

III

HIV-2/SIV Complete Genomes

Contents

III-1	Introduction	153
III-2	Annotated features	154
III-3	Sequences	156
III-4	Alignments	158

III-1 Introduction

The HIV-2/SIV_{smm} alignment contains a non-redundant set of all HIV-2, SIV_{smm}, and related species (SIV_{mne}, SIV_{stm} and SIV_{mac}). Compared to HIV-1, only a small number of HIV-2 complete genomes have been determined, so this alignment contains all but a few duplicate sequences available in the database. The web alignment has a few additional sequences.

The HIV-2/SIV_{smm} family is presented together in spite of their different hosts, because their genomic structure is the same—the complete SIV alignment (presented in the next chapter along with a few HIV-1 sequences) is much more stretched out because of the presence of a *vpx* and absence of *vpr* genes in some of these viruses.

As with HIV-1/SIV_{cpz}, this alignment was generated by an iterative process between automated alignment using HMMER and manual editing using BioEdit and Se-Al. As in previous years, the alignment presented is not suggested to be an “optimal alignment” with the absolute minimum number of gaps and mismatches. It is a compromise between optimal alignment, readability, and an attempt to keep insertions and deletions from altering the protein reading frame presentation. Most gaps have been introduced in multiples of 3 bases to maintain open reading frames when translated directly from the alignment.

As before, the MAC239 sequence is the master sequence in this set.

III-2 Annotated features

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

Feature	Location	Page
5' LTR U3 start	1	158
TCF-1 alpha	309-324	159
NF- κ -B-II	415-424	160
NF- κ -B-I	441-449	161
TATA Box	488-493	161
TAR element start	518	161
5' LTR U3 end	520	161
+1 mRNA start site	521	161
5' LTR R repeat begin	521	161
TAR element end	642	162
Poly-A signal	671-676	162
5' LTR R repeat end	694	162
5' LTR U5 start	695	162
5' LTR U5 end	818	163
Lys tRNA primer binding site	821-839	163
Gag and Gag-Pol start	1053	165
Gag p17 Matrix end	1457	167
Gag p24 Capsid start	1458	167
Gag p24 Capsid end	2144	171
Gag p2 Spacer start	2145	171
Gag p2 Spacer end	2195	171
Gag p8 Nucleocapsid start	2196	171
Gag p8 Nucleocapsid end	2351	172
Gag p1 Spacer start	2352	172
Gag-Pol -1 ribosomal slip site	2354	172
Pol start	2354	172
Gag p1 spacer end	2393	173
Gag p6 start	2394	173
Pol Protease start	2555	174
Gag p6 end	2585	174
Gag end	2585	174
Pol Protease end	2851	176
Pol p66 and p51 RT start	2852	176
Pol RT end	4168	183
Pol p15 RNase H start	4169	183
Pol RNase H end	4528	186
Pol p31 Integrase start	4529	186
Vif start	5340	190
Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end	5410	191
Vpx start	5812	193
Vif end	5984	194
Vpx end	6150	195
Vpr start	6151	195
Tat exon 1 start	6302	196
Vpr end	6456	197
Rev exon 1 start	6528	197
Tat Rev exon 1 end	6597	198
Tat Rev intron start	6598	198

Feature	Location	Page
Env signal peptide start	6604	198
Env signal peptide end	6669	198
Env gp120 start	6670	198
V1 loop start	6733	199
V1 loop end	6774	199
V2 loop start	6904	200
V2 loop end	7074	201
V3 loop start	7183	201
V3 loop end	7392	203
V4 loop start	7534	204
V4 loop end	7635	204
V5 loop start	7786	205
V5 loop end	7980	206
Rev Responsive Element (RRE) start	8123	207
Env gp120 end	8178	208
Env gp41 start	8179	208
RRE end	8479	209
Tat Rev intron end	8805	211
Tat Rev exon 2 start	8806	211
Tat end	8902	212
Rev end	9059	213
Nef start	9077	213
Env gp41, gp160 end	9243	214
Premature stop in SMM239	9355	215
3' LTR U3 start	9462	215
TCF-1 alpha binding	9770-9785	217
Nef end	9868	218
NF- κ -B-II	9876-9884	218
NF- κ -B-I	9891-9900	218
TATA box	9949-9955	219
TAR element start	9980	219
3' LTR U3 end	9978	219
3' LTR repeat start	9979	219
TAR element end	10103	220
Poly-A signal	10132-10137	220
3' LTR R repeat end	10155	220
3' LTR U5 start	10156	220
3' LTR U5 end	10279	221

III-3 Sequences

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

Name	Accession	Country	Author	Reference
MAC.US.x.239	M33262	United States	Kestler, H.	<i>Science</i> 248 (4959):1109-1112 (1990)
A.CI.88.UC2	U38293	Cote D'Ivoire	Barnett, S.W.	<i>Virology</i> 222 (1); 257-61 (1996)
A.DE.x.BEN	M30502	Germany	Kirchhoff, F.	<i>Virology</i> 177 (1):305-311 (1990)
A.DE.x.PEI2	U22047	Germany	Kraus, G.	<i>ARHR</i> 14 (1); 65-77 (1998)
A.GH.x.GH1	M30895	Ghana	Hasegawa, A.	<i>ARHR</i> 5 (6):593-604 (1989)
A.GM.87.D194	J04542	Gambia	Kuehnel, H.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2383-2387 (1989)
A.GM.x.ISY	J04498	Gambia	Franchini, G.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 86 (7):2433-2437 (1989)
A.GM.x.MCN13	AY509259	Gambia	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
A.GM.x.MCR35	AY509260	Gambia	Schmitz, C.	<i>J Virol</i> 78 (4):2006-2016 (2004)
A.GW.86.FG	J03654	Guinea-Bissau	Zagury, J.F.	<i>Proc Natl Acad Sci USA</i> 85 (16):5941-5945 (1988)
A.GW.87.CAM2CG	D00835	Guinea-Bissau	Tristem, M.	<i>J Gen Virol</i> 72 (PT 3):721-724 (1991)
A.GW.x.ALI	AF082339	Guinea-Bissau	Azevedo-Pereira, J.M.	Unpublished
A.GW.x.MDS	Z48731	Guinea-Bissau	Becker, M.	Unpublished
A.IN.95.CRIK_147	DQ307022	India	Santhosh, C.V.	<i>ARHR</i> 24 (10):1315-1317 (2008)
A.IN.x.NNVA	EU980602	India	Desai, A.	Unpublished
A.SN.85.ROD	M15390	Senegal	Clavel, F.	<i>Nature</i> 324 (6098):691-695 (1986)
B.CI.88.UC1	L07625	Cote D'Ivoire	Barnett, S.W.	<i>J Virol</i> 67 (2):1006-1014 (1993)
B.CI.09.pPRD320-20HIV2_56	AB485670	Cote D'Ivoire	Takekawa, N.	Unpublished
B.CI.x.EHO	U27200	Cote D'Ivoire	Rey-Cuille, M.A.	<i>Virology</i> 202 (1):471-476 (1994)
B.GH.86.D205	X61240	Ghana	Dietrich, U.	<i>Nature</i> 342 (6252):948-950 (1989)
B.JP.01.KR020	AB100245	Japan	Kusagawa, S.	<i>ARHR</i> 19 (11):1045-1049 (2003)
G.CI.92.ABT96	AF208027	Cote D'Ivoire	Brennan, C.A.	<i>ARHR</i> 13 (5):401-404 (1997)
AB.CI.90.7312A	L36874	Cote D'Ivoire	Gao, F.	Unpublished
AB.CM.03.03CM_510_03	EU028345	Cameroon	Yamaguchi, J.	<i>ARHR</i> 24 (1):86-91 (2008)
U.FR.96.12034	AY530889	France	Diamond, F.	<i>ARHR</i> 20 (6):666-672 (2004)
MAC.US.x.17EC1	AY033233	United States	Anderson, M.G.	<i>Virology</i> 195 (2):616-626 (1993)
MAC.US.x.17EFR	AY033146	United States	Flaherty, M.T.	<i>J Virol</i> 71 (8):5790-5798 (1997)
MAC.US.x.1937	AY611495	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.2065	AY611493	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.251_1A11	M76764	United States	Marthas, M.L.	<i>J Med Primatol</i> 18 (3-4):311-9 (1989)

Name	Accession	Country	Author	Reference
MAC.US.x.251_32H_PJ5	D01065	United States	Rud, E.W.	(in) Brown, F, Chanock, RM and Ginsberg, HS(Eds); VACCINES 92: MODERN APPROACHES TO NEW VACCINES INCLUDING PREVENTION OF AIDS: 229-235; Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York (1992)
MAC.US.x.251_BK28	M19499	United States	Hirsch, V.	<i>Cell</i> 49 (3):307-319 (1987)
MAC.US.x.80035	AY611486	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.97074	AY599198	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.MAC239_87082	AY600249	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.MM142	Y00277	United States	Chakrabarti, L.	<i>Nature</i> 328 (6130):543-547 (1987)
MAC.US.x.SMM142B	BD131285	United States	Alizon, M.	Patent: JP 2002030099-A 2 29-JAN-2002; INSTITUT PASTEUR
MAC.US.x.r80025	AY576480	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MAC.US.x.r90131	AY576481	United States	O'Connor, D.H.	<i>J Virol</i> 78 (24):14012-14022 (2004)
MNE.US.82.MNE_8	M32741	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
MNE.US.x.MNE027	U79412	United States	Kimata, J.T.	<i>J Virol</i> 72 (1):245-256 (1998)
SMM.SL.92.SL92B	AF334679	Sierra Leone	Chen, Z.	<i>J Virol</i> 70 (6):3617-3627 (1996)
SMM.US.x.F236_H4	X14307	United States	Hirsch, V.M.	<i>Nature</i> 339 (6223): 389-92 (1989)
SMM.US.x.H9	M80194	United States	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PBJ14_15	L03295	United States	Dewhurst, S.	<i>Nature</i> 345 (6276):636-640 (1990)
SMM.US.x.PBJA	M31325	United States	Dewhurst, S.	<i>Nature</i> 345 (6276):636-640 (1990)
SMM.US.x.PBJ_143	M80193	United States	Courgnaud, V.	<i>J Virol</i> 66 (1):414-419 (1992)
SMM.US.x.PBJ_6P6	L09212	United States	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 67 (5):2466-2474 (1993)
SMM.US.x.PGM53	AF077017	United States	Novembre, F.J.	<i>J Virol</i> 72 (11):8841-8851 (1998)
SMM.US.x.SME543	U72748	United States	Hirsch, V.	<i>J Virol</i> 71 (2):1608-1620 (1997)
STM.US.x.STM	M83293	United States	Novembre, F.J.	<i>Virology</i> 186 (2):783-787 (1992)

```

5' LTR U3 start
TGGAAGGGATTTATTACAGTGAAGA .AGACATAGAATCTTAGACATATACTTAGAAAAAGGAAGGCATCATACCAGATTGGCAGGATTACACCTCAGGACCAGGAATTAGATACCCAAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATAGTCCCTGTAAATGTATCAGATGA 169
--G-T--AGGGAT--C--T-G--C-----G--GG-A-----A--T--TCAT--G--G-G-G-----T-TGC--C--G--G-----C--A-A-----CA-G--C-A-- 169
--C-----G-T--AGG--G--C-----C--A-G--G--A--T--TCAT--G--G-A-G-----T-TAC--C--G--G-----GC--AT-A--G-AC-C--C-A-- 169
---T---G---AG--AG-----C-----A-G-----G-A-T-----A-C-T--TCAT--G--G-A-G-----TTC---G-----GC--A-A--G-C--CC--C-A-G 170
A.GH.x.GH1 ..... 0
A.GM.87.D194 ..... 0
A.GM.x.ISY ..... 0
A.GM.x.MCN13 ..... 0
A.GM.x.MCR35 ..... 0
A.GW.86.FG ..... 0
A.GW.87.CAM2CG ..... 0
A.GW.x.ALI ..... 169
A.GW.x.HDS ..... 169
A.IN.95.CR1K 147 ..... 27
A.IN.x.NNVA ..... 161
A.SN.85.ROD ..... 0
B.CI.88.UC1 ..... 169
B.CI.89.pPRD320-20HIV2 56 ..... 168
B.CI.x.EHO ..... 169
B.GH.86.D205 ..... 169
B.JP.01.KR020 ..... 0
G.CI.92.ABT96 ..... 0
AB.CI.90.7312A ..... 169
AB.CM.03.03CM_510_03 ..... 0
U.FR.96.12034 ..... 0
MAC.US.x.17EC1 ..... 169
MAC.US.x.17EFR ..... 169
MAC.US.x.1937 ..... 0
MAC.US.x.2065 ..... 0
MAC.US.x.251_1A11 ..... 169
MAC.US.x.251_32H_PJ5 ..... 169
MAC.US.x.251_BK28 ..... 169
MAC.US.x.80035 ..... 0
MAC.US.x.97074 ..... 0
MAC.US.x.MAC239_87082 ..... 0
MAC.US.x.MM142 ..... 0
MAC.US.x.SMM142B ..... 0
MAC.US.x.r80025 ..... 0
MAC.US.x.r90131 ..... 0
MNE.US.82.MNE_8 ..... 0
MNE.US.x.MNE027 ..... 0
SMM.SL.92.SL92B ..... 0
SMM.US.x.F236_H4 ..... 169
SMM.US.x.H9 ..... 0
SMM.US.x.PBJ114_15 ..... 0
SMM.US.x.PBJA ..... 0
SMM.US.x.PBJ_143 ..... 0
SMM.US.x.PBJ_6P6 ..... 95
SMM.US.x.PGM53 ..... 95
SMM.US.x.SME543 ..... 169
STM.US.x.STM ..... 27

```

	TCF-1 alpha	
MAC.US.x.239	GGCA...CAGGAGGATGAGGAG.....CATTATTTAATGCATCCAGCTCAAACCTCCAGTGGGATGACCTTGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGATCCAACCTCTGGCCTACACTTATGAGGCATATGTTAGATACCCAGAAGAGTTTGGAAACAAGT	324
A.CI.88.UC2	-----G-----T-----ACC-----A-C-GC-----C-----A-----AAG-AGA-AT-----ATACAT-G-ACA--TG--CG---A-CT-C-TG-----TGAG-CA--C-TCAC-CT-----A-----GCA-----	324
A.DE.x.BEN	-----G-----A-----CC-----A-C-GC-----G-A-C-----A-----AAG-AGACAT-----TGAGCAT-G-ACAT--TG--C-----CT-C-TG-----T-AC-CA--C-TCAC-CTG-----GCA-----	324
A.DE.x.PE12	T.....G.....-A-----C-----C-GC-----C-A-C-----A-----AAG-GG-CT-----CAT-G-ACAT--ATG--G-----C-T-GG-----TGAG--AC--T-T-AA-C-----A-----GTAT-----	316
A.GH.x.GH1	0
A.GM.87.D194	0
A.GM.x.ISY	0
A.GM.x.MCN13	0
A.GM.x.MCR35	0
A.GW.86.FG	-----G-----C-----C-----ACTGACACTGAGACT--C-GC--T-A-C-----A-----AAG-AG-CAT-----ATGCAT-G-ACA-G-TC-----CT-C-TG-----CTT-AG-----C-T-AC-C-----A-----GCA-----	336
A.GW.87.CAM2CG	A-GG...G-----CAC-----ACT-----C-GCC-GC-A-C-----TA-----AAG-AG-CAT-----A-GCAT-G-ACAT--TT--GA--C-T-AG-----TC-TGA--CA-A-C-T-A--CT-C-----G-A-----GTA-----	324
A.GW.x.ALI	0
A.GW.x.HDS	0
A.IN.95.CR1K.147	0
A.IN.x.NNVA	CCAC...A-AG--GA-ACA..CTGAAACTCAC-GC-A-TGCACC-AGCACA--CAAGTA---TT-----AGACAT-G-ACA--T--GA-----C-AT-A--TGA-----TA-C-T-AGGCT-C-----G-A-----GCA-----	324
A.SN.85.ROD	0
B.CI.88.UC1	-----A-----AG--GA-CG--AACC-----AG-G-C-GG--C-----A-G-TC-TTCA-----ATCCAC-G-ACC-T-C-CG-----C-CCTC-----AC-TGAC-----TA-C-TCAAC--G-----GTATC-----	324
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	A-A...G-AGA-CA-AA-C-----AG-G-C-GG--C-----A-G-C-TCA-----CCAC-G-AACC-T-TC-C-----C-CCTC-----AC-TGAC-----ATA-C-TCAAC--G-T-----GTATC-----	323
B.CI.x.EHO	AC...G-----C--G--AACC-----G-C-GG-----A-G-C-GCA-----CCAC-A-ACC-T-TC-C-----CT-CCTC--A-A-TGAC--T--C-TGAGC--G-T-----G-----GTATC-----	324
B.GH.86.D205	-A-CCGAG-----G--AACC-----GCC-----C-G-A-G-TC-TCA-----ATCCAT-G-AC--TATC-C-----T-CCTC-----A-TGA--T--T-TCAA--G-TT-----C-GTA-C-----	327
B.JP.01.KR020	0
G.CI.92.ABT96	0
AB.CI.90.7312A	AA-CCGGG---A-G--ACC-----G-C-G--C-----A-G-CG-GCA-----T-CAT--GAGA.C--T-TC--C-----T-CCTC-----A-TT-AG-----C-TCAAC--G-T-----GTATC-----	326
AB.CM.03.03CM_510_03	0
U.FR.96.12034	0
MAC.US.x.17EC1	324
MAC.US.x.17EFR	324
MAC.US.x.1937	0
MAC.US.x.2065	0
MAC.US.x.251.1A11	324
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-----AG-----G-----A-----C-----C-----A-----	324
MAC.US.x.251.BK28	-----AG-----G-----A-----G-----A-----C-----	323
MAC.US.x.80035	0
MAC.US.x.97074	0
MAC.US.x.MAC239.87082	0
MAC.US.x.MM142	0
MAC.US.x.SMM142B	0
MAC.US.x.r80025	0
MAC.US.x.r90131	0
MNE.US.82.MNE.8	0
MNE.US.x.MNE027	0
SMM.SL.92.SL92B	0
SMM.US.x.F236.H4	A-T...-A-C-ACA.....GCC-GG--G-A-G-AT-----C-----A-G-----GAAT-A-T-T-GC--A--T-A--AG-----T-T-----	324
SMM.US.x.H9	0
SMM.US.x.PBJ14.15AGT-A-T-T-AC-A--T--GAGCG-----T-TC-----	79
SMM.US.x.PBJA-G-----AGT-A-T-T-AC-A--T--GAGC-----T-TC-----	79
SMM.US.x.PBJ.143	0
SMM.US.x.PBJ.6P6	A-T...-A-C-ACA.....C-G-----A-----T-----C-----A-G-----AGT-A-T-T-AC-A--T--GAGC-----T-TC-----	250
SMM.US.x.PGMS3	A-T...-A-A-C-ACA.....C-G-----G-TA-----T-C-----A-G-----T-CAAT-A--GA-----T-T-A--C-----T-T-----	250
SMM.US.x.SME543	A-C...-A-C-ACA.....GCC-GG--A-G--CAT-----C-----A-G-----GAAT--T-T-GC--A--T-A--AG-----T-T-----	324
STM.US.x.STM	27

	<u>NF-κB-II</u>	
MAC.US.x.239	CAGGCTGTGAGGAAAGAGGTTAGAAGAAGGCTAACCGGAAGGCGCTTCTTAACATGGTGACAAG.....AA.GGAAACTCGTGAAACAGCAGGGACTTTCCAAG.	429
A.CI.88.UC2	---AT-C---A---TGG-AGGC-AA-G-AA-----GA-A-CAT-T-GT-AA..T-A..CAGGAACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACT..A-G-A-A---G-T-----G-----	464
A.DE.x.BEN	---AT-C---A---ATGG-AGGC--AA-G-AA-----GA-A-CAT-T-GT-AA..T-A..CAGGAACAACCATACTTGGTCAAAGCAGGAAGTAGCTACT..A-G-ACA---GG-T-----G-----	464
A.DE.x.PE12	-----C---A---TGG-AGGC--AA-G-AA-----GA-A-CATTT-GTTAA...-GA.....CAGGAACAGCTATATTTGGTCAGAAACAGGAAGT...GAT-A---T-----G-----	445
A.GH.x.GH1	0
A.GM.87.D194	0
A.GM.x.ISY	0
A.GM.x.MCN13	0
A.GM.x.MCR35	0
A.GW.86.FG	0
A.GW.87.CAM2CG	-----AC---A-T---TGG-AGGCG-AA-G-AA-----GA-A-CATTT-GTTAA..GG..CAGGAACAACCATACTGGCCAGGGCAGGAAGTAGCTACT...ACA-G-T-----G-----	475
A.GW.x.ALI	-----C---A-T---TGG-AGGC--A-G-AA-----GA-A-CATTT-GTAAGA..-G...AACAGCTGATTTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTACT...ACA-G-T-----G-----	461
A.GW.x.HDS	0
A.IN.95.CR1K.147	---T-AC-----TGG-AGGCG-A-G-AA-----G-AA-A-CCTTT-GCTAA..G-GA..CAGGAACAACATATACTTGGTCAGAAACAGGAAGTAGCTACT...ACA-T-G-T-----G-T-----	210
A.IN.x.NNVA	-----AC-----TGG-AGGCG-AT--AG---G-A-A-CATTT-ATTAAGG-GA..CAGGAACAACATATACTTGGTCAGGGCAGGAAGTAGCTATT...ACA--G-T-----G-----	466
A.SN.85.ROD	0
B.CI.88.UC1	---AT-AC-----A-G---TGA-AGGCT-A---AA-----GA-A-C-CAGACTAG-CA-GA..GACAGCAGCATAAACAGGAAGTAGCTGACACTGCACAAG-G-----A-C-C-----A-----	468
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	---G-AC-----A---TGG-AGGCT-A---AA-----AA-A-C-CAGACTAG-CAGGA..AACAGCAGCTTAAAGAGGAAGTAGCTGACAGTGCATAAAC--A---C-T-----AT-----	466
B.CI.x.EH0	---AA-C-----A---TGG-AGGCT-AA-G-GA-----AA-A-C-CAGA-TAGACAGGA..AATAACAGCACAAGAGGAAGTAGCTAACACTGCATAGAG-A-----A-T-T-----G-----	468
B.GH.86.D205	---G-AC-----G---TGG-AGGCT-A---AA-----GA-A-C-CAGATTAG-CA-GA..GACAGCAGCATAAACAGGAAGTAGCTGACACTGCACAAG--A---A-C-T-----A-----	471
B.JP.01.KR020	0
G.CI.92.ABT96	0
AB.CI.90.7312A	---AT-AC-----A-G---ATGG-AGGCT-A---AA-----A-A-C-CAGA-TAGACAGGAAGCAGCAGCATAAAGAGGAAGTAGCTGACCTGCATAAGA--G-----G-C-T-----G-----	472
AB.CM.03.03CM_510_03	0
U.FR.96.12034	0
MAC.US.x.17EC1	429
MAC.US.x.17EFR	429
MAC.US.x.1937	0
MAC.US.x.2065	0
MAC.US.x.251.1A11	429
MAC.US.x.251.32H.PJ5C-----	429
MAC.US.x.251.BK28G-----G-T-----	428
MAC.US.x.80035	0
MAC.US.x.97074	0
MAC.US.x.MAC239.87082	0
MAC.US.x.MM142	0
MAC.US.x.SMM142B	0
MAC.US.x.r80025	0
MAC.US.x.r90131	0
MNE.US.82.MNE.8	0
MNE.US.x.MNE027	0
SMM.SL.92.SL92B	0
SMM.US.x.F236.H4	---T-----A-AG-----T-A-----AA-G-----	428
SMM.US.x.H9	---T-A-----GCAG-----T-A-A-----A-AA-A-G-----AGA-----	186
SMM.US.x.PB114.15	---T-A-----GCAG-----T-A-A-----A-AA-A-G-----AGA-----	186
SMM.US.x.PBJA	0
SMM.US.x.PBJ.143	---T-A-----GCAG-----T-A-A-----A-AA-A-G-----AGACAGCAGGGACTTTCCACAAG	378
SMM.US.x.PBJ.6P6	---T-G-----A-AG-----T-A-A-----A-AA-A-G-----A-----	355
SMM.US.x.PGH53	---T-----A-AG-----A-TA-----A-----G-----AA-G-----GGACTT-----	435
SMM.US.x.SME543	0
STM.US.x.STMA-G-----AA-G-----	102

	NF-κ-B1	TATA Box	5' LTR U3 end	TAR element start	+1 mRNA start site	5' LTR R repeat begin	
MAC.US.x.239GGGATGTTACGGGGAGGTACTGGGGAGGAGCCGGTCGGG..AACGCCACTTTCCTGGATGATAAATATCACTGCATTCGCTCTGTAT..TCAGTCGCTCTCGGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCTCCAGCACTA						574
A.CI.88.UC2-C--A--CAA-G-AGGGACAT-G-AG-AGCTGGT--GG-----T-A-A--AC-----G-AC-C--T-CC--A-----T-C-----C-----A-----						611
A.DE.x.BEN-C--A--CAA-G-AGGGACAT-G-AG-AGCTGGT--GG-----T-A-A--AC-----G-AC-C--T-C-T--AT-----C-----A-----						611
A.DE.x.PE12-C--A--CA-G-AGGGAC-T-G-AG-AACCGGT--GG-----T-A-A--C-----G-AC-C--TGC-T--AT-----C-----A-----						591
A.GH.x.GH1						56
A.GM.87.D194						56
A.GM.x.ISY						56
A.GM.x.MCN13						56
A.GM.x.MCR35						56
A.GW.86.FG						55
A.GW.87.CAM2CG-C--AC-A--G-AGGGATAT-G-AG-AGCTGGT--GG-----T-A-A-C-TC-----TCAC-C--TGC-T--AT--CT-----GC-----						622
A.GW.x.ALI-C--A--CA-G-AGGGACAT-G-AG-AGCTGGT--GG-----T-A-A--CCTGT-----G-AC-C--TGC-T--AT-----						607
A.GW.x.HDS						56
A.IN.95.CR1K.147-C--A--CA-G-AGGGACAT-G-AG-AGCTGGT--GG-----T-A-ATC-TC-----G-AC-C--T--GCA-TGTAC-----						357
A.IN.x.NNVA-C--A--CA-G-AGGGACAT-G-AG-AGCCGGT--GG-----T-A-ATC-TC-----G-AC-C--TGC-T--AT--CT-----C-----T-----						608
A.SN.85.ROD						56
B.CI.88.UC1A-C--A--AT--G-AGGGACAT-G-AG-AGTTGGTT--GG-----T-AAA-CTC-----G-AC-C--T-C-T--AT-----C-----						614
B.CI.09.pPRD320-20HIV2.56-CA-A--AA--G-AGGAACAT-G-AG-AGCTGGT--GG-----T-AAAAATC-----G-AC-C--T--CT--AT--A-C-----C-----						612
B.CI.x.EH0-C--A--A-T-G-AGGGACAT-G-AG-AGCAGG-A-G-----TCAAGACTC-----G-AC-C--T--GT--AT-----C-----						614
B.GH.86.D205A-C--A--AT--G-AGGAACAA-G-AG-GGTTGGTT--GG-----T-AAA-CTC-----G-AC-C--T-C--AT-----						617
B.JP.01.KR020						0
G.CI.92.ABT96						0
AB.CI.90.7312A-C--A--A-T-G-AGGGACAT-G-AG-AGTTGGT--GG-----T-AAGCCTC-----G-AC-C--T-C-T--AT-----						619
AB.CM.03.03CM.510_03						0
U.FR.96.12034						107
MAC.US.x.17EC1						574
MAC.US.x.17EFR						574
MAC.US.x.1937						0
MAC.US.x.2065						0
MAC.US.x.251.1A11						573
MAC.US.x.251.32H.PJ5						574
MAC.US.x.251.BK28						562
MAC.US.x.80035						0
MAC.US.x.97074						0
MAC.US.x.MAC239.87082						0
MAC.US.x.MM142						56
MAC.US.x.SMM142B						56
MAC.US.x.r80025						0
MAC.US.x.r90131						0
MNE.US.82.MNE.8						56
MNE.US.x.MNE027						56
SMM.SL.92.SL92B-C--C-T-----T-CT-----AT-CTC-----C-CA-----A-----C-----A-----G-----T-----						55
SMM.US.x.F236.H4						571
SMM.US.x.H9CAGCAGGGACTTTCCACAAAG-----T-CT-----G-AT-CTC-----CA-----A-----						57
SMM.US.x.PB114.15CAGCAGGGACTTTCCACAAAG-----T-CT-----G-AT-CTC-----CA-----A-----						351
SMM.US.x.PBJACAGCAGGGACTTTCCACAAAG-----T-CT-----G-AT-CTC-----CA-----A-----						351
SMM.US.x.PBJ.143ACAGCAGGGACTTTCCACAAAG-----T-CT-----G-AT-CTC-----CA-----A-----						57
SMM.US.x.PBJ.6P6G-----T-----A-T-----C-----G-AT-CTC-----CA-----A-----						544
SMM.US.x.PG053G-----T-----CTGTCATG-----T-CT-----AT-CTC-----CA-----G-----G-C-----						500
SMM.US.x.SME543TCCACAAGG-----CTGTCATG-----T-CT-----AT-CTC-----CA-----G-----						587
STM.US.x.STMG--CTGTAACA-----T--G-----TT--A--TC-----CA--C--T-A-A-----A-----						247

	TAR element end ₁	Poly-A signal	5' LTR R repeat end ₂	5' LTR U5 start	
MAC.US.x.239	GCAGGTAGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCTCACC	.AGCACTTGGCCGGTGGTGGCAGAGTGACTCCACGCTTGCTTAAAGC	.CCTCTTCAATAAAGC	.TGCCATTTAGAAGTAAGCTA	.GTGTGTGTTCCCATCTCTCTAGCCGCCGCTGGTCAAC
A.CI.88.UC2	..C.....C.....	..TG..C.....CA.....	..A.....A.....	..A.....C..T..A.....	..T.....T.....
A.DE.x.BENG.....T.....A.....C..G.....G.....C..T..A.....T.....T.....
A.DE.x.PE12T.....A.....C..G.....G.....C..T..A.....T.....T.....
A.GH.x.GH1TG.....CA.....C..G.....A.....A.....G.....C..T..A.....
A.GM.87.D194TG.....CA.....C..G.....A.....A.....G.....C..T..A.....
A.GM.x.ISYG.....TG.....CA.....C..G.....AGA.....A.....G.....C..T..A.....
A.GM.x.MCN13TG.....CA.....C..G.....T.....A.....G.....C..T..A.....
A.GM.x.MCR35G..TG.....CA.....C..G.....AGA.....A.....G.....C..T..A.....
A.GW.86.FGTG.....C.....C..G.....A.....CA.....G.....C..T..A.....C.....
A.GW.87.CAM2CGTG.....CA.....C..G.....A.....A.....G.....C..T..A.....
A.GW.x.ALITG.....CA.....C..G.....A.....A.....G.....C..T..A..AG.....
A.GW.x.HDSTG.....CA.....C..G.....T.....A.....G.....C..T..A.....
A.IN.95.CR1K.147G.....TG.....CA.....C.....A.....A.....G.....C..T..A.....T.....
A.IN.x.NNVAA.....TG.....C.....C..G.....A.....G.....C..TC..A.....
A.SN.85.RODTG.....C.....C..G..C.....AA.....G.....C..T..A.....C.....
B.CI.88.UC1C..G.....A.....C..T..GA.....
B.CI.09.pPRD320-20HIV2.56C..G.....A.....C..T..GA.....
B.CI.x.EHOC..G.....A.....C..T..GA.....
B.GH.86.D205A.....A.....T.....C..G.....A.....TA.....C..AC..A.....
B.JP.01.KR020C..G.....A.....C..TA.....
G.CI.92.ABT96G.....Y..G.....C..AAGA.....AA.....A..GT.....
AB.CI.90.7312AC..G.....A.....C..TC..A.....
AB.CM.03.03CM_510_03
U.FR.96.12034T.....A.....A.....C.....G.....C.....A.....
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11T.....T.....
MAC.US.x.251.32H.PJ5G.....A.....
MAC.US.x.251.BK28A.....G.....A.....C.....
MAC.US.x.80035T.....
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239.87082
MAC.US.x.MM142G.....A.....
MAC.US.x.SMM142BC..G.....A.....T.....
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8G.....A.....T.....C.....C.....
MNE.US.x.MNE027G.....A.....C.....C.....
SMM.SL.92.SL92B	AGTA..GT.....T..A..A.....A..C.....ACA.....AT.....T.....C..G.....
SMM.US.x.F236.H4G.....A.....GC..A..C.....
SMM.US.x.H9G.....RG.....AGA.....G.....C.....
SMM.US.x.PBJ114.15G.....A.....C.....
SMM.US.x.PBJAG.....A.....C.....
SMM.US.x.PBJ.143RG.....AGA.....C.....M.....Y.....
SMM.US.x.PBJ.6P6G.....A.....C.....
SMM.US.x.PGH53C.....C..G.....A.....GC.....A.....
SMM.US.x.SME543G.....A.....T.....
STM.US.x.STMA.....A.....T.....G.....T..TA.....T.....A.....A.....

	5' LTR U5 end_Lys tRNA primer binding site											
MAC.US.x.239	TCGGTACTCAAT...AATAAGAAGACCTGGTC.TGTTAGGAC.....	CCTTTCTGCTTTGGGAAACCG.AAGCAG...GAAATCCCTAGCAGATTGGCGCTGAACAGGGACTTGA...AGGAGAGTGAGAGACTCTGA.GTACGGCTGAGTGAAG	880									
A.CI.88.UC2	CG.TGTTTCATC.GAGT...CC.CT.A.GGCGCAG.CAG.C.TG.AC	916	
A.DE.x.BEN	CG.TGTTTCATC.GAGT...CCTCT.A.GGCGCAG.CAG.C.TG.ACT	917	
A.DE.x.PE12	CG.TGTTTCACC.AAGT...G.CCTGGACACT.GA.GGAGACT.GAAC	885	
A.GH.x.GH1	CG.TGTTTCATC.GAAT...CC.CT.A.GGGCA.G.CAG.C.TG.ACAGTGA.G	359	
A.GM.87.D194	CG.TGTTTCATC.GAGT...CC.CA.T.A.GGGCA.AG.CAG.C.TG.AC	362	
A.GM.x.ISY	CG.TGTTCTCC.GAGT...CCTAGGCG.A.CAG.CTTG.AC	362	
A.GM.x.MCN13	CG.TGTTTCATC.GAAT...CCTAGGCAGA.C.A.AG.CTTG.AC	362	
A.GM.x.MCR35	CG.TGTTTCATC.GAAT...CAAGGCA.C.A.AG.CTTG.AC	362	
A.GW.86.FG	CG.TGTTTCACC.GTAT...CCTAGGCGGA.CAG.CTTG.ACA.GG	363	
A.GW.87.CAM2CG	CG.TGTTTCACC.GAAT...CCTAGGCA.C.A.AG.CTTG.ACG	927	
A.GW.x.ALI	CG.TGTTTCACC.GAGT...CCTGGGCA.CAGTCTAG.AC	912	
A.GW.x.HDS	CG.TGTTTCACC.GAAT...CCTAGGCA.CAGTCTTGA.AC	361	
A.IN.95.CR1K.147	CG.TGTTTCATC.GAAT...CCTCG.GGTGCAGTCTTGA.AC	663	
A.IN.x.NNVA	CG.TGTTTCACC.GAGT...CCTT.A.GTGCA.GCAG.C.TG.AC	911	
A.SN.85.ROD	CG.TGTTTCACC.GAGT...CCTAGGCA.CAGTCTTGA.AC	361	
B.CI.88.UC1	CAATGCTCT.C.AAA.T.AAGGACAAT.T.GC	917
B.CI.09.pPRD320-20HIV2_56	CA.TGCTC.C.GAGTT.CCGTACAAT.T.GC	915
B.CI.x.EHO	CG.TGCTC.C.AGACAGGCCG.AT.T.G.G.A.CT	913
B.GH.86.D205	CG.TGCTC.C.GAT.GCTGGGCC.GA.CT.AGA.C.A	914	
B.JP.01.KR020GT--GCGT.....GCRG--A.GGGCCG.AAGT.CTTACA	285
G.CI.92.ABT96GT--GCTGA.TA..GCTTGGCCAT.T.GACA	922
AB.CI.90.7312A	CG.AG.T--CCTTAT.A.....ACCTA.GGCCGA.CAG.AC.GT.T.A.GA.C.A	53	
AB.CM.03.03CM_510_03CTA.GGCCT.TAACTG	408
U.FR.96.12034	880
MAC.US.x.17EC1	880
MAC.US.x.17EFR	0
MAC.US.x.1937	0
MAC.US.x.2065	0
MAC.US.x.251.1A11GG.....GACCC	879
MAC.US.x.251.32H.PJ5GG.....GACCC	880
MAC.US.x.251.BK28GG.....GACCC	867
MAC.US.x.80035	0
MAC.US.x.97074	0
MAC.US.x.MAC239_87082	0
MAC.US.x.MM142GG.AAT...ACCTGGTCTGTTAGGACCCCC	377
MAC.US.x.SMM142BGG.AAT...ACCTGGTCTGTTAGGACCCCC	377
MAC.US.x.r80025	0
MAC.US.x.r90131	0
MNE.US.82.MNE.8G.AAT.....	361
MNE.US.x.MNE027AAT.....	361
SMM.SL.92.SL92B	CG.-GT.C.GGATAA.....CGAG.....AC...C.AC.ACTCGGCAACTCCTGAGTGAT.GTCAGAC.G.ACT	343
SMM.US.x.F236.H4G.CACAT.....SYGGC	876
SMM.US.x.H9G.ACAT.....SYGGC	362
SMM.US.x.PBJ14.15GGACAT.....CYGGC	655
SMM.US.x.PBJAG.ACAT.....SYGGC	655
SMM.US.x.PBJ.143G.ACAT.....SYGGC	362
SMM.US.x.PBJ.6P6G.ACAT.....CYGGC	847
SMM.US.x.PGH53G.AAC.TA.....CYGGC	805
SMM.US.x.SME543G.CAC.TA.....CYGGCGTGAGAGC	892
STM.US.x.STMG.....CT.TGACC	544

MAC_US_x_239	CGACGTAAGGGCGGCAGGAACCAACCACGACGGAGTGCCTCTATAAAGGCGCGGGTC...GGTACCAGA...CGGCGTGAGGAGCGG...GAGAGGAAGAGGCCCTCCG...GTTGCA...GGTAAGTGCAACACA.AAAAAG...AAATAGCTGTCT.TTTAT	1022
A_CI_88_UC2	-----A-----G-A-----C-AAG-TAC-A-A-GG-----T-----T-A-----G-A-----CTACAC-C-CTGTAGCCAG...AG--TGT-.A-CC	1073
A_DE_x_BEN1	-----A-----G-----C-GAG-TAC-A-AGG-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACAC-C-CTGTAGCCAG...AG--TGT-.A-CC	1073
A_DE_x_PEI2	-----A-----G-----C-GAG-TAC-A-AGG-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACAC-C-CTGTAGCCAG...AG--TGT-.A-CC	1041
A_GH_x_GH1	TAGTA-G-C-----A-----G-A-----C-GAG-TAC-A-AGG-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACAC-CG--ACCGTAGCCAG...AG--AGT-.A-CC	513
A_GM_87_D194	-----A-----G-A-----C-GAG-TAC-G-AG-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACAC-CG--ACTGTAGCCAG...AG--TGT-.A-CC	517
A_GM_x_1S1	-----A-----G-----A-----C-AAG-TAC-A-AGG-----T-----T-C-----G-A-----A-CTACAC-C-CTGTAGCCG...AG--TGT-.A-CC	517
A_GM_x_MCN13	-----A-----G-----A-----C-AAG-TAC-A-AGG-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACAC-C-CAATTGTAGCCAG...GG--TGT-.A-CC	518
A_GM_x_MCR35	-----A-----G-----A-----C-AAG-TAC-A-AGG-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACAC-C-CAATTGTAGCCAG...GG--TGT-.A-CC	518
A_GW_86_FG	-----A-----GC-----G-----C-GAG-TAC-A-AG-----T-----CG-AGTC-----G-----G-A-G-----A-CTACAC-C-CTGTAGCCAA...G-GG--TGT-.A-CC	517
A_GW_87_CAM2CG	-----A-----AG-----G-----C-GAG-TAC-A-AGG-----T-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACAC-C-CTGTAGCCG...GG--TGT-.A-CC	1082
A_GW_x_ALI	-----A-----G-----A-----C-AAG-TAC-A-AGGC-----T-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACAC-C-CTGTAGCCG...GG--TGT-.A-CC	1066
A_GW_x_MDS	-----A-----G-----A-----C-AAG-TAC-A-AGG-----T-----T-A-----G-A-----A-CTACAC-CG--ACTGTAGCCAA...GG--TGT-.A-CC	517
A_IN_95_CR1K_147	-----A-----G-----C-GAG-TAC-A-G-----T-----T-C-----G-A-----A-CTACAC-C-CTGTAGCCAG...GG--TGT-.A-CC	817
A_IN_x_NNVA	-----A-----G-----A-----C-AAG-TAC-A-AGG-----T-----T-A-----GGT-AA-GT...AAGT-CCT-C-A-CTGTAGC...CAG--AG--TGT-.A-CC	1066
A_SN_85_ROD	-----A-----G-----C-GAG-TAC-A-AGG-A-----T-----G-A-----G-A-----A-CTACAC-C-CTGTAGCCG...GG--TG--.A-CC	516
B_CI_88_UC1	-----T-----A-----G-----A-C-----G-A-----GAA-----GA-G-AA-G-A-TC-A-TTCTGAA...TGTC--GCTC	1055
B_CI_09_pPRD320-20HIV2_56	-----T-----A-----G-----G-----G-----GAA-----GA-G-AA-G-A-TC-A-TTTTGAA...TGTC--GCTC	1053
B_CI_x_EH0	-----T-----G-----AA-----A-C-----G-A-----GA-----G-AGTA-AA-A-TC-A-TTT-C...AA-TGT-C-ACTC	1052
B_GH_86_D205	-----T-----A-----G-----A-----A-C-----G-A-----GA-----GA-T-A-A-TC-A-TTTT-C...AA-TGT-C-ACTC	1050
B_JP_01_KR020	-----T-----A-----G-----A-----A-C-----G-A-----GA-----GA-T-A-A-TC-A-TTTTA...AA-TGT-C-ACTC	196
G_CI_92_ABT96	-----T-----T-----G-----A-----A-----A-----T-----G--GCA-----C-A-----TTT...TAGCC...A--AG-GCTGTGAA-CC-	435
AB_CI_90_7312A	-----T-----A-----G-----A-C-----G-A-----GA-----GA-T-A-A-TC-A-TTTT...AACTGT-C-AC	1056
AB_CM_03_03CM_510_03	-----T-----A-----G-----A-CT-----G-A-----GAA-----GA-T-G-A-TC-A-TTTT...CA-TGT-.C-GC-	189
U_FR_96_12034	-----A-----G-----A-CT-----AG-A-----T-A-----T-----A-----T-AAC...C-AG-G-TGTCTGCCTC	552
MAC_US_x_17EC1	-----GGT-----	1022
MAC_US_x_17EFR	-----GGT-----	1022
MAC_US_x_1937	-----A-----	128
MAC_US_x_2065	-----A-----	128
MAC_US_x_251_1A11	-----G-----	1021
MAC_US_x_251_32H_PJ5	-----G-----AG-----	1023
MAC_US_x_251_BK28	-----G-----TG-----	1010
MAC_US_x_80035	-----G-----	128
MAC_US_x_97074	-----G-----	0
MAC_US_x_MAC239_87082	-----G-----GAGA-----TG-----G-----	99
MAC_US_x_MM142	-----G-----GAGA-----TG-----G-----	520
MAC_US_x_SMM142B	-----G-----GAGA-----TG-----G-----	520
MAC_US_x_r80025	-----G-----	0
MAC_US_x_r90131	-----G-----	128
MNE_US_82_MNE_8	-----G-----G-----	502
MNE_US_x_MNE027	-----G-----G-----	502
SMM_SL_92_SL92B	T-----G-----TTGA-CCGGTGCCA-T-CTGAGC-GGAGTAC-A-TAA--AG-CT-T-G-AC-TAAGG-A-AAA...GT-AAT-T-CT-CCT-C	468
SMM_US_x_F236_H4	-----A-----G-----C-----G-----TC-G-----G-----GTC-----T-GGA--AG--CCC	1018
SMM_US_x_H9	-----C-----A-----C-----G-----TC-G-----G-----A-G-GTC-----T-GGA--AG--CCC	504
SMM_US_x_PBJ14_15	-----C-----A-----C-----G-----TC-G-----G-----A-G-GTC-----T-GGA--AG--CCC	798
SMM_US_x_PBJA	-----C-----A-----C-----G-----TC-G-----G-----A-G-GTC-----T-GGA--AG--CCC	797
SMM_US_x_PBJ_143	-----C-----A-----C-----G-----TC-G-----G-----A-G-GTC-----T-GGA--AG--CCC	504
SMM_US_x_PBJ_6P6	-----C-----A-----C-----G-----TC-G-----G-----A-G-GTC-----T-GGA--AG--CCC	990
SMM_US_x_PGM53	-----C-----A-----C-----G-----TC-G-----G-----AG--G-GTC-----T-GGA--AG--CCC	948
SMM_US_x_SME543	-----A-----A-----G-----C-----G-----A-G-----TC-G-----A-----GTC-----T-GGA--AG--CCC	1034
STM_US_x_STM	-----A-----G-----CG-----AG-----GC-----A-----A-G-----AG-T-GCC-----G-GG--AT-.G-C-	678

Gag and Gag-Pol start

MAC.US.x.239	CCAGGAAGGGGTAATAAGAT. AGAGTGGGAGATGGGCTGAGAAACTCCGCTTGTTCAGGGAAGAAGCAGATGAATAGAAAAATTAGGCTACGACCCACCGAAAGAAAAGTACATGTTGAAGCATGTAGTATGGGACGAATGAATAGATAGATTTGGATTAG	1191
Gag	M G V R N S V L S G K K A D E L E K I R L R P N G K K K Y M L K H V V W A A N E L D R F G L	
A.CI.88.UC2	A-TTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C-AG- -A-G- -C- -T- G-GG- -G- -A-A- -A-T-G- -G-C- -G- -C- -CA- -	1241
A.DE.x.BEN	A-CTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C-AG- -A- -C- -G- -T- G-GG- -G- -A-A- -A-T-G- -G- -A- -C- -G- -	1241
A.DE.x.PE12	A-CTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C- -G- -AG- -A- -T- -G- -T- G-GG- -G- -A- -A-T-G- -G- -GC-A- -C- -G- -	1209
A.GH.x.GH1	ATCTTTTA-ACAGG -GA-G.-TT-----C-AG- -A- -C- -G- -T- G-G- -G- -C-A- -A- -A-T-G- -G- -C- -A- -C- -G- -	682
A.GM.87.D194	A-CTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C-AG- -A- -C- -G- -T- G-GG- -G- -A- -A- -A-T-G- -G- -C- -C- -G- -	685
A.GM.x.IS7	A-CTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C- -A- -AG- -A- -G- -C- -T- G-GG- -G- -GA- -A-A- -A-T-G- -G- -C- -C- -A- -	685
A.GM.x.MCN13	A-CTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C-AG- -AA- -A- -C- -C- -T- G-GG- -G- -A- -G-C-A- -A-T-G- -G- -C- -C- -	686
A.GM.x.MCR35	A-CTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C-AG- -AA- -A- -C- -C- -T- G-GG- -G- -A- -G-C-A- -A-T-G- -G- -C- -C- -	686
A.GW.86.FG	A-CTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C-AG- -A- -A- -C- -T- G-GG- -G- -A- -A-A- -A-T-G- -G- -C- -C- -	685
A.GW.87.CAM2CG	A-CTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C-AG- -A- -A- -C- -G- -T- G-GG- -G- -A- -A-A- -A-T-G- -G- -C- -C- -G- -	1250
A.GW.x.ALI	A-CTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C-AG- -A- -A- -C- -G- -T- G-GG- -G- -A- -A-A- -A-T-G- -G- -C- -C- -G- -	1234
A.GW.x.MDS	A-CTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C- -G- -AG- -A- -C- -G- -T- G-GG- -G- -A- -G- -A-A- -A-T-G- -G- -C- -C- -	685
A.IN.95.CR1K.147	A-CTTT - -ACAGG -GA-GA-TT-----C-AG-G- -C-AG- -A- -T- -G- -T- G-GG- -G- -A- -GAC-A- -A- -T-G- -G-C- -G- -C- -A- -C- -A- -	986
A.IN.x.NNVA	A-CTTT - -ACAGG -GA-GA-TT-----C-AG- -C-AG- -A- -T- -G- -T- G-GG- -G- -A- -GAG-A- -A- -T-G- -G-C- -G- -C- -C- -A- -	1235
A.SN.85.ROD	A-CTTT - -ACAGG -GA-G.-TT-----C-AG- -A- -A- -T- -G- -T- G-GG- -G- -G-C-A- -A- -A-T-G- -G- -A- -G- -C- -C- -	684
B.CI.88.UC1	TA- -A- -A- -AGTAGG-CA.TA-----C- -G- -AG- -A- -G- -T- G-GG- -G- -TTGTC- -A- -A- -A- -TG- -C- -G- -C- -	1222
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	TA- -A- -A- -AGTAGGACA.TA-----C- -GG- -AG- -A- -G- -T- G-GG- -G- -TTGTC- -A- -A- -A- -TG- -C- -G- -C- -A- -	1220
B.CI.x.EH0	TAG-AC- -A- -GGTAGG- -A.TA-----C- -GG- -GA- -A- -G- -T- G-GG- -G- -GA- -C-A- -A- -A- -TG- -C- -G- -C- -G- -	1218
B.GH.86.D205	TA- -A- -A- -AGTAGG-CA.TA-----C- -GG- -C- -AG- -A- -G- -T- G-GG- -G- -T- -C-A- -A- -A- -TG- -C- -G- -C- -	1217
B.JP.81.KR020	TA- -A- -A- -AGTAGG-CA.TA-----C- -GG- -A- -AGTAGG-CA.TA-----G- -T- G-GG- -G- -A- -TTGTC- -A- -A- -A- -TG- -C- -G- -C- -A- -	363
G.CI.92.ABT96	A-CTTG-ATA- -C- -GGTAGA. -T-----C- -G- -C- -A- -T- -G- -T- G-GG- -G- -A- -A- -A- -T-G- -G- -C- -G- -C- -	604
AB.CI.90.7312A	-T- -AGGA. - -AGTAGG-CA.TA-----C- -GG- -C- -A- -GA- -A- -G- -T- G-GG- -G- -A- -A- -A- -T-G- -G- -C- -C- -C- -G- -	1223
AB.CM.03.03CM.510_03	-T- -AAG. - -AGTAGG-CA.TA-----C- -G- -C- -A- -G- -T- G-GG- -G- -G- -T- -A- -A- -A- -TG- -C- -G- -C- -C- -	356
U.FR.96.12034	TG- -A- -A- -AGG- -GT- -TT-----C- - -T- -G- -T- G- -G- -G- -A- -A- -A- -T-G- -G- -C- -G- -C- -	720
MAC.US.x.17EC1	-----C-----	1191
MAC.US.x.17EFR	-----C-----	1191
MAC.US.x.1937	-----C-----	R- 297
MAC.US.x.2065	-----C-----	297
MAC.US.x.251.1A11	-----A-----	1190
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-----A-----	1192
MAC.US.x.251.BK28	-----A-----	1179
MAC.US.x.80035	-----C-----	297
MAC.US.x.97074	-----C-----	166
MAC.US.x.MAC239.87082	-----C-----	268
MAC.US.x.MM142	-----A-----	689
MAC.US.x.SMM142B	-----A-----	689
MAC.US.x.r80025	-----C-----	154
MAC.US.x.r90131	-----C-----	297
MNE.US.82.MNE.8	-----A-----	671
MNE.US.x.MNE027	-----A-----	671
SMM.SL.92.SL92B	-----G-ATAGGTAG-AG- -A- -C-----C- -GG- -A- -G- -T- G-GG- -G- -C- -T- -A- -TA- -C- -GA- -C- -CG- -	631
SMM.US.x.F236.H4	A- -TTTTGA- -AA- -GAGTAGG.-----C- -G- -T- G-GG- -G- -T- -C- -A- -A- -G- -C- -G- -	1187
SMM.US.x.H9	A- -TTTTGA- -AAA- -GAGTAGG.-----T- -T- G-GG- -G- -T- -C- -A- -A- -G- -C- -G- -	673
SMM.US.x.PBJ14.15	A- -TTTTGA- -AAA- -GAGTAGG.-----C- -C- -T- G-GG- -G- -G- -A- -C- -A- -G- -C- -G- -	967
SMM.US.x.PBJA	A- -TTTTGA- -AAA- -GAGTAGG.-----C- -T- G-GG- -G- -G- -CA- -C- -A- -G- -C- -G- -	966
SMM.US.x.PBJ.143	A- -TTTTGA- -AAA- -GAGTAGG.-----T- -T- G-GG- -G- -G- -C- -A- -A- -G- -C- -G- -	673
SMM.US.x.PBJ.6P6	A- -TTTTGA- -AAA- -GAGTAGG.-----C- -T- G-GG- -G- -G- -A- -C- -A- -G- -C- -G- -	1159
SMM.US.x.PGM53	A- -TTTTGA- -AA- -GAGTAGG.-----C- -T- G-GG- -G- -T- -G- -C- -G- -C- -G- -	1117
SMM.US.x.SMES43	A- -TTTTGA- -AA- -GAGTAGG.-----C- -T- G- -T- -G- -T- -G- -C- -G- -	1203
STM.US.x.STM	A- -TCTTGA- -A- -GAGGT- -G- -AG-----C- - -G- -A- -G- -T- -G- -GG- -G- -A- -G- -C- -G- -C- -	847

