

	high-affinity binding site											Leu-rich effector domain											
	exon \ / exon																						
	- nls -																						
B. FR. HXB2	MAGRS.GDS..DEE.LIR.TVRLIKLLYQSNPPP.NPEG.TRQARNRRRRWRERQRIHSISERILGTYLGRSAEPVPLQLPPLRLTLDCNEDCGTSGTQ.....GVGSPQILVESPTVLESGTKES	116																					
CONSENSUS A	-----n-----Lk.Ai-i-i-y-k-k-s-----K-----A-----D-l-----S-C-p-----?-----h-----s-----??????-r-vS-v-g-n	115																					
A. SE. SE7535	-----N-----L-AI-I-I-N-Y-K-K-S-----K-----A-----D-----NAC-G-T-----N-----R-----SQGIET-----R-VS-VI-G-n	123																					
A. SE. SE8131	-----L-K-A-T-I-I-Y-Q-K-S-----K-----A-----D-L-Q-----SAC-E-----HI-H-----G-----T-VSG-SV-D-----D	112																					
A. SE. SE8538	-----N-----L-AI-I-I-H-K-R-S-----K-----A-----D-----S-C-----G-H-C-----E-----R-VS-G-D-----N	116																					
A. SE. SE8891	-----L-K-A-I-I-I-Y-K-R-----K-----A-K-D-L-----S-C-PQ-----L-I-H-S-----QSQAET-----G-VSE-SII-G-----T	123																					
A. UG. 92UG037	-----NP-----L-AI-I-I-Y-E-K-----K-----A-----DTL-V-S-C-P-----I-H-S-----QSQVET-----RT-VSG-V-G-----N	123																					
A. UG. U455	-R-----NP-----D-L-K-A-I-I-C-----R-----S-K-----A-----D-L-----SDC-P-----I-R-S-S-----PQGTET-----G-S-SA-G-----N	123																					
A. UG. UG273A	-----V-----L-K-AI-I-I-Y-K-K-S-----K-----A-----D-L-Q-----S-C-P-----I-H-R-E-----RN-VS-P-V-G-----QN	116																					
A. UG. UG275A	-----S-----LN-AI-I-I-Y-K-K-S-----K-----KA-----D-L-----S-C-P-----I-H-S-----G-----VS-TSI-G-----N	112																					
CONSENSUS B	-----l-k-----f-----s-----r-----g-w-s-----p-----a-----I-----?	116																					
B. AU. MBC18	-----L-K-----SI-----L-----A-----S-F-----PE-S-----R-----M-----P-----T-----T-E	117																					
B. AU. MBC200	-----L-K-----F-----ST-----R-----D-----S-----P-----L-----V-----A-----	116																					
B. AU. MBC925	-----L-K-----F-----L-----S-----RE-----G-----S-F-----GPT-----K-----M-----V-----	116																					
B. AU. MBCC54	-----N-----D-----L-Q-----S-----A-----S-F-----PE-----M-----G-----G-----T-E	117																					
B. AU. MBCC98	-----L-K-----S-----H-----Q-----A-----S-F-----PE-----M-----A-----I-----Q-E	117																					
B. AU. MBCC36	--V-----E-D-----L-K-----I-----F-----T-----S-F-----PEK-----P-----M-----P-----K-----P-----A-E	117																					
B. CN. RL42	-----E-----L-K-----L-----S-----A-----RE-----D-----V-----G-T-----SK-----A-----D-----	116																					
B. DE. D31	-----L-K-----F-----S-----Q-----Q-----PEQ-----P-----S-----V-----A-----P-----	116																					
B. DE. HAN	-----L-K-----F-----SN-----PT-----R-----S-----F-----P-----S-----N-----V-----A-----P-----	116																					
B. ES. 89SP061	-----L-K-----F-----A-----SQ-----R-----GW-----SN-----P-----I-----D-----	116																					
B. GA. OYI	-----L-K-----F-----RK-----GW-----S-----N-----S-----E-----A-----P-----	116																					
B. GB. CAM1	-----L-K-A-----L-----SSK-----H-----RA-----NW-----S-----H-----P-----SK-----A-----	116																					
B. GB. MANC	-----L-Q-----K-----V-----F-----S-----G-----Q-----L-----AW-----S-----R-----TQ-----S-----N-----V-----A-----S-----	116																					
