ-C-----R-----Y-----I-----D-----S-	626
F1. BE. VI850	---N---KV-S-----AL-----RS-----L-D-----D-----T--A--D-----S--K-----DK-K--S--	626
F1. BR. 93BR020.1	-----K-S-----SL-----R--L-D-----D-----T--A--D-----S--K-----D--A-S--	625
F1. FI. FIN9363	---R---K-S-----AL-----L-D-----D-----T--A--L-----S--K-----D-----S-	624
F1. FR. MP411	-----KT-S-----I-E-D-----VAR-C-----S--R--L-A-D-----T--I-----S--K-----D--A-I--	627
F2. CM. MP255	---Y---KRKS-----V--A-----I-----R-----I-----D-----T--A-----S--K-----D-----P-	625
F2. CM. MP257	---H---RKS-----V--VA-G-----V--R--I-----I-----D-----T--I-----I-D-----S--	625
G. BE. DRCBL	-V--Y---KGS-----V--A-G-I-----I-----R--K--V-----D-----DK--III--	621
G. FI. HH8793	---Y---TRGT-----V--A-----R--V-----D-----R--T--P--Y-----DK-K--II--	624
G. NG. 92NG083	---Y---KRGS-----V--A-G-----I-----R--V-----A-----T--P--Y-----H--DK-K--II--	624
G. SE. SE6165	---Y---KRGS-----V--A-----R--I-----D-----R--T--P--Y-----DK-K--II--	622
H. BE. VI991	-----K-S-----V--A-----I-----R-----H-----H-----M-----D--K--I-S--	623
H. BE. VI997	-----K-N-S-----V--A-----I-----R-----H-----H-----A--A--Y-----I-----DK-K--A--	622
H. CF. 90CF056	-----K-T-----I-----S-----I-----R-----H-----H-----T--A--Y-I-----D--K--S--	624
J. SE. SE9173	-----KR-S-----SQV--AL-A-----R-----D-----M-----S-----V-----DK--I--	623
J. SE. SE9280	-----KR-S-----A-V--AL-A-----R--R-----D-----M-----S-----T-----DK--	623
K. CD. EQTB11C	---Y---I-S-----V--VAM-----R-----G-----T-----Q-----DK--ISI--	625
K. CM. MP535	---H---S-----A--G-----R-----R-----H-----K-R-----D-----SI--	625
N. CM. YBF30	---LH---K-S-----I--V-V-R-VA-----R--V--V--A--DH-----T--S-----F--D-----SIA	632
O. CM. ANT70C	---EH---T-QKAS--IR--A-VI--VSQ--I--L-----VTR--AD-----S--I--R--S--M--Y-----EQ-K--IIK-D	621
O. CM. MVP5180	-V--DEH---QKAS--IR--A-V--VSQ-A--L-----R--VTR--A-----S--I-----T--M-----N-----EQ-K-NIIK-E	621
CRF01_AE. CF. 90CF40	---K-S-----R--A-V--VA-----R--R-----M-----D--M-----S--Q-----D-----S--	625
CRF01_AE. TH. 93TH25	---S-K-S-----R--V--A-----R--R-----M-----D-----S-----D-----IS--	617
CRF01_AE. TH. CM240	---RGS-----R--V--VA-----R--R-----M-----D-----S-----D-----S--	630
CRF01_AE. TH. TH022	---K-S-----R--V--A-----R-----M-----D-----S-----D-----S--	625
CRF01_AE. TH. TH047	---N-S-----R--V--A-----R-----M-----I-----S-----D-----S--	625
CRF03_AB. RU. KAL15	-----L-----A-----S-----D-----S--	625
AE. TH. PAT-SC31. TH	-----K-S-----R--A-V--A-----R-----R-----M-----D-----S-----E-----D-----S--	625
CRF02_AG. FR. DJ263	---KR-S-----A-V--VV-----R--R-----A--M-----D-----D-----D-----S--	625
CRF02_AG. FR. DJ264	---KR-S-----V--VA-----S--R-----A--M-----D-----D-----K-----D-----S--	625
CRF02_AG. NG. IBNG	---KK-S-----V--VAM-----R--R-----M-----D-----D-----I-----D-----S--	625
CRF04_cpx. CY. 94CY0	---H---T-S-----R-----AM-C-----R-----D-----TD--A-----Q-----D-----S-S	624
CRF04_cpx. GR. 97PVC	---Y---KT-S-----R--V--AM-C-----R-----D-----D-----\$--PD--A-----S--RR-----D-----S-S	623
CRF04_cpx. GR. 97PVM	---Y---KT-S-----R-----AM-C-----R-----D--M-----T--A-----S--NQ-----D-----I--P	624