MAC.US.x.239	CAGAAAGCCTGTTGGAGAACAAGAAGGATGTCAAAAAATCTTTCCGGTCTTAGCTCCATTAGTGCCAAACAGGCTCAGAAAAATTTAAAAAGCCTTTATAACTGTCTGCGTCATCTGGTGCATTACCGCAGAAGAGAAAGTGAACACACTGAGGAAGCAAAACAGATA	1361
Gag	A E S L L E N K E G C Q K I L S V L A P L V P T G S E N L K S L Y N T V C V I W C I H A E E E K V K H T E E A K Q I	
A.CI.88.UC2A.....TCA.....T.....C.....G.....T.....CA.....A.....T.....A.....A.....G.....T.....C.....T.....T.....T.....G.....G.....T.....A.....G.....A.....AC.....1411	1411
A.DE.x.BENG.....TCA.....T.....C.....G.....T.....CAGA.....T.....A.....A.....G.....T.....C.....T.....T.....G.....G.....T.....GA.....AC.....1411	1411
A.DE.x.PE12TCA.....T.....C.....G.....TA.....A.....A.....T.....A.....A.....A.....T.....T.....C.....T.....T.....G.....G.....T.....A.....G.....A.....1379	1379
A.GH.x.GH1G.....TCA.....T.....C.....G.....T.....CA.....A.....T.....A.....A.....G.....T.....C.....A.....T.....T.....G.....G.....T.....A.....AC.....852	852
A.GM.87.D194G.....ATCA.....T.....C.....G.....T.....AAA.....T.....AA.....A.....G.....T.....C.....AC.....T.....T.....G.....G.....T.....A.....GA.....AC.....855	855
A.GM.x.ISYG.....TCA.....T.....C.....G.....T.....A.....A.....T.....AA.....A.....G.....T.....T.....AC.....T.....T.....G.....G.....T.....A.....AGA.....855	855
A.GM.x.MCN13G.....TCA.....T.....C.....G.....T.....A.....A.....T.....G.....A.....A.....G.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....G.....T.....A.....G.....856	856
A.GM.x.MCR35G.....TCA.....T.....C.....G.....T.....A.....A.....T.....A.....A.....A.....G.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....G.....T.....A.....G.....856	856
A.GW.86.FGG.....TCA.....T.....C.....G.....T.....A.....A.....T.....A.....A.....A.....G.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....G.....T.....A.....G.....855	855
A.GW.87.CAM2CGG.....ATCA.....T.....C.....G.....T.....AAA.....T.....A.....A.....G.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....G.....T.....A.....AGA.....1420	1420
A.GW.x.ALIG.....TCA.....T.....C.....G.....T.....AAA.....T.....AA.....A.....G.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....G.....T.....A.....A.....1404	1404
A.GW.x.MDSG.....ATCA.....G.....T.....C.....G.....T.....AAA.....T.....AA.....A.....A.....G.....T.....T.....AG.....T.....TT.....G.....G.....G.....T.....A.....T.....C.....855	855
A.IN.95.CR1K.147TCA.....G.....T.....C.....T.....A.....A.....T.....A.....A.....G.....T.....T.....A.....T.....T.....A.....G.....T.....A.....A.....1156	1156
A.IN.x.NNVAG.....ATCA.....G.....T.....C.....T.....A.....A.....T.....A.....A.....G.....T.....T.....A.....T.....T.....A.....G.....T.....A.....A.....T.....1405	1405
A.SN.85.RODG.....TCA.....G.....T.....C.....T.....A.....A.....T.....A.....A.....G.....T.....T.....A.....T.....T.....A.....G.....T.....A.....A.....854	854
B.CI.88.UC1G.....ATCA.....T.....C.....C.....T.....A.....A.....T.....A.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....T.....AC.....T.....G.....G.....T.....A.....1392	1392
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56G.....C.....TCA.....C.....C.....T.....A.....A.....T.....A.....G.....A.....A.....A.....T.....T.....T.....C.....AC.....T.....G.....G.....T.....A.....1390	1390
B.CI.x.EH0G.....G.....GATCA.....C.....C.....GG.....TGGAAA.....GA.....A.....A.....A.....T.....T.....C.....TT.....C.....G.....G.....T.....A.....1388	1388
B.GH.86.D205G.....ATCA.....T.....C.....T.....AAA.....T.....AA.....A.....G.....T.....T.....TC.....T.....TT.....C.....G.....G.....T.....A.....1387	1387
B.JP.01.KR020G.....TCA.....T.....C.....T.....A.....A.....AA.....A.....A.....A.....T.....T.....AC.....TC.....G.....T.....T.....A.....533	533
G.CI.92.ABT96G.....ATCA.....T.....C.....T.....A.....A.....A.....A.....T.....G.....T.....TT.....G.....C.....C.....A.....T.....A.....AG.....774	774
AB.CI.90.7312AA.....ATCA.....T.....G.....T.....A.....A.....A.....G.....T.....T.....T.....A.....A.....G.....T.....C.....A.....C.....1393	1393
AB.CM.03.03CM_510_03G.....C.....ATCA.....C.....T.....AAA.....T.....A.....A.....A.....T.....T.....TC.....C.....G.....G.....T.....A.....G.....A.....526	526
U.FR.96.12034GC.....TT.....A.....G.....T.....T.....G.....T.....T.....TT.....G.....T.....G.....890	890
MAC.US.x.17EC11361	1361
MAC.US.x.17EFR1361	1361
MAC.US.x.1937R.....G.....A.....M.....R.....1467	1467
MAC.US.x.20651467	1467
MAC.US.x.251.1A111360	1360
MAC.US.x.251.32H.PJ51362	1362
MAC.US.x.251.BK281349	1349
MAC.US.x.80035467	467
MAC.US.x.97074T.....336	336
MAC.US.x.MAC239_87082438	438
MAC.US.x.MN142859	859
MAC.US.x.SMM142B859	859
MAC.US.x.r80025D.....324	324
MAC.US.x.r90131467	467
MNE.US.82.MNE.8G.....841	841
MNE.US.x.MNE027C.....C.....G.....G.....841	841
SMM.SL.92.SL92BA.....G.....G.....T.....AG.....A.....AC.....A.....A.....G.....T.....G.....T.....G.....AG.....T.....TC.....G.....AT.....G.....A.....T.....GA.....A.....C.....801	801
SMM.US.x.F236.H4T.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....T.....C.....G.....T.....G.....T.....G.....C.....C.....C.....T.....T.....A.....A.....1357	1357
SMM.US.x.H9T.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....T.....G.....G.....C.....C.....C.....T.....T.....A.....A.....843	843
SMM.US.x.PBJ14.15T.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....T.....G.....G.....C.....C.....C.....T.....T.....A.....A.....1137	1137
SMM.US.x.PBJAT.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....T.....G.....G.....C.....C.....C.....T.....T.....A.....A.....1136	1136
SMM.US.x.PBJ.143T.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....T.....G.....G.....C.....C.....C.....T.....T.....A.....A.....843	843
SMM.US.x.PBJ.6P6T.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....T.....G.....G.....C.....C.....C.....T.....T.....A.....A.....1329	1329
SMM.US.x.PGM53C.....T.....T.....A.....T.....T.....GG.....T.....G.....G.....T.....T.....A.....A.....1287	1287
SMM.US.x.SME543T.....T.....T.....A.....T.....T.....G.....T.....G.....G.....T.....T.....A.....A.....1373	1373
STM.US.x.STMTCA.....G.....TA.....AA.....AA.....T.....G.....T.....T.....G.....T.....T.....C.....T.....T.....G.....AG.....G.....1017	1017

MAC.US.x.239
Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205
B.JP.01.KR020
B.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM_510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239_87082
MAC.US.x.MM142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14_15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.x.STM

Gag p17 Matrix end_Gag p24 Capsid start
GTGCAGAGACACTAGTGGTGGAAACAGGAACAACAGAAACTATGCCAAAAACAAGTAGACCAACAGCACCATCTAGCGGGCAGAGGAGAAATACCCAGTACAACAA...ATAGGTGGTAACTATGTCCACCTGCCATTAAAGCCCAGAAACATTAATGCTGGGATAA 1528
V Q R H L V V E T G T E T M P K T S R P T A P S S G R G G N Y P V Q Q I G G N Y V H L P L S P R T L N A W V K
-A-----T-----CA-----TG--G-AA--T-----C-----T--G-A-A--C-T--C-G--G--GC--C-----TG--C-G--CC--TC--T-----1578
-CA-----T-----CA-----T-----TG--G-AA--T-----C-----T--G-A-A--C-----C-----GCG--C-----TG--C-G--CC--TC--A-----1578
-A-----T-----CA-----TG--C-AA--GC-----G-----C-----G--G--C-----TC--TG--G-G--CC--CC--T-----1546
-A-----T-----G--CA-----TG--AA--GT-----C-----G--A--A--C-T--T-----GACAGGC--C--A--TG--C-G--CC--TC--T-----1022
-CA-----T-----CA-----A-----TG--G-AA--T-----C-----T--G-A--G--C-T--C-G--G--GC--C-----T--TG--G-G--T--CC--TC--T-----1022
--AGG-----T-----CA-----A-----TG--G-AA--T-----C-----T--G-A--G--C-T--C-G--G--GC--C-----T--TG--G-G--T--CC--TC--T-----1022
-A-----T-----C--CA-----TG--G-AA--T-----C-----G--AG--C-T--C-----G--C--C-T--AC--TG--GC--G--T--TC--CC--T-----1023
-A-----T-----C--CA-----TG--G-AA--T-----C-----G--A-----C-T--C-----G--C--C-T--AC--TG--GC--G--T--TC--CC--T-----1023
-A-----T-----C--CA-----TG--G-AA--T-----C-----T--G-A-----C-T--C--G--G--GC--C-----AC--TA--A--C--G--T--CG--TC--T-----1016
CA-T-----T-----C--CA-----TG--G-AA--G-T-----C-----T--G-A-----C-T--C--G--AGC--G--C-----ACT--TG--GC--T--CC--TC--T-----1587
A-A-----T-----C--CA-----T--A-----G--G-AA-----GC-----C-----T--AACAG--G--C-T--C-----G--CC--C--CAC--TG--GC--G--C--G-----T-----1571
-CA-G-----T-----C--CA-----TG--G-AA--T-----C-----G-----C--C--G--GA--T-----C--C-----AC--TG--G--G--T--CC--TC--T-----1022
-A-----T-----C--CA-----T-----TG--G-AA--T-----C-----GG-----C-T--C-----C--C--T--AC--TG--GC--G--T--C--TC--T-----1323
-A-----T-----C--CA-----TG--G-AA--T-----CC-----AGG--G--C--TT--C-----GC-----C--C--CAC--TA--A--GC--G--T--C--TC--T-----1572
-G-----T-----C--CA-----TG--G-AA--GC-----C-----AG-AG-----G--T--G-----C--C--CAC--TA--A--GC--G--T--CC--CC--T-----1021
-CA-----T-----C--C-----G-AA-----GCT-----C-----C-----G--G--G-----C--C--C--A--GC--TC--C-----1544
-CA-----C--T-----C--C--AG-----AA-----GCT-----C-----C-----G--G--G-----CC-----T-----G--GC--T--CC--CC--C-----1542
CA-----C-----T-----CA--C-----AA-----GCT--TG-----A-----GTAA--A-----C--CT-----C-----G--G-----C--C--TC-----GC--CC--C-----1540
-CA-----T-----C--C-----AA-----GCT--A-----GTAA-----C-----C-----T-----G--G-----C--G--C--C-----GC--CC--C-----1539
-CA-----C--T-----C--C--G-----AAGC--GCT-----A-----A-----C-----T-----T-----G--G--G-----G--G--CC-----T--CAC-----GC--CC--C-----685
-----T-----A-----T-----AAG--TGCC-----C-----T-----C-----T-----G--G-----G--G--G-----G--C--C-----T--T-----T--TC--T-----941
-CA-----C--T-----A--C-----AA--CA--T--CTG--GAC--A--G--GA-----C-----G-----G--C--C--T-----G-----GC--CC--CC-----1545
-CA-----C-----C-----CG-----AA--A--GCT--A-----A-----C-----T-----C-----G--G-----C-----G--GC-----CC--C-----T-----675
-A-----T-----C-----T--A-----TG-----AA-----GCC-----YT--C-----T--G--CA-----G--G--G-----C-----T-----C-----A--TC-----T--T-----C--C-----1057
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1528
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1528
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----634
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----634
-A-----T-----G-----T-----C-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1527
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1529
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1516
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----634
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----503
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----605
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1026
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1026
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----491
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----634
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1008
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1008
-A-----C--T-----A--GT-----TG--AAT--GCTCA--C-----T--C-----T-----C-----T-----G--G-----G--AAA--T-----G--ACT--C--GTC--AC--G--C--C-----G--C-----962
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1524
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1010
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1304
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1303
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1010
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1496
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1454
-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----T-----1540
--AA-----T--T-----A--G--T-----TG--A--C--AA-----TGCC-----C-----T-----G-----G-----C--C--T-----A-----A-----C--G-----A-----1184

MAC.US.x.239 Gag	ATTGATAGAGGAAAAGAAATTTGGAGCAGAAGTAGTCCAGGATTTCAAGCACTGTGAGAAGGTTGCACCCCCTATGACATTAACAGATGTTAAATGTGTGGAGACCATCAAGCGGCTATGCAGATTATCAGAGATATTATAAACGAGGAGGCTGCAGATTGGGACT	1698
	L I E E K K F G A E V V P G F Q A L S E G C T P Y D I N Q M L N C V G D H Q A A M Q I I R D I I N E E A A D W D	
A.CI.88.UC2	--AG--G--C--G--C--C--G--T--C--A--C--T--C--T--A--A--C--A--A--A--C--T--A--A--A--G--TG	1748
A.DE.x.BEN	--AG-G--G--C--G--C--C--G--T--C--A--C--T--C--T--C--A--A--A--A--A--A--C--T--A--A--A--C--T--	1748
A.DE.x.PE12	G--AG-G--A--G--C--G--G--G--C--C--G--T--C--A--C--T--C--T--C--A--A--A--G--T--T--A--A--A--TG	1716
A.GH.x.GH1	--AG--C--G--C--G--C--C--G--T--C--C--A--C--T--C--T--C--A--A--A--G--C--T--C--A--A--TG	1192
A.GM.87.D194	--AG--G--A--G--C--G--G--C--C--G--T--C--A--C--T--C--T--C--A--A--A--A--T--T--A--A--C--TG	1192
A.GM.x.ISY	G--AG--G--A--G--C--G--G--C--C--G--T--C--C--A--C--T--C--T--C--A--G--A--A--G--G--C--T--A--A--C--TG	1192
A.GM.x.MCN13	--AG--G--C--G--G--G--C--C--G--T--C--C--A--C--T--C--T--C--A--A--A--G--G--CG--T--A--A--A--TG	1193
A.GM.x.MCR35	--AG--G--C--G--G--G--C--C--G--T--C--C--A--C--T--C--T--C--A--A--A--G--G--C--T--A--A--A--TG	1193
A.GW.86.FG	--AG-G--C--G--G--G--C--C--G--T--C--C--A--C--T--C--T--C--A--A--A--G--G--C--T--A--A--A--TG	1186
A.GW.87.CAM2CG	--AG--A--G--C--G--G--C--C--G--T--C--C--A--C--T--C--T--C--A--A--A--G--G--T--T--A--A--A--TG	1757
A.GW.x.ALI	--AG--A--G--C--G--G--C--C--G--T--C--C--A--C--T--C--T--C--A--C--A--G--G--C--T--A--A--A--TG	1741
A.GW.x.MDS	--AG--A--G--C--G--G--C--C--G--T--C--C--A--C--T--C--T--C--A--A--A--G--G--C--T--A--A--A--TG	1192
A.IN.95.CR1K.147	--AG--A--G--C--G--G--C--C--G--T--C--C--A--C--T--C--T--C--A--C--A--A--G--G--T--T--A--A--A--TG	1493
A.IN.x.NNVA	--AG--A--G--C--G--G--C--C--G--T--C--C--A--C--T--C--T--C--A--A--A--G--G--T--T--A--A--A--TG	1742
A.SN.85.ROD	--AG--A--G--C--G--G--C--C--G--T--C--C--A--C--T--C--T--C--A--C--A--G--G--C--T--A--A--A--TG	1191
B.CI.88.UC1	G--AG--A--G--C--G--G--A--C--A--A--G--A--T--T--A--C--C--A--G--A--C--A--T--G--A--A--C--T--G--C--C	1714
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	--AG-G--C--G--C--G--G--C--A--A--G--G--T--C--T--C--A--A--T--C--G--A--C--A--T--G--A--A--C--T--G--C--C	1712
B.CI.x.EH0	--AG--A--G--G--C--G--A--A--A--G--G--T--T--A--C--A--A--G--A--C--A--T--G--G--A--T--T--A--A--C--C	1710
B.GH.86.D205	G--AG--A--G--C--G--G--A--A--A--A--T--T--A--C--A--A--A--G--A--C--A--T--G--A--A--C--T--A--A--C--C	1709
B.JP.81.KR020	--AG--A--G--C--G--G--A--C--A--A--A--T--T--A--C--A--A--A--A--C--A--T--G--A--A--T--T--A--A--C--C	855
G.CI.92.ABT96	--G--A--G--C--G--G--G--C--CTA--A--T--C--A--C--A--A--A--A--C--A--T--G--A--A--T--T--A--A--K--TC	1111
AB.CI.90.7312A	--AG-G--A--G--A--G--G--A--A--G--A--T--T--T--A--C--A--A--G--A--C--AG-C--T--G--A--A--C--T--G--C--C	1715
AB.CM.03.03CM_510_03	--AG--A--G--C--G--G--A--C--A--A--A--T--T--A--C--A--G--G--A--C--A--T--A--A--T--T--A--A--C--C	845
U.FR.96.12034	-C-G--G--A--C--G--G--C--G--C--G--T--A--C--A--T--A--G--A--A--T--A--A--G--A--A--T--T--A--A--A	1227
MAC.US.x.17EC1	1698
MAC.US.x.17EFR	1698
MAC.US.x.1937TG.....	804
MAC.US.x.2065G.....	804
MAC.US.x.251.1A11C..C.....	1697
MAC.US.x.251.32H.PJ5C.....T.....	1699
MAC.US.x.251.BK28C.....T.....	1686
MAC.US.x.80035	804
MAC.US.x.97074	673
MAC.US.x.MAC239_87082	775
MAC.US.x.MN142	--A--G--T--C--CT.....	1196
MAC.US.x.SMM142B	--A--G--T--C--CT.....	1196
MAC.US.x.r80025	661
MAC.US.x.r90131	804
MNE.US.82.MNE.8G.....	1178
MNE.US.x.MNE027G.....	1178
SMM.SL.92.SL92B	-C-G--A--G--A--G--G--A--A--C--T--A--C--T--A--T--A--G--A--C--A--A--T--T--A--A--C--C--C	1132
SMM.US.x.F236.H4	--AG--A--G--A--G--G--A--G--A--C--T--Y--T--C--A--C--A--A--G--A--C--A--T--G--T--A--A--C--T--	1694
SMM.US.x.H9	--G--A--G--A--G--G--A--G--A--C--T--Y--T--C--A--C--A--A--G--A--C--A--T--A--T--A--C--T--	1180
SMM.US.x.PBJ14.15	--G--A--G--A--G--G--A--G--A--C--T--Y--T--C--A--C--A--A--G--A--C--A--T--A--T--A--T--T--	1474
SMM.US.x.PBJA	--G--A--G--A--G--G--A--G--A--C--T--Y--T--C--A--C--A--A--G--G--A--C--A--T--A--T--A--T--	1473
SMM.US.x.PBJ.143	--G--A--G--A--G--G--A--G--A--C--T--Y--T--C--A--C--A--A--G--G--A--C--A--T--A--T--A--T--	1180
SMM.US.x.PBJ.6P6	--G--A--G--A--G--G--A--G--A--C--T--Y--T--C--A--C--A--A--G--G--A--C--A--T--A--T--A--T--	1666
SMM.US.x.PGM53	--G--A--G--A--G--G--A--G--A--C--T--Y--T--C--A--C--A--A--G--G--A--C--A--T--A--T--A--T--	1624
SMM.US.x.SME543	--G--A--G--A--G--G--A--G--A--C--T--Y--T--C--A--C--A--A--G--G--A--C--A--T--G--T--A--A--C--T--	1710
STM.US.x.STM	G--AG-G--T--G--A--A--C--T--C--AC--G--G--A--C--A--A--A--G--C--T--A--A--T--A--A--A	1354

MAC.US.x.239
Gag
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205
B.JP.81.KR020
G.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM_510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239_87082
MAC.US.x.MN142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14.15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.x.STM

TGCAGCACCACAACCGAGTCCA...CAACAAGGACAACCTAGGGAGCGCTCAGGATCAGATATTTGCAGGAAACAAGTTCAGTAGAGAAACAATCCAGTGGATGACAGACAACAGAACCCATACCGAGTAGGCAACATTTACAGGAGATGGATCCAACGTG 1859
L Q H P Q P A P Q Q G Q L R E P S G S D I A G T T S S V D E Q I Q W M Y R Q Q N P I P V G N I Y R R W I Q L
C - - - - - AT - GC - CTTACCA GC - G - G - A - C - AAGG - G - T - C - A - - - - - A - CA - - - - - G - G - - - - T - G - G - A - T - G - G - G - G - C - - - - - A - GA - A 1912
C - - - - - AT - GC - CTTACCA GC - G - G - C - A - C - AAG - G - T - C - A - - - - - A - CA - - - - - G - G - - - - T - G - C - A - T - G - G - G - G - C - - - - - A - GA - A 1912
- - - - - A - - - - - AT - GC - CTTACCA GCG - G - G - A - A - AAG - G - T - C - A - - - - - G - A - CA - - - - - A - G - - - - T - GC - A - T - T - G - G - G - G - C - T - - - - - GA - A 1880
CA - - - - - AT - GC - CTTACCA GC - G - G - A - C - AAGG - G - T - C - A - - - - - A - CA - - - - - A - G - - - - T - G - C - A - T - G - G - G - G - C - - - - - A - GA - A 1356
C - - - - - A - T - AT - GC - CTTACCA GC - G - G - A - C - AAGG - G - T - C - A - - - - - A - CA - - - - - G - G - - - - T - G - CA - T - G - G - G - G - C - - - - - A - GA - A 1356
- - - - - A - T - AT - GC - CTTACCA GCG - G - G - C - A - T - ACC - - - - - T - C - A - - - - - G - A - CA - - - - - G - G - A - - - - - T - G - G - A - T - G - - - - - A - C - T - - - - - GA - A 1356
- - - - - A - T - AT - GC - CTTACCA GCG - G - G - A - A - AAG - G - T - C - A - - - - - G - A - CA - - - - - G - G - - - - T - G - C - A - T - G - - - - - G - A - C - T - - - - - GA - A 1357
- - - - - A - T - AT - GC - CTTACCA GCG - G - G - A - A - AAG - G - T - C - A - - - - - G - A - CA - - - - - G - G - - - - T - G - C - A - T - G - - - - - G - A - C - T - - - - - GA - A 1357
- - - - - TGCA - T - CAT - GC - CTTACCA GCG - G - G - A - A - AAG - G - T - C - A - - - - - G - A - CA - - - - - A - G - G - - - T - G - C - A - T - G - - - - - C - T - - - - - T - GA - A 1350
CCA - T - T - AT - GC - CTTACCA GCG - G - G - C - A - C - AAG - G - T - C - A - - - - - A - CA - - - - - A - G - G - A - - - - - T - GGC - A - T - G - - - - - G - C - T - A - - - - - GA - A 1921
- - - - - TGCA - T - CAT - GC - CTTACCA GCG - G - G - A - A - AAG - G - T - C - A - - - - - G - A - CA - - - - - A - G - - - - T - G - C - G - T - G - G - - - - G - C - T - A - - - - - GA - A 1905
C - - - - - T - AT - GC - CTTACCA GCG - G - G - A - A - AAG - G - T - C - A - - - - - G - A - CA - - - - - A - G - - - - T - GGC - T - TG - - - - - G - A - C - T - A - - - - - GA - A 1356
C - - - - - A - T - AT - GC - CTTACCA GC - G - G - A - A - AAG - - - - - T - C - A - - - - - G - A - CA - - - - - G - G - - - - T - GC - A - T - TG - - - - - G - A - C - T - A - - - - - GA - A 1657
- - - - - A - T - AT - GC - CTTACCA GC - G - G - C - A - A - AAG - G - T - C - A - - - - - A - CA - - - - - A - G - G - - - T - GC - A - T - TG - - - - - G - A - C - T - A - - - - - GA - A 1906
- - - - - A - T - AT - GC - CTTACCA GCG - G - G - A - A - AAGG - T - C - A - - - - - G - A - CA - - - - - A - G - G - - - T - G - C - A - T - TG - - - - - A - C - T - A - - - - - GA - A 1355
A - - - - - GAT - G - - - - - CTGCCA GC - - - - - C - CAG - G - - - - - A - - - - - C - C - CA - - - - - G - - - - - A - - - - - GGC - A - T - TG - T - G - - - - - G - - - - - T - A - A 1878
A - - - - - A - - - - - GAT - G - - - - - CTGCCA GC - - - - - C - CAG - G - - - - - A - - - - - C - C - CA - - - - - G - - - - - A - - - - - GGC - A - T - TG - T - G - - - - - G - - - - - T - A - A 1876
AA - - - - - T - TCG - GC - ATGCCA GC - G - - - - C - A - AAG - G - - - - - A - G - - - - C - C - CA - - - - - A - G - A - - - - CC - A - T - TG - C - - - - - G - A - C - T - A - G - - - - - T - GT - A 1874
A - - - - - A - - - - - GTC - GC - ATGCCG GC - - - - - C - AAG - G - - - - - A - - - - - C - C - CA - - - - - G - G - A - - - - - GGCC - A - T - TG - C - - - - - G - A - C - T - A - - - - - T - A 1873
A - - - - - A - - - - - GTC - G - GC - ATGCCA GC - - - - - G - - - - - C - AAG - G - - - - - C - A - - - - - C - CA - - - - - G - G - G - G - A - - - - - G - CC - A - - - - - T - C - - - - - T - A - - - - - T - GT - A 1019
- - - - - T - A - - - - - A - GG - GCCGCCA GC - - - - - M - C - - - - - A - - - - - A - - - - - G - C - - - - - A - A - A - - - - - T - CAC - - - - - G - G - A - - - - - T - A - T - Y - T - A - - - - - RT - A 1275
A - - - - - GG TG - G - - - - - CTGCCA GC - - - - - C - CAG - - - - - A - G - - - - C - C - CA - - - - - G - G - A - - - - - GGGT - A - GT - T - C - - - - - G - - - - - T - A - - - - - T - G - A 1879
AA - - - - - A - - - - - GTC - GC - CTGCCG GC - - - - - G - A - C - AAGG - - - - - A - G - - - - C - C - CA - - - - - G - G - A - - - - - GGGC - A - T - T - C - - - - - G - A - - - - - T - A - - - - - T - A - A 1009
CA - - - - - A - C - A - GC - CCACCA GC - G - - - - A - - AAG - T - T - - - - - A - G - - - - C - A - - - - - G - A - G - G - A - - - - - G - CG - A - T - A - - - - - G - G - T - C - TC - - - - - T - 1391
1859
1859
A - - - - - R - - - - - 965
965
G - - - - - 1858
1860
G - - - - - 1847
965
834
936
- - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - 1357
- - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - 1357
MAC.US.x.r80025 822
MAC.US.x.r90131 965
MNE.US.82.MNE.8 1339
MNE.US.x.MNE027 1339
- - - - - A - - - - - AG - GG - CAA - AGCCGGCGCAA - CGGCT - GGG - A - - - - - A - A - - - - - C - A - - - - - G - - - - - CA - CCC - AG - - - - - G - AG - A - - - - - T - GGC - A - - - - - AG - C - - - - - G - AG - - - - - C - T - A - G - - - - - G - - - - - 1302
- - - - - A - A - - - - G - - - - - G - - - - - CTACCA GC - G - - - - A - - - - - AAG - C - - - - - T - - - - - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - - G - - - - - A - - - - - T - A - G - - - - - T - A 1858
- - - - - A - A - - - - R - G - G - - - - G - - - - - ATACCA GC - - - - - A - - - - - AAGR - C - C - - - - T - - - - - CA - S - C - - - - - T - A - - - - - Y - G - G - A - T - - - - - C - - - - - R - G - - - - - T - A 1344
- - - - - A - A - - - - G - G - G - - - - G - - - - - GATACCA C - - - - - A - - - - - AAG - C - C - - - - T - - - - - CA - - - - - C - - - - - T - A - - - - - T - G - G - A - T - - - - - T - C - - - - - A - G - - - - - T - A 1638
- - - - - A - A - - - - R - G - G - - - - G - - - - - ATACCA GC - - - - - A - - - - - AAGR - C - C - - - - T - - - - - CA - S - C - - - - - T - A - - - - - Y - G - G - A - T - - - - - T - C - - - - - R - G - - - - - T - A 1637
- - - - - A - A - - - - G - G - G - - - - G - - - - - GATACCA C - - - - - A - - - - - AAG - C - C - - - - T - - - - - CA - - - - - C - - - - - T - A - - - - - T - G - G - A - T - - - - - T - C - - - - - A - G - - - - - T - A 1344
- - - - - A - - - - - G - G - G - - - - G - - - - - ATACCA GC - - - - - C - A - T - AAG - C - C - - - - T - - - - - CA - - - - - C - - - - - T - A - - - - - T - G - G - A - T - - - - - T - C - - - - - A - G - - - - - T - A 1830
- - - - - A - A - - - - G - G - G - - - - G - - - - - CTACCA GC - G - - - - A - - - - - AAG - C - - - - - T - - - - - A - - - - - G - A - G - - - - - T - - - - - G - G - - - - - G - A - - - - - T - 1788
- - - - - A - A - - - - G - G - G - - - - G - - - - - CTACCA GC - G - - - - A - - - - - AAG - C - - - - - T - - - - - A - - - - - G - A - G - - - - - T - - - - - G - G - - - - - G - A - - - - - T - A 1874
- - - - - T - - - - - C - GGGTCCGCTGCCA GC - - - - - G - - - - - A - A - AAGC - G - - - - - A - - - - - G - T - - - - - C - - - - - G - - - - - T - A - - - - - C - G - G - A - T - T - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - T - - - - - A 1521

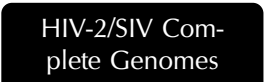
MAC.US.x.239	GGGTTGCAAAAATGTGTCAAGATGTATAACCCAAACAAACATTCTAGATGTAACAAGGGCCAAAGAGCCATTTACAGAGCTATGTAGACAGGTTCTACAAAAGTTTAAAGAGCAGAACAGACAGATGCAGCAGTAAAGAATTGGTACTCAACACTGCTGATTCAAAA	2029
Gag	G L Q K C V R M Y N P T N I L D V K Q G P K E P F Q S Y V D R F Y K S L R A E Q T D A A V K N W M T Q T L L I Q N	
A.CI.88.UC2	- C - G - G - - - - C - C - G - C T - - - - G - G - A - - - - A T - C - - - - C - G - G - G - A G - - - - C C - G - - - - A - - - - - C - G - - - - G - A - G - - - - 2082	
A.DE.x.BEN	- C - - - - - - - - - A - C - - - - - T - C T - C A - - - - G - A - 2082	
A.DE.x.PE12	- A C - G - G - C - G - C - T - - - - C - C - - - - G - G - A - G - - - - G - C - A - - - - - T - A - - - - - C C - G - G - A - C C - - - - A - - - - - C - G - - - - G - A - G - - - - 2050	
A.GH.x.GH1	- C - A - G - G - - - - G - C - - - - - T - C T - C - G - G - A - - - - - - - - - - - - - - - - G - 1526	
A.GM.87.D194	- C - A - G - G - - - - G - C - - - - - T - C T - C - G - G - A - 1526	
A.GM.x.ISY	- A C - G - G - - - - G - C - T - - - - C - C - - - - C A - - - - - G - A - - - - - T - G - C - A - - - - - T - A - - - - - C C - G - - - - A - C C - G - T - - - - - A - - - - - C - G - - - - A - A - G - - - - 1324	
A.GM.x.MCN13	- A C - G - G - C - G - C - G - C - - - - G - C - C - C A - - - - - A - G - A - - - - C - A - T - - - - - T - A - - - - - C - G - G - - - A - - - - - G - - - - - C - G - - - - A - A - G - A - G - - - 1527	
A.GM.x.MCR35	- A C - G - G - C - G - C - G - C - - - - G - C - C - C A - - - - - A - G - A - - - - C - A - T - - - - - T - A - - - - - C - G - G - - - A - C - A - - - - - C - G - - - - A - A - G - A - G - - - 1527	
A.GW.86.FG	- A C - G - G - C - G - C - G - C - T - - - - C - C - C A - - - - - T - - - - - G - A - - - - - G - A - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - C - G - G - - - A - C - - - - - A - - - - - A - G - G - - - 1520	
A.GW.87.CAM2CG	- C - G - G - - - - G - C - T - - - - C - C - - - - C A - - - - - G - A - - - - - G - T - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - C - G - G - - - A - C - - - - - C - - - - - C - - - - - A - G - G - - - 2091	
A.GW.x.ALI	- C - A - G - G - - - - G - C - T - - - - C - C - - - - C A - - - - - G - A - - - - - G - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - C - G - G - - - A - C - - - - - C - - - - - G - A - - - - G - A - G - - - 2075	
A.GW.x.MDS	- C - G - G - - - - G - C - T - - - - C - C - - - - C A - - - - - G - A - - - - - G - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - C - G - G - - - A - C - - - - - C - - - - - G - A - - - - G - A - - - 1526	
A.IN.95.CR1K 147	- A C - G - G - - - - G - C - T - G - T - C - C A - - - - - G - A - - - - - A - G - - - - - A - - - - - T - A - - - - - G - C - G - - - - C C - - - - - C - - - - - C - - - - - T - A - - - - G - A - - - 1827	
A.IN.x.NNVA	- C - - - - - - - - - G - C - T - G - C - C - C A - - - - - G - A - - - - - A - G - C - A - - - - - T - A - - - - - G - C - G - - - - C - - - - - C - - - - - C - - - - - T - A - - - - A - - - - 2076	
A.SN.85.ROD	- A - G - G - - - - G - C - - - - - G - C - - - - C A - - - - - G - A - - - - - G - - - - - C - A - - - - - T - A - - - - - C - G - G - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - C - - - - - A - G - A - - - 1525	
B.CI.88.UC1	- C - G - - - - C - G - C - T - T - C - - - - A T - C A - - - - G - G - A - - - - A - T - C - A - - - C - T - A - - - - C - C - G - G - - G - A - - - C C - - - G - A - - - - A - - - - A - G - - - 2048	
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56	- C - - - - - - - - - C - G - - - - C - T - - - - C - T - A T - - - - - - - - - - - - - - - - G - G - - - - T - C - - - - C - A - - - - - T - - - - - C C - C - G - - G - A - - - C C - - - G - A - - - A - G - - - A - G - - - 2046	
B.CI.x.EH0	- C - A - G - - - - C - G - C - T - - - - T - T - - - A - G - C A - - - - G - G - A - - - - - - - - - - - - - - - - A - C - - - - A - - - - - T - A - - - - - C - C - G - - - G - A - - - C C - - - A - - - G - - - 2044	
B.GH.86.D205	- A - - - - - - - - - C - T - - - - T - C - - - - A T - C A - - - - G - G - A - - - - G - - - - - C - C - A - - - - - T - A - - - - - C - C - G - - - A - - - - - C C - - - G - A - - - A - - - - G - - - 2043	
B.JP.01.KR020	- C - G - - - - C - G - - - - T - C - - - - A - - - - G - C A - - - - G - G - A - - - - G - A - - - - C - C - A - - - - - T - A - - - - - C - C - G - - - A - - - - - C C - G - - - A - - - - G - - - G - - 1189	
G.CI.92.ABT96	- A C - T - - - - - G - Y - T - - - - - C - - - - - C - T C T - - - - - T - A - - - - - G - C - R - - - - A - T - - - - A - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 1445	
AB.CI.90.7312A	- A - - - - - G - G - - - C - G - C - T - - - - T - T - - - A - - - - - A - C - - - - A - - - - - G - T - A - - - - - G - C - C - G - - - A G - G - C A - G - C - G - A G C G - - - A G - G - - - A - - - - G - C - G - - 2049	
AB.CM.03.03CM_510_03	- G - - - - - - - - - C - G - C - T - T - C - - - - A T - G - C A - - - - G - G - A - - - - - - - - - - - - - - - - A - C - - - - A - T - - - - T - A - - - - - C - C - G - - - G - A - - - C C - - - G - A - G - - A - - - A - - - G - - - 1179	
U.FR.96.12034	- C C - A - - - - - T - - - - - C - T - - - - T - T - C T - - - - A - - - - G - - - - - G - - - - - A - T - - - - T - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - - - - - G - A - - - - G - G - - - - G - - - - - 1561	
MAC.US.x.17EC1	2029
MAC.US.x.17EFR	2029
MAC.US.x.1937 R	1135
MAC.US.x.2065	1135
MAC.US.x.251_1A11	2028
MAC.US.x.251_32H_PJ5 A	2030
MAC.US.x.251_BK28	2017
MAC.US.x.80035	1135
MAC.US.x.97074	1004
MAC.US.x.MAC239_87082	1106
MAC.US.x.MN142	1527
MAC.US.x.SMM142B	1527
MAC.US.x.r80025	992
MAC.US.x.r90131	1135
MNE.US.82.MNE_8 G	1509
MNE.US.x.MNE027 A - - - - - A - - - - - A - G - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - C - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - 1509	
SMM.SL.92.SL92B	- A C - C - - - - C - A - G - - - - - C - G - - - - T - - - - G - - - - C - A - T - - - - T - A - - - - G - - - - G - - - - C - G - - - G - - - - A - - - - - G - - - - - G - 1472	
SMM.US.x.F236_H4	- C - G - - - - A - - - - - T - - - - T - - - - G - - - - A - - - - T - - - - A - - - - C - - - - T - A - - - - G - - - - G - - - - A - - - - C - - - - C - - - - S - - - - G - - - - C - - - - 2028	
SMM.US.x.H9	- C - G - C - A - - - - - T - - - - T - G - G - - - A - - - - - T - - - - A - - - - T - A - - - - G - - - - C - - - - A - - - - C C - G - - S - - - - G - - - - A - - - - - 1514	
SMM.US.x.PBJ14_15	- C - G - - - - A - - - - - T - - - - T - G - G - - - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - T - A - - - - G - - - - C - C - - - T - - - - A - G - C - - - G - - - - A - - - - - C C - G - - G - - - A - - - - 1808	
SMM.US.x.PBJA	- C - G - - - - A - - - - - T - - - - T - G - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - G - - - - C - - - - A - - - - C C - G - - G - - - A - - - - - C - - - - - 1807	
SMM.US.x.PBJ_143	- C - G - - - - A - - - - - T - - - - T - G - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - T - A - - - - G - - - - C - - - - A - - - - C C - G - - S - - - - G - - - - A - - - - - 1514	
SMM.US.x.PBJ_6P6	- C - G - - - - A - - - - - T - - - - T - G - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - T - A - - - - G - - - - C - - - - T - - - - A - - - - C C - G - - G - - - A - G - - - - 2000	
SMM.US.x.PGM53	- A - - - - - G - - - - - C - T - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - G - - - - C - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - 1958	
SMM.US.x.SME543	- C - G - - - - A - - - - - T - - - - T - - - - G - - - - - A - - - - - A - - - - - C - - - - - T - A - - - - C - - - - - C - - - - - G - - - - - A - - - - - C C - G - - - - C - - - - - 2044	
STM.US.x.STM	- C - A - - - - - - - - - - - - - - - C - T - - - - G T T - - - - - T - - - - C - - - - G - A A - G - C - A - T - - - - - - - - - - G - - - - - G - - - - - A G - - - - - C - - - - T - - - - G - A - - - - - G G - - - - - A - - - - - 1691	

Gag p24 Capsid end_Gag p2 Spacer start

Gag p2 Spacer end_Gag p8 Nucleocapsid start

MAC.	US.	x.	Accession/ID
MAC.	US.	x.	239
Gag			
A.	CI.	88.	UC2
A.	DE.	x.	BEN
A.	DE.	x.	PE12
A.	GH.	x.	GH1
A.	GM.	87.	D194
A.	GM.	x.	RS7
A.	GM.	x.	MCN13
A.	GM.	x.	MCR35
A.	GW.	86.	FG
A.	GW.	87.	CAM2CG
A.	GW.	x.	ALI
A.	GW.	x.	MDS
A.	IN.	95.	CR1K_147
A.	IN.	x.	NNVA
A.	SN.	85.	ROD
B.	CI.	88.	UC1
B.	CI.	89.	pPRD320-20HIV2_56
B.	CI.	x.	EHO
B.	GH.	86.	D205
B.	JP.	81.	KR020
G.	CI.	92.	ABT96
AB.	CI.	90.	7312A
AB.	CM.	03.	03CM_510_03
U.	FR.	96.	12034
MAC.	US.	x.	17EC1
MAC.	US.	x.	17EFR
MAC.	US.	x.	1937
MAC.	US.	x.	2065
MAC.	US.	x.	251_1A11
MAC.	US.	x.	251_32H_PJ5
MAC.	US.	x.	251_BK28
MAC.	US.	x.	80035
MAC.	US.	x.	97074
MAC.	US.	x.	MAC239_87082
MAC.	US.	x.	MM142
MAC.	US.	x.	SMM142B
MAC.	US.	x.	r80025
MAC.	US.	x.	r90131
MNE.	US.	82.	MNE_8
MNE.	US.	x.	MNE027
SMM.	SL.	92.	SL92B
SMM.	US.	x.	F236_H4
SMM.	US.	x.	H9
SMM.	US.	x.	PBJ14_15
SMM.	US.	x.	PBJA
SMM.	US.	x.	PBJ_143
SMM.	US.	x.	PBJ_6P6
SMM.	US.	x.	PGM53
SMM.	US.	x.	SME543
STM.	US.	x.	STM

Sequence	Position
TGCTAACCCAGATTGCAAGCTAGTGCTGAAGGGGCTGGTGTGAATCCACCCTAGAGAATGCTGACGGCTTGTCAAGGAGTAGGGGGCCGGGACAGAAAGGTAGATTAAATGGCAGAAGCCCTGAANGAGGCCCTCGCACCATGCCAATCCCTTTTGAGGAGCC	1
A N P D C K L V L K G L G V N P T L E E M L T A C Q G V G G P G Q K A R L M A E A L K E A L A P V P I P F A A A	1
.....-C--T--T--A--A--A--AA-----G-----C--C--G--G--C--A--A--C--A--A--C--C-----T--A--TT-AA--CCC--T--A-----2252	
.....-C--C--T--A--A--A--GA-----G-----G--A--C--C--G--G--C--A--A--C--A--C--GC-----T--A--TA-G-G--AGC--T--A-----2252	
.....-C--C--T--AT--A--A--A--GA-----T--T--G--G-----C--G--A--A--A--A--C--A--C--C-----T--A--G-----2220	
.....-C--C--T--A--A--A--A--GA-----G-----G--T--C--G--G--T--A--A--C--A--A--C--C-----C--G--TT-GA--CCC--T--A-----1696	
.....-C--C--T--AT--A--A--A--A--GA-----T--T--G--G-----G--A--C--C--G--GA--T--A--A--C--A--C-----T--A--TT-GA-G--CC--T--A-----1696	
.....-C--C--T--A--A--A--A--A--GA-----T--T--G--A--C--C--G--G--T--A--A--C--A--C-----T--A--A--GCG--CC--T--A-----1693	
.....-C--C--T--AT--A--A--A--A--GA-----T--T--G--A--C--C--G--G--T--A--A--C--A--C-----T--A--T-GA--CC--T--A-----1697	
.....-C--C--T--AT--A--A--A--A--GA-----T--T--G--A--C--C--G--G--T--A--A--C--A--C-----T--A--TT-GA--CCC--T--A-----1697	
.....-C--C--T--AT--A--A--A--A--AA-----T--T--G--A--C--C--CA-C--G--G-----T--A--A--C--A--C-----A--G--T-A-G--CCC--C--A-----1690	
.....-C--C--T--AT--A--A--A--A--GA-----T--T--G--A--T--C-----T--A--A--C--A--C-----T--A--G--A--G--G--CCC--T--A--C-----2261	
.....-C--C--T--AT--A--A--A--A--GA-----T--T--G--A--C-----T--A--A--C--A--C-----T--A--A--G--A--G--CT--T--A-----2245	
.....-C--C--T--AT--A--A--A--A--GA-----T--T--G--A--C--C--G--G-----T--A--A--A--A--C-----G--T-A-G--A-GA--CC--T--A--C-----1696	
.....-C--C--T--AT--A--A--A--A--AA-----T--T--G--A--C--C--G--G--T--A--A--C--A-----T--A--G--G--CCA--T--A--C-----1997	
.....-C--C--T--AA--A--A--A--A--GA-----T--T--G--A--C--C--G--G--T--A--T--A-----T--A--G--A--G--ACC--T--A--C--T-----2246	
.....-C--C--T--AT--A--A--A--A--GA-----C--T--T--G-----G--C--C-----G--G--T--A--A--A-----G--T-A-A-G--T-CC--T--A--C-----1695	
.....-T--A--T--CT--A--AA-----T--G-----C--C--GA--A--C--A--G-----A--GC-----T--G--T--A-----T--AA--T--CA--C--A--G-----T--C--T-----2218	
.....-C--T--A--C-----CT--AA--A--C-----G-----A--C--C--G--GA--A--C--A-----A--GC-----T--G--T--A-----T--AA--T--CA--C--A--G-----T--C--T-----2216	
.....-T--T--CT--AA--C-----T--G-----A--A--C--C--G--GA--A--C--A-----A--GC-----T--G--T--A-----T--GA--TTCCA--C--AT--G-----C--C--T-----2214	
.....-T--T--CT--AA-----T--G-----A--A--C--C--GA--A--C--A-----A--GC-----C--T--A-----T--CA--C--A--G-----T--C--T-----2213	
.....-C--AT--A--T--C--AA--C-----A-----G-----A--A--C--C--GA--A--C--A-----A--GC-----C--G--T--A--G--A-----T--GA--TCCA--T--A--A-----T--TT-----1359	
.....-C--T--AT--A--A--T--AA-----T--T--G-----T--A--C-----GR--A--A--A--G--A--A--C-----GC--T-----T--AT--A-----A--T--AAAC--TACAG--CC--A--A-----T--T-----1615	
.....-T--A--C-----TT--GCCAC--C-----G-----C--C--A--A--C--A-----A--A--G-----C-----T--A--A-----T--AA--G--C--CA--C--A--A-----C--T--T-----2219	
.....-T--A--T-----CT--AA-----T-----C-----C--A--A--C--A-----G-----A--GC-----C--G--T--A-----T--AA--T--AA--G--CA--C--A--G-----T--CTTT-----1349	
.....-C--A--C-----T--A--A--TT-----A-----T-----G--A--A--C-----A-----A--A--A-----A--A-----GC-G-----T--A-----T--ACA--TA-----T--A--C-----T-----1731	
.....	2199
.....	2199
.....	1305
.....	1305
.....	2198
.....-T--A-----A-----	2200
.....	2187
.....	1305
.....	1174
.....	1276
.....-AC-----C-----A-----C-----	1697
.....-AC-----C-----A-----A-----C-----	1697
.....	1162
.....	1305
.....-G-----A-----A-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----	1679
.....	1679
C-C-T--A--AT--A--A--T--CA-----T-----G--A--A--C-----G--A--A--C-----A--A-----CC-CC-C-----G--A-----C-----A--GGGTCTTT-G-GG--AGCACAGTTTAGGG	1642
.....-T--A-----C-----T--CA-----TT-----G--A-----C-----G-----A-----A-----A-----G-----G-----AT--A--C-----A-----T-----2198	
.....-G--C--T--AT--G--C-----T--YA-----TT-----T-----A--C-----G-----R-----A-----A-----AS-----C-----G-----AT-----T--A--GA--G--A-----C-----A-----R-----T-----1684	
.....-C--G--C--T--AT--G--C-----T--A-----TT-----T-----A--C-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----AT--A-----T--A--GA--G--A-----G-----C-----A-----T-----1978	
.....-C--G--C--T--AT--G--C-----T--A-----TT-----T-----A--C-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----AT--A-----T--A--GA--G--A-----G-----C-----A-----T-----1977	
.....-C--G--C--T--AT--G--C-----T--YA-----TT-----T-----A--C-----G-----R-----A-----A-----A-----AS-----C-----G-----AT-----T--A--GA--G--A-----G-----C-----A-----R-----T-----1684	
.....-C--G--C--T--AT--G--C-----T--A-----TT-----T-----A--C-----G-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----AT--A-----T--A--GA--G--A-----G-----C-----A-----T-----2170	
.....-C--G--C--T--AT--G--C-----T--CA-----TT-----T-----A--C-----G-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----AT-----T--A--GA--G--A-----G-----A-----T-----2128	
.....-T--AT--G--C-----T--A-----TT-----T-----A--C-----G--A-----A-----A-----A-----A-----A-----AT-----T--A--GAG--AC--A--C-----A-----T-----2214	
.....-T-----AT--G--AT-----A--T-----CA-----G-----T--A--A-----A-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----C--G-----T-----T--T--CA-----AC--C--G--C-----C-----1861	