B. NL. ACH320A21	-----D-----L-K-----F-----S-----R-----D-----	116																					
B. TW. LM49	-----L-----I-----RT-----GW-----SN-----P-----D-----F-----D-----	116																					
B. US. 92US657.1	-----K-----F-----G-----KA-----GW-----SN-----P-----FH-----I-----S-----L-----N-----V-----A-----E-----	116																					
B. US. AD8	-----L-K-----NF-----S-----Q-----RA-----GW-----S-----F-----P-----S-----V-----A-----P-----	116																					
B. US. BCSG3	-----L-K-----K-----I-----H-----K-----R-----AWL-----S-----C-----N-----G-----S-----V-----A-----P-----	116																					
B. US. CDC452	-----E-----D-----LN-----L-----SL-----Q-----Q-----GW-----SNH-----P-----DA-----T-----A-----	116																					
B. US. DH123	-----D-----L-K-----F-----SN-----RT-----S-----P-----N-----E-----	116																					
B. US. JRCSF	-----L-K-----F-----S-----RT-----S-----P-----E-----	116																					
B. US. JRFL	-----L-K-----F-----SS-----H-----R-----AW-----SN-----P-----Q-----S-----A-----	115																					
B. US. MNCG	-----L-----AA-----L-----SS-----RA-----GW-----S-----S-----P-----Q-----L-----A-----G-----A-----	116																					
B. US. NC7	-----L-K-----F-----S-----RT-----W-----S-----H-----S-----L-----A-----G-----	116																					
B. US. NY5CG	-----D-----L-K-----F-----SL-----R-----F-----FE-----P-----K-----S-----L-----A-----G-----	116																					
B. US. P896	-----R-----D-----L-K-A-----S-----S-----RRC-----W-----D-----VD-----Q-----SS-----V-----A-----A-----	116																					
B. US. RF	-----E-----L-K-----F-----K-----R-----GW-----SN-----L-----Q-----S-----V-----A-----A-----	116																					
B. US. SC	-----L-----L-----GW-----S-----S-----N-----A-----	116																					
B. US. SF2	-----L-K-----F-----A-----RAL-----GW-----SN-----P-----I-----S-----S-----L-----A-----P-----	116																					
B. US. WC001	-----D-----L-K-----I-----S-----RK-----GW-----N-----PT-----P-----D-----K-----S-----D-----G-----G-----A-----	114																					
B. US. WEAU160	-----L-Q-----K-----\$-----RF-----SS-----\$-----Q-----L-----AW-----IS-----H-----P-----S-----D-----G-----G-----A-----	114																					
B. US. WR27	-----D-----L-----V-----SS-----R-----GWL-----SN-----PT-----F-----P-----D-----	116																					
B. US. YU2	-----a-----Lq.A-i-i-i-y-e-----k-----A-----S-----c-----p-----i-----hi-----S-----sg-----qsggtte-----\$-----sgk-ca-g-a-KE	123																					
CONSENSUS C	-----A-----LQ.A-I-I-I-y-k-----A-----S-----CV-----P-----F-----I-----NIN-----S-----SG-----PQGNTER-----N-----SVFGRPCA-----RV-KE	123																					
C. BR. 92BR025	-----A-----LQ.A-I-I-I-y-k-----A-----S-----CV-----P-----F-----I-----NIN-----S-----SG-----PQGNTER-----N-----SVFGRPCA-----RV-KE	123																					
C. BW. 96BW01B21	-----A-----LQ.A-I-RI-y-E-R-----R-----K-----A-----T-----C-----FT-----F-----I-----HIGDS-----SG-----QSQTTE-----N-----SVSGK-FA-G-A-KE	123																					
C. BW. 96BW0402	-----A-----LQ.A-I-I-I-y-k-----W-----A-----S-----C-----PT-----I-----HI-----S-----SS-----A-----QSQTTE-----N-----SVSGK-CAI-G-RA-KE	123																					
C. BW. 96BW0504	-----A-----LQ.A-KA-I-I-y-E-K-----K-----A-----L-----SAC-----P-----F-----I-----HI-----SKSV-----E-----\$-----SGKPCA-G-RA-KE	116																					