CPZ. CD. CPZANT	---NEG-L--A--PT-T--E-R--AGV--GL-----EV--Q--TR--DA--SD-----IR--N-LAD--PE-----NSQ-----D--SR-KH-Q	628
CPZ. GA. CPZGAB	---F--H-----Q-S-----IR--A-----A-----R--V--S--A--A-----I-----S--T--PTTD--Y-----T-----DK-K--IIS-E	623
CPZ. US. CPZUS	---F--RH-----Q-S-----IR--V-V--A-----V-----LV--V--S-----D-----K--T-A-E-----Q--K-----D--II-E	627

HIV-1 POL

HIV-1/SIVcpz
Amino Acids

	p66, Rnase H \ / Integrase										
B. FR. HXB2	DTTNQKTELQAIYLALQDSGLEVNIVTDSQYALGIIQAQPDQSESELVNQIIIEQLIKKEKVLAWVP	PAHKIGGNEQVDKLV	SAGIRKVLFLDGD	KAQD	EHEKYHSNWRAMASDFNLPPVVAKEIVASC						755
CONSENSUS A	e-----h-h-----s-----r-----k-g-d-----s-----s-----e-----r-----?										751
A. KE. Q23-CxC-CG	E-----H-H-----S-----K-----I-----K-E-D-----S-----S-----E-----R-----T-----I-----										755
A. SE. SE6594	K--H-T--P-LHPS--SV-I--N--S-G--R--K--VG-D--S--S--S--E--R--T--I--										750
A. SE. SE6954	E-----H-H-----S-----K-----S-----S-----R-----N-----I-----E-----N-----										754
A. SE. SE7253	E-----H-H-----S-----S-----I-----K-G-D-----S-----S-----I-----E-----R-----I-----										755
A. SE. SE7535	E-----H-L-----S-----R-----K-G-D-----S-----S-----E-----R-----T-----I-----										753
A. SE. SE8131	E-----H-H-----S-----K-----K-E-D-----S-----S-----E-----R-----T-----I-----										749
A. SE. SE8538	E-----VH-H-----S-----S-----K-G-D-----S-----S-----E-----R-----I-----										755
A. SE. SE8891	E-----H-----S-----R-----K-G-D-----S-----V-RI-----E-----R-----T-----I-----										750
A. UG. 92UG037	E-----H-H-----S-----R-----K-E-D-----S-----S-----E-----R-----I-----										755
A. UG. U455	E-----H-H-----S-----R-----I-----K-E-S-----S-----E-----D-----C-----										754
CONSENSUS B	-----h-----s-----k-----s-----e-----e-----										755
B. AU. MBC18	-----H-----S-----K-----I-----N-----K-----T-----R-----E-----D-----I-----										767
B. AU. MBC200	-----H-----S-----K-----S-----E-----E-----										755
B. AU. MBC925	-----S-----S-----E-----N-----I-----C-----										757
B. AU. MBCC54	-----H-----H-----K-----I-----S-----E-----E-----I-----D-----										755
B. AU. MBCC98	-----H-----H-----K-----V-----S-----E-----T-----I-----D-----										756
B. AU. MBCC36	-----H-----H-----K-----I-----S-----E-----E-----										755
B. CN. RL42	-----V-----S-----I-----K-----S-----I-----I-----E-----C-----										755
B. DE. D31	-----H-----S-----I-----K-----S-----T-----E-----N-----										755
B. DE. HAN	-----H-----K-----S-----E-----D-----										754
B. GA. OYI	-----H-----K-----S-----E-----D-----										755
B. GB. CAM1	-----K-----S-----E-----E-----										755
B. GB. MANC	-----H-----S-----K-----S-----E-----E-----										755
B. NL. ACH3202A21	-----N-----K-----S-----E-----E-----										755
B. TW. LM49	-----H-----S-----K-----S-----E-----T-----R-----E-----										755
B. US. AF070521	-----H-----S-----K-----S-----E-----E-----										755
B. US. AD8	-----H-----K-----S-----I-----N-----E-----D-----I-----										755
B. US. BCSG3	-----E-H-----K-----S-----V-----E-----										755