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

MAC_US.x.239	AACAGAGG...GGACCAAGAAAG...CCAATTAAGTGTGGAAATTTGGGAAAGAGGGACACTCTGCAAGGCAATGCAGAGCCCAAGAAGACAGGGATGCTGGAAATGTGGAAAAATGGACCATGTTATGGCCAAATGCCAGACAGACAGGCGGGTTTTTAGGC	2360
Pol		
Gag	Q Q R G P R K P I K C W N C G K E G H S A R Q C R A P R R Q G C W K C G K M D H V M A K C P D R Q A G F L G	
A.CI.88.UC2	..-A.....-G-G.....-G.....-C.....-G-G-AA-G.....-C-A-T.....-C.....-C-GCCA-GA-CA-C.....-A-T.....-G.....-G 2404	
A.DE.x.BEN	..-A.....-G.....-G-A.....-C-A-G.....-G-A-G.....-C-A-T.....-C.....-G.....-C-GCCA-GA-CA-C.....-A-C.....-G-A.....-A.....-G 2404	
A.DE.x.PE12	..-A.....-G.....-G.....-C.....-A-G-T-G.....-G-A-G.....-C-A-T.....-C.....-C.....-TCA-GA-CA-C.....-A-C.....-A.....-T.....-G 2372	
A.GH.x.GH1	..-A.....-G.....-GT.....-G.....-C-A-G.....-G-A-G.....-C-G-T.....-C.....-C.....-G-CA-GA-CA-C.....-A-C.....-A.....-A.....-G 1848	
A.GM.87.D194	..-A.....-G.....-G.....-G.....-A-G.....-G-G-AA-G.....-C-A-C.....-C.....-G.....-C.....-GTCA-GA-CA-C.....-A-C.....-G-A.....-A.....-G 1848	
A.GM.x.ISY	..-A.....-A-G.....-G.....-G.....-A-G-A-G.....-G-A.....-C-G-T.....-C.....-C.....-GTCA-GA-CA-C.....-A-C.....-A.....-T.....-T.....-G 1845	
A.GM.x.MCN13	..-G.....-A-G.....-A.....-A-C.....-A-G-A.....-G-A.....-C-A-T.....-C.....-G-T.....-CCA-GA-CA-C.....-A-A-T.....-T.....-T.....-G 1849	
A.GM.x.MCR35	..-G.....-A-G.....-A.....-A-C.....-A-G-A.....-G-A.....-C-A-T.....-C.....-G-T.....-CCA-GA-CA-C.....-A-A-T.....-T.....-T.....-G 1849	
A.GW.86.FG	..-G.....-A.....-A-T-C.....-C.....-A-G-A.....-G-A.....-G-C-G-T.....-C.....-G-T.....-GTCA-GA-CA-C.....-A-T.....-T.....-T.....-G 1842	
A.GW.87.CAM2CG	..-G.....-G.....-A-G.....-A-C.....-A-G.....-G.....-G-A.....-C-A-T.....-G.....-G.....-C.....-GTCA-GA-CA-C.....-A-A-T.....-T.....-T.....-G 2413	
A.GW.x.ALI	..-A.....-G.....-A.....-C.....-A-G-A-G.....-G-A.....-C-A-C.....-A-C.....-C.....-C.....-GCCA-GA-CA-C.....-A-C.....-A.....-T.....-G 2397	
A.GW.x.MDS	..-G.....-G.....-A.....-C.....-A-G.....-G.....-G-A.....-C-A-T.....-C.....-C.....-G-CA-GA-CA-C.....-A-C.....-A-G.....-A.....-G 1848	
A.IN.95.CR1K.147	..-G.....-A.....-G.....-C.....-A-G-A.....-A-A.....-C-A-T-G.....-C-T.....-G.....-C.....-G-CA-GA-CA-C.....-A-C.....-A-C.....-A.....-T 2149	
A.IN.x.NNVA	..-G.....-A.....-A.....-G.....-A-G-A.....-A-A.....-A-G.....-C-A-T-A.....-C-T.....-G.....-C.....-GCCA-GA-CA-C.....-A-C.....-T.....-T.....-G 2398	
A.SN.85.ROD	..-G.....-A.....-G-T.....-A-C.....-C.....-A-G-A-G.....-G-A.....-C-A-T.....-G.....-C-T.....-G.....-T.....-GCCA-GA-CA-C.....-A-A-C.....-T.....-A.....-A 1847	
B.CI.88.UC1	..-A-AA.....C-GG-AG-GAGGGA-GG-G-CA-C.....C.....C-G-TA.....A-A-C-A.....-G.....-T.....-C.....-CAA-GA-CA-C.....T-A.....T.....-G 2382	
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56	..-G.....AA.....C-GG-AG-G.....A-A-CA-C.....C.....G-A-C-A-A-C.....-AG.....-T.....-C.....-CAA-GA-CA-C.....T-AC.....-T.....-A.....-A 2377	
B.CI.x.EH0	..-CA-A.....C-GGG-AG-G.....A-G-G-CA-C.....C.....C-G-C.....TA-A-C.....-G.....-AG.....-T.....-G.....-C.....GCAA-GA-CA-C.....T-A.....A.....-G 2375	
B.GH.86.D205	..-A-AA.....C-GGG-AG-GAGGGA-G-G-CA-C.....C.....C.....A-A-C.....-G.....-T.....-G.....-C.....-CA-GA-CA-C.....T-A.....A.....-A.....-G 2377	
B.JP.81.KR020	..-A-A.....C-GGG-AG-GAGGAG-G-G-CA-C.....C.....C.....ATA.....A-A-C.....-T-A.....-T.....-G.....-C.....CAA-GA-CA-C.....T-A.....A.....-A.....-A 1523	
G.CI.92.ABT96	..-A-AA.....ACA-GG-A-G-AGCA-A-A.....C.....G.....TA-A-TT-A-G.....-C.....-G.....G.....G.....GCCA-G-CA.....-T.....G.....A.....-G 1782	
AB.CI.90.7312A	..-A.....C-GG-AG-GAGGGA-G-G-CA-C.....C.....C.....G.....TA-A-C-A.....-G.....-T.....-T.....-C.....CAA-GA-CAAC.....A-T.....-T.....A.....-T.....-G 2383	
AB.CM.03.03CM_510_03	..-AA.....AC-GGG-AG-GAGGGA-G-G-CA-C.....C.....C.....G.....A-A-C-A.....-G.....-AG.....-T.....-C.....CAA-GA-CA-C.....T-A.....A.....TT.....-G 1513	
U.FR.96.12034	..-A.....GGC-C.....G-G.....-G-C-GA.....C.....C.....G-A.....A.....-C-A.....-G-T-A.....-T.....-A.....GCCA-GA-CAAC.....-T-GC.....-A-CCA.....-T.....-G 1895	
MAC_US.x.17EC1	2360
MAC_US.x.17EFR	2360
MAC_US.x.1937	1466
MAC_US.x.2065	1466
MAC_US.x.251.1A11	2359
MAC_US.x.251.32H.PJ5	2361
MAC_US.x.251.BK28	..-GA.....	2348
MAC_US.x.80035	1466
MAC_US.x.97074	1335
MAC_US.x.MAC239.87082	1437
MAC_US.x.MM142G-A.....	1858
MAC_US.x.SMM142BG-A.....	1858
MAC_US.x.r80025	1323
MAC_US.x.r90131	1466
MNE_US.82.MNE.8	..-A.....	1840
MNE_US.x.MNE027	..-A.....	1840
SMM_SL.92.SL92B	..-G-GCAGC-AAAGGCCA-GGG-AT-CCTATC-C-G---TT-C.....-A-GACA.....-G-A-G.....-T-C.....-GA.....-C.....-GG-GAA-GA-G-A-CA.....-C.....-A-CAGA.....-G 1812	
SMM_US.x.F236_H4	..-AA.....A-G.....A-C.....A-G.....A-G.....-G-T.....C.....G.....-C-GT.....-T-A.....-G 2359	
SMM_US.x.H9	..-AA.....A-R.....AT-W---R-C-R-A-G-A.....A-A-T-G-T.....-R-C.....G.....GCA-G.....T.....C-A.....-G 1845	
SMM_US.x.PB114_15	..-AA.....A.....AT.....C-R-A-G-A.....A-A.....T.....-R-C.....G.....GCA-G.....T.....C-A.....-A.....-G 2139	
SMM_US.x.PBJA	..-AA.....A.....AT.....C-R-A-G-A.....A-A.....T.....-R-C.....G.....GCA-G.....T.....C-A.....-A.....-G 2138	
SMM_US.x.PBJ.143	..-AA.....A-R.....AT-W---R-C-R-A-G-A.....A-A.....T.....-R-C.....G.....GCA-G.....T.....C-A.....-A.....-G 1845	
SMM_US.x.PBJ.6P6	..-AA.....A.....AT.....C-R-A-G-A.....A-A.....T.....-R-C.....G.....GCA-G.....T.....C-A.....-A.....-G 2331	
SMM_US.x.PGM53	..-AA.....A.....A.....C.....A-G.....-C.....AA.....A-A.....-T.....-C.....CA-G.....-C.....-C-A.....-G 2289	
SMM_US.x.SME543	..-AA.....A-G-G.....A-C.....A-G.....-C.....AA.....A-A.....-G-T.....-C.....GGG-C.....-C-GT.....-T-A.....-G 2375	
STM_US.x.STMCAGGG-C-G.....A-G-A-A-C.....-CA-G-A.....-AA-G-T-A-G.....-G.....-A-T-T.....-C-CA-G-CAG.....-A.....-T.....-G 2019	

	Gag p1 spacer end		Gag p6 start		
MAC.US.x.239	CTTGGTCCATGGGGAAAGAAGCCCGCAATTTCCCATGGTCAAGTGCATCAGGGGCTGATGCCAACTGCTCCCCAGAGACCAGCTGTGGATCTGCTAAAGAACTACATGCAGTGTGGCAAGCAGCAGAGAGAAAAGCAGAGAGA				2509
Pol	R	P	W	S	M
Gag	L	G	P	W	G
A.CI.88.UC2	A	G	CT	C	
A.DE.x.BEN	T	G	C		
A.DE.x.PE12	A	C			
A.GH.x.GH1	A	G			
A.GM.87.D194	A	G	C		
A.GM.x.ISY	G				
A.GM.x.MCN13	A	G	C		
A.GM.x.MCR35	A	G	C		
A.GW.86.FG	A	C	AC		
A.GW.87.CAM2CG	A	C	C		
A.GW.x.ALI					
A.GW.x.MDS	A	C	C		
A.IN.95.CR1K.147	A	AA	C		
A.IN.x.NNVA	A	G	C		
A.SN.85.ROD					
B.CI.88.UC1	T	A	A		
B.CI.09.pPRD320-20HIV2.56	T	C	A		
B.CI.x.EHO	T	C	C		
B.GH.86.D205	T	A	A		
B.JP.81.KR020	T	C	C		
G.CI.92.ABT96	T	A	A		
AB.CI.90.7312A					
AB.CM.03.03CM.510_03	T	A	A		
U.FR.96.12034					
MAC.US.x.17EC1					2509
MAC.US.x.17EFR					2509
MAC.US.x.1937	M				1615
MAC.US.x.2065					1615
MAC.US.x.251.1A11					2508
MAC.US.x.251.32H.PJ5					2510
MAC.US.x.251.BK28					2485
MAC.US.x.80035					1615
MAC.US.x.97074					1484
MAC.US.x.MAC239.87082					1586
MAC.US.x.MM142					1995
MAC.US.x.SMM142B					1995
MAC.US.x.r80025					1472
MAC.US.x.r90131					1615
MNE.US.82.MNE.8	T				1977
MNE.US.x.MNE027	T				1977
SMM.SL.92.SL92B					1940
SMM.US.x.F236.H4					2496
SMM.US.x.H9					1982
SMM.US.x.PBJ14.15					2276
SMM.US.x.PBJA					2275
SMM.US.x.PBJ.143					1982
SMM.US.x.PBJ.6P6					2468
SMM.US.x.PGM53					2426
SMM.US.x.SME543	T				2512
STM.US.x.STM	T				2156

	Pol	Protease start	Gag end	Gag p6 end	
MAC_US.x.239	AAGCAGAGAGAAGCTTACAA...GGAGGTGACAGAGGATTGCTGCACCTCAATTCTCTTTGGAGGACACAGTAGTCACTGCTCATATTGAAGGACAGCCTGTAGAAGTATTACTGGATACAGGGGCTGATGATTCTATTGTAAC	2655		
Pol	R K Q R E A L Q G G D R G F A A P O F S L W R R P V V T A H I E G Q P V E V L L D T G A D D S I V			
Gag	S R E K P Y K E V T E D L L H L N S L F G G D Q *			
A.CI.88.UC2	AGACTTACTGCACCTCGAGCAGG---CA---CG---G---A---A---C---C---AA---A---AT---C---C---G---AT---G---G---C---A---C---C---A---A---A---G---2738			
A.DE.x.BEN	GGACTTGTGCACCTCGAGCAG---CA---C---G---A---A---C---C---AA---A---GT---C---C---G---AT---G---C---A---C---C---A---A---G---2738			
A.DE.x.PE12	GGACTTACTGCACCTCGA---CAAG---CA---AC---A---C---C---AA---A---AT---G---G---T---A---C---C---A---C---C---A---A---G---2706			
A.GH.x.GH1	AGACTTACTGCACCTCGAGCAGG---A---AGCA---C---G---A---A---C---C---AA---A---AT---C---C---G---T---G---C---T---A---C---C---A---A---G---2182			
A.GM.87.D194	GGACTTACTGCACCTCGAGCAGG---G---C---CC---G---A---G---C---C---AA---A---ATC---C---G---AT---G---C---T---A---C---A---A---G---2182			
A.GM.x.ISY	GGACTTGTGCATCTCGAGCAAG---CA---AC---G---A---A---AC---C---AAC---A---AT---C---G---AT---A---T---A---C---C---A---A---G---2179			
A.GM.x.MCN13	GGACTTACTGCACCTCGAGCAGG---GCA---A---G---G---A---AC---C---T---AA---G---AT---CG---C---G---C---A---TC---G---A---C---G---C---A---A---G---2183			
A.GM.x.MCR35	GGACTTACTGCACCTCGAGCAGG---AGCA---A---G---A---AC---C---T---AA---G---AT---CG---G---C---A---TC---G---A---C---G---C---A---A---G---2183			
A.GW.86.FG	GGACTTACTGCAGTTCGAGCAGG---CA---A---G---G---A---AC---C---AA---A---A---C---G---T---A---A---T---GT---A---C---A---A---C---A---A---G---2176			
A.GW.87.CAM2CG	GGACTTACTGCACCTCGA---CAAG---GCC---A---G---G---ACA---C---AA---A---A---C---G---T---A---A---T---GT---A---C---A---A---G---2147			
A.GW.x.ALI	GGACTTACTGCACCTCGAGCAGG---CA---AC---A---A---AC---C---AA---A---CT---C---G---C---A---A---G---T---A---C---C---A---A---G---2731			
A.GW.x.MDS	GGACTTGTGCACCTCGAGCAGG---A---CA---A---G---ACA---C---AC---T---A---A---C---G---T---A---A---T---T---C---G---A---A---G---2182			
A.IN.95.CR1K.147	GGACTTACTGCACCTCGAGCAGG---G---GCA---C---G---GG---AA---C---C---AA---A---AT---C---G---T---A---A---T---T---A---C---C---A---A---G---2483			
A.IN.x.NNVA	GGACTTACTGCACCTCGAGCAGG---AGCA---C---G---GG---AAC---A---C---AA---A---AT---C---G---T---A---A---T---T---A---C---C---A---A---G---2732			
A.SN.85.ROD	GGACTTACTGCACCTCGAGCAGG---G---AGCA---C---G---GG---GGA---CCACCA---C---AA---A---AT---C---G---T---A---A---T---T---A---C---C---A---A---G---2184			
B.CI.88.UC1	GATGGGGAGACAGCAGAGAGAG---C---GA---C---C---C---A---A---GA---ATG---C---G---T---A---G---G---A---C---A---C---A---A---G---2719			
B.CI.89.PRD320-20HIV2_56	GCTAGGGAGAGCAGCAGAGAGAG---C---GA---C---C---C---A---A---AA---AAG---G---T---A---G---G---A---C---A---C---A---A---G---2714			
B.CI.x.EH0	ACTAGGGAGAAAGCAGAAGGAG---A---GA---C---A---AAC---A---A---AA---AAC---G---T---AT---A---G---A---C---A---C---A---A---G---2709			
B.GH.86.D205	GATGGGGAGACAGCAGAGAGAG---C---GA---C---C---C---A---A---AA---ATG---C---G---T---T---A---A---C---A---A---T---C---A---A---G---2714			
B.JP.81.KR020	GCTAGGGAGAAAGCAGAAGGGG---G---A---C---A---A---A---T---AA---AT---G---T---AT---A---A---C---A---A---A---G---1860			
G.CI.92.ABT96GCAG---A---C---A---C---R---H---GC---AC---AC---A---A---AT---C---A---A---T---A---C---T---A---C---C---A---A---G---2065			
AB.CI.90.7312A	ACTAGGGAGAGCAGCAGAGAGAG---AGCAG---G---G---C---CAA---AT---C---G---T---A---G---A---A---C---C---A---A---G---2720			
AB.CM.03.03CM_510_03	GATGGGGAAACACAGAGAGAG---C---GA---C---C---C---A---A---GR---ATG---C---G---T---A---A---A---C---R---C---A---A---G---1850			
U.FR.96.12034ACAAAAGGAG---A---GA---A---G---AAC---A---A---AT---C---A---G---G---A---A---A---C---A---C---A---A---G---2220			
MAC_US.x.17EC1	2655		
MAC_US.x.17EFR	2655		
MAC_US.x.1937G.....	1761		
MAC_US.x.2065	1761		
MAC_US.x.251.1A11A.....	2654		
MAC_US.x.251.32H.PJ5	2656		
MAC_US.x.251.BK28	2631		
MAC_US.x.80035	1761		
MAC_US.x.97074	1630		
MAC_US.x.MAC239.87082	1732		
MAC_US.x.MM142G.....	2141		
MAC_US.x.SMM142BG.....	2141		
MAC_US.x.r80025	1618		
MAC_US.x.r90131	1761		
MNE_US.82.MNE.8A---AG.....	2123		
MNE_US.x.MNE027A---AG.....	2123		
SMM_SB.92.SL92BG---GAGC---G.....G.....	2086		
SMM_US.x.F236.H4G---A---GA.....GA---A---TA---A---G---T---CC---G---TC---A---C---C---A---G---2642			
SMM_US.x.H9G---A---GA.....A---G---A---A---CT---C---A---C---CA---T---A---C---A---G---2128			
SMM_US.x.PBJ14.15G---A---GA.....A---G---A---A---G---CT---C---A---C---T---A---C---A---G---2422			
SMM_US.x.PBJAG---A---GA.....A---G---A---A---G---CT---C---A---C---T---A---C---A---G---2421			
SMM_US.x.PBJ.143G---A---GA.....A---G---A---A---G---CT---C---A---C---T---A---C---A---G---2128			
SMM_US.x.PBJ.6P6G---A---GA.....A---G---A---A---G---CT---C---A---C---T---A---C---A---G---2614			
SMM_US.x.PGM53G---A---GA.....G.....	2572		
SMM_US.x.SME543G---A---GA.....	2658		
STM_US.x.STMG---GA---CA---C.....A---A---A---C---G---T.....C---T---C---C---A---A---G---2302			

MAC.US.x.239
POL
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205
B.JP.81.KR020
G.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM_510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_32H_PJ5
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239_87082
MAC.US.x.MN142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE_8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB114_15
SMM.US.x.PB1A
SMM.US.x.PBJ_143
SMM.US.x.PBJ_6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SMES43
STM.US.x.STM

AGGAATAGAGTTAGTCCACATTATACCCAAAAATAGTAGGAGGAATAGGAGGTTTATTAACTAAGAATACAAAAATGAGAAATAGAAGTTTAGGCAAAAGGATTAAGGGACAATCATGACAGGGGACACCCCGATTAACTTTTGGTAGAAAATTTGCTAA 2825
T G I E L G P H Y T P K I V G G I G G F I N T K E Y K N V E I E V L G K R I K G T I M T G D T P I N I F G R N L
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205
B.JP.81.KR020
G.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM_510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251_1A11
MAC.US.x.251_32H_PJ5
MAC.US.x.251_BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239_87082
MAC.US.x.MN142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE_8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PB114_15
SMM.US.x.PB1A
SMM.US.x.PBJ_143
SMM.US.x.PBJ_6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SMES43
STM.US.x.STM

Pol Protease end_Pol p66 and p51 RT start

MAC_US.x.239	CAGCTCTGGGATGCTCTAAATTTCCATAGCTAAAGTAGAGCTGTAAAGTCGCTTAAAGCCAGGAAAGGATGGACAAAATTGAAGCAGTGCCATTATCAAAAGAAAAGATAGTTGCATTAAGAGAAATCTGTGAAAAG_ATGGAAAAGGATGGTCAGTTGGA	2994
Pol	L T A L G M S L N F P I A K V E P V K V A L K P G K D G P L S K E K I V A L R E I C E # K M E K D G O L	
A.CI.88.UC2	---CT-A-C---AT---A-AG-C---GGA---AA---A-AA-A-G---A-C---GGC---A-A---CC-A---AG-AA---G---A---G-C-AC-A-	3077
A.DE.x.BEN	---CT-A-C---AT---A-AG-T-C-GA---AA---AA-A-G---G-A---GGC---A-A---CC-A---G-A---AA-C-A-G---A---A-G-C-C-A-	3077
A.DE.x.PE12	---CT-A-C---AT---C-A-AG-C-C-G---C-GA---AATAC-G-A---G-A---G-A-GA-A---TC-A---AG-C-A-A---G---A---GA-A-C-C-A-	3045
A.GH.x.GH1	---CT-A-C---AT---A-A-C-C-GA---A-AA---AA-G-G---G-A---G-C-GA-A---CC-A---G-A---AA-C-A-G---C---A---G-C-AC-A-	2521
A.GM.87.D194	---A-CT-A-C---AT---CC-A-AG-C-C-GT---C-AA---AA-A-G---G-A---GGC---A-A---CC-A---A---AA-C-A-T---A---G---G-C-AC-A-	2521
A.GM.x.ISY	---CT-A-C---AT---A-AG-C-C-A---A-A---AA-A-G---A---G---CAA-GA-A---C-A-G---A---AA-C---A---GA-A---C-A-	2518
A.GM.x.MCN13	---CT-A-C---AT---A-AG-C-C-A---A-AA---A-AATG---A---A---C-G-A-C-A---A---AG-C-A---A---GA-A-C-C-A-	2522
A.GM.x.MCR35	---CT-A-C---AT---A-AG-C-C-A---A-AA---A-AATG---A---A---C-G-A-C-A---A---AG-C-A---A---GA-A-C-C-A-	2522
A.GW.86.FG	---T-A-C---AT---CC-G-AG-T-C-GA---A-AA---A-AATGC---G-A---G-C-A-A---T-A---A-AA-C-A---A---A-A-C-C-A-	2515
A.GW.87.CAM2CG	---CT-A-C---AT---C-A-AG-C-C-GA---A-AA---A-AATGC---A---G---G-A-GA-A---C-GA---A---AA-C-A-G---A---A-C-C-A-	3086
A.GW.x.ALI	---CT-A-C---AT---CC-A-AG-T-C-GA---AA-G-AAGGA---A---A---C-G---A-GA-A---C-A---A---AG-C-A---A---C-G-A-A-	3070
A.GW.x.MDS	---CT-A-C---AT---C-A-AG-C-C-GA---A-AA---A-AATGC---G---G---C-GA---T-A---A-AA-C-A-G---A---GA-A-C-C-A-	2521
A.IN.95.CR1K.147	---TCT-A-C---AT---C-A-G-C-C-GA---A-AA---A-AATGC-A---A---C-GA---CC-A-C---A-AA---A-G---A---G-A-C-C-A-	2822
A.IN.x.NNVA	---CT-A-C---T---CC-A-AG-C-C-GA---A-AA---AAAGC-A---A---C-GA---C-A---A-AA---A-AG---AG---GA-G-C-C-A-	3071
A.SN.85.ROD	---CT-A-C---AT---C-A-AG-C-C---AA---A-AATGC---G-A---C-GA-A-C-A---A-AA-C-A---A---A-C-C-A-	2523
B.CI.88.UC1	ATA-AT-A-C---A---C-AG---A-GA---A-A---AAAC---T-G-A---A-C-GA-A---TC---C---T-G-CC-C-AG---A---G-A-C-A-	3058
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	ATA-CT---C-A---C-AG---A-A---A-A---AAAC-G---T-G-A---A-C-GA-A---CC---C---C-G-CC-C-AG---A---G-A-C-A-	3053
B.CI.x.EHO	ATAGCT-A-C---A---C-AG---A-GGA---A-A---CAG---T-A---A---G---A-C-GA-A---CC---C---G-A-C-A-CC-C-A---A---G-A-A-	3048
B.GH.86.D205	ATA-CT---C-A-T---C-AG-G-A-G---A-A---T-AG---A-T---A---G---GA-C-GA-A---TC---C-GG---C-A-CC-C-A---A---G-A-A-	3053
B.JP.81.KR020	ATA-CT---C-A---C-AG---A-A---A-A---G-AAAC-A-T---A---A---A-C-GA-A---TC---T---C-G-CC-T-A-G---AA---A-G-A-AC-A-	2200
B.CI.92.ABT96	TTAAG-A-C---A---A-T-A-G---A---AAGGC-A-T-C-T---G---A-C-G-A---CC---T-G---A-CAA-C-C-G---T---C-A---C---A-G-A-	2404
AB.CI.90.7312A	ACA-CT-A-C---A---C-AG-G-A-A---A-A-G-G---CAG---T---A---A-C-GA-A---TC---T---C-G-CC-T-G---A---G-G-C-A-	3059
AB.CM.03.03CM.510_03	ATA-T-R-C---A---C-AG-G-A-RGR---A-A---T-AG-R-A-T---R---R---GA-C-GA-A---TC---C-GG-R---C-A-CC-Y-A---A---R---G-G-A-A-	2189
U.FR.96.12034	---AA---C---C---A---GA---A-CA-TA-C-TT-GG-GAC---A---C---A-GA---T---T-G---AT-AA---A-G-A-G-A---G-A-A-	2559
MAC_US.x.17EC1	2994
MAC_US.x.17EFR	2994
MAC_US.x.1937A.....	2100
MAC_US.x.2065	2100
MAC_US.x.251.1A11C.....	2993
MAC_US.x.251.32H.PJ5T---CC.....	2995
MAC_US.x.251.BK28C---G.....	2970
MAC_US.x.80035	2100
MAC_US.x.97074C.....	1969
MAC_US.x.MAC239.87082Y.....	2071
MAC_US.x.MN142C---G---GTCGC.....	2480
MAC_US.x.SMM142BC---G---GTCGC.....	2480
MAC_US.x.r80025	1957
MAC_US.x.r90131G.....	2100
MNE_US.82.MNE.8A---C---G---A---A---A---G.....	2462
MNE_US.x.MNE027C---G---A---A---A---G.....	2462
SMM_SL.92.SL92B	---AT-A-G-C-T---AC-AG-G-A-G---ATA-AC---AAAG-G-GAG---T---G---G---A-A-A---C---T-G---CAA---C-G---C-G-A---G-A-A-	2425
SMM_US.x.F236.H4	---A-C-T---C-C---G-G-A---AA-AC-A---A-A---A-GA---GC---G---A---A---C-A---A---G-A-C-A-	2981
SMM_US.x.H9	---A-C-T---C-C---G-G-R-A---AA-AC-A---A-A---A-GA---GC---G---A---A---A---G-A-C-A-	2467
SMM_US.x.PBJ14.15	---A-T---C-C---G---A---AA-AC-A---A-A---A-GA---GC---G---A---G---A---G-A-C-A-	2761
SMM_US.x.PBJA	---A-T---C-C---G---A---AA-AC-A---A-A---A-GA---GC---G---A---G---A---G-A-C-A-	2760
SMM_US.x.PBJ.143	---A-C---C-C---G-G-R-A---AA-AC-A---A-A---A-GA---GC---G---A---G---A---G-A-C-A-	2467
SMM_US.x.PBJ.6P6	---A-T---C-C---C-C---G---A---AA-AC-A---A-A---A-GA---GC---G---A---G---A---G-A-C-A-	2953
SMM_US.x.PGM53	---A-C---CT---C-C-G---G-G---A---AA-AC-A---A-C---A---G---A---G---A---G-A-C-A-	2911
SMM_US.x.SME543	---A-C---T---C---G-G---A---AA-AC-A---G-A-A---A---GA---GC---A---A---A---A---G-A-C-A-	2997
STM_US.x.STM	---T---AT---AG---A-A---G-GA-A---A---A---A-A---A---AG---C---A---G---A---G---G---G-C-A-	2641

MAC.US.x.239
POL
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205
B.JP.81.KR020
G.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM_510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239_87082
MAC.US.x.MN142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14.15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.x.STM

GGAAGCTCCCGACCAATCCATACAAACCCACACATTTGCTATAAAGAAAAAGGTAAGAACAATGGAGAATGCTGATAGATTTTAGGGAACTAAATAGGGTCACTCAGGACTTACGGAAGTCAATTAGGAATACCACACCTGACGAGACTAGCAAAAAGAAAA 3164
E E A P P T N P Y N T P T F A I K K K D K N K W R M L I D F R E L N R V T Q D F T E V Q L G I P H P A G L A K R
A - G - A - T - A - T - T - T - T - A - T - C - - - - - G - A - - - - A - - - - C - - - - G - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - A - - - - T - C - A - - - - 3247
A - G - A - T - A - T - T - T - T - A - T - C - - - - - G - A - - - - A - - - - C - - - - G - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - G - - - - - C - A - - - - 3247
A - G - A - T - A - T - T - T - T - A - T - C - A - - - - - G - A - - - - A - - - - C - - - - G - A - A - G - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - A - - - - T - C - G - A - A - G - - - - 3215
A - G - A - T - A - T - T - T - T - A - T - C - - - - - G - A - - - - C - - - - G - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - G - - - - - C - A - - - - 2691
A - - - - G - T - A - T - C - T - T - - - - T - - - - A - T - - - - C - A - - - - G - A - - - - A - - - - C - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - G - - - - - C - G - A - A - G - - - - 2691
A - - - - G - T - A - T - T - T - T - - - - T - - - - A - C - - - - C - A - T - - - - G - A - - - - A - - - - C - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - A - - - - T - G - C - G - A - A - - - - 2692
A - - - - G - T - A - T - T - T - T - - - - T - - - - A - C - - - - C - A - T - - - - G - A - - - - A - - - - C - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - A - - - - T - G - C - G - A - A - - - - 2692
A - - - - A - T - A - T - T - T - T - - - - T - - - - A - C - - - - C - A - T - - - - G - A - - - - A - - - - C - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - A - - - - T - G - C - G - A - A - - - - 2685
A - - - - A - T - A - T - T - T - T - - - - T - - - - A - C - G - - - - C - A - - - - G - A - - - - A - - - - C - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - A - - - - T - G - C - A - A - G - - - - 3256
A - - - - G - A - T - A - T - C - T - T - T - - - - T - - - - A - C - G - - - - G - - - - - G - A - - - - A - - - - C - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - A - - - - T - C - G - A - A - G - - - - 3240
A - - - - A - T - A - T - T - T - T - - - - T - - - - A - C - G - - - - C - A - T - - - - G - A - - - - A - - - - T - C - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - A - - - - T - C - G - A - A - G - - - - 2691
A - - - - A - T - A - T - C - T - T - T - - - - T - - - - A - C - - - - C - - - - - T - - - - G - A - - - - A - - - - C - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - A - - - - T - G - C - G - A - A - G - - - - 2992
A - - - - A - T - A - T - T - T - T - - - - T - - - - A - C - G A - - - - C - - - - - T - - - - G - A - - - - A - - - - C - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - A - - - - T - G - C - G - A - A - G - - - - 3241
A - - - - A - T - A - T - T - T - T - - - - T - - - - A - C - - - - C - A - - - - G - A - - - - A - - - - C - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - A - - - - T - G - C - G - A - A - G - - - - 2693
A - - - - G - - - - T - T - - - - A - - - - C - - - - A - G - A - - - - A - - - - A - - - - T - C - A - A - T - C - A - A - T - G C - - - - T - - - - G - - - - - T - C - - - - A - A - G - - - - 3228
A - - - - G - - - - T - T - - - - A - - - - C - - - - A - G - A - - - - A - - - - A - - - - A - - - - G T - - - - C - A - A - C - A - - - - A - - - - G C - G - - - - T - T - C - - - - G - - - - - G - - - - A - A - G - - - - 3223
A - - - - G - - - - T - T - - - - T - - - - C - - - - C - - - - A - G - A - - - - C - A - - - - G - - - - A - - - - C - A - - - - A - - - - G - - - - G C - G - - - - T - T - C - - - - G - - - - - G - - - - A - A - G - - - - 3218
A - - - - A - - - - T - T - - - - A - - - - C - - - - C - - - - G - A - - - - A - - - - G - - - - A - - - - C - A - - - - A - - - - C - A - - - - A - - - - C - G - T - T - C - - - - A - C - G - T - T - C - - - - A - C - G - C - A - G - - - - G - - - - A - A - G - - - - 3220
A - - - - G - - - - T - - - - C - - - - C - - - - C - - - - A - G - A - - - - C - A - - - - T - - - - A - - - - C - A - - - - A - - - - C - A - - - - A - - - - G C - G - - - - C - - - - T - - - - G - - - - - G - - - - A - - - - 2370
A - - - - A - - - - C - - - - G - T - - - - A - - - - C - - - - A - - - - C - - - - A - - - - T - A - - - - C - C - A - - - - T - C - - - - A - - - - C - - - - T - - - - G - G - C - - - - T - - - - T T - G - - - - G - - - - A - A - G - - - - 2574
A - - - - A T - T - C - T - - - - A - - - - C - - - - A - - - - A - - - - C - - - - C - - - - T - - - - A - - - - C - A - - - - A - - - - A - - - - C - - - - T - T - C - - - - G - - - - G - - - - A - A - G - - - - 3229
A - - - - A - - - - T - T - - - - A - - - - C - - - - G - A - - - - C - A - - - - A - - - - C - - - - R - - - - T - - - - C - A - - - - A - - - - C - A - - - - R - G - T - C - - - - G - - - - G T - G - - - - G - - - - A - G - - - - 2359
A - - - - - - - - - C - - - - T - - - - C - - - - G - - - - C - A - - - - A - - - - T - A - - - - C - - - - A - - - - G T - - - - C - - - - A - - - - A - - - - T - - - - G T - - - - G - - - - T - - - - C - - - - A - - - - T G - G - A - - - - G - - - - 2729
3164
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239_87082
MAC.US.x.MN142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14.15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.x.STM
A - - - - - T - A - A - - - - T - - - - T - - - - T - - - - T - - - - C - A - - - - G - - - - G - - - - - C - A - - - - - A A - G - A - A - T - - - - A - - - - A - T - G C - - - - T - - - - - G - - - - - G - - - - 2811

Accession	Sequence	Position
MAC.US.x.239	GAATTACAGTACTGGATATAGGTGATGCATATTTCTCATACCTCTAGATGAAGAATTAGGCAGTACACTGCCTTTACTTTACCATCAGTAAATAATGCAGAGCCAGGAAAACGATACATTTATAAGGTTCTGCCTCAGGGATGGAAGGGGTACCAGCCATCTCCAA	3334
Pol	K R I T V L D I G D A Y F S I P L D E E F R Q Y T A F T L P S V N N A E P G K R Y I Y K V L P Q G W K G S P A I F	
A.CI.88.UC2	-G -T -A -G -G -C -C -T -A -T -T -C -T -A -CC -C -T -A -A -CT -A -A -G -A -A -T -T -	3417
A.DE.x.BEN	-G -CT -TA -T -A -G -G -C -C -T -A -C -C -T -A -CC -G -C -ATG -A -A -T -A -A -CT -A -A -T -T -	3417
A.DE.x.PE12	-G -C -T -A -G -G -C -C -T -A -C -G -C -A -A -T -A -CC -A -G -C -A -GA -T -A -A -C -A -A -G -A -T -T -	3385
A.GH.x.GH1	-G -C -T -A -G -G -C -C -T -G -C -T -A -T -A -CC -C -A -A -T -A -A -CT -A -A -A -A -A -G -A -T -T -	2861
A.GM.87.D194	-G -T -A -G -G -C -C -T -A -C -T -A -T -A -CC -C -A -A -TG -A -A -CT -A -A -A -A -A -A -T -T -	2861
A.GM.x.ISY	---T -GT -A -G -A -C -C -T -C -T -A -T -A -C -G -A -A -T -A -C -A -CT -A -A -A -A -A -A -T -T -	2858
A.GM.x.MCN13	---T -A -G -G -T -C -T -A -C -T -A -T -A -C -G -A -C -A -A -T -A -C -A -CT -A -A -A -A -T -T -	2862
A.GM.x.MCR35	---T -A -G -G -T -C -T -A -C -C -C -A -T -A -C -A -C -A -A -T -A -C -A -CT -A -A -A -A -T -T -	2862
A.GW.86.FG	---T -A -G -G -T -C -T -A -C -G -C -A -T -A -C -C -A -A -T -A -C -A -CT -A -A -G -A -A -T -T -	2855
A.GW.87.CAM2CG	---T -A -G -G -T -T -AT -C -C -A -A -T -A -C -G -C -A -A -A -A -CT -A -G -G -A -A -A -T -T -	3426
A.GW.x.ALI	---C -T -G -A -G -G -T -C -T -A -GC -GAGC -A -T -A -C -G -C -A -A -A -A -CT -A -G -G -A -A -A -T -T -	3410
A.GW.x.MDS	---C -T -A -G -G -T -C -T -A -GC -C -A -T -A -CC -G -C -A -A -T -A -A -CT -A -A -A -A -T -T -	2861
A.IN.95.CR1K.147	---C -T -A -G -G -T -C -T -A -GC -C -A -T -A -G -G -G -C -A -A -T -A -A -CT -A -A -A -A -T -T -	3162
A.IN.x.NNVA	---C -T -A -G -G -T -C -T -A -GC -G -C -A -A -T -A -C -G -G -C -A -A -T -A -C -A -CT -A -A -A -T -T -	3411
A.SN.85.R0D	---T -A -G -G -T -C -T -A -C -G -C -A -CA -T -A -C -G -C -A -A -T -A -A -CT -A -A -A -A -T -T -	2863
B.CI.88.UC1	---A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -A -C -C -A -T -A -A -C -G -A -C -GA -A -A -A -C -A -T -T -	3398
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56	---A -A -G -G -A -C -C -AGTG -C -A -CCC -T -C -A -A -A -C -G -C -G -T -GA -A -A -A -A -T -C -A -T -T -	3393
B.CI.x.EH0	---A -A -G -A -C -C -AGTG -C -A -CC -C -C -A -A -T -A -A -G -G -A -GA -TC -C -A -C -A -A -A -C -A -T -T -	3388
B.GH.86.D205	---A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -A -C -A -T -A -A -C -G -C -GA -TC -A -A -A -A -G -A -C -AGT -A -T -GT -	3390
B.JP.81.KR020	---A -A -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -T -C -A -A -A -A -C -G -G -C -A -A -C -A -A -G -A -C -A -T -T -	2540
G.CI.92.ABT96	---A -A -G -C -C -AG -T -T -T -C -A -T -C -C -C -A -A -C -C -C -A -G -A -C -A -G -A -C -T -T -	2744
AB.CI.90.7312A	---A -GA -A -G -A -C -C -AGTG -C -A -CCC -C -C -A -T -A -A -C -G -A -A -G -A -C -A -A -A -C -A -T -T -	3399
AB.CM.03.03CM_510_03	---A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	2529
U.FR.96.12034	-G -A -T -A -G -G -C -C -AG -C -G -GTG -C -C -A -T -T -CA -T -A -C -C -GT -A -C -A -A -A -A -T -T -	2899
MAC.US.x.17EC1	-----	3334
MAC.US.x.17EFR	-----	3334
MAC.US.x.1937	-----	2440
MAC.US.x.2065	-----	2440
MAC.US.x.251.1A11	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	3333
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	3335
MAC.US.x.251.BK28	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	3310
MAC.US.x.80035	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	2440
MAC.US.x.97074	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	2309
MAC.US.x.MAC239_87082	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	2411
MAC.US.x.MN142	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	2820
MAC.US.x.SMM142B	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	2820
MAC.US.x.r80025	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	2297
MAC.US.x.r90131	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	2440
MNE.US.82.MNE.8	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	2802
MNE.US.x.MNE027	-G -C -A -A -G -G -A -C -C -AGT -C -A -CC -R -Y -C -A -T -A -A -C -CY -G -AC -C -YA -GA -A -A -R -R -C -A -T -T -	2802
SMM.SL.92.SL92B	-G -A -G -A -G -G -C -T -AG -C -CCCG -A -A -A -A -C -A -G -C -CCA -A -GA -G -T -C -C -A -A -A -A -T -T -T -	2765
SMM.US.x.F236.H4	-G -C -GT -G -G -T -G -C -A -A -A -A -C -A -G -C -CCA -A -GA -G -T -C -C -A -A -A -A -T -T -T -	3321
SMM.US.x.H9	-G -C -GT -G -G -T -G -C -A -A -A -A -C -A -G -C -CCA -A -GA -G -T -C -C -A -A -A -A -T -T -T -	2807
SMM.US.x.PBJ14.15	-G -C -GT -G -G -T -G -C -A -A -A -A -C -A -G -C -CCA -A -GA -G -T -C -C -A -A -A -A -T -T -T -	3101
SMM.US.x.PBJA	-G -C -GT -G -G -T -G -C -A -A -A -A -C -A -G -C -CCA -A -GA -G -T -C -C -A -A -A -A -T -T -T -	3100
SMM.US.x.PBJ.143	-G -C -GT -G -G -T -G -C -A -A -A -A -C -A -G -C -CCA -A -GA -G -T -C -C -A -A -A -A -T -T -T -	2807
SMM.US.x.PBJ.6P6	-G -C -GT -G -G -T -G -C -A -A -A -A -C -A -G -C -CCA -A -GA -G -T -C -C -A -A -A -A -T -T -T -	3293
SMM.US.x.PGM53	-G -C -T -G -G -T -G -C -A -A -A -A -C -A -G -C -CCA -A -GA -G -T -C -C -A -A -A -A -T -T -T -	3251
SMM.US.x.SME543	-G -C -T -G -G -T -G -C -A -A -A -A -C -A -G -C -CCA -A -GA -G -T -C -C -A -A -A -A -T -T -T -	3337
STM.US.x.STM	---C ---T ---G ---G ---T ---C ---G GC ---T ---T ---C ---C ---C ---A ---A ---C ---C ---A ---A ---A ---A ---T ---T ---	2981

Table with columns for sequence identifiers (e.g., MAC.US.x.239, B.CI.88.UC1) and sequence alignments. The table shows multiple rows of sequence data with gaps represented by dashes and specific nucleotide bases (A, C, G, T) aligned across different sequences. The rightmost column contains numerical values, likely representing sequence positions or identifiers.

```

MAC.US.x.239      AGAGAAATTCAAAAAGATCCCCATTTCATGGATGGGTACGAATTGTGGCCAAACAAAATGGAAGTTCGAAAGATAGAGTTCACAAAGAGAGACCTGGACAGTGAATGATATACAGAAGTTAGTAGGAGATTAAATTGGCAGCTCAAATTTATCCAGGTATAA 3674
POL              E E K F Q K D P P F Q W M G Y E L W P T K W K L Q K I E L P Q R E T W T V N D I Q K L V G V L N W A A Q I Y P G
A.CI.88.UC2      G-----G-----C-T-G-----C-T-C-----T-G-----C-G-A-C-AC-C-G-A-A-A-----C-C-C-A-AC-G-A-C-----G-A-C-----C-----A-----3757
A.DE.x.BEN       T-----G-----C-T-----C-GT-C-A-----T-----C-----G-AC-C-AC-C-G-A-C-TA-----C-C-C-A-C-G-----G-A-C-----T-----A-----3757
A.DE.x.PE12      T-----G-----C-----ACA-----C-T-C-A-----C-----C-----A-C-A-----C-A-AGTA-----C-C-C-A-C-C-----G-T-CC-----G-A-C-----C-----G-----3725
A.GH.x.GH1       T-----G-----C-T-GC-----C-T-C-A-----T-----C-----C-G-AT-C-AC-C-G-A-A-TA-----C-C-C-----C-G-G-----G-A-C-----C-----A-----3201
A.GM.87.D194     A-----G-----G-C-T-G-----C-T-C-----T-----AC-G-A-C-A-A-T-G-A-A-TA-----C-C-C-A-AC-----T-G-C-----G-G-G-----C-----G-----3201
A.GM.x.ISY       C-A-G-----G-C-T-AC-----C-T-C-----C-----A-----A-C-A-C-----AG-AGTA-----T-----C-----AC-G-T-CC-----C-----G-A-----C-----A-----3198
A.GM.x.MCN13     T-----G-----G-C-T-AC-C-----C-T-C-----T-G-----C-----G-A-----C-----A-TGTA-----A-C-C-A-AC-----G-T-CC-----C-----A-----C-----G-----3202
A.GM.x.MCR35     T-----G-----G-C-T-AC-C-----C-T-C-----T-G-----C-----G-----C-----C-A-TGTA-----A-C-C-A-AC-----G-T-CC-----C-----A-----C-----G-----3202
A.GW.86.FG       T-----G-----C-T-A-GC-----C-T-A-----T-----G-----A-C-C-C-----A-AGTA-----C-C-C-A-C-----G-T-CC-----A-C-C-----G-----3195
A.GW.87.CAM2CG   T-----G-----C-T-AC-GC-----C-T-C-----T-----G-----A-C-A-C-----AG-GTG-----C-C-C-A-C-----T-CC-----A-C-C-----G-----3766
A.GW.x.ALI       T-----G-----C-T-ACA-----C-T-G-----T-----G-----A-C-A-C-----G-A-AGTA-----C-C-A-ACAT-----T-CC-----A-C-C-----A-----3750
A.GW.x.MDS       T-A-G-----C-T-AC-GC-----C-T-C-----T-----C-----G-A-C-----C-A-AGTA-----C-C-C-A-AC-----G-T-CC-----A-C-C-----A-----3201
A.IN.95.CR1K 147 T-----G-----T-AC-----T-T-C-A-----T-----G-----A-C-----C-AG-GTA-----C-C-C-A-C-G-----G-T-CC-----A-C-C-----A-G-----3502
A.IN.x.NNVA      T-----G-----T-ACT-C-----C-T-A-----T-----G-----A-C-----C-G-AG-GTA-----C-C-A-C-----G-T-CC-----G-A-C-----C-----A-G-----3751
A.SN.85.ROD      T-----G-----C-T-AC-C-----C-T-C-A-----T-----G-----A-C-----C-A-A-TA-----C-C-C-----C-G-T-CC-----A-C-C-----G-----3203
B.CI.88.UC1      ---A-G-----C-T-G-CA-----T-T-GC-C-----A-GG-AC-----A-C-AC-----G-AG-AGTT-----C-T-A-AC-G-----C-----C-T-T-A-T-----3738
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56 ---G-----C-----CA-----T-GC-C-----A-G-AC-----A-C-C-A-----G-A-AGT-----A-C-C-A-G-----C-----C-----T-GC-----T-----A-T-----3733
B.CI.x.EHO       ---A-G-----C-T-CA-----T-GC-C-----AG-AC-----A-C-C-A-----G-A-GTT-----A-C-T-----G-----C-----C-----TC-G-G-T-----3728
B.GH.86.D205     ---A-G-----C-T-G-CA-----T-T-GC-C-----A-G-AC-----A-C-AC-----G-A-AGTT-----CA-T-A-AC-G-----C-----C-----C-T-T-A-T-----3730
B.JP.81.KR020   ---A-G-----G-C-----CA-----T-GC-C-----A-G-AC-----A-C-C-----G-A-AGA-----A-----T-A-AC-G-----C-----C-----C-T-T-G-T-----2880
G.CI.92.ABT96    T-A-G-----C-T-A-----A-T-R-----A-G-AC-A-----TA-CC-MG-A-----T-----A-----T-A-AC-----G-----C-G-Y-----GC-A-----A-C-----3084
AB.CI.90.7312A   ---A-----G-C-T-----C-G-----T-T-GC-C-----AG-G-----A-C-AA-A-----G-G-GTT-----A-C-T-AC-G-----C-----C-----TC-C-A-C-----3739
AB.CM.03.03CM_510_03 ---A-R-----R-R-C-T-G-C-G-----T-T-GC-Y-----A-G-AC-----A-C-AC-----G-AG-AGTT-----C-T-A-AC-G-----C-----C-C-T-T-A-C-----2869
U.FR.96.12034    C-A-----T-G-----C-A-CACA-----C-T-C-A-----T-A-G-----A-----G-A-T-----C-C-G-----TGTT-----A-C-T-----C-----A-G-----A-----3239
MAC.US.x.17EC1   .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3674
MAC.US.x.17EFR   .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3674
MAC.US.x.1937    .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----2780
MAC.US.x.2065    .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----2780
MAC.US.x.251_1A11 ---A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3673
MAC.US.x.251_32H_PJ5 ---A-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3675
MAC.US.x.251_BK28 .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3650
MAC.US.x.80035   .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----2780
MAC.US.x.97074   .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----2649
MAC.US.x.MAC239_87082 ---G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----2751
MAC.US.x.MN142   .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3160
MAC.US.x.SMM142B .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3160
MAC.US.x.r80025  .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----2637
MAC.US.x.r90131  .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----2780
MNE.US.82.MNE_8 .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3142
MNE.US.x.MNE027 .....G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3142
SMM.SL.92.SL92B ---C-G-T-----GA-----A-----A-G-----A-TTTG-A-AC-C-AG-G-----A-A-G-A-----AC-C-TG-AG--CGA-----A-----C-----A-AC-----G-----TC-----A-G-A-----G-T-----3105
SMM.US.x.F236_H4 ---G-----G-----C-G-----A-T-----C-----AC-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3661
SMM.US.x.H9      ---G-----G-----C-G-----A-T-----C-----C-----AC-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3147
SMM.US.x.PBJ14_15 ---G-----G-----C-G-----A-T-----C-----C-----AC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3441
SMM.US.x.PBJA    ---G-----G-----C-G-----A-T-----C-----C-----AC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3440
SMM.US.x.PBJ_143 ---G-----G-----C-G-----A-T-----C-----C-----AC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3147
SMM.US.x.PBJ_6P6 ---G-----G-----C-G-----A-T-----C-----C-----AC-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3633
SMM.US.x.PGMS3   ---G-----G-----C-G-----A-T-----C-----C-----AC-----G-A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3391
SMM.US.x.SME543 ---G-----G-----C-G-----A-T-----C-----C-----AC-----G-A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----3677
STM.US.x.STM     -----T-G-G-----T-----A-T-G-A-----G-----AC-----A-----A-----A-----T-G-----CGTT-----C-A-AC-G-----G-C-----C-----A-----A-T-----3321