C. BW. 96BW1104	-----N-----A-----LQ.A-I-I-I-y-k-----K-----A-----K-----N-----S-----C-----P-----FL-----I-----HISDS-----SG-----QSQTPE-----N-----\$-----SGK-CA-GARA-KE	123																					
C. BW. 96BW1210	-----A-----LQ.A-I-I-I-N-y-k-----K-----A-----S-----C-----P-----I-----HIGGS-----NS-----T-----QSQTTE-----\$-----SGK-CA-G-KE	123																					
C. BW. 96BW15B03	-----E-----A-----LH.A-I-I-I-y-E-K-----K-----A-----D-----T-----S-----C-----PE-----F-----I-----NIGDS-----SG-----QSQTTE-----\$-----SGK-CA-G-KE	123																					
C. BW. 96BW16B01	-----AA-----LQ.A-I-I-I-y-k-----K-----A-----RA-----A-----SAC-----P-----HIGSS-----SG-----\$-----SGKPCA-G-RA-KE	116																					
C. BW. 96BW17A09	-----N-----A-----LQ.AMGI-I-I-y-k-----R-----K-----A-----S-----C-----PT-----H-----P-----H-----S-----EPT-----EQSQGATE-----\$-----SGKPWA-G-A-KE	123																					
C. DJ. DJ259A	-----A-----LQ.A-I-I-R-y-k-----A-----D-----SAC-----P-----I-----N-----S-----SG-----A-----E-----N-----SVSGKPCA-G-A-KE	116																					
C. DJ. DJ373A	-----A-----LQ.A-I-I-I-y-E-K-----Q-----A-----S-----C-----P-----F-----I-----N-----S-----SG-----E-----N-----SVSGKPCA-G-A-KE	116																					
C. ET. ETH2220	-----L-K-A-I-I-I-y-T-----A-----TL-----SNF-----P-----N-----S-----S-----QSQTTE-----N-----\$-----SGKPCA-G-A-KE	123																					
C. IN. 21068	-----A-----L-K.A-I-I-I-y-E-R-----K-----A-----S-----F-----P-----I-----HISGS-----SA-----PQSQTTE-----\$-----SGK-C-G-AEKE	123																					
C. IN. 301904	-----L-K.A-I-I-I-y-E-R-----K-----A-----L-----SAC-----P-----I-----HISGS-----SG-----QSQTTER-----\$-----SGK-CA-G-A-KE	123																					
C. IN. 301905	-----A-----L-K.A-I-I-I-y-E-R-----K-----A-----K-----L-----SAC-----P-----I-----HISGS-----SG-----QSQTTE-M-R-\$-----SGK-CA-G-A-KE	123																					
C. IN. 301999	-----A-----L-A-I-I-I-y-E-R-----K-----A-----K-----L-----SAC-----P-----I-----HISGS-----SG-----QSQTTE-----\$-----SGK-CA-GYRA-KE	123																					
C. IN. 94IN11246	-----A-----L-K.A-I-I-I-y-E-R-----K-----A-----SAC-----P-----I-----HISGS-----SG-----QSQTTER-----\$-----SGK-CA-G-A-KE	123																					
C. SO. SM145A	-----A-----L-A-I-I-I-y-k-----K-----A-----S-----C-----PT-----S-----I-----HIGGS-----SG-----QSQTTER-----\$-----SVSGK-WP-G-A-KE	123																					
C. UG. UG268A2	-----T-----LQ.A-I-I-I-y-----A-----RE-NQ-----S-----C-----I-----S-----SS-----QSQTTE-----\$-----SVSGKPCA-G-R-KE	123																					

	exon \/ exon	high-affinity binding site	Leu-rich effector domain	
		- nls -	- -	
B. FR. HXB2	MAGRS.GDS..DEE.LIR.TVRLIKLLYQSNPPP.NPEG.TRQARRNRRRRWRERQRIHSISERILGTYLGRSAEPVPLQLPPLERLTLDCNEDCGTSGTQ.....GVGSPQILVESPTVLESGTKES			116
CONSENSUS D	-----d.Lk.A-----?-----S-----A-----g-----s-----e-----n-N-s-----s-----a-?-?-e-?			114
D. CD. 842R085	-----D.LT.A-----I-----S-----A-----Y-----G-----S-----E-----IN-N-S-----s-----AI-----R-E-			116
D. CD. ELI	-----D.LK.A-----F-----S-----A-----RE-A-----P-----N-N-S-----R-----H-----S-----E-Q			117
D. CD. NDK	-----N.LK.AI-----F-----S-----A-----G-----IC-F-----PE-----N-N-S-----P-----P-A-----E-Q			116