B. US. DH123	-----K-----T-----R-----E-----E-----A-----C-----										753
B. US. JRCSF	-----H-----K-----S-----E-----D-----K-----I-----										759
B. US. JRFL	-----H-----K-----S-----E-----D-----K-----I-----										755
B. US. MNCG	-----H-----K-----S-----E-----D-----I-----										757
B. US. NY5CG	-----H-----K-----S-----E-----E-----										755
B. US. P896	-----H-----K-----S-----E-----T-----										755
B. US. RF	-----H-----K-----S-----R-----T-----E-----										754
B. US. SF2	-----H-----K-----S-----N-----E-----										755
B. US. WEAU160	-----H-----K-----S-----S-----E-----										755
B. US. WR27	-----H-----K-----S-----x-xx-----S-----x-x-----E-----D-----GE-----x-----C-----										755
B. US. YU2	-----R-----S-----E-----E-----										755
CONSENSUS C	E-----q-----s-----k-----r-----s-----s-----e-----i-----										750
C. BR. 92BR025	E-----Q-----S-----K-----R-----S-----S-----N-----E-----E-----I-----										752
C. BW. 96BW01B03	E-----RA-----Q-----S-----K-----T-----R-----S-----S-----E-----E-----I-----										750
C. BW. 96BW0402	E-----A-----Q-----S-----K-----Q-----W-----S-----K-----Q-----M-----E-----N-----DE-----I-----										761
C. BW. 96BW0502	E-----A-----Q-----S-----K-----C-----R-----S-----K-----E-----E-----N-----E-----I-----										749
C. BW. 96BW1104	E-----A-----Q-----S-----K-----C-----R-----S-----K-----E-----E-----N-----E-----I-----										752
C. BW. 96BW1210	E-----A-----Q-----S-----K-----Q-----D-----S-----I-----K-----E-----I-----										751
C. BW. 96BW15B03	E-----A-----Q-----A-----K-----N-----RI-----S-----H-----S-----E-----D-----I-----										751
C. BW. 96BW1626	E-----A-----Q-----S-----K-----E-----Q-----D-----S-----S-----E-----D-----G-----NE-----I-----										752
C. BW. 96BW17A09	E-----C-----S-----L-----K-----I-----S-----R-----S-----S-----E-----D-----NE-----I-----P-----C-----										762
C. ET. ETH2220	E-----C-----S-----K-----R-----S-----N-----E-----R-----S-----										751
C. IN. 95IN21068	E-----C-----S-----K-----R-----S-----S-----E-----R-----										750
C. IN. 93IN904	E-----C-----S-----K-----R-----S-----S-----E-----R-----										751
C. IN. 93IN905	E-----C-----S-----NK-----R-----S-----S-----E-----R-----										750
C. IN. 93IN999	E-----C-----S-----K-----R-----S-----S-----E-----R-----I-----										760
C. IN. 94IN11246	E-----C-----S-----K-----E-----N-----R-----S-----S-----R-----E-----										751

p66, Rnase H \ / Integrase

B. FR. HXB2	DTTNQKTELQAIYLALQDSGLEVNIVTDSQYALGIIQAQPDQSESELVNQIIEQLIKKEKVLAWVPAHKGIGGNEQVDKLVSA	GIRKRVFLDGDIDKAQD	.EHEKYHSNWRAMASDFNLPPVVAKEIVASC	755
CONSENSUS D	-----N-----	K-----S-----	q-----E-----n-----	752
D. CD. 84ZR085	-----N-----	K-----S-----	S-----E-----N-----	755
D. CD. ELI	-----N-----	K-----S-----	Q-----E-----N-----	754
D. CD. NDK	-----N-----	K-----S-----	Q-----E-----N-----	754
D. CD. Z2Z6	-----N-----	K-----S-----	Q-----E-----N-----	754
D. UG. 94UG1141	-----N-----	K-----V-----S-----	N-----I-----E-----N-----E-----	756