```

MAC.US.x.239
Pol
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205
B.JP.1K1.KR020
G.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM_510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239_87082
MAC.US.x.MN142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14.15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SMES43
STM.US.x.STM

AAACCAACATCTGTAGGTTAATTAGAGGAAAATGACTTAAACAGAGGAAGTTCAGTGGACTGAGATGCCAGAAGCAGAATATGAGGAAAAATAAATTAATCTCAGTCAGGAAACAAGAAGGATGTTATTACCAAGAAGGCAAGCCATTAGAAGCCACGGTAATAAAG 3844
I K T K H L C R L I R G K M T L L T E E V Q W T E M A E A E Y E E N K I I L S Q E Q E G C Y Y Q E G K P L E A T V I
-----CT-G-C-----A-C-A-G-----A-T-A-----GCTA-A-G-C-G-T-C-AGAC-----G-CAC-----AG-AGA-G-G-A-A-CCA-A-3927
-----CT-A-AC-----A-C-A-G-----A-AC-A-----GCTA-A-C-----T-CT-G-C-----A-----AA-AGA-----G-A-AA-CCA-A-3927
-G-----CT-A-C-----A-C-G-A-G-----A-AC-A-----G-----GCTA-A-G-C-----T-CT-G-C-----G-G-C-----AA-GA-----A-A-CCA-3895
-----T-G-C-----C-A-----A-C-A-G-----A-T-A-----GCTA-A-C-----T-CT-A-C-----A-C-----AA-AGA-----G-A-AA-CCA-A-3371
-----G-T-A-AA-G-----A-C-G-A-A-----A-T-A-----G-----GCTA-A-C-----T-CT-A-C-----G-CC-C-T-G-----AAG-AGA-C-----A-A-C-C-A-3371
-G-----CT-A-A-C-----G-----A-C-G-A-A-----A-AT-A-----GCTG-----C-----T-CT-A-C-----G-G-CAC-----G-AA-AGAG-----A-A-TCA-----2968
-G-----CT-A-A-C-----A-C-A-A-----A-AC-A-----G-G-TA-A-G-C-G-T-CT-A-C-----G-G-CAC-----AA-AGAG-----A-A-CCA-3372
-----G-CT-A-A-C-----A-C-A-A-----A-AC-A-----G-G-GCTA-A-G-C-G-T-CT-A-C-----G-G-CAC-----AA-AGGC-----A-A-CCA-3372
-G-----C-A-C-----A-C-A-G-A-----A-AT-A-----GCTA-----C-G-T-CT-A-C-A-----CAC-----G-AA-AAAG-----A-A-CCAG-A-3365
-G-----CT-G-A-----A-C-A-G-A-A-----A-AT-A-----CTA-A-----C-G-T-CT-A-C-A-----G-CAC-----G-AA-GAG-----A-A-TCA-----3936
-G-----CT-A-AC-----A-C-A-G-A-A-----A-AC-A-----CTA-----G-C-G-T-CT-A-C-----G-GCAC-----AA-GAG-----A-A-CCA-A-3920
-G-A-----T-A-----G-----A-C-G-A-A-A-----A-T-----G-CTA-A-----C-G-G-T-CT-G-C-----G-CAC-----G-AA-AGA-----A-A-CCA-3371
-G-A-G-CT-A-----C-G-T-----A-C-A-A-A-----A-T-A-----G-GCTA-A-----C-G-C-CT-A-C-----G-CAC-----G-AA-GAGC-----A-CCA-A-3672
-----A-CT-A-----C-G-T-----A-C-A-A-G-----A-T-A-----G-GCTA-A-----C-G-C-AT-A-C-----G-CAC-----A-G-AA-AGA-C-----G-A-A-CCA-A-3921
-G-----CT-A-----C-----A-C-A-A-----A-AT-A-----GCTA-A-----C-G-T-C-A-C-----G-CAC-----AA-AGAGC-----A-A-CCA-3373
-G-A-GG-CA-A-AAAC-----G-G-----C-----A-A-A-----A-AT-A-----G-----G-TAC-----G-C-----C-T-AGAA-----CC-C-A-G-----GGTA-----C-----A-A-CCAG-A-3908
-G-A-GGA-CA-A-C-AA-----C-----G-----C-----A-A-----A-AC-----G-----CT-C-----C-----C-AGAG-----G-G-----CC-C-A-----AGTA-----TC-----G-A-A-GCAG-A-3903
-G-----GG-A-A-AAAC-----A-G-----C-----A-G-A-----A-AT-----G-----TCC-----C-----C-AGAA-A-G-----CC-A-----GCTA-----T-----A-A-GCAG-A-3898
-G-A-GG-CA-A-C-AAC-----G-G-----C-----A-A-----A-AC-A-----GCTAC-----G-----C-CT-AGAA-----CC-C-A-G-A-GGTA-GC-----A-A-CCAG-A-3900
-----A-GG-A-A-C-AC-----C-G-----CT-G-----A-A-----A-AT-A-----G-----T-C-----C-----T-AGAA-A-----G-G-----CC-C-TA-----G-A-TA-TC-----A-A-CCAG-A-3050
-----A-A-C-G-Y-AA-----T-R-----CT-G-G-A-----A-A-----A-AT-----TGCA-----C-G-T-C-ARAA-----R-G-----CGCC-----A-----RAG-----T-R-----T-----CAG-A-3254
-A-GG-CA-A-C-AC-G-C-AG-----G-G-----C-G-----A-AC-A-----G-----GATGC-----C-----C-AG-A-----G-----C-C-A-----GGTA-----TC-----A-A-GCAG-A-3909
-R-A-GG-CA-G-C-RAC-----G-----G-----A-R-A-----A-AT-A-----G-----G-TAC-----G-Y-----C-CT-AGAA-----CC-C-A-G-----GGTA-----A-A-CCAG-A-3039
-G-A-----T-AA-----AG-G-----A-C-A-G-A-----A-A-----T-CA-G-----G-T-T-G-----G-GGC-----AGG-----AAG-AAATC-----A-A-GC-T-A-3409

MAC.US.x.239	AGTCAGGACAATCAGTGGTCTTATAAAATTCACCAAGAAGACAAAATACTGAAAGTAGGA.AAATTTGCAAGATAAAGAATACACATACCAATGGAGTGAGACTATTAGCACATGTAATACAGAAAATAGGAAAGGAAGCAATAGTGATCTGGGGACAGGCCAAAAT	4013
Pol	K S Q D N Q W S Y K I H Q E D K I L K V # G K F A K I K N T H T N G V R L L A H V I Q K I G K E A I V I W G Q V P	
A.CI.88.UC2	-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----G-----C-----T-----C-----G-----G-----T-----G-----A-----A-----C-----C-----T-----G-----A-----A-----	4096
A.DE.x.BEN	---C---A---GAC---A---A---A---C---A---A---G---G---G---C---A---A---G---A---A---A---A---C---C---G---C---T---C---G---G---T---A---A---G---C---C---T---G---A---A---C---C---T---G---A---A-----	4096
A.DE.x.PE12	GA-----A-----A-----A-----A-----G-----G-----C-----A-----A-----A-----A-----C-----G-----C-----T-----G-----G-----T-----A-----A-----C-----C-----T-----GAA-----A-----	4064
A.GH.x.GH1	---A---A-----A---A---C---A---A---G---G---G---C---A---G---A---A---A---A---C---C---G---C---T---C---G---G---T---A---A---C---C---T---G---A---A-----	3540
A.GM.87.D194	---C---A-----G---A---C---A---G---G---G---GGG---T---A-----G---A---G-----A---T-----G---G---C-----G---A---G---C---A-----C---G---C-----T-----GAA-----G-----	3540
A.GM.x.ISY	GA-----A-----A-----G---A-----G---G---G---A-----T---A-----G---A-----A-----C-----C-----G---C-----GT---G---G---G---G---T---A---G---A-----C---C---T-----GAA-----A-----	3537
A.GM.x.MCN13	GA-----A-----A-----G---A-----G---G---G---T---A-----G---A-----A-----A-----C-----C-----G---C-----T---G---A---G---A-----C---C---T-----GAA-----A-----	3541
A.GM.x.MCR35	GA-----A-----A-----G---A-----G---G---G---T---A-----G---A-----A-----A-----C-----C-----G---C-----T---G---A---G---A-----C---C---T-----GAA-----A-----	3541
A.GW.86.FG	GA-----A-----A-----GG---A-----G---GG---G---T---C---GT---GA-----A-----A-----C-----C-----C---G---C-----T---G---G---T---A---G---A-----C---C---T-----G---A---A-----	3534
A.GW.87.CAM2CG	GA-----A-----A-----G---A-----G-----A---T---A-----G---A-----A-----A-----AC---C-----C-----C---A---T-----G---G---T---A-----A-----C---C---T---A-----GAA-----A-----T-----	4105
A.GW.x.ALI	GA-----A-----A-----A-----G---A-----G---G---A-----T---A-----G---A-----G---A-----A-----G---A-----C-----C-----C---G---C-----T---G---G---T---A-----A-----C---G---C-----T-----GAA-----A-----	4089
A.GW.x.MDS	GA-----A-----A-----G---A-----G---G---A-----CT---A-----A-----A-----G-----A-----C-----C-----C---C-----C---T---G---G---T---A-----A-----C---C---T-----GAA-----A-----	3540
A.IN.95.CR1K.147	GAC-----A-----A-----G---A-----G---G---A-----C---A-----A-----A-----G---G---A-----G---C-----G---C-----T---GC---G---G---T---G-----A-----C---C-----GAA-----A-----	3841
A.IN.x.NNVA	GAC-----A-----A-----A-----G---C---GG---A-----T---G---G---A-----C---A-----A-----A-----G-----A-----G---C-----C---G---C-----T---C---G---G---T---A-----A-----C---C-----G---GAA-----A-----	4090
A.SN.85.ROD	GA-----A---G-----A---A-----A-----G---A-----A-----T---A-----A-----A-----G---G---A-----C---C-----A---C-----T---G---G---G---T-----A-----C---C---T-----GAA-----A-----	3542
B.CI.88.UC1	-AC-TA-CA-----A---A---C-----T---G---G---A---T---G---TT---A-----A-----A-----G---T---A---C---C---C-----C---G---A-----C---G-----G---T-----A-----CC-----C-----G---A---A-----GT-----	4077
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	-A---TA---CA---C-----A---A---C-----T---G---GGA---T---GG---CC-----A-----A-----G---T---A---C---C-----C-----A-----C---G---G-----GG---C-----A-----T-----T-----G---AA---A-----TG-----	4072
B.CI.x.EHO	-A---TA---CA---A-----A---A---C---G-----T---G---G---T-----C---A-----A-----A-----G---T---A---C---C-----C-----C-----G---T-----G---C-----A-----T---G---C-----T-----G---A---A-----TG-----	4067
B.GH.86.D205	-AC-TA-CA-----A---A---C-----T---G---G---A---T---G---C---A-----A-----A-----G---T---A---C---G---C-----C---G---A-----C---G-----G---T-----C---A-----CC---C-----G---A---A-----GTG-----	4069
B.JP.81.KR020	-AC-TA-CA-----A---A---C-----C---T---G---G---G---C---A---G-----A-----A-----G---T---A---C---C---C-----C---A-----C---G-----C-----A-----C---G-----C-----T---G---C---C-----G---AA---A-----TG-----	3219
G.CI.92.ABT96	-A-TTA-----A---A---C---G-----T---G---A---G---C---A-----T---A-----A-----A-----C---C---A-----A---T-----G---T-----GG---C---A---R-----C---A---A-----A---AT---A---CTTC-----	3423
AB.CI.90.7312A	-ACTTA-CA---C-----A---A---C-----T---G---G---A---T---G---C---A-----A-----A-----G---T---A---C---C---C-----A---A---C-----G---C---A-----A-----T---G---T---T-----AA---A-----TG-----	4078
AB.CM.03.03CM_510_03	-AC-TA-CA-----A---A---C---G-----T---G---G---A---Y---G---GT---A-----A-----A-----G---T---A---C---C---C-----C---G---A---RA---RC---G-----G---T-----A-----CC---C-----G---A---A-----T-----	3208
U.FR.96.12034	-A---A---T-----A---A---C---C---G---C---T---G---GT-----GG---C---T---A-----C---G-----T-----A-----TC---C---GC-----GG-----G-----A-----C-----A---A-----A---AA---T-----TG-----	3578
MAC.US.x.17EC1	-----	4013
MAC.US.x.17EFR	-----	4013
MAC.US.x.1937	-----	3119
MAC.US.x.2065	-----	3119
MAC.US.x.251.1A11	-A-----	4012
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-----G-----	4014
MAC.US.x.251.BK28	-----T-----	3989
MAC.US.x.80035	-----	3119
MAC.US.x.97074	-----	2988
MAC.US.x.MAC239_87082	-----	3090
MAC.US.x.MN142	-----T-----	3499
MAC.US.x.SMM142B	-----T-----	3499
MAC.US.x.r80025	-----	2976
MAC.US.x.r90131	-----	3119
MNE.US.82.MNE.8	-A-----G-----A-----A-----A-----T-----	3481
MNE.US.x.MNE027	-A-----G-----A-----A-----A-----T-----	3481
SMM.SL.92.SL92B	-----A---A-----AG---G---T---GT---GG---T---C---G-----G---G-----A-----A-----A-----A---A---GT---C---G---TA-----G---T---A---G-----A---AGTC-----A-----A---ACA---TTT-----	3444
SMM.US.x.F236.H4	-----T---A---A-----G-----G-----T-----A-----A-----C---T---C-----C-----G---G-----A-----C-----A---T-----G-----G-----	4000
SMM.US.x.H9	-----T---A---A-----G-----A-----C-----C-----G---G-----A-----A---T-----G-----G-----	3486
SMM.US.x.PBJ14.15	-----T---A---A-----C-----C-----T---A-----A-----A-----C---T-----G---G-----A-----A---T-----G---G---G-----	3780
SMM.US.x.PBJA	-----T---A---A-----C-----C-----T---A-----A-----A-----C---T-----G---G-----A-----A---T-----G---G---G-----	3779
SMM.US.x.PBJ.143	-----T---A---A-----C-----C-----T---A-----A-----A-----C---T-----G---G-----A-----A---T-----G---G---G-----	3486
SMM.US.x.PBJ.6P6	-----T---A---A-----C-----G-----T---A-----A-----A-----C---T-----G---G-----A-----A---T-----G---G---G-----	3972
SMM.US.x.PGM53	-----T---A---A-----C-----G-----T---A-----A-----A-----C---T-----G---G-----G---A-----A---T-----G-----	3930
SMM.US.x.SME543	-----T---A-----A-----G---A-----G---C-----G---T---A-----A-----C---T---C-----G---G-----G---C---A---T-----G---G-----	4016
STM.US.x.STM	GA-----A-----C-----G---A-----T-----C---G-----A-----A---C-----A-----T---T-----G-----G---T-----G-----G---A-----A-----A-----	3660

Table with columns for accession numbers (e.g., MAC.US.x.239, Pol, A.CI.88.UC2), sequence alignments (letters A, C, G, T), and positions (4183, 4266, 4266, etc.).

MAC_US_x_239	TGTAATAAACAGTCAAAGAAGGAAAGCAGGATATATCACAGATAGGGCAAAAGCAAAGTAAAGTGTAGAACAGACTACTAATCAACAGCAGAATGGAAGCATTTCTCATGGCATTGACAGACTCAGGGCCAAAGGCAATATTATAGTAGATTACAATATGT	4353
Pol	S C N K Q S K E G K A G Y I T D R G K D K V K V L E Q T T N Q Q A E L E A F L M A L T D S G P K A N I I V D S Q Y	
A.CI.88.UC2	---C---G-----G---A-----G-A-----A-A-G-----G---G-A-----A---C---G-----C-A-G-C---GGC---C---G-----T-----TT---C---C-----C---G-----	4436
A.DE.x.BEN	---C---G-----G---A-----G-A-----A-A-----A---A-----C---G-G-----A---TC---GG---C---G-----C-----TT---C---C-----C---G-----	4436
A.DE.x.PE12	---C---GG---A-----G---A-----A-----A---G-G-----G---GGA-A-G---G---A---C---G-----A---C---CGCA---A---A-----T-----A---C-----C---G-----	4404
A.GH.x.GH1	---C---G-----G---A-----C-----G-G-----A-A-G-----G---AC---GA---C---G-----A---C---GGC---A---C-----G---T-----A---TT---C-----C---G-----	3880
A.GM.87.D194	---C---G-----G---A-----G---A-----A-G-G-----GG---G---A---G---A---AT---C---G-----C---A---C---GGC---C---G-----T---C-----TT---C-----C---G-----	3880
A.GM.x.ISY	---C---GG---A-----G---A-----A---A-----GGA-A---G---A---C---G-----A---C---GCA---G---A-----T---A---TC-----G-----C---G-----	3877
A.GM.x.MCN13	---C---GG---A-----G---A-----G---A-----A-G-G-----G---GGA-C---A---C---G-----A---C---GCA---C---A-----T---A---C-----G-----C---G-----	3881
A.GM.x.MCR35	---C---GG---A-----G---A-----G---A-----A-G-G-----G---GGA-C---A---C---G-----A---C---GCA---C---A-----T---A---C-----C---G-----	3881
A.GW.86.FG	---C---GG---A-----A-----A---A-G-G-----GG---A---G---A---C---G-----A---C---GCA---C---A-----T---A---T-----C---G-----	3874
A.GW.87.CAM2CG	---C---GG---A-----A-----G---A-----A-A-G-----G---A-AC---G---A---C---G-----G---A---C---GGC---C---A-----T---A---T-----C---G-----	4445
A.GW.x.ALI	---C---GG---A-----A-----A---A-G-G-----G---G---AC---G---A---C---G-----A---C---GGGC---G---A-----T---A---C-----C---G-----	4429
A.GW.x.MDS	---C---GG---A-----A-----G---A-----AA-G-G-----G---G---AC---G---A---C---G-----A---C---GCA---C---A-----T---A---T-----C---G-----	3880
A.IN.95.CR1K.147	---C---GG---A-----A---G-----G---A---C---A-G-G-----G---G---AC---G---A---C---G---T-----A---C---GCA---C---A-----T---A---C-----G-----	4181
A.IN.x.NNVA	---C---G-----A-----G---A-----A-G-G-----GG---G---AC---G---A---C---G-----A---C---GCA---C---A-----T---A---TC-----C---G-----	4430
A.SN.85.ROD	---C---GG---A-----A-----G---A-----A-G-G-----G---GAAAC---G---A---C---G-----C---A---C---GGC---C---A-----G---T---A---TT-----C---G-----	3882
B.CI.88.UC1	---C---C-G-GCC---G---G---A---G-----G-----C---A---A---T---G---T-----C---G-----A---A-----C---T-----GCAC-A---C-ACAG-T---A---C-A-TC---C---C-----C-----	4417
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56	---C---C-G-GCC---G---A---G-----G-----C---A---A---T---GG---G-----C---G---A---A-----C---T-----GCAC-A---C-ACAG-T---A---C-A-TC---C---C-----C-----	4412
B.CI.x.EHO	---C---G---C-----G-----G-----G-----C---A---G---T---T---CCA---G---A---A-----G-----G---T-----GCAC-A---C-ACAG---A---C---TC-----C-----	4407
B.GH.86.D205	---C---G-ACC---G---A---A-----G-----T---C---A---A---T---G---T---CA---G---A---A---C---G-----C---T-----GCAT-A---A---AA---C-A-TT---C---C-----	4409
B.JP.81.KR020	---C---GGACC---G---A---G-----G-----C---A---G---T---T---CA---G---A---A---C---G-----C---T-----GCAC-A---ACAG-T---A---C---TC-----C---G---C-----	3559
G.CI.92.ABT96	---C---ACC---C---G---R---A-----C---CG-----C---A---A-----G---R---C---G-----A---A---C---G---R---C---T---G-----GCA---C---CAG---T---A---TC-----C---R---C---G-----	3763
AB.CI.90.7312A	---C---C-G-ACC---G---A---G-----G-----G-----C---A---GG-----T---CCA---G---A---A-----C---T-----GCAC-A---C-ACAG-T---A---C-A-TC---C---C-----C-----	4418
AB.CM.03.03CM_510_03	---C---G---C-----A-----G-----G-----C---A---T---G---Y-----A---A-----A-----C---T-----GCAT-A---RCAG-T---R---A---C-A-TT---C---C-----	3548
U.FR.96.12034	---C---GGGCT---C---G-----C---G-G-----A---A-----G-----CCT-----C---C---C-----A---C---GCT---C---AGA---T---A---A---T---C---G-GAC-----A-----	3915
MAC_US_x_17EC1	4353
MAC_US_x_17EFR	4353
MAC_US_x_1937	3459
MAC_US_x_2065	3459
MAC_US_x_251_1A11G-----C-----A-----	4352
MAC_US_x_251_32H_PJ5	4354
MAC_US_x_251_BK28A-----A-----	4329
MAC_US_x_80035C-----	3459
MAC_US_x_97074	3328
MAC_US_x_MAC239_87082	3430
MAC_US_x_MN142	---G-----A-----C-----G-----	3839
MAC_US_x_SMM142B	---G-----A-----C-----G-----	3839
MAC_US_x_r80025	3316
MAC_US_x_r90131	3459
MNE_US_82_MNE_8G-----	3821
MNE_US_x_MNE027G-G---C-----	3821
SMM_SL_92_SL92B	---C---G-A-CAGT-----G-----C---A---A---G---CCTGCCA-----G---C---G-----GC---C-G---CC-GT-AT---C---A---T---TCCAAGT---TC---G-AG-ACG---C---G-----	3784
SMM_US_x_F236_H4	---GG-----G---A-----C---G-G-----A---G---G---GAC---C---C---G-----C---C-----G-----C---CTATC-A---C-AG---T---G---A---A-----C-----	4340
SMM_US_x_H9	---GG-----G---A---G---C---G-G-----A---G---G---GAC---C---C---G-----C---C-----G-----C---TATC-A---C-AG---T---A---A-----C-----	3826
SMM_US_x_PBJ14_15	---GG-----G---A---G---C---G-G-----A---G---G---GAC---C---C---G-----C---C-----G-----C---CTC-C-A-C-AG---T---A---A-----C-----	4120
SMM_US_x_PBJA	---GG-----G---A---G---C---G-G-----A---G---G---GAC---C---C---G-----C---C-----G-----C---CTA-C-A-C-AG---T---A---A-----C-----	4119
SMM_US_x_PBJ_143	---GG-----G---A---G---C---G-G-----A---G---G---GAC---C---C---G-----C---C-----G-----C---CTATC-A---C-AG---T---A---A-----C-----	3826
SMM_US_x_PBJ_6P6	---GG-----G---A---G---C---G-G-----A---G---G---GAC---C---C---G-----C---C-----G-----C---CTA-C-A-C-AG---T---A---A-----C-----	4312
SMM_US_x_PGM53	---GG---A---G---A---G---C---G-A-----A---G---G---C---CT---G-----C---C-----G-----C---CTATC-A---C-AG---T---A---C-----C-----	4270
SMM_US_x_SME543	---GG-----G---A---G---C---G-G---G-----G-----C---C---T-----C---C-----G-----C---CTATC-A---C-AG---T---G---A-----C-----	4356
STM_US_x_STM	---C---G-G---A---T-----C---C---A---T-----A---A---A-----CT-----C---C-----A-----GC-----C---G-G-----T-----A-----G-G-----C-----	4000

Pol RNase H end_Pol p31 Integrase start

MAC.US.x.239	TTCTCTTTG.GAAAGATAGCCAGCACAGAAGAACATGATAAATACCATAGTAATGTAAGAAATTTGGTATTCAAATTTGGATTACCCAGAATAGTGGCCAGACAGATAGTAGACACCTGTGATAAATGTATCAGAAAGGAGAGGCTATACATGGGCAGGCAAA	4692
Pol	Q V L F # L E K I E P A Q E E H D K Y H S N V K E L V F K F G L P R I V A R Q I V D T C D K C H Q K G E A I H G Q A	
A.CI.88.UC2	-A-T--C--G-A--T-C--G--A--T--C-A--GC--A-CCAT--A--CA-C--A-A--A--A--CCC--C-A--C--A--T--4775	
A.DE.x.BEN	-AT-A--C--A--C--T--G--A--T--C-T-A--C-AACCCAT--A--CTTC--A-A--A--T-A--CCC--C-A--A--C--A--T--4775	
A.DE.x.PE12	-AT-A--C--A--C--T--G--G--T--C--A--ATCCCAT--C-G--A-C--A--A--A--A--A--CCC--A--G--A--C--A--T--G--4743	
A.GH.x.GH1	-AT-G--C-A--G--C--C--A--T--C-A-G--C-AACCCAT--A--CA-C--A-A--A--A--A--A--CCC--C-A--A--C--A--T--4219	
A.GM.87.D194	-AT-A--C--A--C--T--G--C--A--T--C-A--C-AACCCAT--A--CA-C--A--A--A--A--A--A--CCC--C-A--A--C--A--T--4219	
A.GM.x.IS7	-AT-A--C-A--G-GA--C--T--G--GA--T--C--A--C-CCAT--G--A--ACC-G--A--A--A--A--A--A--CCC-G-C-A--A--G--A--C--4216	
A.GM.x.MCN13	-GT-G--C--A--C--T--G--G--C--C--C--ATCCCAT--G--A-T--A-A--A--A--A--A--CCC--A--G--A--G--A--T--G--4220	
A.GM.x.MCR35	-GT-G--C-A--A--C--T--G--G--C--C-A--C-ATCCCAT--A--G--A-T--A-A--A--A--A--A--CCC--A--G--A--G--A--T--G--4220	
A.GW.86.FG	-AT-A--C-A--G-A--A--C--G--G--A--T--C-A--C-TCCCAT--A--AGC--A--A--A--A--A--A--CCC-TGTG--A--G--A--T--4213	
A.GW.87.CAM2CG	-A-G--C-A--A--T--G--A--G--T--C--G--GC-ATGCCAT--ATA--CA-C--A--A--A--A--A--A--CCC--A--A--G--A--T--4784	
A.GW.x.ALI	-AT-G--TC-A--A--T--G--A--G--T--C--G--C-ATCCAT--A--ATC--A--A--A--A--A--A--CCC--G--G--A--T--G--4768	
A.GW.x.MDS	-AT-G--C-A--A--C--T--A--T--C--C--C-ATCCCAT--A--CA-C--A--A--A--A--A--A--CCC--A--G--A--T--4219	
A.IN.95.CR1K.147	-AT-G--C-A--A--C--T--G--A--T--C--C--C-ATCCCAT--A--A-C--A--A--A--A--A--A--CCC--A--A--T--4520	
A.IN.x.NNVA	-AT-G--C-A--A--C--T--AC--G--A--T--AC--G--C-ATCCCA--A--A-C--A--A--A--A--A--A--CCC--A--G--A--T--4769	
A.SN.85.ROD	-GT-G--C--A--C--T--G--A--T--C--C--C-TCTCAT--A--ATT--A-G-A--A--T-A--CCC--A--G--A--A--T--4221	
B.CI.88.UC1	---A--C-A--A--A--G--G--C--A--TCAT--C-C-ACAGT--A-A-A--A--A--T--C--A--A--G--A--G--T--A--T--4756	
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	---A--C-A--A--A--G--C--C--A--TCAT--A-C-ACAGT--A-A-A--A--A--T--C--A--A--G--A--T--A--T--4751	
B.CI.x.EHO	-C-A--TC-A--A--A--T--A--T--A--C-ACAT--GA-T-ACA-T--A--A--A--A--T--C--A--A--G--A--T--A--T--4746	
B.GH.86.D205	-CT-G--C-A--A--A--C--G--G--A--T--G--C--C--CCAT--C-A-T-ACA-T--A--A--A--A--T--C--A--A--G--A--T--A--T--4748	
B.JP.01.KR020	-C-G--TC-A--T--A--C--G--A--T--G--A--T-TCAT--A-T-ACA-T--A-A-A--A--A--T--C--A--A--G--A--T--TG--3898	
G.CI.92.ABT96	-A-A--R--A--A--T--A--R-TT--G--AACTCAT--G--CA-T-TCA-T--A-A-A--A--A--T--A-ACC-C-GT--C-A--A--C--T--A--T--4102	
AB.CI.90.7312A	---A--C-A--A--C--G--G--A--T--G--C--GC--TCAT--A-T-ACA-C--A-A-A--A--A--T--A--A--A--G--T--A--T--4757	
AB.CM.03.03CM.510_03	-CT-G--C-A--A--A--T--G--G--R--T--G--C--MC--CCAT--Y--M-C-ACA-T--R-A-A--A--A--T--Y--C--C--A--R--R--A--T--A--T--3887	
U.FR.96.12034	-A-G--TC-A--A--A--T--G--G--C--T--GC-ACAGCAT--TA--ACA-T--A--A--A--A--T--T--C--GTT--C--G--A--C--G--A--T--4254	
MAC.US.x.17EC1	-----	4692
MAC.US.x.17EFR	-----	4692
MAC.US.x.1937	-----	3798
MAC.US.x.2065	-----	3798
MAC.US.x.251.1A11	-----G-----	4691
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-----G-----G-----	4693
MAC.US.x.251.BK28	-----	4668
MAC.US.x.80035	-----	3798
MAC.US.x.97074	-----	3667
MAC.US.x.MAC239.87082	-----	RY-3769
MAC.US.x.MM142	-----AG-----CA-----	4178
MAC.US.x.SMM142B	-----AG-----CA-----	4178
MAC.US.x.r80025	-----	3655
MAC.US.x.r90131	-----	Y-3798
MNE.US.82.MNE.8	-----C-----A-----A-----	4160
MNE.US.x.MNE027	-C-----A-----A-----	4160
SMM.SL.92.SL92B	-C-G--C-A--GT-----C--C--T--C--G--A-CTCAG--A-AACA-C-ACA-T--A-T-A--A-TG-T--A-C--C-A--G--A--G--T--A--4123	
SMM.US.x.F236.H4	-C-A--AAA--A--A--G--A--G--A--G--C-----T--T-GC--A-A-A--A--A--A--C--C--C--A--C--A--T--4680	
SMM.US.x.H9	-C-A--A--A--A--G--G--G--A--C-----A--R-T--T-GC--A-A-A--A--A--A--C--C-T--A--Y--A--C--A--T--4165	
SMM.US.x.PBJ14.15	-C-A--A--A--A--G--G--G--A--C-----T--T-GC--A-A-A--A--A--A--A--C--C--A--C--A--A--T--4459	
SMM.US.x.PBJA	-C-A--A--A--A--G--G--G--A--C-----T--T-GC--A-A-A--A--A--A--A--C--C--A--C--A--A--T--4458	
SMM.US.x.PBJ.143	-C-A--A--A--A--G--G--G--A--C-----R-T--T-GC--A-A-A--A--A--A--A--C--C--A--Y--A--A--T--4165	
SMM.US.x.PBJ.6P6	-C-A--A--A--A--G--G--G--A--C-----A--T--T-GC--A-A-A--A--A--A--A--C--C--A--C--A--A--T--4651	
SMM.US.x.PGM53	-C-A--A--A--A--G--A--G--C-----TA--T-GC--A-A-A--A--A--A--A--C--C--A--C--A--T--4609	
SMM.US.x.SME543	-C-A--A--A--A--G--A--G--C-----TA--T-GC--A-A-A--A--A--A--A--C--C--A--C--A--T--4695	
STM.US.x.STM	-C-A--C-A--A--A--T--G--A--T--C--G--GC-A-C--G--CA--A-GC--A-A-AG--A--G--T--A--C--G--C--C--A--C--A--T--4339	

MAC.US.x.239
 Pol
 A.CI.88.UC2
 A.DE.x.BEN
 A.DE.x.PE12
 A.GH.x.GH1
 A.GM.87.D194
 A.GM.x.ISY
 A.GM.x.MCN13
 A.GM.x.MCR35
 A.GW.86.FG
 A.GW.87.CAM2CG
 A.GW.x.ALI
 A.GW.x.MDS
 A.IN.95.CR1K 147
 A.IN.x.NNVA
 A.SN.85.ROD
 B.CI.88.UC1
 B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56
 B.CI.x.EHO
 B.GH.86.D205
 B.JP.81.KR020
 G.CI.92.ABT96
 AB.CI.90.7312A
 AB.CM.03.03CM_510_03
 U.FR.96.12034
 MAC.US.x.17EC1
 MAC.US.x.17EFR
 MAC.US.x.1937
 MAC.US.x.2065
 MAC.US.x.251_1A11
 MAC.US.x.251_32H_PJ5
 MAC.US.x.251_BK28
 MAC.US.x.80035
 MAC.US.x.97074
 MAC.US.x.MAC239_87082
 MAC.US.x.MN142
 MAC.US.x.SMM142B
 MAC.US.x.r80025
 MAC.US.x.r90131
 MNE.US.82.MNE_8
 MNE.US.x.MNE027
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.x.F236_H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PBJ14_15
 SMM.US.x.PBJA
 SMM.US.x.PBJ_143
 SMM.US.x.PBJ_6P6
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.SME543
 STM.US.x.STM

```

TTCAGATCTAGGGACTTGGCAAATGGATTGTACCCATCTAGAGGGGAAAAAATCATAGTTGCAGTACATGTAGTGGATTCTAGAGAAGCAGAGGTAATCCACAAGAGACAGGAAGACAGACGACTATTTCTGTTAAAATTGGCAGGCAGATGGCCTATTACAC 4862
  N S D L G T W Q M D C T H L E G K I I I V A V H V A S G F I E A E V I P Q E T G R Q T A L F L L K L A G R W P I
-G-AA---CGT-----C-C-A-CT-A---C-T---A-----T-----A-C-C---G-AT---G-----C-C-A---C---CA-T-G---A-A---4945
-G-AA---CGT-----C-AC-A-CT-A---C-T---A-----T-A---C---G-AT---G-----C-C-A---C---CA-T-G---A-A-G---4945
-G-A--G-C-----C-C-A-CT-A---C-T---A-----T-A-C-G-T-----A-T-C---G-A-G---G-A---C-C-A---C---CA-T-G---A-A---4913
-G-AA---TGTC-----C-C-A-CT-A---G-C-T---A-----T-A---C---G-AT---G-----C-C-A---C---CA-T-G---A-A---4389
-G-AA---CGT-----C-C-A-CT-A---C-T---A---G---T-A-----A-C-C---G-AT---G-----C-C-A---C---CA-T-G---A-A---4389
-G-A--C-C-----C-C-A-CT-A---C-T---A-----T-A-----A-C-C---G-AT---G-A---G-----C-C-A---C---CA-T-G---A-A---4938
-G-AT---C-----C-C-A-CT-A---G-C-T---A-----T-A-----A-C-C---G-AT---G-----C-C-A---C---CA-T-G---A-A---4390
-G-AT---C-----C-C-A-CT-A---G-C-T---A-----T-A-----A-C-C---G-AT---G-----C-C-A---C---CA-T-G---A-A---4390
-G-A--C-C-----C-C-A-T---A---G-C-T---A-----T-A-----T-G---A-T-C---G-AT---G-A---G---CT-AC-G---C---CA-T-G---A-A---4383
-G-AG-G-C-C-----C-C-A-----C-----A-----T-A-----T-----A-C-C---G-AT---G-A---G-----C-C-A---C---TA---G---A-A---4954
-G-A--C-----C-C-A-CT-A---G-C-T---A---G---T-A-----T-----A-C-C---G-AT---G-A---G-----C-C-A---C---TA---G---A-A---4938
-G-CT---C-----C-C-T---A---G-C-T---A-----T-A-----T-----G-A---C-C---G-A---G-----C-C-A---C---TA-T-G---A-A---4389
-G-A--T-----C-C-A-T---A---G-C-T---A---G---T-A-----T-----G-A---C-C---G-A---G-----C-C---C-A---TA-T---A-A---4690
-G-AT---C-G-----C-C-A-T---A---G-C-T---A-----T-A-----T-G---A-C-C---G-AT---G-A---G-----C-C-A---GC-A---TA-T---A-A---4939
-G-A--C-----C-C-A-T---A---G-C-T---A-----T-A-----T-----A-C-C---G-AT---A---G-----C-C-A---G---C---A-T-G---A-A---4391
-G-A--A-A-A-G-----C-C-A-CT-A---GG-C-A---G---C-----C-----T-G-----A-C---A-A---A---T-C---C-----CA---C-----C---4926
-G-A--A-A-A-G-----C-C-A-CT-A---GG-C-A---G---C-----C-----G-----G-----A-C---A-A---A---A---T-C---C-----CA---C-----C---4921
--A--A--A-----C-C-A-T---A---GG-T-A---G---T-----C-----G-----A-C---A---A---T-C---C-----GC---CA---C-----C---4916
-G-C---A-A-G-----C-C-A-T---A---T-A---G---C-----C---G-T-----A---A-C---A---T-C---C---AC---G---CA---C-----C---4918
-G-A--A-A-G-----C-C-A-CT-A---T-A---G---C-----C---C-T-----A---A-C---A---T-C---C---C---CA---C-----C---4068
-G-AT-G-T-----C-C---T---A---G---A---T---G-C---C-TG-----A-C---A---A---G-A---T---C-----A---G-----C---4272
-G-A--A-A-----C-C-A-T---A---G---G-C---A---A---C-----C---G-T-----A---C---A---A---A---T-C---C-----GC---A---C-----C---4927
-G-A--A-A-G-----C-C-A-T---A---G---T---A---A---C-----C---G-Y-----AR---A-C---AT-----T-C---C-----G---CA---R-----C---4057
-A-AG---A-----C-----CT-----G-TG---C-G-----G-C---C-T-----A-G-C-G-G-A-T-T-G-A---C-G-C---AC---GC-A---A-G-----C-T---4424

```

MAC.US.x.239 POL	ATCTACACAGATAATGGTCTAACTTTGCTTCGCAAGAAGTAAGATGGTTGCATGGTGGGCAGGGATAGAGCACACCTTTGGGGTACCATACAATCCACAGAGTCAGGAGAGTAGTGGGAAGCAATGAATCACCACCTGAAAAATCAATAGATAGAATCAGGGAACAA	5032
T H L H T D N G A N F A S Q E V K M V A W W A G I E H T F G V P Y N P Q S Q G V V E A M N H H L K N Q I D R I R E		
A.CI.88.UC2	-CT-G-----C-----CC-C-CA-A-G-----A-----G-----T-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-----A-----A-G-----G-AG-----T-A-----G	5115
A.DE.x.BEN	-CT-G-----C-----CC-C-CA-A-G-----G-----G-----T-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-----A-----A-G-----G-AG-----T-A-----G	5115
A.DE.x.PE12	-C-G-----C-----C-CA-C-A-G-----G-----A-G-----A-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-A-----A-----T-A-----C-G-AGC-----T-A-----G	5083
A.GH.x.GH1	-CT-G-----C-----CT-C-CA-A-G-----G-----G-----AT-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-----A-----A-G-----G-AG-----T-A-----G	4559
A.GM.87.D194	-CT-G-----C-----CC-C-CA-A-G-----G-----G-----AT-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-----A-----A-G-----G-AG-----T-A-----G	4559
A.GM.x.TSY-A	-CT-G-----C-----C-CA-A-G-----G-----A-----T-C-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-----A-----A-G-----G-AG-----T-A-----G	4559
A.GM.x.MCN13	-CT-G-----C-----C-CA-A-G-----G-----A-----T-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-----A-----A-G-----G-AG-----T-A-----G	4560
A.GM.x.MCR35	-CT-G-----C-----C-CA-A-G-----G-----A-----T-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-----A-----A-G-----G-AG-----T-A-----G	4560
A.GW.86.FG	-C-G-----C-----C-CA-A-G-----G-----A-----T-T-----A-AT-----A-----G-T-----A-C-A-----A-----T-T-----A-----G-AG-----T-A-----G	4553
A.GW.87.CAM2CG	-CT-G-----G-----C-CA-A-G-----A-----A-----T-C-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-A-----A-----A-G-----G-AG-----T-A-----G	5124
A.GW.x.ALI	-CT-G-----G-----TC-CA-C-A-G-----A-----A-----TT-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-A-----A-----A-G-----G-AG-----T-A-----G	5108
A.GW.x.MDS	-CT-G-----C-----C-CA-A-G-----G-----A-----AT-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-C-A-----A-----C-----A-G-----G-AG-----T-A-----G	4559
A.IN.95.CR1K.147	-C-G-----C-----C-CA-A-G-----G-----G-----AT-T-----A-AT-----A-----T-----A-C-----A-----A-----T-A-----C-----AG-----A-G-----G	4860
A.IN.x.NNVA	-C-G-----A-----C-CA-A-G-----G-----A-----T-T-----A-AT-----A-----T-----A-C-----G-----A-----T-A-----C-----AG-----A-G-----G	5109
A.SN.85.ROD	-CT-G-T-----C-----C-CA-A-G-G-----A-----A-----AT-T-----A-AT-----A-----T-----C-----A-----A-----C-----A-----AG-----A-----G	4561
B.CI.88.UC1	-C-G-----C-----C-CA-C-A-----G-----G-----CG-C-----AT-----A-A-----C-----C-T-C-----A-----A-----C-----T-----A-----C-----C-----G	5096
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56	-C-G-----C-----C-CA-C-A-----T-----G-----G-----C-----T-----A-----C-----C-T-C-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----C-----C-----G	5091
B.CI.x.EH0	-C-G-----C-----C-CA-A-----T-----G-----A-----CA-C-----AT-----A-----A-----C-----A-----G-----C-----T-----G-----A-----A-----C-----T-----G	5086
B.GH.86.D205	-C-----C-----C-CA-C-A-C-AGT-----A-----C-----T-----A-----A-----T-----A-----C-----T-C-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----C-----G	5088
B.JP.81.KR020	-C-----C-----C-CA-A-----C-----G-----A-----CA-C-----AT-----AG-----A-----G-----C-----A-----T-----T-----C-----A-----A-----C-----T-----A-----G	4238
G.CI.92.ABT96	-C-----T-----C-----C-CA-C-----G-----G-----A-----C-----T-----C-----AG-A-----A-----A-----C-----C-----A-----G-----A-----T-----T-----A-----G-----A-----A-----T-----A-----T-----	4442
AB.CI.90.7312A	-CT-G-----C-----C-CA-A-----T-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----C-----C-----A-----A-----A-----T-----T-----A-----G-----G-----A-----T-----G	5097
AB.CM.03.03CM_510_03	-C-G-----C-----C-CA-C-A-----T-----G-----A-----C-----T-----A-----A-----G-----A-----C-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----A-----G-----AGC-----C-----A-----Y-----	4227
U.FR.96.12034	-T-G-----C-----C-CA-A-----G-----A-----T-----T-----T-----A-----C-----T-----C-----G-----A-----C-----A-----G-----A-----C-----T-----A-----G-----C-----G-----A-----G	4594
MAC.US.x.17EC1	5032
MAC.US.x.17EFR	5032
MAC.US.x.1937	4138
MAC.US.x.2065	4138
MAC.US.x.251.1A11	5031
MAC.US.x.251.32H.PJ5C-----	5033
MAC.US.x.251.BK28C-----	5008
MAC.US.x.80035	4138
MAC.US.x.97074	4007
MAC.US.x.MAC239_87082	4109
MAC.US.x.MN142G-----	4518
MAC.US.x.SMM142BG-----	4518
MAC.US.x.r80025	3995
MAC.US.x.r90131	4138
MNE.US.82.MNE.8C-----	4500
MNE.US.x.MNE027C-----A-----	4500
SMM.SL.92.SL92BG-T-----C-C-----C-T-CA-C-C-G-G-G-----A-----TT-AG-G-A-GT-----A-----G-----C-----A-----A-----A-----C-G-CTTA-T-T-G-AA-C-----A-----A-----	4463
SMM.US.x.F236.H4G-T-----C-T-----C-T-CA-A-A-----G-----A-----C-----R-----T-----A-----G-----R-----G-----T-----T-----C-----A-----A-----A-----C-----T-----TT-A-----CC-----G-----T-----A-----	5020
SMM.US.x.H9G-T-----C-T-----C-T-CA-A-A-----G-----A-----T-----R-----T-----A-----G-----R-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----CC-----G-----T-----A-----G	4505
SMM.US.x.PBJ14.15G-T-----C-T-----C-T-CA-A-A-----G-----A-----T-----R-----T-----A-----G-----R-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----CC-----G-----T-----A-----G	4799
SMM.US.x.PBJAG-T-----C-T-----C-T-CA-A-A-----G-----A-----T-----R-----T-----A-----G-----R-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----CC-----G-----T-----A-----G	4798
SMM.US.x.PBJ.143G-T-----C-T-----C-T-CA-A-A-----G-----A-----T-----R-----T-----A-----G-----R-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----CC-----G-----T-----A-----G	4505
SMM.US.x.PBJ.6P6G-T-----C-T-----C-T-CA-A-A-----G-----A-----T-----R-----T-----A-----G-----R-----T-----T-----C-----A-----G-----G-----C-----T-----A-----CC-----G-----T-----A-----G	4991
SMM.US.x.PGM53G-T-----C-T-----C-T-CA-A-A-----G-----A-----C-----A-----T-----G-----C-----T-----T-----A-----CC-----G-----T-----A-----G	4949
SMM.US.x.SME543G-T-----C-T-----C-T-CA-A-A-----G-----A-----C-----A-----T-----G-----C-----T-----T-----A-----CC-----G-----T-----A-----G	5035
STM.US.x.STM	-C-G-----G-----C-----CA-C-----G-G-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----A-----T-----C-----A-----C-----C-----T-----TT-A-----G-----CC-----G-----C-----T-----A-----T-----	4679