D. CD. Z226	-----R-----D.LK.A-----I-----S-----A-----G-----S-----E-----N-N-S-----A-----S-----E-Q			117
D. SN. SE365A2	-----Lk.AI-----F-----N-----ST-----A-----N-----G-----S-----V-----N-N-S-----R-----VS-----A-----DTE-EK-			116
D. UG. 94UG1141	-----R-----LQ.A-----I-----S-----A-----G-----IS-----PE-----N-N-S-----H-----S-----KI-----D			116
D. UG. UG269A	-----D.LK.A-----F-----S-----A-----S-----PE-----N-N-N-----H-----S-----KI-----D			116
D. UG. UG274A2	-----AD.LK.A-K-----I-----S-----A-----G-----S-----E-----N-S-----NP-----E-----H-----S-----A-----D			116
F. BR. BZ126A	-----N-----T.L.A-Y-----I-----Y-----K-----A-----E-RAL-----SSC-----PE-----NINSS-----E.....QGAKE-----TSG-----HA-----G			116
F. BR. BZ163A	-----N-----GT.L.AA-Y-----I-----Y-----K-----A-----RE-R-----SSC-----PE-----P-----INNS-N-E.....QGAE-----TSG-----HA-----G			116
F1. BE. VI850	-----T.LK.A-KC-----I-----Y-----K-----A-----RAL-D-----SSC-----E-----HIN-S-----QGPEE-----S-----SG-----HA			116
F1. BR. 93BR020.1	-----Q.LK.A-Y-----I-----Y-----K-----A-----RE-D-----SSC-----P-----HIN-S-----QGAE-----S-----SG-----H-----G			116
F1. FI. FIN9363	-----T.LK.A-KY-----I-----Y-----S-D-----A-----RA-----SSC-----LE-----HIN-S-----QGTEE-----S-----SG-----HH			116
F1. FR. MP411	-----N.L.A-A-I-----I-----Y-----K-----A-----K-----R-----VAC-----PE-----HIN-SK-----N-----SM-----PR			116
F2. CM. MP255	-----Lk.A-Y-----I-----Y-----K-----A-----E-----T-----PT-----LF-----IN-SK-----QGSE-----S-----HAA-----G-----I			116
F2. CM. MP257	-----R.LK.A-Y-----I-----Y-----KL-----K-----A-----Q-----S-C-----LQ-----R-----L-----K-----HIN-S-----QGTE-----S-----RA-----G			116
G. BE. DRCBL	-----ST.LT.A-I-----I-----S-----P-----K-----A-----S-----C-----PE-----H-----S-----G-----QSQTET-----F-----SV-----G			123
G. FI. HH8793	-----ST.A.L.I-I-----I-----Y-----P-----K-----A-----SSC-----P-----F-----G-----S-----SK-----G-----P-----QSQTET-----G-----F-----SV-----G-----A			123
G. NG. 92NG083	-----P.L.A-I-----I-----T-----Y-----S-A-----K-----A-----SAC-----P-----F-----G-----S-----SK-----G-----P-----V-----G-----A			123
G. SE. SE6165	-----ST.L.A-KA-----I-----Y-----P-----A-----SA-----TA-----P-----H-----S-----S-----QPQTET-----RSS-----F-----SV-----GQ			122
H. BE. VI991	-----N.G.L.AC-I-----R-----Y-----E-A-----Q-----A-----G-----V-----A-----C-----GP-----S-----EK.....TSG-----A-----GT-----A			116
H. BE. VI997	-----AG.Q.PQ.VCKI-----II-----Y-----E-A-----Q-----A-----RA-----TDC-----PP-----T-----K-----EK.....K-----G-----P-----S-----GT			116
H. CF. 90CF056	-----A.T.LQ.VCKI-----I-----C-----E-T-----A-----RE-----TSC-----PP-----T-----N-----S-----EK.....E-----SL-----S-----I-----GT			116
J. SE. SE9173	-----N.DQ.LL.A-I-----I-----YS.K-N-----S-----A-----N-----D-----SSC-----P-----I-----R-----S-----N-----D-----SG-----PCM-----GA			116
J. SE. SE9280	-----DQ.LL.A-----I-----Y-----K-N-----S-----A-----N-----D-----PSSC-----P-----I-----R-----S-----N-----D-----SG-----PCM-----GA			116
K. CD. EQTB11C	-----R.EQQ.LT.P-I-----I-----Y-----K-----A-----RE-----Q-----V-----SSC-----T-----S-----N-----D-----S-----QGTEGEL-----P-----PD-----G-----D			116
K. CM. MP535	-----R.P.Q.LT.T-I-----E-----Y-----L-----S-----T-----D-----P-----A-----K-----S-----L-----SAC-----I-----K-----N-----D-----P-----K.....GTEG-----L-----S-----PC			116