F1. BE. VI850	E---A---S---	K---I---Q---R---S---	V---I---E---N---I---	756
F1. BR. 93BR020.1	E---A---Q---S---	K-----S-----	E---N---I---A---	755
F1. FI. FIN9363	E---A---H---S---	K-----S-----	Q---I---I---E---N---	754
F1. FR. MP411	E---A---H---S---	V-----K---I---K---K---Q---R---S---	R-----I---E---N---	757
F2. CM. MP255	E---H---S---	K-----S-----	S-----E---N-----N---	755
F2. CM. MP257	E---H---Q---S---	H---K---I---Q---R---S---	T-----E---N-----	755
G. BE. DRCBL	E---A---H---Q---S---	Q---S-----R---I-----	S-----E---R---K---I---	751
G. FI. HH8793	E---H---Q---S---	R-----S-----	S-----E---D---H---I---	754
G. NG. 92NG083	E---A---H---Q---S---	R---P---R---G---R---P---	S-----E---R---	754
G. SE. SE6165	E---A---Q---S---	R---A---R---A---	S-----E---R---N---I---	752
H. BE. VI991	E---E---P---	K-----E---F---S---	S-----V---Q---I---	753
H. BE. VI997	E-----	K-----E---S---	S-----E---A---R---N---E---I---	752
H. CF. 90CF056	E-----	K-----E---S---	S---V---E---R---N---V---I---	754
J. SE. SE9173	-----H---R---I---	K-----E---S---	S-----E---	753
J. SE. SE9280	-----H---R---I---	K-----E---S---	S-----E---D---	753
K. CD. EQTB11C	E---H---H---S---	K-----D-----	DR---S-----E#---N---	755
K. CM. MP535	E---A---C---S---	K-----D-----	RI---S-----E---N---I---	755
N. CM. YBF30	---A---LM---E---RD---	M---HS---K---S---	E---R---S-----E---D---DR---K---I---	762
O. CM. ANT70C	E---A---M---L---KET---	V---SS---T---PI---Q---E---T---Q---T---	KI---KD---R---E---Q---E---D---K---L---E---G---I---	751
O. CM. MVP5180	E---A---M---VLI---KEQ---	V---SS---T---D---PI---Q---E---T---R---T---	KI---KD---R---E---Q---E---D---L---G---I---I---	751
CRF01_AE. CF. 90CF40	E---H---H---P---	R---DI---K---E---S---	S---R---E---D---R---I---	755
CRF01_AE. TH. 93TH25	E---H---H---S---	R---V---S---E---	S-----IS---N---E---R---T---I---N---	747
CRF01_AE. TH. CM240	E---H---H---S---	R---V---E---S---	S-----E---R---T---I---TN---	760
CRF01_AE. TH. TH022	E---S---H---S---	R---V---E---S---	S-----E---R---T---I---N---	755
CRF01_AE. TH. TH047	E---H---H---S---	R---V---L---E---S---	S-----E---R---T---I---N---	755
CRF03_AB. RU. KAL15	-----H---	K-----S-----	E-----E---G---	755
AE. TH. PAT-SC31. TH	E---H---H---S---	R---V---E---S---	S-----E---R---T---H---I---N---	755
CRF02_AG. FR. DJ263	E---H---S---	R-----K---E---D---S---	N-----E---GR---I---I---C---	755
CRF02_AG. FR. DJ264	E---H---S---	R-----K---E---D---S---	N-----E---R---I---C---	755
CRF02_AG. NG. IBNG	E---H---H---S---	R-----K---D---S---	N-----E---R---K---I---C---	755
CRF04_cpx. CY. 94CY0	E---R-----	K---S---I---R---D---R---D---S---	N-----E---N---S---	754
CRF04_cpx. GR. 97PVC	E---R-----	K---S---I---R---D---L---Q---D---S---	N-----E---D---	753
CRF04_cpx. GR. 97PVM	E---R-----	K---S---M---K---K---D---Q---D---S---	N-----E---N---K---	754
CPZ. CD. CPZANT	K---QA---LM---E---TGP---	VL---GT---P---EE---QK---R---QI---S---	Q---Q---E---E---D---D---SL---DEY---I---I---Q---	758
CPZ. GA. CPZGAB	N---QA---K---LL---DQQ---	V---S---H-----E---I---S---	R---E---R---K---I---H---	753
CPZ. US. CPZUS	N---A---T---V---K---ENT---V---G---V---HS---	E---S---IS---	I---S-----E---D---D---T---	757