Strain	Sequence	Position
MAC_US.x.239	CTATTACAGAGAAGGCAGAGATCAACTGTGGAAGGGACCCGGTGAGCTATTGTGGAAGGGGAAAGGAGCAGTCATCTTAAAGGTAGGGACAGACATTAAAGGTAGTACCCAGAAAGAAAGGCTAAAATTATCAAGATTATGGAGGAGGAAAAGAGGTGGATAGCAGTTC	5372
Pol	V Y Y R E G R D Q L W K G P G E L L W K G E G A V I L K V G T D I K V V P R R K A K I I K D Y G G G K R W I A V P	
Vif	M E E E K R W I A V P	
A.CI.88.UC2	-----G-----A-C-T-A-A-C-----G-A-----G-AG-C-----G-----A-A-----A-G---C-G---GG-C-----A-GC---C-----T---C---5455	
A.DE.x.BEN	-----G-----A-T---A-C-----G-A-----G-AG-C-----G-----A-A-----A-G---C-G---GG-C-----A-C-G-AC-----T---C---5455	
A.DE.x.PE12	-----T-----G-----A-T-G-A-C-----G-A-T-----AG-C-----G-----A-AA-----G-A-----G-A-----G-C-----G-C-----A-GCG-----T---C---5423	
A.GH.x.GH1	-----G-----A-T---A-C-----G-A-C-----AG-C-----G-----A-A-----A-A-----G---C-G---GG-C-----A-GC---AC-----TTCCA-----4899	
A.GM.87.D194	-----G-----A-T---A-C-----G-A-C-----AG-C-----G-----A-A-----A-A-----G---C-G---GG-C-----A-GC---AC-----TTCCA-----4899	
A.GM.x.ISY	-----T-----A-----C-A-----T-G-C-----G-A-C-----AG-C-----T-----T-A-A-----A-A-----G---C-G---GG-C-----CC-A-GC---A-----G-----4896	
A.GM.x.MCN13	-----T-----G-----A-----G-A-C-----G-A-C-----AG-C-----A-----A-A-----A-A-----G---G-A-----C-G---GG-C-----A-GC---AC-----TG-----4900	
A.GM.x.MCR35	-----T-----G-----A-----G-A-C-----G-A-C-----AG-C-----A-----A-A-----A-A-----G---G-A-----C-G---GG-C-----A-GC---AC-----TG-----4900	
A.GW.86.FG	-----T-----G-----A-----T-G-A-GC-----G-A-C-----AG-C-----A-----A-A-----A-A-----G---G-A-----C-G---GG-C-----A-GC---A-----TG-----4893	
A.GW.87.CAM2CG	-----T-----GT-----A-----T-G-A-C-----G-A-C-----AG-C-----A-----T-A-AA-----A-A-----G---G-A-----C-G---GG-C-----A-GC---C-----5464	
A.GW.x.ALI	-----G-----G-----A-----T-G-C-----G-A-C-----AG-T-----A-----A-A-----A-A-----G---G---C-G---GG-C-----A-GC---C-----TG-C---5448	
A.GW.x.MDS	-----T-----GT-----A-----T-G-C-----G-A-C-----AG-C-----A-----A-AA-----A-A-----G---C-G---GG-C-----A-GC---CA-----TG-C---4899	
A.IN.95.CR1K.147	-----T-----GT-----A-----T-G-A-C-----G-A-C-----AG-----A-----A-AA-----A-A-----G---G-A-----C-G---GG-C-----A-C---A-----TG-C---5200	
A.IN.x.NNVA	-----T-----GT-----A-----T-G-A-C-----G-T-C-----G-AG-C-----A-----A-AA-----A-A-----G---G-A-----C-G---GG-C-----A-GC---A-----TG-C---5449	
A.SN.85.ROD	-----T-----GT-----A-----T-G-A-C-----G-A-C-----C-AG-C-----A-----A-AA-----A-A-----G---G-A-----C-G---GG-C-----A-C---A-----TG-----4901	
B.CI.88.UC1	-----C-----A-----T-----C-----A-----G-C-A-----A-----G-A-----A-G---C-A-GGC-----G-----AT-----T-TG---A-----G-----5436	
B.CI.09.pPRD320-20HIV2.56	-----C-----T-----T-----A-----A-----G-C-A-----A-----G-A-----G---C-A-GGC-----A-----AT-----T-TG---G-----G-----5431	
B.CI.x.EH0	-----C-----T-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---C-A-GGC-----A-----AT-----T-----G-----5426	
B.GH.86.D205	-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A-A-G---C-A-GGC-----GAT-----T-T---G-----G-----5428	
B.JP.01.KR020	-----T-----C-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----G---A-A-G---GA-----AT-----T-----G-----A-----4578	
G.CI.92.ABT96	-----C-G-C-----A-----T-----T-----A-----A-----A-C-A-----T-----A-----A-----C-A-----A-----A-----4782	
AB.CI.90.7312A	-----C-----T-----A-----G-----A-----A-----G-C-A-----A-----A-----G---C-A-GGC-----G-----AT-----T-T---A-----G-----5437	
AB.CM.03.03CM.510_03	Y-----C-----T-----A-----R-----A-----A-----A-----G-----A-----A-----G---C-A-GGC-----GAT-----T-T---G-----G-----4567	
U.FR.96.12034	-----C-T-----A-C-A-CA-CT-C-----G-A-----G-C-TA-T-----A-----G-----A-A-G---C-G-----AT-----T-----A-----4934	
MAC_US.x.17EC1	-----G-----	5372
MAC_US.x.17EFR	-----G-----	5372
MAC_US.x.1937	-----G-----	4478
MAC_US.x.2065	-----G-----	4478
MAC_US.x.251.1A11	-----G-----	5371
MAC_US.x.251.32H.PJ5	-----G-----	5373
MAC_US.x.251.BK28	-----G-----	5348
MAC_US.x.80035	-----G-----	4478
MAC_US.x.97074	-----G-----	4347
MAC_US.x.MAC239.87082	-----G-----	4449
MAC_US.x.MM142	-----G-----	4858
MAC_US.x.SMM142B	-----G-----	4858
MAC_US.x.r80025	-----G-----	4355
MAC_US.x.r90131	-----G-----	4478
MNE_US.02.MNE.8	-----G-----A-----T-----G-----	4840
MNE_US.x.MNE027	-----G-----A-----T-----G-----	4840
SMM.SI.92.SI.92B	T-----A-----C-----A-----A-CA-----CC-C-----A-----G-T---TG-AA-T-----A-A-A-G-----A-----A-A-----C-----A-GC---A-----G-----G-A-----4803	
SMM_US.x.F236.H4	-----C-G-----A-----C-----G-C-----A-----G-G-A-----A-----G---C-----C-----A-----AT-----TG-----5360	
SMM_US.x.H9	-----C-G-----A-----C-----G-C-----A-----G-G-A-----A-----G---C-----C-----A-----AT-----TG-----4845	
SMM_US.x.PBJ14.15	-----C-G-----A-----C-----G-C-----A-----G-G-A-----A-----G---C-----C-----A-----AT-----TG-----5139	
SMM_US.x.PBJA	-----C-G-----A-----C-----G-C-----A-----G-G-A-----A-----G---C-----C-----A-----AT-----TG-----5138	
SMM_US.x.PBJ.143	-----C-G-----A-----C-----G-C-----A-----G-G-A-----A-----G---C-----C-----A-----AT-----TG-----4845	
SMM_US.x.PBJ.6P6	-----C-G-----A-----C-----G-C-----A-----G-G-A-----A-----G---C-----C-----A-----AT-----TG-----5331	
SMM_US.x.PGM53	-----C-G-----A-----C-----G-C-----A-----G-G-A-----A-----G---C-----C-----A-----AT-----TG-C---5289	
SMM_US.x.SME543	-----C-G-----GA-----C-----G-----A-----G-G-A-----C-----A-----AT-----TG-----5375	
STM_US.x.STM	-----G-----A-----G-----G-----A-----A-G-----C-----TG-----5019	

Pol, Gag-Pol, and p31 Integrase end

```

MAC.US.x.239 ACATGGAGGATACCGAGAGGCTAGA...GAGGTGGCATTGCCTATAAAATCTGAAATATAAAACTAAAGCTACAAAAGGTTTGCATGTGCCCATTTAAAGTCGGATGGCGATGGACCTGCAGCAGAGTAATCTCCACTACAGGAAGGACCCATTT 5539
Pol S H M E D T G E A R E V A
Vif T W R I P E R L E R V H S L I K Y L K Y K T K D L Q K V C Y V P H F K V G W A W W T C S R V I F P L Q E G S H L
A.CI.88.UC2 -C -G -A -G -A -G -AA -GC -TG -C -C -A -C -G -A -C -G -G G G -GC -T -CCAC -G -T -G -A -A -G -A -T -C -C 5622
A.DE.x.BEN -C -G -A -G -A -G -AA -GC -TG -C -G -C -G -A -C -G -G G -GC -T -CCAC -G -T -G -A -G -A -T -C -C 5622
A.DE.x.PE12 -T -G -A -G -A -G -A -T -TG -C -G -A -C -G -A -C -G -G G -GC -T -CCA -G -T -G -A -A -T -C -C 5590
A.GH.x.GH1 TGGA -GT -CC -GG -AG -A -G -T -TG -C -G -C -A -C -G -A -G -C -G -G G -GC -T -CCAC -G -T -G -A -G -A -T -C -C 5066
A.GM.87.D194 -C -G -A -G -A -G -AA -GC -TG -C -G -C -G -A -C -G -A -C -G -G G -GC -T -CCAC -G -T -G -A -G -A -T -C -C 5066
A.GM.x.ISY -C -G -A -G -A -G -AA -GC -TG -C -G -A -C -G -A -C -G -G G -GC -T -CCA -G -G -T -G -A -G -A -T -C -C 5063
A.GM.x.MCN13 -T -G -A -G -A -G -A -G -AA -TG -C -G -A -C -G -A -C -G -G G -GC -T -CCA -A -A -T -G -A -G -A -T -C -C 5067
A.GM.x.MCR35 -T -G -A -G -A -G -A -G -AA -TG -C -G -A -C -G -A -C -G -G G -GC -T -CCA -A -A -T -G -A -G -A -T -C -C 5067
A.GW.86.FG -TT -G -A -G -A -G -A -G -A -TG -C -G -C -T -A -C -G -A -C -G -G G -GC -T -CA -G -G -T -G -A -G -A -T -C -C 5060
A.GW.87.CAM2CG -C -G -A -G -A -G -A -G -A -TG -C -G -A -C -G -A -C -G -G G -GC -T -CCA -A -T -G -A -G -A -T -C -C 5631
A.GW.x.ALI -T -G -A -G -A -G -A -G -A -TG -C -G -C -A -G -C -G -A -C -G -G G -GC -T -CCA -G -T -G -A -G -A -T -C -C 5615
A.GW.x.MDS -T -G -A -G -A -G -A -G -A -TG -C -G -T -A -C -A -C -G -G G -GC -C -CCA -G -T -G -A -G -A -T -C -C 5066
A.IN.95.CR1K.147 -T -A -G -A -G -A -G -A -T -TG -C -G -A -C -A -C -G -G G -GC -C -CCA -G -G -T -G -A -A -CAAT -T -CA 5367
A.IN.x.NNVA -T -G -A -G -A -G -A -G -A -TG -C -G -A -C -A -C -G -G G -GC -C -CCA -G -G -T -G -A -A -CA -CAAT -A -CC 5616
A.SN.85.ROD -C -G -A -G -A -G -A -G -AA -TG -C -G -A -C -A -G -G -G G -GC -T -CCA -G -T -G -A -A -G -AAC -T -C 5068
B.CI.88.UC1 -G -A -GC -A -GC -AA -C -T -GG -C -G -C -GC -G -A -GT -G -C -C -CT -C -T -CCAC -G -C -T -T -A -A -A -GCAT -C 5603
B.CI.09.pPRD320-20HIV2.56 -G -A -GC -A -GC -AA -C -T -GG -C -G -C -GC -G -A -GT -G -C -C -CT -C -T -CCAC -A -C -T -T -A -A -A -GCAT -C 5598
B.CI.x.EHO -G -A -GC -A -GC -AA -C -T -A -T -G -GC -G -A -GT -G -C -C -CT -T -T -CCA -A -T -T -T -A -T -C -GA -A -GCA -C 5593
B.GH.86.D205 -G -A -GC -A -GC -AA -C -T -G -T -G -T -G -G -A -GG -AT -G -C -C -CT -T -T -CCAC -A -T -T -T -A -A -C -CA -GCATGGC 5595
B.JP.01.KR020 -G -A -GC -A -GC -AA -C -T -AG -C -C -G -A -A -T -GG -C -CACT -T -T -CCA -A -T -T -T -A -A -C -A -A -GCAT -C 4745
G.CI.92.ABT96 -G -A -GC -A -G -A -T -G -T -G -T -T -A -G -T -A -C -G -G -CGGTT -T -T -CAC -A -T -T -T -G -A -T -ACAA -A -GCA 4949
AB.CI.90.7312A -G -A -A -GC -AA -C -T -AG -C -G -GC -G -A -GG -AT -G -C -C -CT -C -T -CCAC -G -C -T -T -T -A -C -A -G -GCATGCC 5604
AB.CM.03.03CM.510_03 -G -A -A -GC -AA -C -T -G -C -C -T -G -A -GG -GT -G -C -C -CT -C -T -CCAC -R -T -T -T -T -A -T -C -G -CA -R -GCAY -CC 4734
U.FR.96.12034 -T -G -G -AGA -T -A -CTC -G -C -C -C -G -C -A -G -G -G -A -G -T -CAC -A -T -T -T -G -A -T -T -A -AA -TCA 5100
MAC.US.x.17EC1 ..... 5539
MAC.US.x.17EFR ..... 5539
MAC.US.x.1937 ..... T ..... K ..... 4645
MAC.US.x.2065 ..... 4645
MAC.US.x.251.1A11 ..... 5538
MAC.US.x.251.32H.PJ5 ..... A ..... 5540
MAC.US.x.251.BK28 ..... C ..... 5515
MAC.US.x.80035 ..... 4645
MAC.US.x.97074 ..... 4514
MAC.US.x.MAC239.87082 ..... 4616
MAC.US.x.MM142 ..... T ..... C ..... CA ..... 5025
MAC.US.x.SMM142B ..... T ..... C ..... CA ..... 5025
MAC.US.x.r80025 ..... C ..... 4502
MAC.US.x.r90131 ..... CA ..... A - AA - A ..... 4645
MNE.US.02.MNE.8 ..... CA ..... A - A - G ..... 5007
MNE.US.x.MNE027 ..... 5007
SMM.SI.92.SI.92B GT ..... CAGTAGA -AA -TGGA -C -C -TG -T -TC -AT -G -A -G -G -G -G -A -CC -A -CAC -A -A -AC -AGC -TCT -G -G -T -CT -GG -G -T -C 4973
SMM.US.x.F236.H4 -T -T -C -C -C -C -C -G -T -C -T -CA -A -T -AG -T -AG -CT 5527
SMM.US.x.H9 -T -T -G -A -C -C -C -C -C -G -C -T -A -CA -A -T -T -GT -AG -T -AG -CT 5012
SMM.US.x.PBJ14.15 -T -T -G -A -C -C -C -C -C -G -C -T -A -CA -A -T -T -A -T -A -G -CT 5306
SMM.US.x.PBJA -T -T -G -A -C -C -C -C -C -G -C -T -A -CA -A -T -T -A -T -A -G -CT 5305
SMM.US.x.PBJ.143 -T -T -G -A -C -C -C -C -C -G -C -T -A -CA -A -T -T -GT -AG -T -AG -CT 5012
SMM.US.x.PBJ.6P6 -T -T -G -A -C -C -C -C -C -G -C -T -A -CA -A -T -T -T -A -T -A -G -CT 5498
SMM.US.x.PGM53 -T -T -A -G -A -C -C -CT -T -G -G -C -G -C -T -A -CA -A -T -T -AGA -T -A -T -CT 5456
SMM.US.x.SME543 -T -T -G -A -C -C -C -C -G -C -G -T -C -CA -A -T -T -T -T -T -AG -TAAG -CT 5542
STM.US.x.STM -C -T -A -G -C -G -AGC -CA -CCA -T -G -T -T -T -G -T -T -CT -G -A -G -A -G -CA -CC 5186

```

MAC.US.x.239	AGAAGTACAAGGGTATTGGCATTGACACCAAGAAAAGGGTGGCTCAGTACTTATGCAGTGGGATAACCTGGTACTCAAGAAGCTTTGGACAGATGTAACACCAAACTATGCAGACATTTACTGCATAGCACTTATTTCCCTTGCTTTACAGCGGGAGAAGTGAGAA	5709
Vif	E V Q G Y W H L T P E K G W L S T Y A V R I T W Y S K N F W T D V T P N Y A D I L L H S T Y F P C F T A G E V R	
A.CI.88.UC2	---GA---G-CA---A-CC-A-G-----A-----TCCT-C-T---A-AC-----TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----CC-A-A-----C-----TG-----G-G-A-T-----A-----	5792
A.DE.x.BEN	---A---G-CA---A-CC-A-----A-----TCCT-C-----A-AT-----TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----CC-A-A-----T-----G-A-T-----A-----	5792
A.DE.x.PE12	---GA---G-CA---A-CC-A-----A-----TCCT-----A-A-----TA-G-GG-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----T-----T-----G-A-T-----A-----	5760
A.GH.x.GH1	---GA---G-CA---A-CC-A-G-----A-----TCCT-C-T---A-A-----TA-G-A-GG-C-----T-C-G-G-----CC-A-A-----T-----G-A-T-----A-----	5236
A.GM.87.D194	---GA---G-CA---A-CC-A-----A-----TCCT-C-T---A-A-T-----TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-C-----T-----G-A-T-----A-----	5236
A.GM.x.ISY	---GA---G-CA---A-CC-A-----A-----TCCT-----A-A-G-T-----G-AGGG-C-----T-C-G-G-----CCC-A-A-C-----T-----G-A-T-----A-----	5235
A.GM.x.MCN13	---A---G-CA---A-CC-A-G-----A-----TCCT-----T-A-A-G-T-----TA-GG-A-GG-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-C-----T-----G-A-T-----A-----	5237
A.GM.x.MCR35	---A---G-CA---A-CC-A-G-----A-----TCCT-----T-A-A-G-T-----TA-GG-A-GG-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----T-----G-A-T-----A-----	5237
A.GW.86.FG	G-GA---G-CA---A-C-A-----A-----TCCT-C-CT---A-A-T-----TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----T-CCC-A-A-----T-----G-A-T-----A-----	5230
A.GW.87.CAM2CG	---GA---G-CA---A-C-A-----A-----TCCT-----A-A-G-T-----A-G-A-G-C-----C-C-G-G-----CCC-A-A-----T-----T-----G-A-G-----A-----	5801
A.GW.x.ALI	---GA---G-CA---A-CC-A-----A-----TCCT-----A-A-T-----TA-G-A-G-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-G-----T-----T-----G-A-T-----A-----	5785
A.GW.x.MDS	---GA---G-CA---A-CC-A-----A-----TTCCT-A-----A-C-G-T-----A-G-A-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-----T-----G-A-T-----CA-----	5236
A.IN.95.CR1K.147	---GA---G-CA---A-C-A-----G-----A-----TTCCT-----A-----A-G-T-----A-G-T-C-----T-C-G-G-A-----TCCC-A-A-----G-----G-----A-T-----A-----	5537
A.IN.x.NNVA	---GA---G-CA---A-C-A-----A-----TTCCT-----A-A-T-----TA-G-A-A-C-----T-C-G-G-----TCCC-A-A-G-----G-----G-----A-T-----A-----	5786
A.SN.85.ROD	---GA---G-CA---A-C-A-----A-----TCCT-----T-A-A-C-T-----A-G-A-G-C-----T-C-G-G-----TG-CC-A-A-----G-----G-----A-T-----A-----	5238
B.CI.88.UC1	---G-C-----A-C-----C-G-----GG-A-TCT-G-CT-C-----T-A-A-AC-A-----TAA-G-G-AT-----G-----TG-GTG-----CAGC-----G-GT-----T-----CAAT-----A-G-----	5773
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	---GA-C-G-----A-C-----C-G-----GG-ACTCT-A-T-C-----T-----A-A-----AG-G-G-AC-----T-----TG-TGTG-----CAGC-T-----G-GT-----T-----CAAT-----A-G-----	5768
B.CI.x.EHO	---C-----A-C-----A-CC-C-----GG-A-TCT-G-T-C-----T-A-AC-A-----TGAG-G-G-AT-----T-----TG-TGTA-----CGA-----G-GT-----T-CG-----TAAT-----A-G-----	5763
B.GH.86.D205	---C-----A-----A-CC-A-C-----GG-A-TCT-G-CT-C-----T-A-AC-A-----TGAG-G-AT-----T-----TG-TGTG-----CAGC-----G-GT-----T-----CAAT-----A-G-----	5765
B.JP.81.KR020	---GA-C-----A-----A-CC-C-G-----GG-A-TC-G-G-C-----T-A-AC-A-----TAAG-A-GT-C-AT-----G-----TG-TGTA-----CACC-T-----G-GT-----TT-----TAAT-----A-G-----	4915
G.CI.92.ABT96	G--A-----A-C-----C-T-----G-A-T-A-CCAG-----A-AT-----A-----GA-A-AT-----G-----G-GACA-----TCAA-T-----G-AT-----TGA-----T-T-----A-----	5119
AB.CI.90.7312A	---G-C-----A-C-----C-G-----GG-A-TCT-G-T-C-----T-----AT-A-----TGA-G-G-AC-----T-----TG-TGTG-----CAGC-T-----G-G-----T-----CAAT-----A-G-----	5774
AB.CM.03.03CM_510_03	---R-C-----A-----A-CC-A-C-G-----GG-ACTCT-G-C-C-----T-A-AC-A-----YGAG-G-AT-----G-----TG-TGTG-----CAGC-----G-GT-----T-----CAAT-----A-G-----	4904
U.FR.96.12034	G-G-G-----CC-----A-----G-G-A-----ATCCT-----A-T-----T-----A-----GAGGT-----TG-T-GC-----CAA-----G-G-G-----T-----T-----G-----	5270
MAC.US.x.17EC1	-----	5709
MAC.US.x.17EFR	-----	5709
MAC.US.x.1937	-----G-----G-----	4815
MAC.US.x.2065	-----A-----G-----R-----	4815
MAC.US.x.251.1A11	-----G-----T-----G-----R-----RY-----	5708
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-----G-----G-----	5710
MAC.US.x.251.BK28	-----G-----G-----	5685
MAC.US.x.80035	-----G-----Y-----	4815
MAC.US.x.97074	-----G-----	4684
MAC.US.x.MAC239_87082	-----G-----	4786
MAC.US.x.MN142	-----A-----G-----G-----G-A-----T-----	5195
MAC.US.x.SMM142B	-----A-----G-----G-----G-A-----T-----	5195
MAC.US.x.r80025	-----A-----M-----Y-----	4672
MAC.US.x.r90131	-----	4815
MNE.US.82.MNE.8	-----A-----A-----G-----C-----A-----G-----G-----G-----	5177
MNE.US.x.MNE027	-----A-----A-----G-----G-----	5177
SMM.SL.92.SL92B	G-G-----T-----C-----A-----C-----C-----A-----T-ATCA-GC-----T-----T-----T-----G-A-A-----C-----G-TGTA-----TCAG-----GCA-----T-----G-----CAC-CG-----C-----	5143
SMM.US.x.F236.H4	G-C-----A-----A-----G-----GR-----A-----A-----A-----C-GA-T-C-----C-----G-T-----C-----G-----T-----A-----AC-G-----	5697
SMM.US.x.H9	G-----A-----A-----A-----A-----A-----C-GA-T-C-----C-----G-----G-----T-----T-----A-----AC-----	5182
SMM.US.x.PBJ14.15	G-----G-----A-----A-----G-----GR-----A-----A-----C-GA-T-C-----C-----G-----G-----T-----T-----A-----AC-----	5476
SMM.US.x.PBJA	G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-GA-T-C-----C-----G-----G-----T-----T-----A-----AC-----	5475
SMM.US.x.PBJ.143	G-----G-----A-----A-----G-----GR-----A-----A-----C-GA-T-C-----C-----G-----G-----T-----T-----A-----AC-----	5182
SMM.US.x.PBJ.6P6	G-----G-----A-----A-----G-----G-----A-----A-----C-GA-T-C-----C-----G-----G-----T-----T-----A-----AC-----	5668
SMM.US.x.PGM53	G-----A-----A-----G-----A-----A-----A-----C-GA-A-C-----G-----G-----T-----C-----G-----T-----A-----AC-----	5626
SMM.US.x.SME543	G-----A-----A-----A-----A-----C-----A-----A-----C-GA-T-C-----C-----G-T-G-----C-----C-----T-----A-----ACA-----	5712
STM.US.x.STM	-----T-----A-----A-----A-----A-----GAA-----T-----T-----TA-C-GA-T-C-----T-----G-----G-----TCAGC-----G-----	5356

Accession	Sequence	Position
MAC.US.x.239	GGGCCATCAGGGGAGAAACAACGCTGTCTTGCTGTCAGGTTCCCGAGAGCTCATAAGTACCAAGTCAACAGGCTACAGTACTAGCACTGAAAGTAGTAAGC	5873
Vpx	GATGTCAGATCCAGGGAGAGAATCCACCTGGAAACAGTGGAGAGAGACAATAGGAGAGGC	5873
Vif	M S D P R E R I P P G N S G E E T I G E A	
A.CI.88.UC2	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AC-AT--CCA-----AGCA-----TCA-T-A--C--C-AGTG--GCAACAA.-A-A--C---A-A-GG--G-A-----C-T-----	5959
A.DE.x.BEN	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AC-AT--CCA-----AGCA-----TCA-T-A--C--C-AGT-----A-A-GG-A-G-A-----C-T-----	5959
A.DE.x.PE12	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AT-A--CCA-C--GA-CTA--GTTA-C-A--TTC-G--CT-AGT--GCAACAA.-A-G--C---AA-A-C-G-A--A-----G-C---TA-T-T-----	5927
A.GH.x.GH1	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AC-AT--CCA-----AGTA-----TCA-T-A--C--C-AGTG--GCAACAA.-A-A--C---A-A-GG-A-G-A-----C-T-----	5403
A.GM.87.D194	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AA-AT--CC-C--GA-C-----TCA-T-A--C--C-AGTG--GCAACAA.-A-A--C---A-A-GG-G-G-A-----C-T-----	5403
A.GM.x.ISY	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AT-AT--CCA-C-----C-A-----GTCA-C-A--TTC-G--CT-AGT--GCAACAA.-A-A-A-C---A-C-A-----C-A-T-C-A-----	5400
A.GM.x.MCN13	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AT-AT--CCA-C--GAGC--GTCA-C-A--TT-G--CT-AGTG--GCAGCAA.-A-A-C---A-A-CGG-A-C-A-----C-T-C-A-----	5404
A.GM.x.MCR35	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AT-AT--CCA-C--GAGC--GTCA-C-A--TT-G--CT-AGTG--GCAGCAA.-A-A-C---A-A-CGG-A-C-A-----C-T-C-A-----	5404
A.GW.86.FG	-A-----A-G--A-T-AT--C-----AA-A--CC-G--GA-C-----TCA-T-A--TTC-G--CT-AGTG--GCAACAA.-A-A--C---A-C-G-G--A-----C-G-----	5397
A.GW.87.CAM2CG	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AA-AT--CC-C--GA-C-----TCA-T-A--TTC-G--CT-AGTG--GCAACAA.-A-A--C---A-CG-A-----C-T-C-A-----	5968
A.GW.x.ALI	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AT-AT--CCAG-C-----CA-----GTCA-C-A--TTC-G--CT-AGTG--GCAACAA.-A-G-A-C---A-A-C-G-A-----C-T-C-----	5952
A.GW.x.MDS	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AT-AT--CCAG-C--A-CT--G-CA-T-A--TTC-G--CT-AGTG--GCAACAA.-A-G--C---A-C-G-A--A-----C-C-AGC-----	5403
A.IN.95.CR1K.147	-A-----A-G--A-GA-AT--C-----AT-AT--CCAG-C--GAAC--G-CA-T-A--TT-G--CT-AGT--GCAACAA.-A-A--A---A-CGG-A-A-----C-C-----	5704
A.IN.x.NNVA	-A-----A-G--A-G-AT--C-----AT-AT--CCAG-C--AC-----G-CA-T-A--TT-G--CT-AGT--GCAACAA.-A-A--A---A-C-G-A--A-----C-C-----	5953
A.SN.85.ROD	-A-----A-G--A-GT-AT--C-----AT-AT--CC-----GAGC--GTCA-T-A--TTC-G--CT-AGTG--GCAACAA.-A-A--C---A-C-G-A--A-----C-C-----	5405
B.CI.88.UC1	-A-----A-GA-AT--C-A--AC-AT--ATC-----CG-AGGG-----T-----TTC-C-A-GG-CA-CAGGAAGGAA-A-ATG-----G-G-----C-AC-----	5943
B.CI.09.pPRD320-20HIV2_56	-A-----A-GA-AT--C-A--AC-AT--ATC-C-CG-CAGG-----T-----TTC-CT-A-G--T--CAAGAAGGAA-AAATG-----G-G-----C-AC-G-----	5938
B.CI.x.EHO	-A-----A-GA-AT--CCA--AC-A--ATC-----CAGG-----T-----TTC-C-A-G--T--CAAGAAGGAA-A-ATG-----G-A-----C-C-A-G-----	5933
B.GH.86.D205	-A-----A-GA-AT--C-A--AC-AT--ATC--CG-AGGG-----T-----TTC-C-A-GG-C--CAGGAAGGAA-AAATG-----G-G-----C-AC-A-G-----	5935
B.JP.01.KR020	-A-----A-GA-AT--C-A--AC-A--ATC-C-GAGGA-----T-----TTC-C-A-GG-T--GCAAGAAGGAA-GAAATG--C-----G-G-G-A-----C-C-A-----	5085
G.CI.92.ABT96	-A-----G-GA-AT--C-----AC-AT--A-C-----AAGG--G-T--T-G-A-TTC-CT-AC--GCAAAA--GACATG--A-----G-M--A-A--C-AC-G-----C-----	5286
AB.CI.90.7312A	-A-----A-GA-AT--C-A--AC-A--ATC--CG-GGG-----T-----TTC-CT-A-G--T--CAAGAAGGAA-AAATG-----G-G-----C-AC-A-G-----	5944
AB.CM.03.03CM_510_03	-A-----A-GA-AT--C-A--AC-AT--ATC--CG-AGGG-----T-----TTC-C-A-GG-CA-CAGGAAGGAA-AAATG-----A-A--A--G--C-AC-A-----A-----	5074
U.FR.96.12034	-A-----A-----GT-AT--C-----AC-T--ATCG--GAC-G-----TCTT--A-TTC--C-G-C-T-GCAA--GG--A-A-----A-----TTCA-A-----A-TG-----	5434
MAC.US.x.17EC1	5873
MAC.US.x.17EFR	5873
MAC.US.x.1937	4979
MAC.US.x.2065	4979
MAC.US.x.251.1A11	5872
MAC.US.x.251.32H.PJ5	---T-----C-----A-----G-----T-----A-----T-----T-----G-----A-----	5874
MAC.US.x.251.BK28	5849
MAC.US.x.80035	4979
MAC.US.x.97074	4848
MAC.US.x.MAC239.87082	4950
MAC.US.x.MM142	-----G-----A-----C-----T-----G-----T-----C-----A-----	5359
MAC.US.x.SMM142B	-----G-----A-----C-----T-----G-----T-----C-----A-----	5359
MAC.US.x.r80025	4836
MAC.US.x.r90131	4979
MNE.US.02.MNE.8	-----AC-----T-----G-----T-----T-----A-----A-----	5341
MNE.US.x.MNE027	5341
SMM.SI.92.SI.92B	AA-----A--G--GG--T-A-C-A--TG-C-A-G--GT--C--C-C-TAGT--C-A-----CTG--G-C-A-G--TTACAA.-A-A--C--A-A-----A-----A-----	5310
SMM.US.x.F236.H4	A-----G-A-T-----A-----A-----AA-T-----T-----TC-----A-C-----A-----A-----A-----	5861
SMM.US.x.H9	-----A-T-----A-----A-----A-T-----TC-----A-C-----G-----T-----C-----RSR-----R-----A-----RR-----C-----	5346
SMM.US.x.PBJ14.15	-----A-T-----A-----A-----A-T-----TC-----A-C-----G-----C-----C-----RSR-----R-----A-----RR-----C-----	5640
SMM.US.x.PBJA	-----A-T-----A-----A-----A-T-----TC-----A-C-----G-----C-----C-----RSR-----R-----A-----RR-----C-----	5639
SMM.US.x.PBJ.143	-----A-T-----A-----A-----A-T-----TC-----A-C-----G-----C-----C-----RSR-----R-----A-----RR-----C-----	5346
SMM.US.x.PBJ.6P6	-----A-T-----A-----A-----A-T-----TC-----A-C-----G-----C-----C-----RSR-----R-----A-----RR-----C-----	5832
SMM.US.x.PGM53	-----GA-T-----A-----A-----A-----TC-----A-C-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----	5790
SMM.US.x.SME543	-A-----GA-T-----A-----A-----AA-T-----TC-----A-C-----T-----C-----A-----G-----G-----G-----A-----A-----	5876
STM.US.x.STM	-A-----A-GT-A-----A-----A-----A-----T-----TT-A-----GGAA-----C-----A-----A-----A-----G-----C-----G-----AG-----A-----	5520

MAC_US.x.239

- Vpx
- Vif
- A.CI.88.UC2
- A.DE.x.BEN
- A.DE.x.PE12
- A.GH.x.GH1
- A.GM.87.D194
- A.GM.x.ISY
- A.GM.x.MCN13
- A.GM.x.MCR35
- A.GW.86.FG
- A.GW.87.CAM2CG
- A.GW.x.ALI
- A.GW.x.MDS
- A.IN.95.CR1K.147
- A.IN.x.NNVA
- A.SN.85.ROD
- B.CI.88.UC1
- B.CI.09.pPRD320-20HIV2_56
- B.CI.x.EH0
- B.GH.86.D205
- B.JP.01.KR020
- G.CI.92.ABT96
- AB.CI.90.7312A
- AB.CM.03.03CM_510_03
- U.FR.96.12034
- MAC_US.x.17EC1
- MAC_US.x.17EFR
- MAC_US.x.1937
- MAC_US.x.2065
- MAC_US.x.251.1A11
- MAC_US.x.251.32H.PJ5
- MAC_US.x.251.BK28
- MAC_US.x.80035
- MAC_US.x.97074
- MAC_US.x.MAC239.87082
- MAC_US.x.MM142
- MAC_US.x.SMM142B
- MAC_US.x.r80025
- MAC_US.x.r90131
- MNE_US.02.MNE.8
- MNE_US.x.MNE027
- SMM.SI.92.SI.92B
- SMM_US.x.F236.H4
- SMM_US.x.H9
- SMM_US.x.PBJ14.15
- SMM_US.x.PBJA
- SMM_US.x.PBJ.143
- SMM_US.x.PBJ.6P6
- SMM_US.x.PGM53
- SMM_US.x.SME543
- STM_US.x.STM

CTTCGAATGGCTAAACAGAACAGTAGAGGAGATAAACAGAGAGCGGTAACCCACCTACCAAGGGAGCTAATTTCCAGGTTGGCAAAGTCTTGGGAATCTGGCATGATGAACAAGGGATGTCAACAGCTATGTAATAACAGATACTGTGTTTTAATACAAAAGG 6043
F E W L N R T V E E I N R E A V N H L P R E L I F Q V W Q R S W E Y W H D E O G M S P S Y V K Y R Y L C L I O K
L R M A K Q N S R G D K Q R G G K P P T K G A N F P G L A K V L G I L A *
-----G---G---G---TA---A---CCT---G-----G---CC---A---C-----G-----C---AG-----C-----T-----CAC---G---T-----T-----CC-----G----- 6129
-----G---G---G---CA---A---CCT-----G---A---G---T---G---CC---A---C-----G-----C---AG---T-----C-----C-----G-----A----- 6129
T---CT---G---A---G---TG---CC-----A---G---T---G---TC---A---T-----G-----C---AG-----C---T-----A---T---CAC---G---T-----T---C-----G---GT--- 6097
-----G---G---G---TA---A---CCT-----G---A---G---T---G---CC---A---C-----G-----C---AG-----C-----G-----T-----C-----G-----A----- 5573
-----G---G---G---TA---A---CCT-----G---A---G---T---G---CC---A---C-----G-----C---AG---T-----C-----G-----T-----C-----G-----A----- 5573
-----T---G---G---G---A---CC-----A---G---T---G---C---A---T-----G-----G---C---AG-----G-----G-----A---T---CAC---G---T-----T---C-----G---G---A----- 5570
-----A---T---G---G---G---A---CC-----A---G---T---G---CC---A---T-----G---G---C---AG-----G-----G-----A---T---CAC---G---T-----T---C-----G---G---A----- 5574
-----A---T---G---G---GA---A---CC-----A---G---T---G---CC---A---T-----G---G---C---AG-----G-----G-----A---T---CAC---G---T-----T---C-----G---G---A----- 5574
-----C---G---G---G---A---CT-----A---G---T---G---CC---A---C-----G-----G---C---AG-----C-----A---T---CAC---G---T-----T---C-----G---G---A----- 5567
-----CC---G---G---G---A---CT-----A---G---T---G---CC---A---T-----G---G---C---AG-----G-----A---T---CAC---G---T-----T---C-----G---G---A----- 6138
-----G---G---G---G---CCCT-----A---G---T---G---CC---C-----G-----G---C---AG-----C-----A---A---T---CAC---G---T-----T---C-----G---G---A----- 6122
-----CC---G---G---G---A---CC-----A---G---T---G---CC---A---T-----G---G---C---AG-----G-----A---T---CAC---G---T-----T---C-----G---G---A----- 5573
-----CT---G---G---G---A---CC-----A---G---T---G---C---A---C-----C---G---C---G-----G---T---CAC---G---T-----C---C---G---G---A----- 5874
-----CT---G---G---G---G---A---CC-----A---G---T---G---C---A---C-----G---C---G-----G---T---CAC---G---T-----T---A---C---G---G---A----- 6123
-----CC---G---G---G---A---CC-----A---A---G---T---G---CC---A---A---T-----G---G---C---AG-----G-----G-----A---T---CAC---G---T-----T---C-----G---G---A----- 5575
-----A---T---G---A---A---ACA---C---C---G---TA---A---C---T---G---CC---A---A---C-----C---G---G---C---AG-----G-----G-----G---C---AGT---T---ACC-----T-----TGC---G---A----- 6113
-----A---C---G---A---C---CA---AC---C---AG---A---A---C---T---T---G---CC---A---A---C-----C---G---G---C---AG-----G-----G-----G---C---AGT---T---ACC-----T---G---CT---C---G---A----- 6108
-----A---CT---G---G---C---T---AC---TC---C---TA---A---C---T---T---G---C---A---A---T-----C---G---A---C---T---G---G---G---C---ATT---T---ACC-----T---G---T-----C---G---A----- 6103
-----G---A---A---ACA---C---C---G---TA---A---C---T---T---G---CC---A---A---T-----C---G---G---C---AG-----G-----G-----G---C---ATT---T---ACC-----T---G---T-----C---G---A----- 6105
-----A---G---A---A---ACA---C---C---TA---T---C---T---T---G---C---A---T-----C---G---G---C---AG-----G-----G-----G---C---A---ATT---CACC---G---T-----C---G---G---A----- 5255
-----A---G---A---MACA---C---GATA---A---C---T---TT---C---T-----G---G---C---AG-----G-----G-----G---C---G---T---CACT---G---T-----T---TGC---G---G----- 5456
-----A---C---G---A---A---TA---AC---C---G---A---A---C---T---T---G---CC---A---A---T-----C---G---C---T---G---G---T---G---C---ATT---CACC---G---T---G---CT---C---G----- 6114
-----A---K---G---A---A---ACA---C---C---G---TA---A---C---T---T---G---CC---A---A---C-----G---C---G-----G---C---AGT---T---CACC---G---T---TC---TGC---G---G---A----- 5244
T---AGT---G---A---T---GAGA---T---C---G---CA---A---GC---A---T---T---C---A---T-----C---C---C-----G---G---C---AG-----G-----G-----G---C---GA---T---ACT---G---T---TC---C---C---G---G---A----- 5604
-----G----- 6043
-----G----- 6043
-----G----- 5149
-----G----- 5149
-----G----- 6042
-----G----- 6044
-----G----- 6019
-----G----- 5149
-----G----- 5018
-----G----- 5120
-----G----- 5529
-----G----- 5529
-----G----- 5006
-----G----- 5149
-----G----- 5511
-----G----- 5511
-----T---C---AT---G---CCC---G---TCA---ACA---A---C---A---G---A---T-----C---AG---G-----G-----GTA---G---ATAC-----C-----T---TG---ACAG---G---A----- 5480
-----A---A---G---CA---A---T---G---G---A---T-----C---AG---G-----G-----GTA---G---ATAC-----C-----T---TG---ACAG---G---A----- 6031
Y---C---C---S---A---A---G---CA---A---G---T---TT---G---R-----C---G---K---C-----ATG---GTC---CACT---R-----C---G---G---A----- 5516
-----C---G---G---A---A---G---CA---A---G---T---TT---G---R-----A---C---G---C-----T---ATG---GTC---CACT-----C---G---G---A----- 5810
-----C---G---G---A---A---G---CA---A---G---T---TT---G---R-----A---C---G---C-----T---ATG---GTC---CACT-----C---G---G---A----- 5809
Y---C---C---S---A---A---G---CA---A---G---T---TT---G---R-----C---G---K---C-----ATG---GTC---CACT---R-----C---G---G---A----- 5516
-----C---G---G---A---A---G---CA---A---G---T---TT---G---R-----A---C---G---C-----T---ATG---GTC---CACT---R-----C---G---G---A----- 6002
-----A---G---A---A---G---CA---A---G---T---T---G---G-----C---G---C-----G---G---C---AG---GAG---CAC-----C---G---G---A----- 5960
-----A---G---A---A---GA---G---CA---A---T---G---G-----C---G---C-----G---G---C---AG---GAG---CAC-----C---G---G---A----- 6046
A---G---C---G---G---C---G---C---G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----G-----C---CGGG-----T---T-----C---G---G---A----- 5690

MAC.US.x.239
Vpx
Vpr

CTTTATTTATGCATTGCAAGAAAGGCTGTAGATGTCTAGGGGAAGGACATGGGGCAGGGGATGGAGA...CCAGGACCTCCTCCTCCCTCCCTCCAGGACTAGCATAA.....ATGGAAGAAAGACCTCCA..GAAATGAAGGACCACAAAGGGAACCAT 6196
A L F M H C K K K G C R C L G E G H G A G G W R . P G P P P P P P P G L A * M E E R P P # E N E G P O R E P

Table with columns for sequence identifiers (e.g., A.CI.88.UC2, A.DE.x.BEN, A.DE.x.PE12, A.GH.x.GH1, A.GM.87.D194, A.GM.x.ISY, A.GM.x.MCN13, A.GM.x.MCR35, A.GW.86.FG, A.GW.87.CAM2CG, A.GW.x.ALI, A.GW.x.MDS, A.IN.95.CR1K.147, A.IN.x.NNVA, A.SN.85.ROD, B.CI.88.UC1, B.CI.09.pPRD320-20HIV2.56, B.CI.x.EH0, B.GH.86.D205, B.JP.01.KR020, G.CI.92.ABT96, AB.CI.90.7312A, AB.CM.03.03CM.510_03, U.FR.96.12034, MAC.US.x.17EC1, MAC.US.x.17EFR, MAC.US.x.1937, MAC.US.x.2065, MAC.US.x.251.1A11, MAC.US.x.251.32H.PJ5, MAC.US.x.251.BK28, MAC.US.x.80035, MAC.US.x.97074, MAC.US.x.MAC239.87082, MAC.US.x.MM142, MAC.US.x.SMM142B, MAC.US.x.r80025, MAC.US.x.r90131, MNE.US.x.MNE.8, MNE.US.x.MNE027, SMM.US.92.SL92B, SMM.US.x.F236.H4, SMM.US.x.H9, SMM.US.x.PBJ14.15, SMM.US.x.PBJA, SMM.US.x.PBJ.143, SMM.US.x.PBJ.6P6, SMM.US.x.PGM53, SMM.US.x.SME543, STM.US.x.STM) and corresponding nucleotide alignments. The alignments are shown as rows of dashes and letters (A, C, G, T) corresponding to the reference sequence above. Some rows include a numerical value on the far right, likely representing a score or distance.

	Tat exon 1 start																														
MAC.US.x.239	GGGATGAATGGGAGTGGAGTTTGGGAAGAAGCTGAAAGAAGAAGCTTTAAACATTTTGATCTCGTGTCTAACTGCATCTGGTAATCATATCTATAATAGACATGGAGACACCCTTGAGGGAGCAGGAGAAGCTCATTAGAATCCTCAACGAGCGCTCTTCATCAT	6366																													
Vpr	W D E W V V E V L E E L K E E A L K H F D P R L L T A L G N H I Y N R H G D T L E G A G E L I R I L Q R A L F M H																														
Tat exon 1	M E T P L R E Q E N S L E S S N E R S S C I																														
A.CI.88.UC2	.T---G-A-AGCTA---A-GA-T-TGT--A-A-----C-A--GG-----C-----T--T--AC-CT-----A-----A-C-CA--G--A--A-----C--C-----C 6405																														
A.DE.x.BEN	--AG--C-----A-A--AAC--AGG--A-A-G-----C--G-----C-----T--T--CT-CT-----C-----A-C-CA--G--A--A-----C--G-----C 6466																														
A.DE.x.PE12	---G-----A-A-GAA-C-AG--T-A-G-----C--G-----C-----T--A-T--C-CT-----G-GG-----C-AA-C-CA--G--ATG--G-----C--G-----C 6428																														
A.GH.x.GH1	---G--C-----A-AAGAA-----G--A-A-G-----C--G-----C-----T--T--C-CT-----C--G-----A-C--A-C-CA--G-----G--A-----C--G-----C 5907																														
A.GM.87.D194	--AG-ACC--A-A--AAC--A-G--A-G-G-----C-----CT-----T--T--C-CT-----C-----A-C-CA--G-----G--A-----C--G-----C 5907																														
A.GM.x.ISY	---G-----A-A-AA--AG--A-A-G-----G--C-----C-----T--T--CT-CT-----C-----A-C-CA--G--GG--A-----C--C-----C 5904																														
A.GM.x.MCN13	---G--A--A-A-AA-C-AG-A--A-A-GA-----G--C-----C-----T--C-CT--C--C-----A-C-CA--G--ATG--A-----C--C-----C 5908																														
A.GM.x.MCR35	---G--A--A-AA-C-AG-A--A-A-GA-----G--C-----C-----T--C-CT--C--C-----A-C-CA--G--ATG--A-----C--C-----C 5908																														
A.GW.86.FG	---C-----A-A-AA-C-AG--A-AG-----G--G-----C-----T--C-GAT-----G--G-----A-C-CA--G-----G--G-----C--GC-----C 5901																														
A.GW.87.CAM2CG	---G-----A-A-AA-C-AG--CA-A-----CC--G--C-----C-----T--CGGA-----G--G-----AA--CA--G-----GG--G-----C--C-----C 6472																														
A.GW.x.ALI	--AT--G-----A-A-A-C-AG--A-A-----G--GG-----C--A-----T--T--CGGCT--C-----AA--CA--G--G-----ATGC--A-----C--C-----C 6456																														
A.GW.x.MDS	---G-----A-A-AA--AG--GA-A-C-----C-T-G-----C-GCA-----C-----T--T--C-GA-----C-----T--A-----C--C-----CA--C 5907																														
A.IN.95.CR1K.147	---G-----A-A-AA-C-AAG--A-A-----GG-----C-----T--C-TAT-C--G--T-----C--A--C-CA--G-----G--T-G-----C--T--T-CA--C 6208																														
A.IN.x.NNVA	---G-----A-A-AA-C-AAG--A-A-----GG-----C-----G--T--C-GAT-----C--C-----C--A--T--CA--G-----G--T-G-----C--T--CA--C 6458																														
A.SN.85.ROD	---G--A--A-AA-CT-AG--A-A-----G--G-----C-----T--T--C-AT-----C-----A-C-CA--G-----A-G--G-----C--T--C-----C 5909																														
B.CI.88.UC1	---A--G-----A--C-CA--G--A-A-GC-----C--GG-----C-----G-----T--TT--C-G-G-----T--CA--G-----A--G-----G--C-----C 6447																														
B.CI.09.pPRD320-20HIV2_56	---A--G-----A--C-CA--G--A-A-GC-----GG-----C-----G-----T--TT--C-G-G-----T--CA--G-----A--G-----G--C-----C 6442																														
B.CI.x.EHO	--AC-G-----C--C--G--A-A-C-----C--G-----C--C--AT-----C--TT-----C-G-G--A-T-----A--G-----A-C-----G--G--A-----C--C--C 6437																														
B.GH.86.D205	---A--G--A--G-----A-C--G--A-A-GC-----C--G-----C-----G-----G--TT-----C-G-G--T-----CA--G-----G--G-----C--C--C 6439																														
B.JP.01.KR020	---A--G-----A--C--C--G--T-A-GC-----C--GG-----C-----G-----G--TT-----CGG-G--G--T--A--CA-----A--T--G-----C--C--C 5589																														
G.CI.92.ABT96	---G-----A--A-----C-----C-----C-----G-----CT--G--G-----C-----A--G--GA--T-----C-----C 5782																														
AB.CI.90.7312A	---A--G-----A--C--C--G--A-A-GC-----C--G-----C-----G-----CTT--T--C-G-G-----T--CA--G-----G--AG--T-----G-----C--C--C 6448																														
AB.CM.03.03CM_510_03	---A--GA-AR--G--A-C--G--A-A-GC-----CY--G-----C-----Y--G-----CTT--C-G-GT-----T--CA--G-----G--G--A-----G--C-----C--C--C 5578																														
U.FR.96.12034	---C--G--GAGA-AA-A--G--A-----G--GG-----G-----G-----CT-----G-----T-----A--G-----G--A--AA-----C--C--C 5926																														
MAC.US.x.17EC1	6366																													
MAC.US.x.17EFR	6366																													
MAC.US.x.1937Y-----R-----	5472																													
MAC.US.x.2065	5472																													
MAC.US.x.251.1A11	---G-----G-----G-----	6365																													
MAC.US.x.251.32H.PJ5G--G--A-----	6367																													
MAC.US.x.251.BK28T-----	6342																													
MAC.US.x.80035	5472																													
MAC.US.x.97074	5341																													
MAC.US.x.MAC239.87082	5443																													
MAC.US.x.MM142	---G-----A--A-----G-----GC-T--C-----	5852																													
MAC.US.x.SMM142B	---G-----A--A-----G-----GC-T--C-----	5852																													
MAC.US.x.r80025	5329																													
MAC.US.x.r90131	5472																													
MNE.US.02.MNE.8G-----G-----A-----G-----	5834																													
MNE.US.x.MNE027G-----G-----A-----G-----	5834																													
SMM.SI.92.SI.92B	---G--A--AGA--T--A-----G--AC-G-----C-----T--TT-A-A--T-CG-A-G--CTT-C-G--T-AA-A-A-G--G--A-A--AG--AT-A--AAG--AT-G--T-A--C 5799																														
SMM.US.x.F236.H4	---A--A--A--G--T-A-----G--CC-G-----C-----T--TT-A-A--T-CG-A-G--CTT-C-G--T-AA-A-A-G--G--A-A--AG--AT-A--AAG--AT-G--T-A--C 6355																														
SMM.US.x.H9	---R--A--A--G--KA-----CC-G-C-K-----TY--G-----CT--T--G-----A-----G-----GG--A-----C-----5840																														
SMM.US.x.PBJ14.15	---A--A--G--A-A-----CC-G-C-----G-----CT--T--G-----A-----G-----GG--A-----C-----6134																														
SMM.US.x.PBJA	---A--A--G--A-A-----CC-G-C-----G-----CT--T--G-----A-----G-----GG--A-----C-----6133																														
SMM.US.x.PBJ.143	---R--A--A--G--AGA-----CC-G-C-K-----Y--G-----CT--T--G-----A-----G-----GG--A-----C-----5840																														
SMM.US.x.PBJ.6P6	---A--A--G--A-A-----CC-G-C-----G-----CT--T--G-----A-----G-----GG--A-----C-----6326																														
SMM.US.x.PGM53	---AA--A--G--G-A-----C--G--C-----G-----CT--T--G-----A-----G-----G-----A--GA--A-----A--C--6285																														
SMM.US.x.SME543	---A--A--G--A-A-----CC-G-----G-----CT--T--G-----A-----G-----G-----A--GA--A-----A--C--6370																														
STM.US.x.STM	---G-----A-----G--A-A--C-----CC-GCGG-----GC--G-----CT-----G-----A-----G-----AG-----G-----C-----C 6014																														