N. CM. YBF30	-----VN.L.A-V-----I-----Y-----SK-----A-----RA-----SSC-----GPP-----D-----P-----D-----TE-----S-----P-----ESQQTATTE\$TQNT-----GNTCI-----GKR-----V-----G			122
O. CM. ANT70C	-----E.DQ.LQ.AIQI-----I-----Q-----S-----R-----S-----N-----K-----R-----A-----VDTLAA-----V-----A-----VVHGPNNNIVD-----Q-----SIRDP-----GDQL-----EAWTVDPRAEDN\$CL-----N-----CSCN-----I-----ATRIA			120
O. CM. MVP5180	-----EE.QQ.LQ.AIQI-----I-----C-----T-----A-----S-----N-----K-----R-----A-----VD-----LAT-----A-----VVHG-----QDNNLVD-----Q-----NIRDP-----ADRLP-----GTVDPGTKDN\$-----L\$T-----WSCNAI-----ATRIEK			120
CRF01_AE.CF.90CF40	-----ST.D.L.I-----I-----Y-----PA-----K-----K-----A-----K-----G-----S-----C-----P-----H-----S-----QSTGTETE-----R-----SG-----SVI-----G-----N			123
CRF01_AE.TH.93TH25	-----ST.L.A-I-NI-----Y-----SS-----G-----T-----K-----A-----RA-----S-----C-----T-----H-----S-----QSQTET-----R-----SG-----SVI-----GP-----N			124
CRF01_AE.TH.CM240	-----ST.L.A-I-----I-----F-----SS-----T-----A-----SA-----S-----C-----T-----V-----N-----S-----G-----QSQTET-----R-----SG-----SVI-----GP-----N			123
CRF01_AE.TH.TH022	-----ST.L.A-KI-NI-----L-----SS-----S-----T-----K-----A-----SA-----SAC-----T-----S-----P-----H-----S-----QSQTET-----R-----S-----SGI-----GP-----N			123
CRF01_AE.TH.TH047	-----ST.L.A-I-----E-----SS-----T-----K-----A-----RE-----SSCV-----T-----P-----H-----S-----QSQTET-----R-----SG-----VI-----GP-----N			123
CRF02_AG.FR.DJ263	-----A.L.V-I-----I-----Y-----P-----T-----K-----A-----RA-----F-----S-----C-----I-----C-----S-----G-----QPQTET-----P-----SG-----S-----I-----G			123
CRF02_AG.FR.DJ264	-----x.A.L.V-IV-----I-----Y-----P-----K-----G-----A-----RA-----Q-----S-----C-----C-----S-----G-----QSQTET-----L-----SG-----SDI-----GA			123
CRF02_AG.NG.IBNG	-----A.L.A-I-----I-----Y-----P-----T-----K-----A-----RA-----S-----C-----I-----N-----S-----LSQGTET-----S-----YII-----G			123
CRF03_AB.RU.KAL15	-----Lk.I-----F-----S-----H-----Q-----S-----PE-----L-----H-----S-----D			116
CRF03_AB.RU.KAL68	-----Lk.I-----F-----S-----H-----Q-----S-----PE-----H-----S-----D			116
CRF03_AB.UA.UKR97	-----NT.A.LT.A-I-----FV-----Y-----T-----R-----K-----Q-----A-----N-----L-----SAC-----S-----I-----H-----YS-----QSQTET-----G-----SG-----SGI-----G			123
CRF04_cpx.CY.94CYO	-----NI.D.FK.AA-A-----I-----Y-----N-----T-----A-----K-----L-----A-----P-----K-----N-----S-----DK.....VS-----L-----A-----GT-----A			117
CRF04_cpx.GR.97PVC	-----S.N.D.LG#S-GIV-----I-----Y-----T-----K-----A-----K-----V-----A-----P-----K-----N-----S-----EK.....VS-----P-----A-----GT-----A			115
CRF04_cpx.GR.97PVM	-----ST.D.LK.A-GIV-----I-----Y-----N-----TA-----A-----NR-----AAC-----P-----I-----K-----S-----DK.....N-----VP-----P-----A-----GT-----D			117
CPZ.CD.CPZANT	-----E.ELEGT.Q.LK.A-KI-----I-----Y-----K-----A-----S-----A-----K-----KK-----D-----VEGLAA-----V-----R-----L#			64
CPZ.GA.CPZGAB	-----EPQ.DAR.LQ.A-KI-----I-----Y-----S-----K-----A-----K-----SE-----G-----V-----A-----PPK-----GD-----E-----E-----DK-----S-----Q-----V-----TTQDV-----SNTSQPQTAT-----ETVPAGGNYSI-----GK-----A-----N			124
CPZ.US.CPZUS	-----G.A.L.A-I-----I-----A-----F-----NS-----KN-----NE-----Q-----S-----C-----S-----PD-----P-----IGG-----INSE-----STNP-----EHQQTATVE\$TQST-----LGGNRL-----GK-----A-----S			123