HIV-1/SIVcpz
Amino Acids

B. FR. HXB2	DKCQLKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEGKVI	LVA	VH	VAS	GYIEAEV	IPAETGQETAYFL	LKL	LAGRWPVKTI	HTD	NGSNFTGATV	RAAC	WAGIKQ	EF	GIPYN	PQS	QGV	VES	MN	KEL	KKI	IGQ	VRD	QAEHL	887			
CONSENSUS A										vv		S-A-K	n?g											e	882		
A. KE. Q23-CxC-CG						V				IV		S-A-K	N-Q											E	887		
A. SE. SE6594										VV		S-A-K	N-Q											E	882		
A. SE. SE6954										RVV		STA-K													886		
A. SE. SE7253										IV		S-AFK	S-Q											E	887		
A. SE. SE7535									I	V		S-A-K	NV											E	885		
A. SE. SE8131										AV		S-AFK	NVQ											E	881		
A. SE. SE8538	N									VV		S-AFK	NVQ	Y										E	887		
A. SE. SE8891										VV		S-AFK	NVQ											E	882		
A. UG. 92UG037							V			VV		S-A-K	NV											E	887		
A. UG. U455	N									I		S-A-K	V	N-Q										E	886		
CONSENSUS B							i					ST-k													887		
B. AU. MBC18							I			I		IST-K												T	899		
B. AU. MBC200										A		ST-K													887		
B. AU. MBC925												P	SN-K											I	889		
B. AU. MBCC54													IST-K												887		
B. AU. MBCC98													ST-K											A-HRA	888		
B. AU. MBCC36													IS-K											R	887		
B. CN. RL42													R	SNS-K										D	887		
B. DE. D31														ST-K										V	887		
B. DE. HAN														V										P	ST-K	886	
B. GA. OYI														I											ST-K	887	
B. GB. CAM1																									IST-K	887	
B. GB. MANC																									G	IST-K	887
B. NL. ACH3202A21																									ST-K	887	
B. TW. LM49																									S-K	887	
B. US. AF070521																									K	887	
B. US. AD8																									ST-K	887	
B. US. BCSG3																									V	887	
B. US. DH123																									ST-K	887	
B. US. JRC5F																									ST-K	885	
B. US. JRFL																									T	891	
B. US. MNCG																									ST-K	887	
B. US. NY5CG																									P	ST-K	889
B. US. P896	N																								V	887	
B. US. RF																									ST-K	887	
B. US. SF2																									I	886	
B. US. WEAU160																									ST-K	887	
B. US. WR27																									ST-K	887	
B. US. YU2																									I	887	
CONSENSUS C																									IST-x-x-x	887	
C. BR. 92BR025																									T	887	
C. BW. 96BW01B03																									S-K	882	
C. BW. 96BW0402																									Q-Q	886	
C. BW. 96BW0502																									ST-K	887	
C. BW. 96BW1104																									ST-K	887	
C. BW. 96BW1210																									ST-K	887	
C. BW. 96BW15B03																									ST-K	887	
C. BW. 96BW1626																									ST-K	887	
C. BW. 96BW17A09																									ST-K	887	
C. ET. ETH2220																									ST-K	887	
C. IN. 95IN21068																									ST-K	887	
C. IN. 93IN904																									ST-K	887	
C. IN. 93IN905																									ST-K	887	