MAC.US.x.239
Vpr
Tat exon 1
Rev exon 1
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205
B.JP.81.KR020
G.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM_510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239_87082
MAC.US.x.MM142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236_H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14_15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ_143
SMM.US.x.PBJ_6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
STM.US.x.STM

TTCAGAGGCGGATGCATCCACTCCAGAATCGGCCAACCTGGGGAGGAATCTCTCTCAGCTATACCGCCCTCTAGAAGCATGCTATAACACATGCTATTGTAAGAAAGTGTGTACCATTGCCAGTTTTGTTTCTTAAAAAGGCTGGGGATATGTTATGAGCAAT 6536
Vpr end
Rev exon 1 start
F R G G C C I H S R I G O P G G G N P L S A I P P S R S M L *
_S _ E _ A _ D _ A _ S _ T _ P _ E _ S _ A _ N _ L _ G _ E _ E _ I _ L _ S _ Q _ L _ Y _ R _ P _ L _ E _ A _ C _ Y _ N _ T _ C _ Y _ C _ K _ K _ C _ C _ Y _ H _ C _ Q _ F _ C _ F _ L _ K _ K _ G _ L _ G _ I _ C _ Y _ E _ Q
M S N
C-----TG--G-T-G-G--A---T--T--A-AA--A--A--C---TG-C---C--A--C---G---AC---C---G---CA-T-T---C-G---CT-G---GC-C---G---T--G-A 6575
-----CG--T-A-G--A---T--T--A-AA--A--A--C---TG-C---GC--A--C---GC--AC--A---GCGA-CA-T-T---C-G---CTCG--G--GC-C--A---CA---G-A 6636
-----CA--T-AAAT--A---T--T--A-AA--A--A--AG-C---T-G---GC--AA-C---G---TAC---C---T---G---A---T---C-A---T-A---G--AC-C---A---GGA 6598
C-----G-T-A-G--A---TA--A-AA--A--A--C---T-C---GC--A--C---G---TAC---C---T---G---GC--CA--T---C-G---CT-G---GC-C---G---CA-G-A 6077
A-----CG--TGA-G--A---AG--A-AA--A--A--GC---TG-C---GC--A--C---G---AC---T---GCG-CA-T---C-G---CT-G---GC-C---G---C--G-C 6077
-----CA--TGG--A--T---AA--A--A---A---C---A---A---A---T---GGG-C---T---C-G---T-A-C--G--GC-C---G---A 6074
-----CG--T-GG-T--A---T---A-A--A--A--C---T-C---C-T-A--C---C--A---A---GGA-C---T---C---C-G---T-A-C--G--GC-C---G---GGA 6078
-----CG--T-GG-T--A---T---A-A--A--A--C---T-C---C-T-A--C---C--A---A---GGA-C---T---C---C-G---T-A-C--G--GC-C--A---G 6078
-----CA--TGG--A--T---GA-AA--A---A---C---A---C---AC---T-C---C---G---A---C---G---C-G---T-AC--G--GC-C---G---A 6071
-----G-CA--A--A---T---A-A--A---AA-C---G---A---TG---T---GCGA-C---T---C-A---A---G--GC-C---G---A 6642
-----CA--TGG-GT--A--G-T---A-AA--A---A---A---C---A---A---A---GGA-C---T---C-G---T-A-T-G--AC-C---G---C-G-A 6626
-----CA--TGG--A--T---GA-AA--A---A---A---C---A---A---A---GCGA-C---T---A-A---A---G--GC-C---G---A-G-A 6077
-----CA--TGG--A--G---AA--A---A---A---C---A---C---GC--G--T---CTA-C---T---G---C---T-AC--G--GC-C---G---A-G-A 6378
-----CA--TGG--A--T---GA-AA--A---A---A---C---T-AA--C---G---T-G---GCGA-C---T---C---G---T-AC--G--GC-C---G---A 6628
-----C---T-TCAA--A--G---A---A---A---T---G---T-A---C---G---A---C---T---A-G---T-AC--G--GC-C---G---A 6079
-----C---T-TCAA--A--G---A---A---A---T---G---T-A---C---G---A---C---T---A-G---T-AC--G--GC-C---G---C-C 6617
-----G-A--G--CAG--A--G-T--A---A---A---T---G---A---C---C---G---A---C---T---C---C---G---C---G---C---G---A-G-C 6612
-----G--T--CAA--A--G-T--A---G---A---A---TA-G--AG--T---C---C---G---C---G---C---G---C---G---A-G-C 6607
-----C--T-TCAA--A--G-T--A---T-A---A---C---TA-G--G--T---C---G---A---C---C---C---G---TC-T---C-G-C 6609
-----A--G--CAA--G--G-T--A---A---A---T---A---AGA-T-AG---C---G---A---C---T---C---C---G---C---C---C---G 6599
-----TC--A-AC-T-GATG--G-T--AGGGAAC-CA-C---A---A---A---G--G-T-C-T-A-T---C---A---C---T---T---A---C---C---G--AC-C--AG---C 5952
-----T-TCAA--A--G-T--A---A---A---A---C---GAGG--A---T-G---A---G---A---C---G---C---T---G---C---G---C 6618
-----C--T-TCAA--A--G---A--G---A---R---C---TA-G--A---T-A---C---RA-C---G---G---TC-T---G---C---C---G 5748
-----G---TCGG--A--G---AGCAGCA---A---A--G---T---G---G---C---T-A---A---A---T---C-A---T---G---C---T---C 6096
-----A---6536
-----A---6536
-----C---K---5642
-----C---6535
-----A---G---G---G---6537
-----T---A---A---T---G---G---G---A---6512
-----C---5642
-----C---5511
-----A---C---G---T---A---A---C---C---G---G---A---A---A---G---6022
-----A---C---G---T---C---A---G---G---G---A---A---A---G---6022
-----C---C---5499
-----C---G---6004
-----C---A---T---T---A---A---A---A---A---A---A---G---C---C---G---6004
-----T--GCAT--C--T-A-G-T-A-G-AA--CC---C-GGG-T---T-G---GA-G-T---GC-T-T---T---C---GG-G--C-T-C-TAC---CAA-C 5969
-----A-T---TGC---T---A---R---A---A---KG---G-G-T---AG-Y-C---G-A---T---T-CA---Y---G---A---C---GC 6010
-----T---GA---GT---A---R---A---A---KG---G-G-T---AG---C---G---T---T-CA---G---A---C---GC 6304
-----T---GA---GT---A---R---A---A---K---G-G-T---AG-Y-C---G---T---T-CA---Y---G---A---C---GC 6303
-----T---GA---GT---A---R---A---A---K---G-G-T---AG---C---G---T---T-CA---Y---G---A---C---GC 6010
-----A---TGCT---AG-A-A---G---A---G---G---C---T---AG---C---A-C-T---C---G---G---T---A---C---GC 6455
-----A-T---TGC---T-A-A---A---A---A---GC---AG---C---G---G---T---T-CA---G---T---A---C---GC 6539
-----T--CG-----G-T-----T-GG--A-----A---G-AG-T-G---AG---T-C---A-----C-G---G---C---TC-T-A---ACC-----G- 6184

	Tat Rev exon 1 end_Tat Rev intron start	Env signal peptide start	Env signal peptide end_Env gp120 start	
MAC.US.x.239	CACGAAAGAGAAGAAGAACTCCGAAAAAGGCTAAGGCTAATACATCTTCTGCATCAAAACAGTAAGTATGGGATGCTTGGGAATCAGCTGCTTATGCCATCTTGCCTTTAAAGTGCTATGGGATCTATTGTA	CTATATGTCACAGCTCTTTATGGGTGAC 6700
Env	S R K R R R T P K K A K A N T S S A S N K	M G C L G N Q L L I A I L L L S V Y G I Y C T	L Y V V T V F Y G V	
Tat exon 1	H E R E E L R K R L R L T H L L H Q T			
Rev exon 1	A-G-CGGAC	A-G-GAA	A-C-CGC	A-C-G
A.CI.88.UC2	AGG-C-GAC	G-A-GG-AA	A-CC-TGC	C-G
A.DE.x.BEN	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-CC-TGC	C-G
A.DE.x.PE12	A-A-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-T-G	G
A.GH.x.GH1	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
A.GM.87.D194	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
A.GM.x.ISY	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
A.GM.x.MCN13	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
A.GM.x.MCR35	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
A.GW.86.FG	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
A.GW.87.CAM2CG	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
A.GW.x.ALI	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
A.GW.x.MDS	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
A.IN.95.CR1K.147	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
A.IN.x.NNVA	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
A.SN.85.ROD	AGG-C-GAC	G-A-G-AA	A-C-C-GC-C	G-T
B.CI.88.UC1	-GA--A--	T-T-A-G	T-C-G	G-G-G
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56	-GA--A--	T-T-A-G	T-C-G	G-G-G
B.CI.x.EHO	-GA--A--	T-T-A-G	T-C-G	G-G-G
B.GH.86.D205	-GA--A--	T-T-A-G	T-C-G	G-G-G
B.JP.81.KR020	-GA--A--	T-T-A-G	T-C-G	G-G-G
G.CI.92.ABT96	-TA--GA--	A--A--	T--T--	G--G--
AB.CI.90.7312A	-GA--A--	T-T-A-G	A-GC	G-G-G
AB.CM.03.03CM_510_03	-GA--A--	T-T-A-G	A-GC	G-G-G
U.FR.96.12034	-CA--GA--G--	G--A--G--	T--T--	G--C--G--
MAC.US.x.17EC1				
MAC.US.x.17EFR				
MAC.US.x.1937	RRR	G		R
MAC.US.x.2065				Y
MAC.US.x.251_1A11				Y
MAC.US.x.251_32H_PJ5				
MAC.US.x.251_BK28				C
MAC.US.x.80835				
MAC.US.x.97074				R
MAC.US.x.MAC239_87082				
MAC.US.x.MM142	-AC-G	G	G	T
MAC.US.x.SMM142B	-AC-G	G	G	T
MAC.US.x.r80825				GCTC-AAGT
MAC.US.x.r98131				C-A-GG
MNE.US.82.MNE.8	-C-GA	G	G	T
MNE.US.x.MNE827	-C-GA	G	G	T
SMM.SL.92.SL92B	-CA--GA--	GT-AA-G	C-T-GA-A	C
SMM.US.x.F236_H4	AC--GA--	G-A	C-T-C	G
SMM.US.x.H9	A--G-GA	G-A	T	G
SMM.US.x.PBJ14_15	A--G-GA	G-A	T	G
SMM.US.x.PBJA	A--G-GA	G-A	T	G
SMM.US.x.PBJ_143	A--G-GA	G-A	T	G
SMM.US.x.PBJ_6P6	A--G-GA	G-A	T	G
SMM.US.x.PGM53	AG-C-G	G	T	G
SMM.US.x.SME543	ACC GA	A	A	C
STM.US.x.STM	-A--GA--	GT-AA	A-T-C-AT	CC-C-C-A-A

Y2 loop start

MAC.US.x.239	GTATGGCAACTCTTTGAGACCTCAATAAAGCTTGTGTGAAAAATTCCTCCATTATGCATTACTAGATGCAATAAAGGTGAGACAGATAGATGGGGATTGACAAAATCAATAACAACAACAGCATCAACAACATCAACGACAGCATCAGCA.....	7023
Env	V W Q L F E T S I K P C V K L S P L C I T M R C N K S E T D R W G L I T K S I T T T A S T T S T T A S A	
A.CI.88.UC2	-C--AGG-A-----A-G--A-A---C-G-GA-A-TC---TG-GG-A--AT--T---CG-GT-ACAGGGA--ACACCAATGCC--GCCAA-CC--CG-G-CAG-C---C-CAACC-T.....	7050
A.DE.x.BEN	-C--T-A-----A-----A-A---C-GC-A-A-TC---TG-GG-A--AT--T-GC-GGT-C-AGGGA--CCAC-ACCC-ATCCAGG-CCT-G-GT-CA-A-CT-G-G-C--C-C.....	7114
A.DE.x.PE12	-C-A-T-A-----A-G-A-A---C-A-A-C---TG-GCAA-GA--T--C-GC-CAAGT--G-CA-TAACAGC---GTGAGGGG-GC--GTCC.....	7058
A.GH.x.GH1	-C--AGT-A-----A-----A-A-C---C-A-A-TC---TG-AG-A--T--T--C-GC-CAACT-ACA-C-C-ACCAC-ACAGGG-GCA--C-GGG-TG.....	6531
A.GM.87.D194	-C--AG--G-----A-----A-A---C-G-GA-G-TC---TG-GG-G--AT--T--T--C-TCAGGGAC--CGGC-ACCC-GTCC-C.....	6522
A.GM.x.ISY	-C-A-T-A-----A-----A-A---C--A-G-T---TG-A-A--AC--T--CGG---ACAGAGAGCG-GTT-C-ACT---GCC-TCCTGG-C-T.....	6528
A.GM.x.MCN13	-C-A-T-A-----A-----A-A-C---A-G-T---TG-AG-A--T--C-C-CA-TG-AGG-ACACAACACAC-C-C-A-GC-T-CC-GCGTA.....	AT 6540
A.GM.x.MCR35	-C-A-T-A-----A-----A-A-C---A-G-T---TG-AG-A--T--C-C-CA-TG-AGG-ACACAACACAC-C-C-A-GC-T-CC-GCGTA.....	AT 6540
A.GW.86.FG	-C-A-T-A-----A-----A-A-C---A-A-C---TG-AG-A--AC--T-CA-GG-ACAT--CACAT-GACA--GAG--G-CA-CCA.....	6519
A.GW.87.CAM2CG	-C-A-T-A-C-----A-----A-A---C--A-A-T---TG-AG-A--A--T--C-T--ACA-GT--C-C-ACTATGA-A-GG-C-A-C-C-C-GC--T.....	7105
A.GW.x.ALI	-C--AG--A-----A-----A-A---C-G--A-A-T---TG-AG-A--AG--T--G--AC-TAAGC---G-CACAAACACAT-CCGAGCC-GGG-GC.....	7080
A.GW.x.MDS	-C--AGT-A-C-----A-----A-A---C-G-A-A-C---TG-AG-A--AC--T-GC-G-CTCAGTGACAGCGC-A-CAC-AG-AC-C-A-C-C-AGC-C-C--G-C--CA--TC-G--CA--A-CATAGACCA.....	6579
A.IN.95.CR1K.147	-C-A-T-A-----A-----A-A-C---A-A-C---TG-A-A--T--C--ACA-CACA-CCACAAACCCGAC-C-C-AGC-C-GTG--GGGAGCA-G-C--C-C.....	6850
A.IN.x.NNVA	-C-A-T-A-C-----A-----A-A---C-A-A-C---TG-AG-A--GAG--G-C-A--GG-ACGCAACACAC-CGC-C--C--C--AGATT-ATGAGA.....	7103
A.SN.85.ROD	-C--T-A-C-----A-----A-A---C-C-A-A-T---TG-AG-A--A--G-GC-CA--GCAGC-C-G--AACAAAC--CC--AG-GC--GCA-A-C--CA--C--AC.....	6551
B.CI.88.UC1	-G--AGT-T-----A-----A-A---T-GC-GA-G-GC-G--G-G-A--T--T--C-CA-GA-CA--CTACTACTAAAC-T-TTA-T-C-C-T-TT-TA-TA-T-A-C.....	7086
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	-G-A-T-T-----A-----CC-A-A---T-GC-GA-G-GC--TG-GG-A--AT--TTC--C-A-A-C--AGA-CTAACCAACT-TGC--T-CT-T-TGGTAAT--T-T--C.....	7078
B.CI.x.EHO	-G--AGT-----A-----A-A---C-G-TG-G-A--AG-T--G--AC-TGGAGCTC-GCTA-CAAAGAG-CCA-T-CGT-CT-CG-GT-CCTC-G-T-T--T.....	7073
B.GH.86.D205	-G--AG-----A-----C-A-A---C-C-A-C---C-G-TG-G-A--AC-T-G--CC-A--A-CCC-G--AATGCC-GT-GTA-T-CC--C--T-AGC-TA-T--C--C--TCGT.....	7078
B.JP.01.KR020	-G-A-T-A-----T-----A-A---T--A-C---TG-A-A--AT-T-G--CCT-A-C--CACAGCAACACCCAC--GCCAAC-AC-TC--G-C.....	TC 6212
G.CI.92.ABT96	-T-A-T-G-----A-T-C-A-----T--A-A-TC-G--G-C-----C--A-C-A--TC-A--GGGA-C-CC--TGT--CC-TG--GTTC-C-A--TAA-ATG.....	6433
AB.CI.90.7312A	-C--AGT-A-----A-----A-A-C---C-A-A-TC---TG-AG-A--T--T--C-GC-CCACCG-CACC-CTACACC-CCA-GC-CCA-T-AC-AC--CA-A--GAGC-CA--A.....	7087
AB.CM.03.03CM.510_03	-C--AG--A-----A-----A-A---C-G-GA-A-CC-R-YG-GG-A--AT--T-CA-CG--AG-CACACCCCA-AATACC--C-CGG-AT.....	6184
U.FR.96.12034	-C--AGT-T-----A-T-----A-A---G-GA-A-CC-T-T-AG-A--T-G--C-A-A--A--GG-A-GC-G-----A-TAGCC-G--ATGCAAGA-T-AGTAA.....	6577
MAC.US.x.17EC1	7029
MAC.US.x.17EFR	7029
MAC.US.x.1937	TC 6125
MAC.US.x.2065	TC 6125
MAC.US.x.251.1A11	7019
MAC.US.x.251.32H.PJ5	7021
MAC.US.x.251.BK28	7005
MAC.US.x.80035	TC 6125
MAC.US.x.97074	TC 5996
MAC.US.x.MAC239.87082	TC 5996
MAC.US.x.MN142	TCAGT 6514
MAC.US.x.SMM142B	TCAGT 6511
MAC.US.x.r80025	TC 5982
MAC.US.x.r90131	TC 6125
MNE.US.82.MNE.8	AAAGC 6487
MNE.US.x.MNE027	6491
SMM.SL.92.SL92B	6462
SMM.US.x.F236.H4	6972
SMM.US.x.H9	6493
SMM.US.x.PBJ14.15	6802
SMM.US.x.PBJA	6801
SMM.US.x.PBJ.143	6508
SMM.US.x.PBJ.6P6	6994
SMM.US.x.PGM53	6953
SMM.US.x.SME543	7029
STM.US.x.STM	6662

MAC.US.x.239	AAACAGGGGAATAAC...ACTGGTAATGAAGTAGATGTTACATGAACCACCTGTAACACTCTGTTATCCAAAGAGTCTTGACAAACATTATTGGGATGCTATTAGATTAGGATTGTGCACCTCCAGGTTATGCTTGTAGATGTAATGACACAAATTATTCAGGC	7353
Env	E Q G N N . . T G N E S R C Y M N H C N T S V I Q E S C D K H Y W D A I R F R Y C A P P G Y A L L R C N D T N Y S G	
A.CI.88.UC2	-CAGCAAC-C-G...-A-C-CAA-C-CG-C...GA-T...-A-A-C-A-G-A-A...-T-G-AG...-A-C-CA...-A-G...-C-A-A...-C...-T-C-C-C-G...-7383	
A.DE.x.BEN	-CA-CACA-CA...-CTG-C-C...-T-C...-A-AA-C-A...-A...-T-G-C...-G-G...-A-C...-A-G-C-T...-CC-AT-A...-C...-T-C-C...-7435	
A.DE.x.PE12	-CAC-ACT...-GGG...-CCAGCC-C-A...-T-C...-A-A-C-AC...-A...-T-G-C...-G-G...-A-C...-A-G...-TATGC...-A...-C...-T-C...-7376	
A.GH.x.GH1	-TC-AAT...-C...-AA-A-GGGA...-AC...-T-C...-A-A-C-AC...-A...-T-G-C...-A-AG...-A-C...-A-G...-CC-A-A...-C...-T-C...-6852	
A.GM.87.D194	-CA-GACA...-CGGA...-AC-G-C-C...-GA-T-C...-A-A-C-A...-A...-T-G-C...-G-AG...-A-C...-A-G...-T...-CC-A-A...-G...-T-C-C...-6843	
A.GM.x.ISY	--TC-AT...-C-G...-ACAG...-CCG-AA...-T-C...-A-A-C-AC...-A...-T-G-C...-G...-A-G...-T...-TC...-A-G...-T-C...-C...-6849	
A.GM.x.MCN13	--GG-AATGGC-C...-AC-GA-C...-T-C...-A-G-C-AC...-A...-T-G-C...-G-G...-A-C...-A-G...-T...-CC-A-A...-C...-T-C...-6865	
A.GM.x.MCR35	--GG-AATGGC-C...-AC-C-C...-T-C...-A-G-C-TAC...-A...-T-G-C...-G-G...-A-C...-A-G...-T...-CC-A-A...-C...-T-C...-6865	
A.GW.86.FG	-CA-TAAC...-CTCA-G-C-G-C-AG...-T-C...-A-A-C-AC...-A...-T-G-C...-G-G...-A-C...-A-G...-T...-CA-A-A...-C...-T-C...-6840	
A.GW.87.CAM2CG	-TA-TA-C-CAG-TCAG...-CACA...-G-C-CG...-T-C...-A-A-C-AC...-A...-T-G-C...-G-G...-A-C...-A-G...-T...-CA-A-A...-C...-T-C...-G-C...-7438	
A.GW.x.ALI	--C-TTT...-C-C...-CACA...-CC-G-CC-G...-T-C...-A-A-C-AC...-A...-T-G-C...-A-G...-A-C...-A-T...-C-CC-A-A...-CG...-T-T...-7416	
A.GW.x.MDS	G-G-AT...-C...-CACA...-CC...-G-C...-G-T-C...-A-A-C-AC...-A...-T-G-C...-A-G...-A-C...-A-G...-T...-C...-C...-G...-6909	
A.IN.95.CR1K.147	--C-AT-GC-C...-ACA-CTCG-A-AG...-T-C...-A-A-C-AC...-A...-T-G-C...-A-A-G...-A...-A-G...-C...-A...-C...-T-C...-C...-7177	
A.IN.x.NNVA	--C-AT-GC-C-ACT-GCAC-CGCA-C-A...-CC-CAGGCC-G...-ATGCG...-G-GGTAC-GAG-T-A...-T-G-C...-A-G-G...-A...-C...-A-G...-C...-T-C...-C...-7430	
A.SN.85.ROD	-GAC...-T...-GCACA...-C-G-CCCAG...-T-C...-A-A-C-AC...-A-A...-T-G-C...-A-G...-A-C...-A-G...-C...-A-G...-CC-AT-A...-T-C...-6878	
B.CI.88.UC1	-CGGCAAC-GC...-CCAGC-CC-T...-GAACT...-T-C-A-G...-A...-T...-C...-CAGCT-A...-C...-T-C...-A...-C-A...-C...-C...-7407	
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56	-GGGTACC-GA...-GGA...-GAACT...-T-A-A-G...-A...-T...-C...-CAGCT-A...-C...-T-C...-A...-A-G...-A...-T-C...-C...-7381	
B.CI.x.EHO	--A-G...-CA...-GGA...-C-A...-T-A-AA...-A...-A...-T...-C...-AG-T-A...-A...-T-C...-A-T...-A...-C...-T-T-A...-7397	
B.GH.86.D205	-TA-TACC-GG...-AAGT-ACC-C...-C-T-A-GAAC-C...-AA-AA...-A...-CAGCT-A-G...-T-C-G-G-T-TT-C-A-A...-C...-T-T-C...-7402	
B.JP.81.KR020	--G...-GG-C...-CC-T-A-AA...-A-AA...-A...-CCAAT-A...-C...-C...-T...-TA-G...-C...-TT-T-C...-6525	
G.CI.92.ABT96	--G...-G-AG...-G...-C-T...-GG...-T-A-A-C-T-G-A-A...-T...-G...-A...-A...-T-G...-G-T...-A...-T-T-C...-A...-6766	
AB.CI.90.7312A	-GTC-AAT-CGC...-G-A-GGGAG-GAC...-C...-T-T-C...-A-A-C-AC...-A-A-C...-G-C-C...-A-G...-A-C...-A-G...-T...-C...-C...-7417	
AB.CM.03.03CM_510_03	-CA-AA-C...-TCAAGCGAAACATTAA-C-AA-C...-GA-T...-A-A-C-A...-A-A...-T-G-C...-A-G...-A-C-A...-A-G...-C-A-A...-C...-T-C-C...-6514	
U.FR.96.12034	--GAAT-C...-G-AA-G...-A...-C...-C...-C-A...-G...-C...-C-T-A...-T-T...-C...-A...-6895	
MAC.US.x.17EC1A.....	7353
MAC.US.x.17EFRA.....	7353
MAC.US.x.1937W.....	6459
MAC.US.x.2065	6459
MAC.US.x.251.1A11G.....T.....	7349
MAC.US.x.251.32H.PJ5G.....A.....C.....T.....A.....G.....A.....	7351
MAC.US.x.251.BK28G.....A.....C.....C.....T.....A.....A.....	7335
MAC.US.x.80035	6459
MAC.US.x.97074	6328
MAC.US.x.MAC239_87082	6430
MAC.US.x.MN142G.....T.....T.....G.....G.....G...A.....	6848
MAC.US.x.SMM142BG.....T.....T.....G.....G.....G...A.....	6845
MAC.US.x.r80025	6316
MAC.US.x.r90131	6459
MNE.US.82.MNE.8T...G...AA...T...T...A.....	6821
MNE.US.x.MNE027T...G...AAG...T...T...A.....G.....	6824
SMM.SL.92.SL92B	-G...-AGGA-T...-G-AAGC...-T-T-C-T-AAG...-A...-A...-G-C...-C-C...-A...-C...-A...-C...-T...-7879	
SMM.US.x.F236.H4	-G-GTCAGCG...-T...-AA-G...-G...-A...-C-T...-T...-CAG...-T...-A-C...-G...-A-C...-G...-G...-T...-T...-7303	
SMM.US.x.H9	--AAT-GC-TGGAA...-AA-C...-C-A...-C-T...-T...-CAG...-T...-A-C...-G...-Y...-A...-G...-G...-T...-C...-6830	
SMM.US.x.PBJ14.15	--AAT-GC-T...-AA-C...-C-A...-C-T...-T...-CAG...-T...-A-C...-G...-A...-G...-G...-T...-C...-7133	
SMM.US.x.PBJA	--AAT-GC-T...-AA-C...-C-A...-C-T...-T...-CAG...-T...-A-C...-G...-A...-G...-G...-T...-C...-7132	
SMM.US.x.PBJ.143	--AAT-GC-TGAA-A...-AA-C...-C-A...-C-T...-T...-CAG...-T...-A-C...-G...-Y...-A...-G...-G...-T...-C...-6845	
SMM.US.x.PBJ.6P6	--AAT-GC-T...-AA-C...-C-A...-C-T...-T...-CAG...-T...-A-C...-G...-A...-G...-G...-T...-C...-7325	
SMM.US.x.PGM53	--A-T-C-CT...-G-A...-A...-A...-T...-T...-CAG...-T...-A-C...-G...-A...-C...-G...-T...-G...-7287	
SMM.US.x.SME543	-G-GCCAGCA-T...-A-G...-G...-A...-C-G-T...-CAG...-T-G-A-C...-G...-A...-C...-G...-T...-T...-7360	
STM.US.x.STM	----AATGTC-CT.....-CG-A-G-C...-C...-GA-T-C-T-CAG...-A-T...-A-C...-CT-A-G...-A-T...-C...-C...-T...-A...-6992	

MAC.US.x.239
 Env.
 A.CI.88.UC2
 A.DE.x.BEN
 A.DE.x.PE12
 A.GH.x.GH1
 A.GM.87.D194
 A.GM.x.ISY
 A.GM.x.MCN13
 A.GM.x.MCR35
 A.GW.86.FG
 A.GW.87.CAM2CG
 A.GW.x.ALI
 A.GW.x.MDS
 A.IN.95.CR1K 147
 A.IN.x.NNVA
 A.SN.85.ROD
 B.CI.88.UC1
 B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56
 B.CI.x.EHO
 B.GH.86.D205
 B.JP.01.KR020
 B.CI.92.ABT96
 AB.CI.90.7312A
 AB.CM.03.03CM_510_03
 U.FR.96.12034
 MAC.US.x.17EC1
 MAC.US.x.17EFR
 MAC.US.x.1937
 MAC.US.x.2065
 MAC.US.x.251_1A11
 MAC.US.x.251_32H_PJ5
 MAC.US.x.251_BK28
 MAC.US.x.80035
 MAC.US.x.97074
 MAC.US.x.MAC239_87082
 MAC.US.x.MN142
 MAC.US.x.SMM142B
 MAC.US.x.r80025
 MAC.US.x.r90131
 MNE.US.82.MNE_8
 MNE.US.x.MNE027
 SMM.SL.92.SL92B
 SMM.US.x.F236_H4
 SMM.US.x.H9
 SMM.US.x.PBJ14_15
 SMM.US.x.PBJA
 SMM.US.x.PBJ_143
 SMM.US.x.PBJ_6P6
 SMM.US.x.PGM53
 SMM.US.x.SMES43
 STM.US.x.STM

V3 loop end.

TTTATGCCTAAATGTTCTAAGGTGGTCTCTTATGCACAAGGATGGAGACACAGACTTCTACTTGGTTGGCTTAAATGGAACTAGAGCAAAAAGAACAATATATTTACTGGCATGGTAGGGATAATAGGACTATAATAGTTTAAATAAGTATTATAATCT 7523

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

---GCA---T---CC---A---A---A---CTG-----T-----A---G---A-----C---C---T-----A---C-----C---C---C---AC-----	7553
---GAA---G---CA---A---A---A---CTG-----A---A---G---A-----C-----A---C---T-----C---A-----C---C---C-----	7605
---GA---C---G---C---A---A---A---CTG---A-----A-----A---G---A-----C---G-----A---C---T-----C---A-----C---C---CAC-----	7546
---CGA---A---G---G---A---A---A---CT---A-----A-----A---G---A---C---C-----C---G---G-----A---C---T-----C---A-----C---C---C-----	7022
---GAA---G---C---A---A---A---A---CTG-----A---A---G---AC-----C-----A---C---T-----A-----C---A-----C---C---C-----	7013
---GA---C---T---C---A---A---A---CT---A-----T-----A-----A---G---AC-----C-----A---C---T-----C---A-----C---C---C-----	7019
---GC---C---T---C---A---A---A---CTG---A-----C---A-----A---G---A---A-----C-----C---G-----A---T---C---T-----C---A-----C---C---C-----	7035
---GC---C---T---C---A---A---A---CTG---A-----C---A-----A---G---A---A-----A-----C-----C---C---T-----C---A-----C---C---C-----	7035
---GCA---C---C---A---A---A---A---CTG---A-----C---A-----A---G---A---A-----A-----C-----C---A-----C---C---C-----	7010
---GCA---C---C---A---A---A---A---CTG---A-----C---A-----A---G---A-----G-----C-----C---C---G-----A---C---T-----AA---C---A-----	7608
---GCA---C---T---C---A---A---A---CTG---A-----G---A-----G---A-----G-----C-----C---G-----A---C---T-----AA---C---A-----	7586
---CA---C---T---T-----A---A---A---CT---A-----T---C-----A-----A-----G-----C-----C-----A---A---C---A-----C---C---GCAAG-----	7079
---GCA---C---T-----A---A---A---CT---CA---T-----C-----A---G---A---A-----A-----C-----C---A-----A---CC-----T-----A---AAAG---G---C---A-----	7347
---GA---C---T---A-----A---A---A---CTG-----C-----A---G---A---C---G-----C-----A---C---T-----A---A---C---A-----C---C---C---AC-----	7600
---GCA---C---C-----A---A---A---CT---A-----C-----A---G---A---C---A-----C-----C-----G-----A---C---T-----C---A---C---A-----C---C---C---A-----	7048
---A---A---AG---A---A---A---G---C---T-----A-----C-----A-----C-----T---G---GA-----G---A---G---T-----A---AA-----C---C---A---C---G-----	7577
---C---AC---C---AG---A---A---A---G---C---T-----A-----C-----C---A-----C-----T---A---G-----C---G---A---G---T-----A---A-----C---A---C---G-----	7551
---C---C---C---AG---A---A---A-----CTGTAC---A-----A-----C---A-----C-----C---A-----C-----TCA-----TCA-----T-----	7564
---C---C---C---CAG---A---A---CG---C---C-----A-----A-----T---C---A-----C-----T---A---G---G---G---C---G---A---A---T-----AA---AA---C-----	7572
---C---C---AGC---A---A---A---C---C---T-----A-----A-----C---G-----C-----T---A---G---G---G---A---A-----AAAGC-----CG---C---A---C-----	6695
---GCA---T---C---A---A-----A-----T-----A-----A-----A---C---A-----C---G-----A---G-----A---C---T-----G---A---C-----A-----	6936
---C---C---AG---A---A---G---C---T-----A-----A-----C---A-----C-----C-----T---A---G-----G---A---G---T-----A---AA-----T---A---C---G-----	7587
---CAA---T---C---A---A---A---CTG-----A-----A---G---A---C---A-----A-----C---A-----C---T-----A-----A-----C---A---C---C-----	6684
---T---C---A---A---A-----A-----A-----G---GA---A---C-----A-----A-----C-----T-----A-----A---C---A---A-----C-----	7065
-----	7523
-----	7523
-----	6629
-----	6629
-----	6629
-----	7519
-----	7521
-----	7505
-----	6629
-----	6498
-----	6600
-----	7018
-----	7015
-----	6486
-----	6629
---C-----A-----A-----A---C---AA-----G-----A-----	6991
---C-----A-----A-----A-----A-----A-----A---C---AA-----G-----A-----	6994
---GCA---T---AG---A---A---A---A---T-----A-----A-----G---A---C---A-----T-----G-----G-----A---A---T-----CG---AAG---A---A-----C-----	6959
---GCT---C---A---A---A---T-----A-----A-----A---A---C-----T---C---T-----G-----A---C---T-----C---AAG---A---C-----C---G-----	7473
---GCT---C---A---A---A---T-----A-----A-----A---A---C-----T---C---T-----R---C---AAGC---A---C-----C-----R-----	7000
---GCT---C---A---A---A---T-----A-----A-----A---A---C-----T---C---T-----C---AAGC---A---C-----C-----R-----	7303
---GCT---C---A---A---A---T-----A-----A-----A---A---C-----T---C---T-----C---AAGC---A---C-----C-----R-----	7302
---GCT---C---A---A---A---T-----A-----A-----A---A---C-----T---C---T-----R---C---AAGC---A---C-----C-----R-----	7015
---GCT---C---A---A---A---T-----A-----A-----A---A---C-----T---C---T-----C---AAGC---A---C-----C-----	7495
---GCT---C---A---A---T-----A-----A-----G---A---C-----T---G-----A---C---T-----A-----AAG---A---C-----C-----	7457
---GCT---C---A---A---T-----A-----A-----G---A---C-----T---G-----A---C---T-----C---ATAG---A---C-----C-----	7530
---GCA---T---C-----A---A-----C---G---T---T---A-----A-----A-----C---T-----C---ATAG---A---C-----T-----C---G---C-----C---T-----	7162

	V4 loop start	V4 loop end	
MAC.US.x.239	AAACAATGAATGTGTAAGACGACGAAATAAGACAGTGGTTTACCAGTCACCATTTGTCTGGATTGGTTTTCCACTCA.....CAACCA...ATCAATGATAGGCCAAGCAGGCATGGTGGTTGGAGGAAATGGAAGGATGCAATAAAAGAGGTGAAGCAGACCA	6784	
Env	T M K C R R P G N K T V L P V T I M S G L V F H S Q P I N D R P K Q A W C W F G G K W K D A I K E V K O T		
A.CI.88.UC2	T---C-T-C-AG-----G---A-A-AC---A---CATAGG-T-T-T-----GG-GTC---CA-A-AA-T-GA-----C---AA-C-C---A-GA-C--GC-G-----A---C	7117	
A.DE.x.BEN	C---CGT---AG-----G---A-A-AC---A---A-G-T---T-----G-----CACAA---T-G-----CC---C-G---G-A-C--GC-G-----A---C	7766	
A.DE.x.PE12	C---C-T-AG-G-----T---G---A-A-AC-G---A-GAGA-G-T---C-----G---GATC---A---A-C-----C---TG-T---A-A-C--GC-G-----A---C	7710	
A.GH.x.GH1	TT-T-AC-T-AG-----C-----G---A-A-AC-C---A---G-A-G-T---C-----G-----ACA-A-T-G-A-----C---CAA-C-G---G-A-C--GC-G-----A---C	7183	
A.GM.87.D194	C---C-T-AG-----G---A-A-AC---A---GCGAAGG-T---T-----GG---GTCTA---CA-A-AA-TGG-----CA---C-C---TA-A-C--GC-G-----A---C	7177	
A.GM.x.ISY	C-C-AC-TT-G-----A-----G---A-A-AC-C---A---GCGAAGA-T---C-----GAAGATC---A-A-AA-C-G-A-----CC---CAA-CG-G---G-A-C--GC-G-----A---C	7183	
A.GM.x.MCN13	C-T-AC-T-AG-G-----GG---A-A-AC---A---G-AAGG-T---C-----G---GGTC---A-A-A-C-GA-A-----CAA-TG---GA-C--GC-G-----G-A---C	7199	
A.GM.x.MCR35	C-T-AC-T-AG-G-----GG---A-A-AC---A---G-AAGG-T---C-----G---GGTC---A-A-A-C-GA-A-----CAA-TG---GA-C--GC-G-----G-A---C	7199	
A.GW.86.FG	C-T-C-T-AG-G-G-----G---A-A-AT---A---G-TAAG-T---C-----G---GTC---A-A-AA-C-G-A-----C---A---CC---A-C--GC-G-----G---C	7174	
A.GW.87.CAM2CG	CT-T-T-T-AG-G-----GG-G---A-A-AC---A---GCAAAGA-T---C-----GG---ATC---T---A-A-A-C-G-A-----C---CAA-C-C---CA-A-C--GC-G-----A---C	7772	
A.GW.x.ALI	T-T-C-T-AG-G-----G---A-A-AC---A---G-AA-A-T---C-----G-----AGA-A-T-G-A-----C---CAA-CG---G-A-C--GC-G-----G-A---C	7747	
A.GW.x.MDS	CT-CT-C-T-AG-G-----A---GG---A-A-AC---A---A-G-T-T-C-----G---G---AGA-A-T-G-A-----C---CAAG-C-C---G-AGA-C--GC-G-----A---G-A---	7240	
A.IN.95.CR1K.147	A-IN.95.CR1K.147 CT-C-AC-T-AG-G-----A---AAC---A-A-AC---A---ATAAG-T-T-C-----GG---GTA---ACA-A-T-A-A-----C---CAA-CCGG---C-C-G-C-G-----A---G	7511	
A.IN.x.NNVA	CT-T-AT-T-AG-----A---AG---TA-A-ACA---C-A-C-A-G-T-T-C-----G---ACC---A-T-GA-A-----C---CAA-C-G---A-C--GC-G-----A---C	7761	
A.SN.85.ROD	C-GTT-C-T-AG-G-G-----T---GAA-A-A-A-TGC---A---CAT-G-T---CCACTAC-G-G---A-A-A-C-GA-A-----C---CAA-C---A-C-C--GC-G-----G-A---C	7215	
B.CI.88.UC1	---C-T-C---G---G-C---CA---A-A-A-C---A---C-AA---T-G---G---T---C---ACC---A-C-GA---T---C---AAG---C---TA-A-C---G-G---A---G---G	7738	
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	---C-T-C---G---G-C---CC---A-A-A-C---A---GCGAAGA---T-G---G---T---G---G---T---G---A-A-A-T-A-A-T---C---AG---C---CA-A-C---G-GG---A---G---G	7715	
B.CI.x.EHO	G---C-C---A-G---G---A-TG---G-G---A-A-GA-CCG---A---TA-TC-C---T---G---T---A-A-A-T-A-A-T---C---AA---C---CA-A-C---C-G---AG---G	7725	
B.GH.86.D205	GT---AC-C---AG-G---C---G---G---A-A-GA-CCG---A---C-AC---T---G---T---A-G-A-C-GA-A-T---C---AAG---C---CA-A-C---G---AAG---G	7733	
B.JP.01.KR020	G---AC-C---G---C---A---CG-G---A-A---A-TC-AA-C---T---G---T---T---C-A-A-C-G-A-C---C---C---CAC-G-T---G---G---G---G	6856	
B.CI.92.ABT96	---A-R---G---G---A---A---A-T-T---A-GC-A-C---T---T---A-A-A-C-GA---T---C---C---A-C-C-GA---A---G-A---G	7097	
AB.CI.90.7312A	---AC-T-AG-G---C---G---A-A-AC-C---A-G-A-G---T-C---G---T---A-A-A-T-G-A---C---CAA-CG-G---G-A-C--GC-G-----A---A---C	7748	
AB.CM.03.03CM_510_03	C-T-C-C-AG-----G---A-A-AC---C-A-C-A-G-T---T---G---CCGC---T-GA-----C---A-C---CA-A-C--G-G-----A---C	6845	
U.FR.96.12034	---T-C---G---G---C---A---A---C-A-G---T-T---G---T---A-C-AT---A-A-T---T---T---A-GG---CC-G---G---G---G	7226	
MAC.US.x.17EC1	---A-----G-----G-----G-----	7684	
MAC.US.x.17EFR	---A-----G-----G-----G-----	7684	
MAC.US.x.1937	---R-----W-----C-----M-----G-----	6790	
MAC.US.x.2065	---A-----CA-----A-----T-----A-----	6790	
MAC.US.x.251.1A11	---A-----CA-----A-----T-----A-----	6790	
MAC.US.x.251.32H.PJ5	---A-----CA-----A-----T-----A-----	7682	
MAC.US.x.251.BK28	---A-----CA-----A-----T-----A-----	7666	
MAC.US.x.80035	---A-----CA-----A-----T-----A-----	6790	
MAC.US.x.97074	---A-----CA-----A-----T-----A-----	6659	
MAC.US.x.MAC239_87082	---A-----CA-----A-----T-----A-----	6761	
MAC.US.x.MN142	---C-----G-----G-----A-----T-----G-----	7179	
MAC.US.x.SMM142B	---C-----G-----G-----A-----T-----G-----	7176	
MAC.US.x.r80025	---G-----G-----G-----A-----T-----G-----	7176	
MAC.US.x.r90131	---G-----G-----G-----A-----T-----G-----	6647	
MNE.US.82.MNE.8	---C-----G-----G-----A-----T-----G-----	6790	
MNE.US.x.MNE027	---C-----G-----G-----A-----T-----G-----	7152	
SMM.SL.92.SL92B	G---A-G-C-----A-----CC-----A-T---C-T-T-G---G---A-G---GA-A---C---A---A-T---G---GA-A-T---GC-G---T---A-A---	7120	
SMM.US.x.F236.H4	---G-----A-----C-----T---G---G---C---A---G-A---A---C---A---G---GC---AA-G-C---CC-G-A---G-A---T	7634	
SMM.US.x.H9	---G-----A-----C-----T---G---G---C---A---G-A---A---C---A---G---GC---AA-G-C---CC-G-A---G-A---T	7161	
SMM.US.x.PBJ14.15	---G-----A-----C-----T---G---G---C---A---G-A---A---C---A---G---GC---AA-G-C---CC-G-A---G-A---T	7464	
SMM.US.x.PBJA	---G-----A-----C-----T---G---G---C---A---G-A---A---C---A---G---GC---AA-G-C---CC-G-A---G-A---T	7463	
SMM.US.x.PBJ.143	---G-----A-----C-----T---G---G---C---A---G-A---A---C---A---G---GC---AA-G-C---CC-G-A---G-A---T	7176	
SMM.US.x.PBJ.6P6	---G-----A-----C-----T---G---G---C---A---G-A---A---C---A---G---GC---AA-G-C---CC-G-A---G-A---T	7656	
SMM.US.x.PGMS3	A-G-----G-----C-----A-G-A-C---T-G---G---C---A---G-A---A---C---C---G---GT---GA-G-C---CC-G---G-A---	7618	
SMM.US.x.SME543	---A-G-----C-----T---G---G---C---A---G-A---A---C---C---G---GT---GA-G-C---CC-G---G-A---	7691	
STM.US.x.STM	---GC-----G-C-A---C-----A-C---C---T-G---G---C---A---G-A---A-A-T---C---G---GA-GA-----T---G-A---T	7323	

MAC.US.x.239
Env.
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.IS7
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205
B.JP.81.KR020
G.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM.510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239.87082
MAC.US.x.MN142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14.15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.x.STM

TTGTCAAACATCCCAGGTACTGGA...ACTAACAACTAGATAAAATCAATTTGACG...GCTCCTGGA...GGAGGAGATCCGGAAGTTACTTTCATGTGGACAATTCGAGAGGAGAGTTCTCTACTGTAAAAATGAATTGGTTTCTAAATGGGTAGAAGATAGG 7845
I V K H P R Y T G T N N T D K I N L T A P G G G D P E V T F M W T N C R G E F L Y C K M N W F L N W V E D R
---CAGG---C-AA---C-TG---GAG---G-T-C---TGT---AAA-A-GTA-CTC---C-A-G-G-A-A---T-C---A-TT---C---C---C---G-GA-C---7881
---AC---A-C-AA---TC-TG---A-GG---T-C-T---AAA-G-GCA-CTC---C---GG-A-T---T-C---A-T---C---C---C---A-C-A---7930
---G---GA---C-G-C-AC-G---T-C-T-A---CAA-A-AAA-TTC---G-A---GGTA-A---T-C---A-T-A---C-C---C---C---A-A-C---7874
---A-A---AA---C-G-C-AA-G-T-T-C-T-A---AAA-A-AGA-CTC---C-A---GG-A-A---T-C---A-T---C---C---C---A-C-A---7347
---CA---CGGA---A-TG---A-GA---T-C-T---AAG-A-ATA-TTC---C-A---G-A-A---T-C---A-T---C---C---C---A-A---7341
---A---AA---C-TG-C-AA---T-C-T---A-A-AAA-ACTC---C-A---AG-A-AT---T-C---A-T---C---C---C---A-C-A---7347
---CA---AA---C-TG-A-AA-G-T-T-C-T-A---A-A---AAG-CTC---C-A-G---GG-A-A---T-C---A-T---C---C---C---A-A-A---7363
---CA---AA---C-TG-A-AA-G-T-T-C-T-A---A-A---AAG-CTC---C-A-G---GG-A-A---T-C---A-T---C---C---C---A-A-A---7363
---CG---A-AA---GAAC-GG-G-CGC-A-G-T-T-A-T-AA---A-A-AGA-CTC---C-A---A-A-A---T-C---A-CT---C---C---C---GA-C---7341
---CGG-G---AA---C-TG-C-AA-CC---T-C-T---AAA-A-AGA-CTC---G-A---GGTA-AT---T-C---A-T---C---C---C---A-AA---7936
---A---AA---C-TG-C-AA-CC---T-C-T---AAA-A-AGA-CTC---G-A---GGTA-AT---T-C---A-T---C---C---C---A-AA---7911
---A-A---C---AG---C-GT---C-TAACA-T-T-CC-C---A-A---AAA-CTC---C-A---AG-A-A---T-C---G---A-T---C---C---C---A-C-A---7404
---CAG---CGGTA---C-GG-C-AA-G-C-T-CC-T-A---A-G-AAA-CTC---C-A---AGAA-A---T-C---G---A-T---CG-C---C---TG---A---GA-C-A---7672
---CAG---C---GG---C-T-T-A-A---T-A-T-A---A-G-AAA-TTC---C---GG-A-A---T-C---G---A-T---C-T---C---C---A-GA-C-A---7925
---CA---GA---C-TG-C-AAGG-T-T-GC-TG-A---G-A-AAA-CTC---C-A---AG-A-A---T-C---G---A-T---C-C---C---GA-A-A---7379
---CA-A---AA---A-T-C-C-G-GG-A-GA---GTA---GG-CTCGGCA-TTC---C-A-G-G-GACAT---T-C-T-G---A-T-T---T---CC---T---C---G-GA-C-A---7902
---CA-G---A---TA---G-C-TCACG---A---GTA---GG-CTCGGCA-TTC---C-A-G-CA-GA-AT---T-C-T-G---A-T-T---C---CA---T---C---GC-AA---7879
---AAA-T---A-T-A---A-CA---TCTCAC-G-A-GG-AG-A---AG-AC-CGAGAA-CTC---G-A---A-GA-AT---T-C-T-G---A-T---T---C---TT---CT---C---A---A---7889
---CA-A---AA---GGTG-A-A---TCACA-GCG-A-G-AGTATCA-AA-A---AAA-TTC---A-A-ACA-A-AT---C---T---A-T-A---T---CC---CT---C---GA-C-AA---7903
---CA-G---A---A---G---C-CA---A-G-AG-A---AG-ACTCGCAA-CTC---A-A---GA-AT---T-C-T---TT-G---T---C---C---A---A---7020
---G---G-C---C---AA---A-TG-C-AA-G-M-A-CC-T-A---A-A-A-GAA-TTC---A-A-AG---T---A-T-G-T---C---A---G-C-A---7261
---A-A---AA---C-TG-C-AAGG-T-T-CC-T-A---AAA-A-ACA-CTC---C-A---GG-A-A---T-C---A-T---C---C---C---A-C-A---7912
---A-G---A-C-AG---C-TG---GACA---T-C-T---AAA-A-GAA-CTC---C-A---GG-A-A---T-C---A-T---C---C---C---GA---7009
---C-C---CA---T---C-G---T-AG-C-G-A-C-G-A---AA-A-C---T-T-A-G-A-AA-T---T-C---A---G---CA---C-C---A-C---7387
...A...7845
...A...7845
...R...AR...6951
...A...A...6951
...A...A...7841
...A...A...7843
...A...A...7827
...A...A...6951
...A...A...6820
...A...A...6922
...A...A...7340
...A...A...7337
...R...A...6808
...A...A...6951
...C...T...A...7313
...T...A...7316
---A---C---C---TG---AGG---T---C-A-A---C-G---G---A---C-A-T---A---T---C---C---G---7281
---G---AG---TG---AGG---T---C-A-A---A-C---C---T---A---C---T---TC---A---T-A-T---C---T---G---C---A---7795
---G---AG---TR-K-Y-R-AC---T-GC-A-A---A---A---C---T---TC---A---T-A-T---C---T---Y---TA---7322
---G---G---T-G---AC---T-GC-A-A---A---A---A---T---TC---A---T-A-T---C---T---TA---7625
---G---G---T-G---AC---T-GC-A-A---A---A---A---T---TC---A---T-A-T---C---T---A---TA---7624
---G---AG---TR-K-Y-R-AC---T-GC-A-A---A---A---A---T---TC---A---T-A-T---C---T---Y---TA---7337
---G---G---T-G---AC---T-GC-A-A---A---A---A---T---TC---A---T-A-T---C---T---TA---7817
---G---A---G---TG-G-A-G---T-C---A---A---C---T---T---TC---A---T---T---C---C---T---A---7779
---G---G---TG---AGG---T---C-A-A---A-C---A---C---T---T---TC---A---T-A---C---C---G---C-A---7852
---G---A---C-TG-C-G-CA---A-GGA-AGT---G---A-G-C---C-T---A-T-T-T---C---CT---A---A-C-A---7484

V5 loop end

MAC.US.x.239	AATACGCTAAC.....CAGAAGCCAAAGGAACAGCATAAAAGGAATTACGTGCCATGTATATTAGACAAATAATCAACACTTGGCATAAAGTAGGCAAAATGTTATTTCCTCCAAAGAGAGGGGAGACCTCAGTGTAACTCCACAGTGACCAGTCT 8000	
Env	N T A N.....Q K P K E Q H K R N Y V P C H I R Q I I N T W H K V G K N V Y L P P R E G D L L T C N S T V T S L	
A.CI.88.UC2	-CG-GCCAA-A.....-C-GC-C-C-T-C-----C--A-G-G--T-T-C-----G--GC-T--A-----T-G-A-G-GT-G-C-C--A--A--CA- 8015	
A.DE.x.BEN	-CCA-A-ACGG.....-C-C-C-T-----C--A-G-G--T-T-C-----G--GC-T--A-----T-G-A-G-GT-G-C-C--A--A--CA- 8055	
A.DE.x.PET2	GCACACC-AC-G.....-C-C-----T-CA-G-C--A-G--T-T-C-----G--C-A-A-----T-G-A-G--AT-GGTC-C--A--A--CA- 8005	
A.GH.x.GH1	CCG-ATCAG-CA.....-C-GCAC-T-C-G-C--A-G--T-T-C-----C-G--G--A-----T--A-C-GT-G-C-C--A--A--CA- 7481	
A.GM.87.D194	-CG-ACCA-CA.....-C-GC-C-C-T-C-----C--A-G-G--T-T-C-----G--G-C-A-----T-G-A-G-GT-G-C-C--A--A--CA- 7475	
A.GM.x.ISY	CGGTCAAC-G.....-CAT-C-----T--G-C--AGAG--T-T-C-----G--G--A-----T-G-A--GT-GT-CG-A--A--CA- 7478	
A.GM.x.MCN13	-CACACCGC-T.....-T-A-G-C-A--A--T-T-C-----C--G-G--A-----C-G-A-G-GT-G-C-C--A--A--T-CA- 7488	
A.GM.x.MCR35	-CACACCGC-T.....-T-A-G-C-A--A--T-T-C-----C--G-G--A-----C-G-A-G-GT-G-C-C--A--A--T-CA- 7488	
A.GW.86.FG	-CGGGTCAG-A.....-C-GC-C-T-CA-G-C-G-A-G--T-T-C-----C-GG--G--C-A-----C-G-A-G-GT-G-C-C--A-G--CA- 7475	
A.GW.87.CAM2CG	CC-ATA-G-CA.....-GC-C-T-CA-C--A-G--T-T-C-----G--G--A-----C-G-A-G-GT-G-C-C--A--A--CA- 8070	
A.GW.x.ALI	-CGGTCAAG-A.....-C-GCAC-T-CA-G-C--A-G--T-T-C-----C--G-G--A-----T-G-A--GT-GT-G-C-C--A--A--CA- 8045	
A.GW.x.MDS	-C-GATAAGCCA.....-TGGCAC-T-A--C--A-AG--T-T-C-----C--A-G--A-----C-G-A--GT-GGTC-C--A--A--CA- 7538	
A.IN.95.CR1K 147	CC--GAGG-G.....GCATGGC-C-T-----C--A-G-G--T-T-----G--G-C--G-----C-G-A-G-GT-G-C-C--A--T--CA- 7809	
A.IN.x.NNVA	-CA-AT-AA.....ACA-GCAC-T-C--C--A-AG-G--T-----C--G-G-C-A-----C-G-A-C-GT-G-C-C--G-A--T--CA- 8059	
A.SN.85.ROD	-CACACCGC-T.....-T-CA-G-C--A-AG--T-----A--G--G-G--A-----C-G-A-G-G-GT-C-C--A--A--CA- 7504	
B.CI.88.UC1	-CAGGTA-A-CT.....-C-G-A--T-A-G-C-C-C-A--G--G--G--C--G--T-A--T-C-A-----G--TACG--T-C--T--GT--C-----8036	
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56	---GG-A-C.....-A--T--G--C--C--G--G--G--C--G--T-A--T-C-A-----G--CCTG--T-C-----T--C--A--8010	
B.CI.x.EHO	-C-GGGTCTC.....-G-A--T-C-T-C-C--G--G--G--C--CA-T-A-G--G--G--T-A--T-C-----T--A--T-C--T--T--T--C--8020	
B.GH.86.D205	-CA-ATA-A-CT.....-CGG-A--T-C-----C--G--G--G--C--G--T-G--A--A-----A--T--G--T-A--T--T--T--C--8037	
B.JP.01.KR020	-CAGG-AT.....-G-AA--T--G-C-C-C--GG--G--G--T-A--A-----A--TC--T-C--T--T--T--A--7151	
G.CI.92.ABT96	---TGA-CT.....-TA--CC--GA-A-G-C-C--T-A-C-C--G--G--T-A--C--A--G--C--C--A--T--T-G--T-A--C--C--8046	
AB.CI.90.7312A	-CGGGTCAG-CA.....-C-GCAC-T-C-G-C--A-A--T-T-C-----C-G-A--G-----T-G-A-C-AT-G-C-C--A--A--CA- 8046	
AB.CM.03.03CM_510_03	-CGGGCA-A.....-C-GCAC-T-C-G-C--A-AG-G--T-T-C-----G--G--A-----T-G-A--AT-G-T-C--T-A--A--CA- 7140	
U.FR.96.12034	-GC-TG-AGGGA.....-A-C-T--G--GAGA--C-T--T-C-----G--GG--T--A--G--G--G-----A--T--C-C-T--A--T--CA- 7542	
MAC.US.x.17EC1C	8000
MAC.US.x.17EFRC	8000
MAC.US.x.1937	-A.....CAGA-CCAAA.....YTA-R-RMM-K-WMW	7108
MAC.US.x.2065	-A.....A.....Y	7106
MAC.US.x.251_1A11A.....T	7996
MAC.US.x.251_32H_PJ5	G-GT-A.....G.....G--G	7998
MAC.US.x.251_BK28	G-GT-A--C.....G.....G--G	7982
MAC.US.x.80035Y.....A-A	7106
MAC.US.x.97074G.....A-A	6969
MAC.US.x.MAC239_87082G.....A-A	7077
MAC.US.x.MN142	-G-CT-A--C.....G.....A	7495
MAC.US.x.SMM142B	-G-CT-A--C.....G.....A	7492
MAC.US.x.r80025A.....Y.....G	6963
MAC.US.x.r90131A.....Y.....G	7106
MNE.US.82.MNE.8	---CTGA-GGA.....ACTACC.....C.....G.....G.....T	7474
MNE.US.x.MNE027	---CTGA-GGA.....ACTACC.....C.....G.....G.....T.....A	7477
SMM.SL.92.SL92B	---GAGC-G-CCAAGTGGACAACCT-A-CCAA.....-C--G--A--T-A-T-C-C-C-G-----T-T-G--C-GG--A-----C--G-A--T-A--T--C--8046	
SMM.US.x.F236_H4	G-CCA-AAGGTGGCAGATGGAACAA-A-TAGG-A-G-A-G-G-AA--T-----G--C-----G-A--G-A-C--T--T-A--T--C--7965	
SMM.US.x.H9	-A-AT-G-TCT...AGATGGACAAGT-A-C-AG-A--GAT-CC-G-AA--T-----G--C-----G-R-----T-G-A--G-A--T--T-A--T--C--7489	
SMM.US.x.PBJ14_15	C-A-AT-G-TCT...AGATGGACAAGT-A-C-AG-A--G-GA-A-GG-A--T-----T-----G--C-----A-----T-G-A--G-A--T--T-A--T--C--7792	
SMM.US.x.PBJA	C-A-AT-G-TCT...AGATGGACAAGT-A-C-AG-A--G-GA-A-GG-A--T-----T-----G--C-----A-----T-G-A--G-A--T--T-A--T--C--7791	
SMM.US.x.PBJ 143	-A-AT-G-TCT...AGATGGACAAGT-A-C-AG-A--GAT-CC-G-AA--T-----R--G-----G--C-----G-R-----T-G-A--G-A--T--T-A--T--C--7504	
SMM.US.x.PBJ 6P6	C-A-AT-G-TCT...AGATGGACAAGT-A-C-AG-A--G-GA-A-GG-A--T-----T-----G--C-----G--G-----T-G-A--G-A--T--T-A--T--C--7984	
SMM.US.x.PGM53	-C--T-AGTTCCTCTATGGACAAA-A-CAAAGCCA-CG-AA-G-G-A-C-----T-----G--G-----G--G-----T-G-A--G-A--T--T-A--T--C--7949	
SMM.US.x.SMES43	G-CCA-AA-GTAAACAGATGGAACAA-A--AAGCCA-G-A-G-G-A--T-----T-----G--C-----A-----T-G-A--G-A--T--T-A--T--C--8022	
STM.US.x.STM	-G---T-AG-AATGAGAGATGGAACA-A-CAA-----A-A-G-----T-A-----C-C-C-----G---T-T-A-----G-----C-A-----T-T-----T-----A- 7654	

Rev Responsive Element (RRE) start

CATAGCAAAACATAGATTGG ATTGATGAAACCAACTAATATCACCATGAGTGGAGGTTGGCAGAACTGTATCGATTGGAAATGGGAGATTATAAATAGTAGAGATCACTCCAATTGGCTGGCCACACAGATGTGAAGAGGTACACTCTGGTGGCA 8161

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

A - T - T - - - - T - C - - - - - CA - - - - - T - G - C - C - T - - T - T - - - - - C - A - - - - - GA - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - AG - AA - A - A - - - - - TT - CT - G - CG - - - - - C 8170

A - T - T - - - - T - CATA - - - - - GAT - AAA - C - G - CT - - - - - T - T - - - - - A - - - - - C - A - C - - - - - C - C - - - - - A - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - CA - GA - - - - - TT - CT - AAC - - - - - C 8216

A - T - T - - - - T - CAT - - - - - TT - AT - - - - - G - A - GC - T - - T - T - - - - - A - C - - - - - A - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - TCA - AA - A - A - - - - - TT - CT - - - - - C 8160

A - T - T - - - - T - CGTA - - - - - A - A - T - - - - - G - A - - - - - T - T - T - - - - - A - C - A - - - - - A - - - - - AG - A - A - - - - - C - A - T - - - - - GAGA - A - A - A - - - - - TT - CT - G - C - - - - - C 7636

A - T - T - - - - T - C CA - - - - - GTT - - - - - G - C - C - T - - T - T - - - - - A - C - A - - - - - G - C - C - - - - - GA - AG - A - A - - - - - CCG - C - A - T - - - - - A - A - A - A - A - - - - - TT - CT - G - C - - - - - C 7630

A - T - T - - - - T - GTT - - - - - GA - GA - AT - - - - - GG - A - - - - - T - T - T - - - - - A - C - A - - - - - G - - - - - AG - A - A - - - - - C - - - - - T - - - - - CA - AA - A - A - - - - - A - T - CT - - - - - C 7636

A - T - T - - - - T - GCA - - - - - A - - - - - TA - T - A - - - - - T - T - T - - - - - A - C - A - G - - - - - G - - - - - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - CA - AA - A - A - - - - - T - CT - AC - - - - - C 7643

A - T - T - - - - T - GCA - - - - - A - A - TA - T - AG - T - - T - T - - - - - A - C - A - G - - - - - G - - - - - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - CA - AA - A - A - - - - - T - CT - AC - - - - - C 7643

A - T - C - - - - T - GC - - - - - G - T - A - - - - - T - T - T - - - - - C - A - C - - - - - G - C - - - - - G - - - - - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - TCA - A - A - - - - - T - CT - - - - - C 7627

A - T - T - - - - T - CGA - - - - - GG - AATC - GAC - A - - - - - T - T - T - - - - - T - - - - - C - - - - - G - - - - - G - - - - - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - TCACAA - - - - - A - T - CC - - - - - C 8228

A - T - T - - - - T - CAC - - - - - C - - - - - G - A - - - - - T - T - T - - - - - A - C - A - - - - - G - - - - - G - - - - - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - TCA - AA - G - - - - - A - T - CT - AC - - - - - C 8200

A - T - T - - - - T - CGAC - - - - - A - G - AT - T - G - A - - - - - T - T - T - - - - - T - - - - - C - A - - - - - A - - - - - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - CCA - AA - AC - A - - - - - T - CT - - - - - C 7693

A - T - T - - - - T - GTA - - - - - AACGAAATA - AT - A - GG - A - - - - - T - T - T - - - - - A - C - G - A - - - - - G - - - - - G - - - - - AG - A - A - - - - - C - A - T - - - - - TCA - AA - AC - - - - - T - CT - - - - - C 7971

A - T - T - - - - T - AGA - - - - - T - - - - - A - G - T - - T - T - - - - - G - - - - - C - A - C - A - - - - - G - - - - - G - - - - - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - CCA - AA - AC - A - - - - - T - CT - CC - - - - - T 8208

A - T - T - - - - T - C - - - - - CAAA - CAAT - T - G - A - C - T - - T - T - - - - - A - CA - - - - - G - - - - - G - - - - - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - A - AA - A - A - - - - - T - CT - - - - - C 7662

T - - - - - C - - - - - T - CGT - TATTATGATGGCA - - - - - AT - C - A - G - C - - - - - T - - - - - A - - - - - CA - - - - - C - G - C - C - - - - - A - A - A - G - - - - - T - A - T - - - - - GA - A - A - A - - - - - TT - CT - AACG - - - - - C 8203

T - - - - - C - - - - - T - A - - - - - A - C - G - G - C - - - - - T - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - C - G - C - C - - - - - A - A - A - G - - - - - T - A - T - - - - - A - A - A - A - - - - - TT - CT - A - CA - - - - - C 8168

--- C - - - - - T - C - - - - - A - AAC - TT - - - - - T - TG - - - - - A - T - - - - - AA - - - - - C - G - C - C - - - - - A - A - - - - - T - A - T - - - - - AG - A - A - A - - - - - TT - CT - A - TG - - - - - C 8178

--- C - - - - - CA - C - CA - - - - - CAAC - GTACC - C - - - - - TT - TG - - - - - A - T - - - - - A - - - - - C - G - C - C - - - - - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - AG - A - A - A - - - - - TT - CT - A - TA - - - - - C 8192

--- C - T - T - - - - CAA - AAT - TAGG - - - - - A - T - - - - - A - - - - - C - G - C - C - C - - - - - A - A - A - - - - - T - A - T - - - - - AG - A - A - A - - - - - TT - CT - A - CG - - - - - C 7309

A - - - - - G - T - - - - - AGA - - - - - AAT - GGTC - AAC - - - - - T - A - - - - - TTT - C - - - - - A - - - - - G - - - - - A - - - - - A - A - - - - - T - A - - - - - A - A - - - - - TT - CT - - - - - TG - - - - - C 7577

G - T - T - - - - T - CGTA - - - - - GACG - A - G - AAT - GG - A - - - - - T - T - T - - - - - C - A - - - - - A - - - - - AG - G - A - - - - - T - C - A - T - - - - - TCA - AA - A - A - - - - - T - CT - AC - - - - - C 8207

A - T - T - - - - T - CACA - - - - - A - A - T - G - C - C - T - - T - C - - - - - C - A - G - - - - - C - C - - - - - GA - A - A - A - - - - - C - A - T - - - - - AC - AAGG - - - - - TT - CT - AAC - - - - - C 7295

G - T - - - - T - T - - C - - - - - A - CAA - T - A - - - - - T - - - - - C - A - - - - - A - A - G - - - - - G - - - - - G - - - - - A - A - A - GA - - - - - T - T - - - - - CCA - A - A - A - - - - - TT - CT - A - TG - - - - - C 7700

MAC.US.x.17EC1 8161

MAC.US.x.17EFR 8161

MAC.US.x.1937 7269

MAC.US.x.2065 7267

MAC.US.x.251.1A11 8157

MAC.US.x.251.32H.PJ5 8159

MAC.US.x.251.BK28 8143

MAC.US.x.80035 7267

MAC.US.x.97074 7238

MAC.US.x.MAC239.87082 7130

MAC.US.x.MN142 R - - - - - 7238

MAC.US.x.SMM142B A - - - - - 7656

MAC.US.x.r80025 C - - - - - G - - - - - 7653

MAC.US.x.r90131 A - - - - - 7124

MNE.US.82.MNE.8 7267

MNE.US.x.MNE027 A - - - - - 7635

SMM.SL.92.SL92B A - - - - - T - - - - - CAAC - TG - G - C - - - - - T - - - - - A - - - - - T - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - T - - - - - C - - - - - A - - - - - C - AA - - - - - 7609

SMM.US.x.F236.H4 G - G - - - - CA - A - C - TG - G - C - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - A - - - - - T - - - - - C - - - - - AG - A - GA - - - - - C - AAC - - - - - TG 8126

SMM.US.x.H9 G - A - - - - CA - C - TA - G - C - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - A - - - - - T - - - - - C - - - - - AG - A - A - - - - - C - AAC - - - - - TG 7650

SMM.US.x.PBJ14.15 G - A - - - - CA - C - TG - G - C - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - C - C - - - - AG - A - A - - - - - C - AAC - - - - - TG 7953

SMM.US.x.PBJA G - A - - - - CA - C - TG - G - C - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - C - - - - - T - - - - - C - C - - - - AG - A - A - - - - - C - AAC - - - - - TG 7952

SMM.US.x.PBJ.143 G - A - - - - CA - C - TA - G - C - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - AG - A - A - - - - - C - AAC - - - - - TG 7665

SMM.US.x.PBJ.6P6 G - A - - - - CA - C - TG - G - C - - - - - G - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - C - - - - - C - - - - - AG - A - A - - - - - C - AAC - - - - - TG 8145

SMM.US.x.PGMS3 G - T - - - - C - - - - - TG - G - C - - - - - CA - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - C - - - - - AG - A - G - - - - - A - - - - - TG 8107

SMM.US.x.SMES43 G - G - - - - CA - AAC - TG - G - C - - - - - G - - - - - G - - - - - T - - - - - C - - - - - AG - A - GA - - - - - C - AAC - - - - - TG 8183

STM.US.x.STM A - - - - - T - - C - - - - - C - A - CAAT - TG - G - - - - - C - - - - - TGCA - - - - - C - - - - - A - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - A - - - - - 7812

Env gp120 end_Env gp41 start

```

CCTCAAGAAATAAAAGAGGGGCTTTTGCTAGGGTTCTTGGGTTTTCTCGCAACGGCAGGTTCTGCAATGGGCGGGCGTCTGGAGCTGACCGCTCAGTCCGAACTTTATTGGCTGGGATAGTGCAGCAACAGCAACAGCTGTTGGACGTGGTCAAGAGACAACA 8331
T S R N K R G V F V L G F L G F L A T A G S A M G A A S L T L T A Q S R T L L A G I V Q Q Q Q L L D V V K R Q Q
-AG-G--G-C-----T-G-C-----C-----G-A-----CC-----T-A-----G-----C-----C-----A-A-----8340
-A-GT-G--G-C-----T-G-C-----G-A-----CG--CC-----T-A-C-----G-----C-----C-----A-----8386
-A-CAG--G-----T-G-----AG-----G-A-----C-----T-G-----TC-G-CT-AC-G-----C-----8330
-AGTG--G-C-----T-G-----G-A-----G-----GC--CC-----T-G-----G-----C-----C-----A-----7806
-AGTG--G-C-----T-G-C-----G-A-----G-A-----G-----GC--CC-----T-G-----G-----C-----C-----7800
-AGGG--C---G-----T-G-C-----C-A-----A-G-A-----G-----GC--CC-----T-G-----G-----C-----C-----7806
-AATG--G-C-G-----T-G-C-----A-----C-----G-----C-A-----T-G-----T-G-----C-----C-----G-----7813
-AATG--G-C-G-----T-G-C-----A-----C-----G-----C-A-----T-G-----T-G-----C-----C-----G-----7813
A-CAG--C---C-----T-G-----C-A-----A-----A-----C-----T-A-----T-G-----C-----C-----A-----T-----7797
A-GGG--CC-----T-G-----A-----A-----AGT-----A-----C-----T-A-----T-G-----C-----C-----A-----7797
-AAGG--G-----T-G-C-----A-----G-A-----AG-----A-----AG-----T-A-----T-G-----C-----C-----G-----8370
A-GGG--C---C-----T-G-----A-----A-----G-----A-----C-----T-----T-G-----C-----C-----C-----7863
--GGG--C---C-----T-GC-C-----AA-----A-----A-----G-----A-----C-----T-----C-G-----C-----C-----8141
-AGG--C-A-C-----T-G-C-----C-A-----A-----A-----A-----C-----T-----C-G-----C-----C-----G-----8378
A-GGG--C---C-----T-G-C-----C-----A-----A-----C-----CG-T-G-----G-----C-----C-----8782
-AC-G--G-----T-AA-G-----AC-----T-----T-----AA-----C-----T-A-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----8373
-AC-G--G--GG-----T-AA-G-----C-----A-----G-----A-----C-----T-A-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----8338
-AC-G--G-----T-AC-----T-A-C-T-G-----G-----C-----T-G-----G-----C-----C-----G-----C-----A-----G-----8348
AAC-G--G-----T-AA-G-----A-----A-C-T-----T-----AA-----T-----T-A-----G-----C-----C-----G-----CTG-----A-----G-----8362
-AC-G--G-----T-ACCG-----T-A-----T-----T-----C-----T-T-G-C-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----7479
-AC-G-A-----T-A-----T-A-----T-----T-----A-A-----A-----T-G-----G-----G-----G-----T-----G-----7747
-GGGG--C-----T-A-C-----A-G-A-----AG-----A-----C-----T-G-----T-G-----C-----C-----A-----A-----8377
-AGGG--G-----T-A-----A-----A-C-T-G-----A-----C-----T-A-----G-----G-----G-----C-----C-----A-----G-----7465
-AC-G--G-----G-A-A-----T-----C-----T-----T-A-----G-----C-----C-----A-----A-----8780
.....8331
.....8331
.....R-----8331
.....R-----8331
.....A-----G-----8329
.....G-----8313
.....G-----7437
.....G-----7300
.....CG-----G-----7408
.....CG-----G-----7826
.....CG-----G-----7823
.....CG-----G-----7294
.....A-----G-----7437
.....A-----G-----7805
.....A-----G-----7808
.....AG-----G-----A-----G-----A-----G-----7779
.....G-----G-A-----G-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----8296
.....G-----G-A-----G-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----7820
.....G-----G-A-----G-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----8123
.....G-----G-A-----A-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----8122
.....G-----G-A-----G-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----7835
.....G-----G-A-----G-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----8315
.....G-----G-A-----G-----CG-----T-G-----G-----G-----T-----A-----8277
.....G-----G-A-----G-----C-----T-G-----G-----G-----T-----T-----8353
.....C--G-----C-----G-A-----A-----C-----G-----G-----A-----7982

```


MAC.US.x.239
Env.
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205
B.JP.01.KR020
G.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM_510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239_87082
MAC.US.x.MN142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14.15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.x.STM

GAATTGTTGCGACTGACCGTCTGGGGAACAAGAACCTCCAGACTAGGGTCACTGCCATCGAGAAGTACTTAAAGGACCAGGGCGCAGCTGAATGCTTGGGATGCGCTTTAGACAAGTCTGCCACACTACTGTACCATGG...
E L L R L L T V W G T K N L Q T R V T A I E K Y L K D Q A Q L N A W G C A F R Q V C H T T V P W
... C C A A T G A A G T C T A A C 8489
... C C A A T G A A G T C T A A C 8498
... G T - - A C T C - T - - 8498
... G T - - A C T C - T - - 8544
... G A - - A A C - - C A - - G T 8488
... G T - - A T T C - T - - 7964
... G T - - A C T C T - - 7958
... G T - - A C C C T - - 7964
... G T - - A T C C T - - 7971
... G T - - A T C C T - - 7971
... G T - - A T C C T - - 7955
... G - - A G T C - T - - 8556
... G T - - A A C T C T - - 8528
... G T - - A G T T C C T - - G A 8021
... G T - - A T T C C T - - G - 8299
... G A - - A T C C T - - G T 8536
... G T T - - A T T C C T - - G - 7990
... - - A - - C - - C - - 8531
... - - A - - T C - - C - - 8496
... G T - - A T C C - - T - - A 8506
... - - A - - C C - - C - - 8520
... C A A - - A T C - - 7637
... - - A A - - C A T - - G G A 7917
... G T - - A C - - C T - - G - 8535
... G T - - A T C C T - - 7623
... A T - - C A C - - C A T - - 8028
... T 8489
... T 8489
... Y R Y - - A - - M - - 7597
... 7595
... 8485
... 8487
... 8471
... 7595
... 7458
... 7566
... 7984
... 7981
... R - - Y 7452
... 7595
... A 7963
... T 7966
... - - A - - C A T - - T G T 7937
... - - A - - C A T - - G G T 8454
... - - A C - - C A T - - G - 7978
... - - A C - - C A T - - G - 8281
... - - A C - - C A T - - G - 8280
... - - A C - - C A T - - G - 7993
... - - A C - - C A T - - G - 8473
... - - C T C A T - - G G T 8435
... - - A C T C A T - - G G T 8511
... - - A T T C - - T - - G G T 8140

MAC.US.x.239	ACCAAAGTGGAAACATGAGACTTGGCAAGAGTGGGAGCGAAAGTTGACTTCTTGGAAAGAAATATAACGCCCTCTAGAGGAGGCCACAAATCAACAAGAGAAGAACATGTATGAATTACAAAAGTTGAATAGCTGGGATGTGTTGGCAATTTGGTTTGACCTTGCTT	8659
Env	P K W N N E T W Q E W E R K V D F L E E N I T A L L L E E A Q I Q Q E K N M Y E L Q K L N S W D V F G N W F D L A	
A.CI.88.UC2	---T-GA---AT--A---G-A---AAA-C-A---CCG-A-C-A---G-C---C-GTCAAAG-T---A---A---T---A---A---A---C---C---TT-AA-C	8668
A.DE.x.BEN	G-TG-C---A---AT--A---G---AA-C-A---CCG-A-C-A---G-C---C-GTCAAAGTT---A-A-C---A---T---A---A---A---A---TC---C---TT-AA-C	8714
A.DE.x.PE12	---TG-T---CAT--G---G-A---A-A-C---AACCAG-GA-C-A---G-C---C-GTAGATCGT---C---C---A---T---GC---A---A---A---A---C---TT-AA-C	8658
A.GH.x.GH1	G-TG-C---AT--A---G-A---AAA-C-A---CCG-A-C-A---G-C---C-GTCAAAGTT---AC---A---A---T---C---C---C---C---TT-AA-C	8134
A.GM.87.D194	---TG-C---AT--A---G-A---AAA-CGA---CC---A-C-A---G-C---C-GTCAAAGTT---AC---A---A---T---C---C---C---C---TT-AA-C	8128
A.GM.x.ISY	---TG---CAT--A---A---A-AC-AA-CCG---C-A---G-C---C-GT-AGAGTT---AC---C-G-A---T---GC-G---C-A---T---C---T-AA-C	8134
A.GM.x.MCN13	G-TG---AT--G---A---AG-C-AA-CCG-GA-C---G-C---C-GTCAA-AAT---AC-A---G---A---T---GC-G---A---A---T---T---T-AA-C	8141
A.GM.x.MCR35	G-TG---AT--G---A---AG-C-AA-CCG-GA-C---G-C---C-GTCAA-AAT---AC-A---G---A---T---GC-G---A---A---T---T---T-AA-C	8141
A.GW.86.FG	---TG-T---AT--G---G-A---A-A-A---CCG-A-C---G-C---C-GTCAAAGT---AC-A---G---A---T---GC-G---A---A---A---T---T-AA-C	8125
A.GW.87.CAM2CG	---TG-T---AT--A---G-A---A-A---CCG-A-C---G-C---C-GTCAAAGTT---A---C---G---A---T---GC-G---A---A---C-A---T---T-AA-C	8726
A.GW.x.ALI	---TG-T---G---CAT--G---G-A---A-A-C---CCGT-A-C-A---G-C---C-GT-AA-AGT---ACG---A---A---T---C---G---A---A---C---T-AA-CG	8698
A.GW.x.MDS	---TG-T---G-A---AT--G---G-A---A-A---CCG-A-C---G-C---C-GTCAAAGT---A---C---G-G-AC---T---GC-G---A---A---A---T-AA-C	8191
A.IN.95.CR1K.147	---TG-T---A---AT--A---T---A---A-A---CCG-A-C---G-C---C-GTCAAAGTT---AC---C---G-A---G---GC-T---A---A---A---T-AA-C	8469
A.IN.x.NNVA	---T-T---A---AT--G-CA---A-A---A---CCG-CA-C---G-C---C-GTCAAAGTT---AC---C-G-G-A---T---C---G---A---A---A---T-AA-C	8706
A.SN.85.R0D	---TG-C-G---AT--G---G-A---AAA-C-A---CCG-A-C---G-C---C-GTAAAAGTT---AC---G---G---A---T---C---G---A---A---A---T-AA-C	8160
B.CI.88.UC1	---G-C---G-A---CAT--A---C---AAAGCGA---CA-T---T-C---G---GT---A---A---T-G-A---G---A---G---G-A-A---T---T---T-AA-C	8701
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	---C-C---CAG-CAT--A---GC-A---GAG---CC---A---T-C---CAAT-AT---A---G-A---G-G-A---T---GC-G---A---CAT---T---A-T---T-AA-C	8666
B.CI.x.EH0	G---G-C---T---CAT--A---C-A---A-GC-A---CCG---T-C---AAAT-A---A---G-A---A---A---G---G---A---CAA---A---T-CA-T---T-AA-C	8676
B.GH.86.D205	---T---T---CAT--A---C---AAAG-C---CC-T---T-C---G-T-GT---A---T-G-A---G-A---G---G-AA-A---T---T---T---T-AA-C	8690
B.JP.81.KR020	T---C---G---CAT--A---GC---AAAC---CCG---T---T---AAAT-AT---A-T---G-A---AG---CA-G---G-AC-A---CCAA---T---A-T---T-AA-C	7807
G.CI.92.ABT96	G---C-A---T---AT--A---A---AAAGC-A-CA---T---G-C-C-C---CCG-AT---A-A---G---G-A-A-T---G-G-A---A---A---T-AA-C	8087
AB.CI.90.7312A	---TG-T---G---CAT--G---C-A---AAA-C-AA-CCG-GA-C---G-C---C-GT-AAAGT---AC---C---G---A---T---A---A---T---T-AA-C	8705
AB.CM.03.03CM_510_03	G-T-T-C-G---AT--A---GC-A---GA---CCG-GA-C-A---G-C---C-GTCAA-TT---AC-G---G---A---T---C---AC-A---C-A-C---TT-AA-C	7793
U.FR.96.12034	---T-T---G-T---AT--G---A---GA---GA---A---C---CAG-AT---A-CA-T---A---A---A---G-A-A-A---A-C---T-C---T-AA-C	8198
MAC.US.x.17EC1	-----A-----A-----	8659
MAC.US.x.17EFR	-----A-----	8659
MAC.US.x.1937	-----G-----	7767
MAC.US.x.2065	-----G-----	7765
MAC.US.x.251.1A11	-----A-----	R---7765
MAC.US.x.251.32H.PJ5	---G-C---T-----	8657
MAC.US.x.251.BK28	---G-C---T-----	8641
MAC.US.x.80035	-----R-----	7765
MAC.US.x.97074	-----R-----	7628
MAC.US.x.MAC239_87082	-----R-----	7736
MAC.US.x.MN142	---G-T---G-----	8154
MAC.US.x.SMM142B	---G-T---G-----	8151
MAC.US.x.r80025	-----G-----	7622
MAC.US.x.r90131	-----G-----	7765
MNE.US.82.MNE.8	---T---G---TT---A-----A-----	8133
MNE.US.x.MNE027	---T---G---T---A-----A-----	8136
SMM.SL.92.SL92B	C---G-C---AT--A---A---AA---A---C-A---G-C---TCAAAGT-G---A---G-C-A---G---A---A---G-A---A---A---A---A---A-C	8107
SMM.US.x.F236.H4	G---T-T---AT--Y---AA-C---GA---C-A---G-C---TCAAT-AT---A-A---G---A---T---G---A---A---A---A---SK---N-T-Y---K---A---A	8624
SMM.US.x.H9	---T-RC---AT--Y---AAA-C---GA---C-A---G-C---TSAATYAT-G---A-A---G---AM---T---G---A---A---SK---N-T-Y---K---A---A	8148
SMM.US.x.PBJ14.15	---T-C---AT--Y---AAA-C---GA---C-A---G-C---TCAATCAT-G---A-A---G---A---T---C---G---A---A---SK---N-T-Y---K---A---A	8451
SMM.US.x.PBJA	---T-C---AT--Y---AAA-C---GA---C-A---G-C---TCAATCAT-G---A-A---G---A---T---C---G---A---A---SK---N-T-Y---K---A---A	8450
SMM.US.x.PBJ.143	---T-RC---AT--Y---AAA-C---GA---C-A---G-C---TSAATYAT-G---A-A---G---AM---T---G---A---A---SK---N-T-Y---K---A---A	8163
SMM.US.x.PBJ.6P6	---T-C---AT--Y---AAA-C---GA---C-A---G-C---TCAATCAT-G---A-A---G---A---T---C---G---A---A---A---T---A---A---A---A	8643
SMM.US.x.PGM53	G---T-T---AT--A---AA-C---GA---C-A---G-C---TCAGGAT-G---A-A---G---A---T---G---A---A---A---A---A---A---A---A	8605
SMM.US.x.SME543	G---T-T---G---AT--A---AG---C-A---G-C---TCAAT-AT---A-A---G---A---T---T---G---AC-A---A---C---A---A---A---A---A	8681
STM.US.x.STM	---GG-T---AT--A---G-A---A---A---TC-T-G-C---CAA-GT---A-A-T---G---G---A---T---G-G---AC-A---A---A---A---A---A-C	8310

MAC.US.x.239
Env
Tat exon 2
Rev exon 2
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56
B.CI.x.EHO
B.GH.86.D205
B.JP.81.KR020
G.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM_510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239_87082
MAC.US.x.MM142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14.15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGMS3
SMM.US.x.SME543
STM.US.x.STM

CTTGGATAAGTATATACAATATGGAGTTTATATAGTTGAGGAGTAATACTGTTAAGAATAGTGATCTATATAGTACAATACTGCTAGTAAAGGAGGGGTATAGGCAGTGTTCTCTTCCCACCTCTTATTTCCAGCAGCCATATCCAACAGGACCCGGG 8829
S W I K Y I Q Y G V Y I V V G V I L L R I V I Y I V Q M L A K L R Q G Y R P V F S S P S Y F Q Q T H I Q Q D P A
N P Y P T G P G
-C -C -A - - -T - - - -G - - - -A - - - -A - - - -GCT - - - - -CA - - - -G - - -G - - -T - -T - -AG - -GA - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -C - - -A - -T - - -TACA - - -G - -G - 8838
-C -G -C - - -T - - - -G - - -GC - - -A - - -G - - -A - - -GCT - - - -CA - - - -G - - -G - - -T - -T - -AG - -GA - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -C - - -A - -T - - -CA - - -G - -G - 8884
-C -C -T - - -T - -G - - - -G - - -A - - -AA - - -A - - -GCT - - - -CA - - - -G - - -G - - -T - -T - -AG - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -C - - -A - -T - - -CA - - -TG - -A - 8828
-C -C -C - - -A - - - -G - - - -G - - -G - - -T - -T - -AG - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -C - - -A - -T - - -CAC - - -G - -G - 8304
-C -C -C - -A - - -T - - - -A - - - -A - - -GGT - - - -CC - - - -G - - -T - -T - -AG - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -C - - -A - -T - - -CAC - - -AG - -G - 8298
-C -C -C - -T - - - -CATG - - - -A - - - -A - - -G - -GCTC - -C - - -A - - - -G - - -T - -T - -AG - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -C - - -A - -T - - -CA - - -TG - -A - 8304
-C -C -C - -T - - - -A - - - -A - - -A - - -G - -GTC - -T - - -A - - - -G - - -T - -T - -AG - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -C - - -A - -T - - -CA - - -TG - -A - 8311
-C -C -C - -C - - - -A - - - -A - - -A - - -G - -GTC - -T - - -A - - - -G - - -T - -T - -AG - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -C - - -A - -T - - -CA - - -TG - -A - 8311
-C -G -C -G - - -T - - -G - - -A - - -A - - -G - -GCT - - - -A - - - -G - - -T - -T - -AG - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -C - - -A - -T - - -CA - - -A - - 8295
-C -C -G -C -G - - -T - - - -A - - - -A - - -A - - -G - -GCT - - - -A - - - -G - - -T - -T - -AG - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -C - - -A - -T - - -CA - - -A - - 8896
-C -G -C -G - - -T - - - -A - - - -A - - -A - - -G - -GCTC - -T - - -A - - - -G - - -T - -T - -AG - -GAC - -C - - -A - - -C - - - -T - -T - -C - - -T - -C - -GG - -CA - -A - -T - - -CA - - -A - - 8868
-C -C -C - -T - - - -C - - - -A - - - -A - - -A - - -G - -GTC - -T - - -A - - - -G - - -T - -T - -AG - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -A - -A - -T - - -CA - - -G - -A - 8361
-C -C -C - -T - -G - - - -GC - - -A - - -A - - -G - -GTC - -T - - -A - - - -G - - -T - -T - -AG - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -A - -A - -T - - -CA - - -T - -A - 8639
-C -C -C - -T - -G - - - -C - - - -A - - - -A - - -A - - -GCT - - - -G - - -A - - -G - - -T - -G - -C - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -A - -A - -T - - -CA - - -A - - 8876
-C -G -C -T - - -T - - -GCT - - -A - - -C - - -GCT - - - -G - - -A - - -G - - -T - -G - -C - -T - -AA - - -C - - - - -T - -T - -C - - -C - -GG - -A - -A - -T - - -CA - - -G - -G - 8330
-C - -GGCA - -C - -CAGG - -TA - -C - -A - -G - - -A - - -C - -T - -G - - -G - - -A - - -C - -TA - -G - -G - -A - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -A - - -C - -T - - -ACT - -A - -T - -C - - -GCA - -AC - -G - -G - 8871
-C - -GGCA - -C - -CAGG - -TA - -C - -G - -G - -A - - -T - -G - - -G - - -A - - -G - -TA - -G - -A - -G - -C - -T - -AA - - -C - - - - -A - - -C - -T - - -ACT - -A - -T - -C - - -CA - -C - -G - -G - 8836
-C - -GGCA - -C - -CAGG - -TA - -T - -A - - -AA - - -A - - -G - -G - -A - - -CA - - -C - -TA - -G - -A - -G - -C - -T - -AA - - -C - - - - -A - - -C - -T - - -ACT - -A - -T - -C - - -GCA - -G - -G - 8846
-C - -A - -C - -T - -TA - -C - -A - - -A - - -C - -GT - -G - -G - -A - - -C - -T - -G - -G - -A - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -A - - -C - -T - - -ACT - -A - -T - -C - - -GCA - -G - -G - 8860
-C - -GC - -C - -ATA - -T - -A - -G - -A - -A - -GT - -G - -G - -AC - - -A - - -C - -TT - -G - -G - -A - -GAC - -T - -AA - - -C - - - - -A - - -C - -T - - -G - -T - -A - -T - -C - - -CA - -G - -A - -G - 7977
-C -G -T - -A - -CG - -TT - -C - -TA - -CC - -G - -G - -C - - -G - - -C - -A - -G - - -A - - -GA - -GAC - -T - -A - - -T - -T - -YT - -T - - -G - -T - - -GCA - -A - -A - -G - 8257
-C -G -C - -A - -T - -G - - - -A - - -A - - -A - - -G - -GCTC - -C - -G - -A - -A - -G - - -A - - -G - -GAC - -T - -AAGA - -C - - -T - -T - -C - -GG - -C - -A - -T - -G - -CA - -A - -A - -G - 8875
-C -C -G - -A - -T - -G - - - -A - - -C - -G - -G - -T - -C - -R - -CA - -A - -C - -G - - -Y - -AG - -GAC - -T - -A - - -C - - - - -T - -T - -C - -GG - -G - -A - -T - -G - -CAC - -A - -G - 7963
-A -G -T - -A - -G - -T - -C - -TA - -C - -G - -G - -A - -C - -A - - -A - - -AC - -T - - -A - - -G - -C - -T - -G - -GTC - -T - -A - -A - -T - - -T - - -AC - -G - -TG - -A - -T - -C - - -G - -A - -G - 8368
.....G..... 8829
.....G..... 8829
.....R..... 7937
..... 7935
.....A..... 8825
.....T..... 8827
.....A..... 8811
.....A.....G..... 8811
.....A.....A..... 7906
.....R..... 7998
.....A.....A..... 8324
.....A.....A..... 8321
.....R..... 7935
.....G.....C..... 8303
.....G.....C..... 8306
-C -G - -GA - -C - -G - -C - -T - -C - -CA - -A - -G - -T - -T - -G - -G - -T - -AG - -G - -A - -T - -T - -T - -C - -C - -A - -CAT - -T - -G - -G - -G - -A - -A - 8277
-GA - - -T - -ACT - -C - -GG - -A - -A - -G - -G - -T - -G - -A - -T - -T - -G - -G - -T - -C - -CA - -G - -A - -A - 8794
Y - -A - -T - -ACTG - -C - -GGA - -A - -G - -G - -T - -G - -A - -T - -T - -G - -R - -G - -TY - -T - -C - -Y - -RAC - -G - -A - -A - 8318
-A - -T - -ACTG - -C - -GGA - -A - -G - -G - -T - -G - -A - -T - -T - -G - -G - -T - -GT - -C - -GAC - -G - -A - -A - 8621
-A - -T - -ACTG - -C - -GGA - -A - -G - -G - -T - -G - -A - -T - -T - -G - -G - -T - -C - -GAC - -G - -A - -A - 8620
Y - -A - -T - -ACTG - -C - -GGA - -A - -G - -G - -T - -G - -A - -T - -T - -G - -R - -G - -TY - -T - -C - -Y - -RAC - -G - -A - -A - 8333
-A - -T - -ACTG - -C - -GGA - -A - -G - -G - -T - -G - -A - -T - -T - -G - -G - -T - -T - -C - -GAC - -G - -A - -A - 8813
-A - -G - -T - -ACT - -C - -GG - -A - -G - -G - -A - -G - -A - -T - -T - -GT - -G - -T - -T - -C - -CA - -G - -A - -A - 8775
-GA - - -T - -ACTA - -T - -GG - -A - -G - -G - -A - -G - -A - -T - -C - -T - -G - -G - -T - -T - -C - -CA - -G - -A - -A - 8851
-G - -GA - -C - - -A - -T - - -A - - -T - -G - -A - -G - -CA - - -A - -G - -T - -T - -G - -C - -T - -A - -A - -T - -C - -T - - -G - -CGT - -T - -C - -CA - -G - -A - -A - 8480

MAC_US.x.239

Env

Tat exon 2

Rev exon 2

A.CI.88.UC2

A.DE.x.BEN

A.GH.x.GH12

A.GH.x.GH1

A.GM.87.D194

A.GM.x.ISY

A.GM.x.MCN13

A.GM.x.MCR35

A.GW.86.FG

A.GW.87.CAM2CG

A.GW.x.ALI

A.GW.x.MDS

A.IN.95.CR1K.147

A.IN.x.NNVA

A.SN.85.ROD

B.CI.88.UC1

B.CI.89.pPRD320-20HIV2_56

B.CI.x.EHO

B.GH.86.D205

B.JP.01.KR020

G.CI.92.ABT96

AB.CI.90.7312A

AB.CM.03.03CM_510_03

U.FR.96.12034

MAC_US.x.17EC1

MAC_US.x.17EFR

MAC_US.x.1937

MAC_US.x.2065

MAC_US.x.251_1A11

MAC_US.x.251_32H_PJ5

MAC_US.x.251_BK28

MAC_US.x.80035

MAC_US.x.97074

MAC_US.x.MAC239_87082

MAC_US.x.MM142

MAC_US.x.SMM142B

MAC_US.x.r80025

MAC_US.x.r90131

MNE_US.82.MNE.8

MNE_US.x.MNE027

SMM_SL.92_SL92B

SMM_US.x.F236_H4

SMM_US.x.H9

SMM_US.x.PBJ14_15

SMM_US.x.PBJA

SMM_US.x.PBJ_143

SMM_US.x.PBJ_6P6

SMM_US.x.PGM53

SMM_US.x.SME543

STM_US.x.STM

Tat end

CTGCCAACAGAGAAGGCAAAAGAGACGGTGGAGAGGGGGTGCACAGCTCTGGCCTTGGCAGATAGAATATATTCATTTCCTGATCCGCCAATGATACGCCCTTGA	CTTGGCTATTGAGCAACTGCAGAACCTTGCATCGAGATATACAGATCCTCCA	8999
L P T R E G K E R D G G E G G G N S S W P W Q I E Y I H F L I R Q L I R L L T W L F S N C R T L L S R V Y Q I L Q		
C Q P R K A K K E T W E R R V A T A P G L G R *		
T A N Q R R Q R K R R W R R W Q Q L L A L A D R I Y S F P D P P T D T P L D L A I Q Q L Q N L A I E S I P D P P		
-A-GG-AC-AA-C-G-CC-C-A-A-T-GA-T-C-A-C-C-A-GC-A-TG-CT-T-G-GA-A-T-GCGAAC-C-C-G-G-G	9008	
-A-G-AC-AA-C-GA-TC-GC-A-A-TT-GA-TG-CA-A-C-G-G-G-A-T-CT-TCG-A-A-T-GA-A-C-AGAAC-C-C-G-G-G	9054	
-A-G-AC-AA-C-GA-CC-A-CA-AT-AG-G-CA-C-A-GA-T-G-AGT-AGGA-A-C-GAGC-T-C-C-A-G	8474	
-A-G-AC-AA-C-GA-CC-C-A-A-TTT-G-TG-CAC-A-C-C-A-A-A-T-CT-CT-CG-A-A-G-GGG-A-C-AGAAC-C-C-G-G-G	8468	
-A-GA-AA-C-GA-T-GA-C-A-T-A-G-A-C-A-A-A-G-TG-C-CA-A-A-A-G-GGA-A-C-C-C-T-C	8474	
-A-G-AA-C-GA-T-A-CAA-T-AG-G-C-AG-A-A-A-A-G-T-G-CG-A-A-A-T-G-A-A-C-GA-C-C-T-C	8481	
-A-G-AA-C-GA-T-A-CAA-T-AG-TG-A-C-AG-A-A-A-A-G-T-G-CG-A-A-A-T-G-A-A-C-GA-C-C-T-C	8481	
-A-G-AA-C-GA-T-AGCAA-AG-A-T-C-C-A-A-A-TG-T-GGA-A-A-T-GGA-A-C-GA-C-C-C	8465	
-A-G-C-AA-C-GA-T-GCAA-AG-A-A-T-G-C-C-C-T-A-A-A-T-G-CG-A-A-A-T-G-A-A-C-GA-C-T-C	9066	
-A-G-AA-C-GA-T-CAA-T-GG-A-TG-C-C-C-C-T-A-A-A-T-G-AGT-TCG-G-A-T-GGA-A-C-GA-C-C-C	9038	
-A-GA-AA-C-GA-T-GCAA-AG-A-T-C-C-C-C-A-A-TG-T-CA-A-G-A-A-G-GGA-A-C-GA-C-T-T-C	8531	
-A-G-AA-C-GA-T-CAA-TT-A-T-A-C-C-C-A-A-TG-A-T-G-CA-A-A-A-G-AGGA-A-C-GAGC-T-T-C	8809	
-A-GA-AA-C-GA-T-CAA-AT-A-T-C-C-C-A-A-TG-T-G-CA-A-A-A-G-AGGA-A-C-GAGC-T-T-C	9046	
-A-G-AC-AA-C-GA-T-AGCAA-AG-A-A-C-C-C-A-A-TG-T-G-CA-A-A-T-GGA-A-C-GAGC-T-T-C	8500	
-A-G-AC-AA-C-GAC-A-A-C-AA-G-CTT-A-T-C-CGCG-C-T-T-GGAA-T-G-A-A-GG-G-A-A-G-T-AGACC-C-A	9041	
-A-G-AC-AA-C-GAC-A-A-G-AA-G-ATT-A-T-C-CGCG-C-T-T-GGAA-T-G-A-A-GG-G-A-A-T-AGACC-C-A	9006	
-A-G-AC-AA-C-GA-GA-A-CAA-AG-T-A-T-C-C-C-C-C-T-AT-AT-AGACC-T-A-C	9016	
-A-G-AC-AA-C-GA-GA-A-C-A-G-A-T-A-C-C-C-C-T-AC-G-GGAA-A-T-A-A-GG-A-G-T-AGACC-T-A-C	9030	
-G-G-C-AA-C-GA-GA-C-A-AG-A-T-A-CAG-C-C-C-T-T-GGAA-A-T-A-A-G-G-A-G-T-AGA-C-T-ACC	8147	
-W-A-AA-T-G-AA-A-CAA-T-A-T-M-G-AGGGAA-A-G-A-C-GA-CYT-CT	8427	
-A-G-AC-AA-C-GA-GA-A-C-A-G-T-A-T-C-C-C-C-A-T-G-GGAA-T-A-GA-GG-A-G-T-AGACC-T-A-C	9045	
-A-C-AA-C-GA-GA-A-C-A-G-A-T-A-T-C-CG-C-T-C-G-GGAA-A-T-A-A-GG-A-G-T-AGACC-C-A	8133	
-A-G-AA-T-GA-G-C-CA-T-A-T-AG-A-A-A-T-G-A-G-GGA-A-G-T-G-C-GA-T-G-G	8538	
-----G-----A-----R-----	8999	
-----G-----M-----	8999	
-----G-----	8107	
-----G-----	8105	
-----G-----	8995	
-----G-----	8997	
-----G-----C-----	8981	
-----G-----	8105	
-----G-----	7968	
-----G-----Y-----	8076	
-----A-----A-----G-----G-----	8494	
-----A-----A-----G-----G-----	8491	
-----G-----	7962	
-----G-----	8105	
-----A-----A-----C-----G-----G-----A-----T-----	8473	
-----A-----A-----C-----G-----CA-----T-----G-----T-----	8476	
-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----A-----A-----AT-----TG-----CTCG-----AGC-----C-----CC-----A-----	8447	
-C-----A-----AG-----G-----CA-----A-----G-----A-----T-----GT-----GA-----A-----A-----T-----GT-----GGAT-----G-----T-----GAGC-----	8964	
-----A-----AG-----G-----RCA-----A-----A-----T-----R-----GT-----GGAT-----G-----T-----GANC-----G-----A-----	8488	
-----A-----AG-----G-----GCA-----A-----A-----T-----GT-----GAT-----G-----T-----GAAC-----G-----A-----C-----	8791	
-----A-----AG-----G-----GCA-----A-----A-----T-----GT-----GAT-----G-----T-----GAAC-----G-----A-----C-----	8790	
-----A-----AG-----G-----RCA-----A-----A-----T-----R-----GT-----GGAT-----G-----T-----GANC-----G-----A-----	8503	
-----A-----AG-----G-----GCA-----A-----A-----T-----GT-----GAT-----G-----T-----GAAC-----G-----A-----C-----	8983	
-A-----A-----AG-----G-----CA-----A-----A-----T-----GT-----T-----G-----A-----G-----AT-----C-----T-----A-----GA-----C-----	8945	
-C-----A-----AG-----G-----CA-----A-----G-----A-----T-----GT-----T-----G-----A-----G-----GGAT-----G-----T-----GA-----C-----	9021	
-A-----A-----A-----C-----GA-----GA-----CA-----A-----A-----T-----A-----A-----C-----G-----AG-----G-----A-----A-----T-----GG-----T-----GT-----C-----GA-----C-----	8650	