C. IN. 93IN999																									ST-K	887	
C. IN. 94IN11246																									ST-K	887	

B. FR. HXB2	DKCQLKGEAMHGQVDCSPGIWQLDCTHLEGKVLVAVHVASGYIEAEVIPAETGQETAYFLLLKLAGRWPVKTIHTDNGSNFTGATVRAACWWAGIKQEFGPIYNPQSQGVVESMNKELKKIIGQVRDQAEHL	887
CONSENSUS D	-----vV-----S-a-K-----	884
D. CD. 84ZR085	-----A-----VV-----S--K-----	887
D. CD. ELI	-----VV-----S-A-K-----	886
D. CD. NDK	-----VV-----S--K-----	886
D. CD. Z2Z6	-----I-----IV-----S-A-K-----	886
D. UG. 94UG1141	---V---L---G-----VV-----S-A-K-----E-----	888
F1. BE. VI850	-----E-----I-----I-----S-A-K-S-----O-----I-----	888
F1. BR. 93BR020.1	-----I-----L-----T-----S--K-----O-----I-----	887
F1. FI. FIN9363	-----I-----D-----I-----M-----S-A-K-----O-----	886
F1. FR. MP411	-----I-----I-----I-----SSA-K-----O-----	889
F2. CM. MP255	-----I-----I-----I-----STV-K-----O-----V-----I-----	887
F2. CM. MP257	-----I-----A-----I-----I-----S-V-K-----O-----	887
G. BE. DRCLB	-----I-----I-----I-----S-A-K-----S-T-----	883
G. FI. HH8793	H-----I-----I-----V-----I-----S-A-K-----D-T-----	886
G. NG. 92NG083	-----I-----I-----I-----V-----P-----IS-A-K-----N-T-----G-----	886
G. SE. SE6165	-----I-----I-----I-----TV-----S-A-K-----N-T-----	884
H. BE. VI991	-----I-----I-----M-----S-A-K-----D-H-----	885
H. BE. VI997	-----I-----xP-----I-----M-----T-----STA-K-----D-Q-D-----	884
H. CF. 90CF056	-----Q-----K-----S-----V-----S-A-K-----D-Q-----	886
J. SE. SE9173	-----A-F-I-----G-----A-----SGA-K-----D-----E-----	885
J. SE. SE9280	-----A-F-I-----V-----SGA-K-----D-----E-----	885
K. CD. EQTB11C	-----I-----I-----I-----RV-----S-V-K-----D-----E-----	887
K. CM. MP535	-----I-----I-----I-----V-----T-----STV-K-----V-----	887
N. CM. YBF30	-----N-----V-----I-----L-----I-----V-----S--K-----N-----A-----I-----	894
O. CM. ANT70C	P--HI--I--EV--I--M--I--I--F-----A-----V-----P--ST-MK--N-QH--A--S-Q-----	883
O. CM. MVP5180	P--HI--T--Y--E--M--I--I--DF-----A-----V-----P--S-AMK--T--QH--A--S-Q-----	883
CRF01_AE.CF.90CF40	-----RV-----S-A-K-----NVO-----E-----	887
CRF01_AE.TH.93TH25	-----V-----S-A-K-----NVR-----E-----	879
CRF01_AE.TH.CM240	-----V-----S-A-K-----NVO-----E-----	892
CRF01_AE.TH.TH022	-----VV-----S-A-K-----NVR-----E-----	887
CRF01_AE.TH.TH047	-----V-----S-A-K-----NVR-----E-----	887
CRF03_AB.RU.KAL15	-----I-----V-----I-----STA-K-----Q--QT-----	887
AE.TH.PAT-SC31.TH	-----I-----V-----S-A-K-----NVR-----I-E-----	887
CRF02_AG.FR.DJ263	-Q-----G-----I-----I-----V-----S-A-K-----NVT-----A-----	887
CRF02_AG.FR.DJ264	-----I-----I-----V-----S-A-K-----NVT-----	887
CRF02_AG.NG.IBNG	---M---G---I---I---V---S-A-K---NVT---	887
CRF04_cpx.CY.94CY0	N-----I-----M-----A-----P-----S-A-K-----D-N-----	886
CRF04_cpx.GR.97PVC	N-----x-----I-----P-----I-----P-----S-A-K-----DVQ-----K-----	885
CRF04_cpx.GR.97PVM	N-----I-----I-----I-----S-A-K-----N-Q-----V-----	886
CPZ.CD.CPZANT	--HV--R-----V-----I-----S--F--MAD--KS-----S-----A--S-A-K--N-Q-----Q--Q--I--Q--	890
CPZ.GA.CPZGAB	---V---V---I---I---P---S-A-K---D---L---Q---Q---I---Q---	885
CPZ.US.CPZUS	---P---I---I---I---L---I---V---SS---Q---I---	889

vif cds ->

B. FR. HXB2	KTAVQMAVFIHNFKRKGG. IGGYSAGERIVDI IATDIQTKEIQKQITKIQNFRVYRDSRNPLWKGPALLWKGEA. VVIQDNSDIKVVPRRKAKIIRDYGKQMGDDCVASRQDED.	1003
CONSENSUS D	-----I-----i-----D-i-----v-----x	1001
D. CD. 84ZR085	-----I--S--R-----D-I-----x	1004
D. CD. ELI	-----RR-----I-----I-----D-I-----K-----V-----.	1002
D. CD. NDK	-----I-----R-----I-----D-I-----V-----.	1002
D. CD. Z2Z6	-----I-----D-I-----V-----.	1002
D. UG. 94UG1141	-----I-----I-----D-V-----E-----V-----G-----.	1004
F1. BE. VI850	-----I--S--R-----I-----D-V-----E--I-----V-----G-----.	1004
F1. BR. 93BR020.1	-----TI-----R-----I-----D-V-----E-----G-----.	1003
F1. FI. FIN9363	-----I-----V-----D-V-----E-----G-----.	1002
F1. FR. MP411	-----I--S--R-----I-----D-V-----E-----G-----.	1005
F2. CM. MP255	-----I-----F-----D-V-----NE-----I-----G-----.	1003
F2. CM. MP257	-----I-----S-----F-----D-V-----NE--I-----G-----.	1003
G. BE. DRCBL	-----I--S-----D-I-----NE-----G-----.	999
G. FI. HH8793	-----I--S-----T--L-----F-----D-V-----NE-----G-----.	1002
G. NG. 92NG083	-----I--S-----I-----D-I-----NE-----LK-----G-----G-----.	1002
G. SE. SE6165	-----I--S-----D-V-----NE-----G-----.	1000
H. BE. VI991	R-----R-----I-----P-----SQ--K-----D-I-----E-----G-----.	1001
H. BE. VI997	R-----I-----SN--K-----D-I-----E-----G-----.	1000
H. CF. 90CF056	-----I-----SN--K-----D-I-----E-----E-----G-----.	1002
J. SE. SE9173	-----I-----D-I-----E-----G-----.	1001
J. SE. SE9280	-----I-----R-----D-I-----P-----E-----G-----.	1001
K. CD. EQTB11C	-----I-----E--I-----#--E-----G-----.	1001
K. CM. MP535	-----LN--K-----E--I-----E-----G-----.	1003
N. CM. YBF30	-----T--I-----TN--T--L--V-----D-I-----G-----G--G--N-----.	1010
O. CM. ANT70C	R-----V-----T-----I--L--SQ--T-----L--xHK-----D-I-----Q-----KG-----E-----T--SM--G--T--S-----.	999
O. CM. MVP5180	-----V-----T-----LI--L--SQ--T-----L--N-----D-I-----Q-----KG-----T--SM--N--T--S-----.	999
CRF01_AE. CF. 90CF40	-----E-----I-----A-----D-I-----Q-----KG-----T--SM--N--T--S-----.	1003
CRF01_AE. TH. 93TH25	-----I-----D-I-----G-----.	995
CRF01_AE. TH. CM240	-----I-----D-I-----G-----.	1008
CRF01_AE. TH. TH022	-----I-----D-I-----G-----.	1003
CRF01_AE. TH. TH047	-----I-----D-I-----G-----.	1003
CRF03_AB. RU. KAL15	-----I-----I-----D-I-----N-----G-----.	1003
AE. TH. PAT-SC31. TH	-----I-----D-I-----G-----.	1003
CRF02_AG. FR. DJ263	-----I--S-----D-I-----K-----K-----G-----.	1003
CRF02_AG. FR. DJ264	-----I--S-----I-----D-I-----K-----K-----G-----.	1003
CRF02_AG. NG. IBNG	-----I--S-----D-I-----G-----.	1003
CRF04_cpx. CY. 94CY0	-----I--S-----E--I-----N-----G-----.	1002
CRF04_cpx. GR. 97PVC	-----I--S-----D-I-----G-----.	999
CRF04_cpx. GR. 97PVM	-----E-----I--S-----I-----KD--I-----K-----G-----.	1002
CPZ. CD. CPZANT	-----V--H-----TP--Q--L--L-----TQ--N--L--Q--H-----D-V-----Q-----#-----x	970
CPZ. GA. CPZGAB	-----T-----I-----S-----L--V--K-----D-I-----T-----QGEL-----N-----.	1001
CPZ. US. CPZUS	-----T-----I-----SEL--DL-----L--V-----D-I-----KE--EEV-----K-----A--SM--G--S-----.	1005