MAC.US.x.239
Env
Nef
Rev exon 2

	Rev end	Nef start	
MAC.US.x.239	ACCAATACTCCAGAGGCTCTGCGACCTACAGAGATTGAGAACTCTCAGGACTGAATGACTACCTACAATATGGGTGGAGCTATTTCCATGAGCGGTCAGGCCTGGAGATCTCGACAGAGACTCTTGGGGCCGCTGGGGAGAC.TTATGGGAGACT	9168	
Env	P I L Q R L S A T L Q R I R E V L R T E L T Y L Q	Y G W S Y F H E A V Q A V W R S A T E T L L A G A W G D # L Y W E T	
Nef	T N T P E A L C D P T E D S R S P Q D *	M G G A I S M R R S R P V S G D L R Q R L R A R G E T # Y G R L L	
Rev exon 2	T N T P E A L C D P T E D S R S P Q D *	M G G A I S M R R S R P V S G D L R Q R L R A R G E T # Y G R L L	
A.CI.88.UC2	--TG--CTC--AT--G--ACAGCA--CA--G--CTGG--G--ACT--A--GGC--G--G--G--CGAG--GGA--A--A--TT--A--AA--GCA--GA--G--G--G--A--G--GG--G--TA--G--A	9165	
A.DE.x.BEN	--TG--CTC--T--A--ACAGCA--CA--G--CTGG--G--ACT--A--GGC--G--C--A--G--CGAG--GGA--A--A--TT--A--AT--GC--GA--A--G--G--G--TGG--G--AG--A	9211	
A.DE.x.PE12	--T--CT--T--TCAGAGAG--A--ACA--CA--CA--G--CTGG--G--ACT--A--AG--G--G--G--CGAG--GGA--A--A--T--C--TGCA--GA--A--G--G--G--G--G--A	9167	
A.GH.x.GH1	--TG--CTC--AT--A--ACAGCA--CA--G--CTGG--G--ACT--A--GC--G--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--AT--GCA--AGA--A--G--G--G--G--G--T--CAG--A	8631	
A.GM.87.D194	--TG--CTC--T--A--ACAGCA--CA--G--CTGG--G--ACT--A--GGC--G--G--G--CGAG--GGA--A--A--T--GA--AT--GCA--GA--G--G--A--A--G--G--G--T--AG--A	8625	
A.GM.x.ISY	---G--TT--T--TCAGAG--G--A--GACAGCA--CA--CTGG--G--A--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--T--C--GC--GGT--A--A--G--G--G--G--G--G	8610	
A.GM.x.MCN13	---G--TT--T--TCAGAG--G--A--GACAGCA--CA--CTGG--G--A--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--GA--T--T--GCA--GG--A--G--G--G--G--G--G--G	8650	
A.GM.x.MCR35	---G--CT--T--TCAGAG--G--A--ACAGCA--CA--CTGG--G--CT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--GA--T--T--GCA--GG--A--G--G--G--G--G--G--G	8650	
A.GW.86.FG	---C--CT--T--TCAGAGAG--A--ACAGCA--CA--CTGG--G--CT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--T--A--CTGCA--GA--A--G--G--G--G--G--G	8634	
A.GW.87.CAM2CG	---C--C--AT--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--C--A--G--AG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--T--CTGCA--GG--A--G--G--G--G--G--G	9214	
A.GW.x.ALI	---G--CT--G--T--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--T--G--T--TGCA--GAT--G--G--A--AAA--A--C--A--G--G--G--G--G--A	9207	
A.GW.x.MDS	---C--CT--AT--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--T--G--T--GC--GGT--A--A--G--G--G--G--G--A	8679	
A.IN.95.CR1K.147	---C--C--AT--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--T--GC--GA--GG--A--A--A--AG--CA--A--G--T--G--G--A	8957	
A.IN.x.NNVA	---C--C--AT--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--T--GC--GA--GG--A--A--A--AG--CA--A--G--T--G--G--A	9194	
A.SN.85.ROD	---TC--CTA--AT--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--T--GC--GA--GG--A--A--A--AG--CA--A--G--T--G--G--A	8648	
B.CI.88.UC1	---GC--CT--T--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--T--GC--GA--GG--A--A--A--AG--CA--A--G--T--G--G--A	9177	
B.CI.09.pPRD320-20HIV2.56	---GC--CT--T--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--T--GC--GA--GG--A--A--A--AG--CA--A--G--T--G--G--A	9142	
B.CI.x.EHO	---GC--CT--T--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--T--GC--GA--GG--A--A--A--AG--CA--A--G--T--G--G--A	9152	
B.GH.86.D205	C--A--CTCAACC--AT--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--T--GC--GA--GG--A--A--A--AG--CA--A--G--T--G--G--A	9175	
B.JP.01.KR020	---T--G--T--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--T--GC--GA--GG--A--A--A--AG--CA--A--G--T--G--G--A	8283	
G.CI.92.ABT96	---GC--GT--A--AA--CAG--C--AGCA--A--CAT--C--CTA--GCAG--T--TT--CAGC--TCC--GGC--A--A--TG--ACC--A--CAACT--GG--CA--A--AA--A--A--C--A--A--A--A	8596	
AB.CI.90.7312A	---GCT--T--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--T--GC--GA--GG--A--A--A--AG--CA--A--G--T--G--G--A	9181	
AB.CM.03.03CM.510.03	---GCT--T--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--T--GC--GA--GG--A--A--A--AG--CA--A--G--T--G--G--A	8269	
U.FR.96.12034	G--GT--GT--CA--TCAGAGAG--G--GACA--CA--CA--CTGG--G--ACT--A--CGCAG--T--G--G--CGAG--GGA--A--A--AT--A--T--GC--GA--GG--A--A--A--AG--CA--A--G--T--G--G--A	8686	
MAC.US.x.17EC1	9168	
MAC.US.x.17EFR	9168	
MAC.US.x.1937	8276	
MAC.US.x.2065	8274	
MAC.US.x.251.1A11	9164	
MAC.US.x.251.32H.PJ5	9166	
MAC.US.x.251.BK28	9150	
MAC.US.x.80035	8274	
MAC.US.x.97074	8137	
MAC.US.x.MAC239.87082	8245	
MAC.US.x.MM142	8663	
MAC.US.x.SMM142B	8660	
MAC.US.x.r80025	8131	
MAC.US.x.r90131	8274	
MNE.US.82.MNE.8	8642	
MNE.US.x.MNE027	8645	
SMM.SL.92.SL92B	8616	
SMM.US.x.F236.H4	9133	
SMM.US.x.H9	8657	
SMM.US.x.PBJ14.15	8960	
SMM.US.x.PBJA	8959	
SMM.US.x.PBJ.143	8672	
SMM.US.x.PBJ.6P6	9152	
SMM.US.x.PGMS3	9105	
SMM.US.x.SME543	9190	
STM.US.x.STM	8819	

Env gp41, gp160 end

MAC.US.x.239	CTTAGGAGAGGTGGAAGATGGATACTCGCAATCCCAAGGAGGATTAGACAAGGGCTTGAGCTCACTCTTGT...GAGGCACAGAAA.....TACAATCAGGGACAGTATATGAATACTCCTGGAGAAAC...CGAGCTGAAGAGAGAGAAAAATTAGCATACAGAA	9326
Env	L R R G G R W I L A I P R R I R Q G L E L T L L * E G Q K . . . Y N Q G Q Y M N T P W R N . . P A E E R E K L A Y R	
Nef	- L G E V E D G Y S Q S P G L D K G L S S L S C - - E G Q K . . . Y N Q G Q Y M N T P W R N . . P A E E R E K L A Y R	
A.CI.88.UC2	G-GCA-C-CATC-G-GG-A-C--G--A--C-G-G-AGCA-AA-G-C-C--C-G--TCGG--G-T-C--C-C--C--AATG-AG-C-G--GAGT--AGC 9323	
A.DE.x.BEN	GGCG-AC-CATC-G-GG-A--G-T-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C--C-G--TCG--G--C--C-GC--AAC-A--C-G--GATTG--T--AGC 9369	
A.DE.x.PE12	A-GG-AC-GATC-C-GG-A--T-G-T-A-A--C-G-G--GCA-A-TG-C-C--G--CGG--TC-A--G-C-T--C-C--CT--A-C--GA-G-GGG-AC-TTG--AGC 9325	
A.GH.x.GH1	G-GCAAC-C-TC-G-GG-A--G--A-A--C-G-G--GCA-AA-G-C-C--C-G--TCGG--G-T-TC--C-C--C--G--AAT-AG-C-G--AATT--AGC 8789	
A.GM.87.D194	GGCGAC-CATC-G-GG-A-C--G--A-A--C-G-G-AGCA-AA-G-C-C--C-G--TCG-GC-G--TC--C-C--C--A-C-ATAG-GC-G--AAT--T-AGC 8783	
A.GM.x.ISY	--GG-AC-ATC--GG--G--T-AC-A--C-G-G-AGCA-AA-TG-C-C--G--TC-G-A-G-C-T--C--C--AAC-A-AG--GA-T-G--GC 8768	
A.GM.x.MCN13	--GCA-C-GATC-G-GG-A--T-G-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-A--A--CGG--TC-G--G-C-T--C--C--AAC-AG-G-G--GA-TTG--AGC 8808	
A.GM.x.MCR35	--GCA-C-GATC-G-GG-A--T-G-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C-A--A--CGG--TC-G--G-C-T--C--C--AAC-AG-G-G--GA-TTG--AGC 8808	
A.GW.86.FG	--GCAAC-ATC-G-GG-A--T-G-AC-A--C-G-G-AGCA-AA-G-C-C--C-G--TCG--G--G-T-T-G-A--C--C--A-C-A-G-G--GA-TTG--A-C 8792	
A.GW.87.CAM2CG	T-ACAC-CAT--GG-A-C-T-GG--A-AC-C--G-AGCA-AA-G-C-C--C-G--TCG--G--G-C-T--C--C--GC--A-C--G-GA-G--AAT--GC 9372	
A.GW.x.ALI	G-GCA-T-G-TC-G-GA--G--A--C-G-G--GCA-AA-TG-C-C--A--CGG--TC-G--G-T-T--C--C--AAC-A--G--GA-TTG--AGC 9365	
A.GW.x.MDS	T-GG-AC-AT-G-GG-A--GG--A-A-C--G--GCA-AA-G-C-C--C-G--TC-A-A-GG-C-TC--C--C--AAC-AG-G-G--GATT--T--C 8837	
A.IN.95.CR1K.147	G-GGAA--AT-G-GG-A--G--A-A-C--G--GCA-G-G-C-C--C--C--TC-A-A-GG-C-TC--C--C--AAC-A-A-GG--GACTT--GC 9115	
A.IN.x.NNVA	T-GC-AC-CAT-G-GG-A--GG-T-A-A-A-C-G-G-GCA-AA-G-C-C--G-C-GAATCACG-GGGAG-TACGC-G-CCGCCATGGAGGAATC-CCATCAA-G-AGAG-CC-AC-TTGG-AT-GGG-GCAG-9359	
A.SN.85.ROD	T-GGAAC-ATC-G-GG-A--GG-T-A-A-A-C-G-G-AGCA-AA-G-C-C--C-G-C--TC-G--G-C-T--AGG--A-C--A-G-G--AATTG--GC 8806	
B.CI.88.UC1	--C-A-GACA-CGGA-GCA-CA-G--G--C--A--A--G-C--GC--AGA-C--AG-G-G-GGG--C 9287	
B.CI.09.pPRD320-20HIV2_56	--C-A--ACG-CGG-GCA-CA-GG--G--A--A--G-C-A--GC--AGGAC-A-AG-G-GG-GGG--C 9252	
B.CI.x.EHO	--C--CG-C-G-GA-CA-T--A--C--GC-A-G-C-A--T--A--AG-CT--TTG-GA-C--AG-G-G-GG--C 9262	
B.GH.86.D205	--C--CG-CG-GCA-CA-G--A--C--A--A--C--ATGC--GG-GG-C-AG-G-G-GGG--C 9285	
B.JP.81.KR020	--C-A--ACA-CG-GGCA-CG-G--G--A-C-A-G-C--GC--TGCT--GA-C-AG-G-G-GGG--C 8393	
G.CI.92.ABT96	--GG-A-G-T--G--A-G-A-A-C-G--A-G-AC--CG--T-A-T--C--AAC-A--C--G--GY 8754	
AB.CI.90.7312A	--C--GACG-CG-GG-A-CA-G--G--A-A-C--G--A--G-C-C--A--CCGC--GA-C-AG-G-G-GGG--C 9291	
AB.CM.03.03CM_510_03	--C--G-G-CG-CG--GC-C-G--G--A-A-C--A--A--G-C--ATGC--TG-GG-C-AG-G-G-GGG--C 8376	
U.FR.96.12034	--GG-C-G-T--C-T-GA-T-A-A--C-G-AT--G-G-T--A-CT-GGCCAAGGC-T-G-G-A-G-TC--A-T-C--AAC-G-A-T--CA-T-AGC 8850	
MAC.US.x.17EC1		9326
MAC.US.x.17EFR		9326
MAC.US.x.1937	G	8434
MAC.US.x.2065	R	8432
MAC.US.x.251.1A11	C	9322
MAC.US.x.251.32H.PJ5	T	9324
MAC.US.x.251.BK28	C	9308
MAC.US.x.80035		8432
MAC.US.x.97074		8295
MAC.US.x.MAC239.87082		8403
MAC.US.x.MM142	CAA-G	8821
MAC.US.x.SMM142B	CAA-G	8818
MAC.US.x.r80025		8289
MAC.US.x.r90131		8432
MNE.US.82.MNE.8	GG-A-T	8800
MNE.US.x.MNE027	GG-A-G-T	8803
SMM.SI.92.SI.92B	GG-AC-G-T	8777
SMM.US.x.F236.H4	GG-A-G-T	9291
SMM.US.x.H9	GG-A-G-T	8815
SMM.US.x.PBJ14.15	GG-A-G-T	9118
SMM.US.x.PBJA	GG-A-G-T	9117
SMM.US.x.PBJ.143	GG-A-G-T	8830
SMM.US.x.PBJ.6P6	GG-A-G-T	9310
SMM.US.x.PGM53	GG-A-G-T	9263
SMM.US.x.SME543	GG-A-G-T	9348
STM.US.x.STM	G-A-G-T	8977

```

MAC.US.x.239      AACAAAATATGGATGATATAGATGATGATGAC...TTGGTAGGGGTATCAGTGAGG...CCAAAAGTCCCTAAGAAACAATGAGTACAAAATTGGAATAGACATGTCTCATTTTATAAAAGAAAGGGGGGACTGGAAGGGATTATTACAGTGCAAGAAGA 9490
Nef              K Q N M D D I D E * D D D   L V G V S V R   P K V P L R T M S Y K L L A I D M S H F I K E K G G L E G I Y Y S A R R
A.CI.88.UC2      -G-----G-----TCTG-T-A-----CAA-G-A-T-T-T-CA-T-G-A-A-C-CC--G--G-T-A-A-----G-T-----AGGGAT-9487
A.DE.x.BEN       -G-----G-----TCTG-T-----C-AA--A-TC-T-T-CA--G-A-A-GG-GA-CC-T-----G-T-A-A-----C-----G-T-----AGG-G-9533
A.DE.x.PE12      -G-----G-----CAG-TA-A-----C-AA--CC-T-C-CA--G-A-AT--GG-CA-T-G-----G-T-A-A-----C-T-----T-----G-T-----AG-9489
A.GH.x.GH1       -G-----G-----TCTAGT-----C-A-G-A-TC-T-T-CA--G-A-A--G-CC-T-----G-T-A-A-----GA-G-----T-----G-T-----AGGGAT-8950
A.GM.87.D194     -G-----G-----TCTG-T-----C-A-G-A-TC-T-T-CA--G-A-A-G-G-GA-CC-T-C-----G-T-A-A-----A-A-----T-----G-T-----AGGGAG-8947
A.GM.x.IS7       -G-----G-----TCAG-T-----C-A-----C-T-AC-CA-T-G-A-AT-G-G-CA-T-G-A-G-----G-T-A-A-----AG-A-----A-----G-T-----AG-8932
A.GM.x.MCN13     -G-----G-----GA-----G-TC-G-T-----C-A-----C-T-C-CA--G-A-A--GA-T-CAC-T-G-A-----TG-A-----A-----A-----G-----AG-8972
A.GM.x.MCR35     -G-----G-----GA-----G-TCAG-T-----C-A-AA--C-T-C-CA--G-A-A--GA-CAC-T-G-A-----T-A-----A-----A-----G-----AG-8972
A.GW.86.FG       -G-----G-----CTAG-T-----CAA--AT-CC-T-C-CA--G-A-AT--C-CA-T-----G-T-A-----G-T-A-----A-----C-G-T-----T-CAG-8956
A.GW.87.CAM2CG   -G-----G-----TCAG-T-----C-A-G--TC-T-CC-CA--G-A-A--TC-CA-T-----G-T-A-----A-----G-----C-G-T-----A-----9536
A.GW.x.ALI       -G-----G-----TTAG-T-----TAGCC-A-----C-T-C-CA--G-A-AAT--G-CA-T-----G-T-A-----A-----A-----G-----9532
A.GW.x.MDS       -G-----G-----TCAG-T-----C-A--ATAC-T-C-CA--G-ACA-A-----G-CA-T-----G-T-A-----A-----A-----G-----9001
A.IN.95.CR1K.147 -G-----G-----TCAG-T-----C-A-A-T-T-T-C-CA--GG-A-A-----G-CA-T-G-A-----A-A-----A-----G-T-----A-----TT-9279
A.IN.x.NNVA      -CA-GG.GGAT-TA-TC-----TG-T-C-----C-A--A-CC-T-C-CA--T-GGACA-AA-G-GGA-CC-T-G-----T-----A-----A-----G-T-----AG-9516
A.SN.85.ROD      -G-----G-----TCAG-T-----CAA-A-A-T-T-C-CA--A-A-----CAC-T-G-----T-----A-----A-----AC-T-----G-T-----A-----8970
B.CI.88.UC1      -G-CA-----AGTG-T-G--A-T-GAA-G--C-AT-A-A-----C-TAGG-A-G-T-CA--GA-----G-----C-T-----AG-9445
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56 -G-AA-A-----AGTG-T-G--T-GAA-G-A-CC-AT-A-A-----C-GTAAG-A-G-G-CA--G-----G-----C-TC-----AG-9410
B.CI.x.EH0       -G-TCA--G-----TG-T-G-CA-T-GAA-----CGT-A-A-----CGGG-C-A-G-GC-CA-T--C-A-G-----T-----A-----TC-T-----AG--G-9420
B.GH.86.D205     -G-GCA--A-----AGTG-T-G-C-T-GAA-G-A-CCAT-TGT-A-ACC--T--A-A-G-C-CA--C-A-G-----C-----C-----G-T-----AG-9446
B.JP.81.KR020    -GGG--A-A-----AGTG-T-A--A-T-GAA-G-A-C-AT-A-A-----C-TAGG-A-----C-CA-T-----GG-----C-----AG-G-----8551
B.CI.92.ABT96    -G-----AT--G-----AGTG-T-A-----A--A-C-CTAC--C--C-G--GT-----A-----A-----A-----A-----8918
AB.CI.90.7312A   -G-C-A-G-A-----TG-T-G-CA-T-GAA--AT-C-----CC-G-G-AT-G-C-CA-----G-----T-----T-A-----A-----9449
AB.CM.03.03CM.510_03 -GCA--A-GT-----G-C-A-----G-A-CC-AT-A-A-----C-GTAGG-A-G-C-CA--ACA-----C-----T-----T-----AG-8534
U.FR.96.12034    -C-----G-----AG-A--T-----A--A-G--A-A-----G-AG-A-G-----C-----G-T-A-----A-----A-----T-----TTC-CAG-9014
MAC.US.x.17EC1   -----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----9490
MAC.US.x.17EFR   -----G-----C-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----9490
MAC.US.x.1937    -----G-----Y-----A-----G-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8598
MAC.US.x.2065    -----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8596
MAC.US.x.251.1A11 -----G-----T-----C-----T-----CG-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----9486
MAC.US.x.251.32H.PJ5 -----G-----G-----C-----T-----CG-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----9488
MAC.US.x.251.BK28 -----G-----G-----C-----T-----CG-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----9472
MAC.US.x.80035   -----G-----G-----C-----T-----CG-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8596
MAC.US.x.97074   -----G-----G-----C-----T-----CG-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8459
MAC.US.x.MAC239.87082 -----G-----G-----C-----T-----CG-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8567
MAC.US.x.MM142   -----A-----G-----A-----C-----TGA--G-C-G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8985
MAC.US.x.SMM142B -----A-----G-----A-----C-----TGA--G-C-G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8982
MAC.US.x.r80025 -----G-----G-----C-----T-----CG-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8453
MAC.US.x.r90131 -----G-----G-----C-----T-----CG-----G-----G-----T-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8596
MNE.US.82.MNE.8 -----A-----AG-A-----A-----C-----C-----CG-----T-----T-A-----A-----G-T-----A-----A-----8964
MNE.US.x.MNE027 -----G-----G-----G-----C-----CT-A-GTT-CT-----C-----G-----G-----T-----G-----C-----G-T-----A-----A-----8967
SMM.SL.92.SL92B -G-GTG-----G-T-----G-C-CT-A-GTT-CT-----C-----A-----G-----TCA-----A-----A-----A-----A-----A-----A-----8941
SMM.US.x.F236.H4 -----C-----G-G-----TG-----A-----T-C-----CAC-----G-C-T-GG-C-CA-----G-----A-----A-----A-----A-----AG-G-----9455
SMM.US.x.H9      -----C-----G-G-----A-TG-----T-----A-----TTGTC-----C-----G-C-G-----TC-CA-----G-----G-----A-----ATT-----8973
SMM.US.x.PBJ14.15 -----C-----G-G-----AGTGCT-----T-----A-----TTGTC-----C-----G-C-G-----TC-CA-----T-----A-----AT-----9276
SMM.US.x.PBJA    -----C-----G-G-----AGTGCT-----T-----A-----TTGTC-----C-----G-C-G-----TC-CA-----T-----A-----AT-----9275
SMM.US.x.PBJ.143 -----C-----G-G-----AGTGCT-----T-----A-----TTGTC-----C-----G-C-G-----TC-CA-----G-----G-----ATT-----8988
SMM.US.x.PBJ.6P6 -----C-----G-----AGTGCT-----T-----A-----TTGTC-----C-----G-C-G-----TC-CA-----G-----A-----AT-----9468
SMM.US.x.PGM53   -----C-----G-----TG-T-----G-C-A-----A-----ACAC-----G-G-AT-----G-C-TCA-----G-----A-----AG-9427
SMM.US.x.SME543 -----C-----G-G-----TG-----T-----C-----CAC-----C-----T-GG-C-CA-----G-----A-----AG-A-----9512
STM.US.x.STM     -G-----C-----G-----G-----A-T.,C-A-----A--G--ACAT.....G--C-A-T-GGA-----C-----G-----C-----A-----AGC-----AG-----9141

```

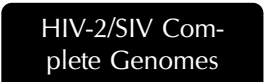
MAC.US.x.239	CATAGAATCTTAGACATATACTAGAAAAGGAAGAAGGCATCACACAGATTGGCAGGATTACACCTCAGGACCAGGAATAGATACCCAAGACATTTGGCTGGCTATGGAAATAGTCCCTGTAATGTATCAGATGAGGCACAG.....GAGGATGAGGA	9648
Nef	H R I L D I Y L E K E E G I I P D W O D Y T S G P G I R Y P K T F G W L W K L V P V N V S D E A Q E D E E	
A.CI.88.UC2	-----C-----T-G-----C-----G-----GG-A-----A-----T-----TCAT-----G-----G-G-G-----T-TGC-----C-G-----G-----C-----A-A-----CA-G-----C-A-----G-----T-----AC	9645
A.DE.x.BEN	-----C-----C-----A-G-----G-A-----A-----T-----TCAT-----G-----G-A-G-----T-TAC-----C-G-----G-----GC-----AT-A-----G-AC-----C-A-----G-----A-----AC	9691
A.DE.x.PE12	-----C-----C-----A-G-----G-A-----T-----A-C-----T-----TCAT-----G-----G-A-G-----TTC-----G-----G-----GC-----A-A-----G-C-----C-C-----A-GT-----G-----A-----AC	9638
A.GH.x.GH1	-----C-----T-G-----C-----G-----G-A-----A-----T-----TCAT-----G-----G-A-G-----T-TGT-----C-G-----G-----GC-----A-A-----G-----C-----A-----G-----C-----AC	9108
A.GM.87.D194	-----C-----T-G-T-C-----G-----G-A-----A-----T-----TCAT-----G-----CA-G-----T-TAC-----C-G-----G-----C-----A-A-----G-CA-----C-A-----G-----A-TA-----AC	9105
A.GM.x.ISY	-----C-----C-----T-----G-----A-----T-----A-C-----T-----TCAT-----G-----G-A-G-----T-TTC-----G-----G-----GC-----A-A-----C-----CC-----C-A-----A-GGG-----C-----AC	9090
A.GM.x.MCN13	-----C-----C-----T-----G-----A-----TG-----A-C-----T-----TCAT-----G-----A-----T-----TTC-----G-----G-----GC-----A-A-----G-----CA-----CGAC-----AGG-----C-----G-AC	9130
A.GM.x.MCR35	-----C-----C-----TA-----C-----TA-----G-----A-----T-----A-C-----T-----TCAT-----G-----A-----T-----TTC-----G-----G-----GC-----A-A-----T-----TTC-----G-----9080	
A.GW.86.FG	-----C-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----TG-----A-C-----T-----TAGT-----G-----G-A-----G-----T-TTC-----G-----G-----GC-----A-A-----G-----ACC-----C-A-----G-G-----G-CACTGAGACT-----CAC-----AC	8986
A.GW.87.CAM2CG	-----C-----G-----T-----C-----A-----G-----A-----TG-----A-C-----T-----TAGT-----G-----G-A-----G-----T-TTC-----G-----G-----GC-----A-A-----G-----ACC-----C-A-----G-G-----G-CACTGAGACT-----CAC-----AC	9706
A.GW.x.ALI	-----C-----C-----T-----G-----A-----T-----A-C-----T-----TCAT-----G-----G-CA-----C-----TGC-----G-----G-----GC-----A-A-----G-----C-----C-A-----A-GGG-----C-----AC	9690
A.GW.x.MDS	-----C-----C-----T-----G-----A-----T-----A-C-----T-----TCAT-----G-----G-CA-----C-----TGC-----G-----G-----GC-----A-A-----G-----C-----C-A-----T-AGA-C-----AC-----AC	9156
A.IN.95.CR1K.147	-----G-----G-----A-----TT-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----C-----T-----AGT-----G-----A-----T-----T-TTCCA-----G-----G-----GC-----A-A-----CC-----C-A-----G-G-A-----CAC-----AAC	9283
A.IN.x.NNVA	-----G-----G-----A-----TT-----G-----G-----A-----T-----C-----A-----C-----T-----AGT-----G-----A-----T-----T-TTCCA-----G-----G-----GC-----A-A-----CC-----C-A-----G-G-A-----CAC-----AAC	9674
A.SN.85.ROD	-----A-----A-----T-----G-----A-----TG-----A-C-----T-----TCAT-----G-----G-A-----T-----TTC-----G-----G-----GC-----A-A-----G-----CC-----C-A-----A-GGG-----CAC-----AC	9128
B.CI.88.UC1	-----AC-----C-----TC-----G-----T-----G-----TG-----T-----T-GA-----AA-----C-----T-----A-AT-----G-----G-----A-----G-----T-----G-----C-----G-----GC-----G-----A-----G-----A-----C-----G-----A-----AG-----GA-----CG-----AAC	9603
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	-----AC-----C-----TC-----G-----T-----G-----TG-----T-----T-GA-----AA-----C-----T-----ACAT-----G-----G-----A-----G-----T-----C-----G-----G-----GC-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----G-----AGA-----CA-----AA-----9368	
B.CI.x.EHO	-----A-----AC-----C-----T-----T-----G-----TG-----GT-----T-GA-----A-----C-----ACAT-----G-----G-----A-----T-----C-----TTC-----G-----G-----GC-----G-----AA-----A-----GAT-----CA-----AC-----G-----C-----G-----AAC	9378
B.GH.86.D205	-----C-----A-----C-----T-----T-----G-----TG-----GT-----T-GC-----AA-----C-----T-----TCAT-----G-----G-----A-----G-----T-----C-----ATAC-----T-----G-----GC-----G-----A-----G-----G-----GC-----CA-----C-----A-----CA-----GAG-----G-----AAC	9607
B.JP.81.KR020	-----T-----AC-----C-----TC-----T-----G-----TG-----T-----T-GA-----AA-----C-----T-----ACAT-----G-----G-----A-----G-----T-----C-----A-----C-----G-----G-----GC-----G-----A-----A-----C-----G-----A-----ACA-----A-----CA-----AAC	8709
G.CI.92.ABT96	-----C-----C-----A-----G-----GC-----T-----A-----T-----A-----AG-----T-----A-----T-----RT-----G-----C-----A-----A-----C-----CG-----C-----T-----C-----AC	9076
AB.CI.90.7312A	-----G-----A-----T-----C-----T-----T-----G-----T-----GAG-----T-----AG-----TGGT-----GA-----A-----C-----A-----AT-----G-----G-----A-----ACAC-----G-----C-----G-----A-----GG-----A-----GG-----CA-----TAA-----C-----G-----GAG-----A-----G-----AC	9610
AB.CM.03.03CM_510_03	-----A-----A-----C-----T-----T-----G-----TG-----GT-----C-----GC-----AA-----C-----T-----TCAT-----G-----G-----A-----T-----C-----ATAC-----TG-----G-----GC-----A-----G-----GAC-----ACA-----C-----G-----GAG-----GA-----G-----AAC	8695
U.FR.96.12034	-----A-----T-----C-----T-----G-----G-----A-----A-----C-----A-----T-----TCAT-----G-----C-----GG-----T-----TGC-----A-----T-----GC-----AA-----A-----G-----C-----AAT-----A-----A-----AG	9172
MAC.US.x.17EC1	-----C-----T-----CAT-----G-----G-----9648	
MAC.US.x.17EFR	-----C-----T-----CAT-----G-----G-----9648	
MAC.US.x.1937	-----C-----T-----CAT-----G-----G-----8756	
MAC.US.x.2065	-----C-----T-----CAT-----G-----G-----8754	
MAC.US.x.251.1A11	-----G-----G-----C-----AG	9644
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-----G-----G-----C-----AG	9646
MAC.US.x.251.BK28	-----G-----G-----C-----AG	9630
MAC.US.x.80035	-----R-----R-----8754	
MAC.US.x.97074	-----R-----R-----8617	
MAC.US.x.MAC239_87082	-----R-----R-----8725	
MAC.US.x.MN142	-----R-----R-----9140	
MAC.US.x.SMM142B	-----R-----R-----9137	
MAC.US.x.r80025	-----R-----R-----8611	
MAC.US.x.r90131	-----R-----R-----8754	
MNE.US.82.MNE.8	-----A-----G-----G-----A-----G-----CC-----G-----9122	
MNE.US.x.MNE027	-----A-----G-----G-----A-----G-----CC-----G-----9125	
SMM.SL.92.SL92B	-----C-----T-----C-----A-----G-----T-----C-----A-----T-----AAGT-----G-----A-----G-----TTC-----G-----C-----C-----GC-----G-----A-----G-----C-----C-----G-----A-----C-----A-----T-----AC	9099
SMM.US.x.F236.H4	-----A-----A-----TC-----R-----G-----R-----A-----A-----AA-----A-----AG-----G-----C-----T-----T-----TTC-----A-----C-----W-----G-----C-----A-----T-----A-----C-----AC	9613
SMM.US.x.H9	-----A-----A-----TC-----R-----G-----R-----A-----A-----AA-----A-----AG-----G-----C-----T-----T-----TTC-----A-----C-----W-----G-----C-----A-----T-----A-----C-----AC	9131
SMM.US.x.PBJ14.15	-----A-----A-----TC-----R-----G-----R-----A-----A-----AA-----A-----AG-----G-----C-----T-----T-----TTC-----A-----C-----W-----G-----C-----A-----T-----A-----C-----AC	9434
SMM.US.x.PBJA	-----A-----A-----TC-----R-----G-----R-----A-----A-----AA-----A-----AG-----G-----C-----T-----T-----TTC-----A-----C-----W-----G-----C-----A-----T-----A-----C-----AC	9433
SMM.US.x.PBJ.143	-----A-----A-----TC-----R-----G-----R-----A-----A-----AA-----A-----AG-----G-----C-----T-----T-----TTC-----A-----C-----W-----G-----C-----A-----T-----A-----C-----AC	9146
SMM.US.x.PBJ.6P6	-----A-----A-----TC-----R-----G-----R-----A-----A-----AA-----A-----AG-----G-----C-----T-----T-----TTC-----A-----C-----W-----G-----C-----A-----T-----A-----C-----AC	9526
SMM.US.x.PGM53	-----A-----A-----TC-----R-----G-----R-----A-----A-----AA-----A-----AG-----G-----C-----T-----T-----TTC-----A-----C-----W-----G-----C-----A-----T-----A-----C-----AC	9385
SMM.US.x.SME543	-----A-----T-----G-----A-----G-----A-----A-----A-----T-----G-----C-----T-----T-----TAC-----G-----C-----G-----A-----G-----C-----A-----C-----A-----C-----AC	9670
STM.US.x.STM	-----A-----G-----G-----A-----G-----AG-----T-----A-----AG-----G-----A-----CAG-----A-----C-----A-----A-----G-----A-----G-----A-----GAG-----T-----G-----AC	9302

MAC.US.x.239
NeF
A.CI.88.UC2
A.DE.x.BEN
A.DE.x.PE12
A.GH.x.GH1
A.GM.87.D194
A.GM.x.ISY
A.GM.x.MCN13
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205
B.JP.81.KR020
G.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM.510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239.87082
MAC.US.x.MM142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14.15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.x.STM

TCF-1 alpha binding
GCATTATTTAATGCATCCAGCTCAAATCTCCAGTGGGATGACCCCTGGGAGAGGTTCTAGCATGGAAGTTTGATCAAATCTGGCCATCACTTATGAGGCATATGTAGATACCAGAAGAGTTTGGAAAGCAAGTCAAGGCTGTGAGAGGAAGAGGTTAGAAGAAGGC 9818
H Y L M H P A Q T S Q W D D P W G E V L A W K F D P T L A Y T Y E A Y V R Y P E E F G S K S G L S E E E V R R R
CA-C-GC---C---A---AAG-AGA-AT---ATACAT-G--ACA--TG--CG--A-CT-C-TG---TGAG-CA--C-TCAC-CT---A---GCA-----AT--C---A---TGG-AGGC-AA-9815
CA-C-GC--G-A-C---A---AAG-AGACAT---TGAGCAT-G--ACAT--TG--C---CT-C-TG---T-AC-CA--C-TCAC-CTG---A---GCA-----AT--C---A---ATGG-AGGC-AA-9861
C--C-GC--C-A-C---A---AAG-GG-CT---CAT-G-AACAT-ATG--G--C--T-GG---TGAG--AC--T-T-AA-C---A---GAT-----C---A---TGG-AGGC-AA-9808
CA-C-C---CA-C---A---AAG-AGACAT---GAGCAT--AACA--CTT--CG--C--C-G---TGA-CA--T-TCA-CTGC-T---A---GCA-----AT--C---A---TGG-AGGC-AA-9278
CA-C-GC--G-A-C---A---AAG-AGA-AT---GAGCAT-G--ACA--TT--CG--C--C-TG---TC-TGAG-CAC-A-C-T-A-CT---G--A---GCA-----AT--C---A---CTGG-AGGC-AA-9375
T-TC-GC---CT---A---GTAAG-AGA-TT---GCAT-G--ACA--TC---C--C-TG---TC-TGAG-CAC-A-C-T-A-CT---G--A---GCA-----AA-GA-A--T--CTGG-AGGC-AA-9300
T-C-G---C-A-C---A---AAG-AG--TT---GCAT-G--AACA--GAT---C--C-G---TC-TGA-CA--T-T-A-CCTGC---G--A---GCAT-----C---A---CTGG-AGGC-AA-9300
A.GM.x.MCR35
A.GW.86.FG
A.GW.87.CAM2CG
A.GW.x.ALI
A.GW.x.MDS
A.IN.95.CR1K.147
A.IN.x.NNVA
A.SN.85.ROD
B.CI.88.UC1
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56
B.CI.x.EH0
B.GH.86.D205
B.JP.81.KR020
G.CI.92.ABT96
AB.CI.90.7312A
AB.CM.03.03CM.510_03
U.FR.96.12034
MAC.US.x.17EC1
MAC.US.x.17EFR
MAC.US.x.1937
MAC.US.x.2065
MAC.US.x.251.1A11
MAC.US.x.251.32H.PJ5
MAC.US.x.251.BK28
MAC.US.x.80035
MAC.US.x.97074
MAC.US.x.MAC239.87082
MAC.US.x.MM142
MAC.US.x.SMM142B
MAC.US.x.r80025
MAC.US.x.r90131
MNE.US.82.MNE.8
MNE.US.x.MNE027
SMM.SL.92.SL92B
SMM.US.x.F236.H4
SMM.US.x.H9
SMM.US.x.PBJ14.15
SMM.US.x.PBJA
SMM.US.x.PBJ.143
SMM.US.x.PBJ.6P6
SMM.US.x.PGM53
SMM.US.x.SME543
STM.US.x.STM

	Nef end	NF-κ-B-II	NF-κ-B-I	
MAC.US.x.239	TAACCGCAAGAGGCCTTCTTAACATGGCTGACAAGAAGGAACTCGCTGAACACGC	AGGGACTTTCCACAAGG	GATGTTACG	.GGGAGGTACTGGGAGGAGCCGGTCG 9927
Nef	L T A R G L L N M A D K K E T R *			
A.CI.88.UC2	-G-AA-----GA-A-CAT-T-GT-AA..T-AC-----CAA-CA-ACCTTGGT-AAAGCAGGAAGTAGCTACTAAGAANAAT.....A.....GCTGAGACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	9961
A.DE.x.BEN	-G-AA-----GA-A-CAT-T-GT-AA..T-AC-----CAA-CA-ACCTTGGT-AAAGCAGGAAGTAGCTACTAAGAANAAT.....A.....GCTGAGACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	10007
A.DE.x.PE12	-G-AA-----GA-A-CATTT-GTTAA..-GAC-----CAG-TA-ATTTGGT-AGAACAGGAAGTAGAT.....GATGAAACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-GT-----A--G-	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-GT-----A--G-	9943
A.GH.x.GH1	-G-AA-----GA-A-CAT-T-GTTAA..C-AC-----CAG-CA-ACCTTGGT-AAAGCAGGAAGTAGCTACTGAGAAACAGCTGAG.....GCTGCAGCTGC	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	9429
A.GM.87.D194	-G-AA-----GA-A-CAT-T-GT-AA..T-AC-----CAA-CA-ACCTTGGT-AGGGCAGGAAGTAGCTACTAAGAACA.....GCTGAGACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	9420
A.GM.x.IS7	-G-AA-----GA-A-CATTT-GTTAA..-AC-----CAA-CA-ACCTTGGT-AGGCAGGAAGTAGCTACTGAAAAACA.....GCTGCAGACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-AT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-AT-----T--G-	9405
A.GM.x.MCN13	-G-AA-----GA-A-CATTT-GTTAG..-GAC-----CAG-TA-ATTTGGC-AGGGCAGGAATAACTACTGAAAAACA.....GCTGAGACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-AT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-AT-----T--G-	9444
A.GM.x.MCR35	-G-AA-----GA-A-CATTT-GTTAG..-GAC-----CAG-TA-ATTTGGC-AGGGCAGGAATAACTACTGAAAAACG.....GCTGAGACTGC	-G-AA-GA-----C--A-A-CAG-----G-G-AT-----G--G-	-G-AA-GA-----C--A-A-CAG-----G-G-AT-----G--G-	9319
A.GW.86.FG	-G-AA-----G-AA-A-CATTT-GTTAA..-AC-----CAG-TA-ACCTTGGT-AGGGCAGGAAGTAGCTACTGAGAAACA.....GCTGAGACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAG-A-----G-AT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAG-A-----G-AT-----T--G-	9201
A.GW.87.CAM2CG	-G-AA-----GA-A-CATTT-GTTAA..GG-C-----CAA-CA-AC-TGGC-AGGGCAGGAAGTAGCTACTGAAAAACA.....GCTGAGACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-TAT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-TAT-----T--G-	10020
A.GW.x.ALI	-G-AA-----GA-A-CATTT-GT-AA..G-AC-----CAG-TGA-TTTTGGT-AGGGCAGGAAGTAGCTACTGAAAAACA.....GCTGAGACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-AT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-AT-----T--G-	10003
A.GW.x.MDS	-G-AA-----G-AA-A-CCITTT-ACTAA..G-GAC-----CAG-TA-ACCTTGGT-AGGGCAGGAAGTAGCTACTGAAAAACA.....GCTGAGACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	9472
A.IN.95.CR1K.147	-G-AA-----G-AA-A-CCITTT-GCTAA..G-GAC-----CAA-TA-ACCTTGGT-AGAACAGGAAGTAGCTACTGAAAAACA.....GTTGAGACTGC	-G-T-----C--A-A-CAG-----G-AT-----T--G-	-G-T-----C--A-A-CAG-----G-AT-----T--G-	9499
A.IN.x.NNVA	-AG-----G-A-A-CATTT-ATTAAGG-GAC-----CAA-TA-ACCTTGGT-AGGGCAGGAAGTAGCTATTGAAAAACA.....GCTGAGACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-AT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAG-----G-AT-----T--G-	9992
A.SN.85.ROD	-G-AA-----AA-A-CATTT-GTTAA..-GAC-----CAG-TA-ACCTTGGT-AGGGCAGGAAGTAGCTACTGAAAAACA.....GCTGAGACTGC	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	-G-----G-----C--A-A-CAA-----G-AT-----T--G-	9443
B.CI.88.UC1	--AA-----GA-A-C-CAGACTAG.....C-A-G-----AGCATAAACAGGAACCTA.....GCTGACACTGCACAAGAGGGAAA..CTAGCTGACACCGC	-A-A-A-----C--A-A-A-T-----G-AT-----T--G-	-A-A-A-----C--A-A-A-T-----G-AT-----T--G-	9922
B.CI.89.pPRD320-20HIV2.56	-G-AA-----AA-A-CC-CAGATTAG.....C-----AGCTTAAAGAGGAACCTA.....GCTGACAGTGCCATAAACAGGAA..CTAGCTGACACTGC	-CA-A-A-A-----A-AT-----T--G-	-CA-A-A-A-----A-AT-----T--G-	9886
B.CI.x.EH0	-G-GA-----AA-A-C-CAGACTAG.....AC-----T-A-AGCACAAGAGGAACCTA.....GCTAACACTGCATAGAGAGGAAGAACTAGCTGATACTGC	-G-----G-----C--A-AGT-----G-AT-----A--GA	-G-----G-----C--A-AGT-----G-AT-----A--GA	9897
B.GH.86.D205	--AA-----GA-A-C-CAGATTAG.....C-A-G-----AGCATAAACAGGAACCTA.....GCTGACACTGCACAAGAGGGAAA..CTAGCAGACTGC	-A-A-A-----C--A-A-A-T-----AG-AA-----G-TT--T-	-A-A-A-----C--A-A-A-T-----AG-AA-----G-TT--T-	9926
B.JP.81.KR020	--AA-----GA-A-C-CAGATTAG.....C-----T-A-AGCTTGAAGAGGAACCTA.....GCTGACACTGCACAAGAGGAA..CTAGCTGACACTGC	-GAG-----CA-A-AA-----A-AT-----T--G-	-GAG-----CA-A-AA-----A-AT-----T--G-	9027
G.CI.92.ABT96	--AACAG--A-G-C-TAGAATAA.....C-----A-AGAGGACAAA.....GCTGACACAGC	-GT-T-----C--A-AGG-AG-TACTAT-----GA-T--T-	-GT-T-----C--A-AGG-AG-TACTAT-----GA-T--T-	9356
AB.CI.90.7312A	--AA-----A-A-C-CAGA-TAG.....AC-G-----AGCATAAAGAGGAACCTA.....GCTGACCTGCATAAGAAAGGAACTGGCTGACACTGC	-G-----C--A-A-AGT-----G-AT-----TT--G-	-G-----C--A-A-AGT-----G-AT-----TT--G-	9932
AB.CM.03.03CM_510_03	--AA-----GA-A-C-CAGATTAG.....AC-A-G-----GA-AGCATAAACAGGAACCTA.....GCTGACACTGCACAAGAGGGAAA..CTAGCTGACACTGC	-AG-A-A-----C--A-A-A-T-----G-AT-----A--G-TT--T-	-AG-A-A-----C--A-A-A-T-----G-AT-----A--G-TT--T-	9014
U.FR.96.12034	-----C-CAGTA-A-AA.....T-GCTGAC-GA-AGGAACAAA.....GCTGAGACAGC	-C-A-G-G-A-CA-----AG-AA-----A-G	-C-A-G-G-A-CA-----AG-AA-----A-G	9456
MAC.US.x.17EC1				9927
MAC.US.x.17EFR				9927
MAC.US.x.1937				9035
MAC.US.x.2065				9033
MAC.US.x.251.1A11				9922
MAC.US.x.251.32H.PJ5				9925
MAC.US.x.251.BK28				9897
MAC.US.x.80035				9033
MAC.US.x.97074				8859
MAC.US.x.MAC239.87082				9004
MAC.US.x.MN142				9419
MAC.US.x.SMM142B				9416
MAC.US.x.r80025				8890
MAC.US.x.r90131				9033
MNE.US.82.MNE.8				9401
MNE.US.x.MNE027				9404
SMM.SL.92.SL92B				9385
SMM.US.x.F236.H4				9890
SMM.US.x.H9				9411
SMM.US.x.PBJ14.15				9736
SMM.US.x.PBJA				9448
SMM.US.x.PBJ.143				9928
SMM.US.x.PBJ.6P6				9863
SMM.US.x.PGM53				9963
SMM.US.x.SMES43				9581
STM.US.x.STM				

	TATA box	3' LTR U3 end	TAR element start	3' LTR repeat start	
MAC.US.x.239	GGAAACGCCA	CTTTCTTGAT	GTATAAATAC	ACTGCA	TTTCAGTCGCTCTGCGGAGAGGCTGGCAGATTGAGCCCTGGGAGGTTCTCCAGCAGCTAGT.CAGGCTAGAGCCTGGGTGTTCCCTGCTAGACTCTCAC.CAGCACTTGGCCGGTCTGGG10092
A.CI.88.UC2	-----T	-----A	-----A	-----AC	-----G
A.DE.x.BEN	-----T	-----A	-----AC	-----G	-----AC
A.DE.x.PE12	-----T	-----A	-----C	-----G	-----AC
A.GH.x.GH1	-----T	-----A	-----AC	-----G	-----AC
A.GM.87.D194	-----T	-----A	-----AT	-----CTC	-----G
A.GM.x.ISY1	-----T	-----A	-----TC	-----G	-----AC
A.GM.x.MCN13	-----T	-----A	-----TC	-----G	-----AC
A.GM.x.MCR35	-----T	-----A	-----TC	-----G	-----AC
A.GW.86.FG	-----TT	-----A	-----TC	-----G	-----AC
A.GW.87.CAM2CG	-----T	-----A	-----C	-----TCAC	-----G
A.GW.x.ALI1	-----T	-----A	-----C	-----G	-----AC
A.GW.x.HDS	-----T	-----A	-----C	-----TCAC	-----G
A.IN.95.CR1K 147	-----T	-----A	-----ATC	-----TC	-----G
A.IN.x.NNVA	-----T	-----A	-----ATC	-----TC	-----G
A.SN.85.ROD	-----T	-----A	-----AT	-----CTC	-----G
B.CI.88.UC1	-----T	-----AAA	-----CTC	-----G	-----AC
B.CI.09.pPRD320-20HIV2 56	-----T	-----AAA	-----ACTC	-----G	-----AC
B.CI.x.EH0	-----T	-----CA	-----GACTC	-----G	-----AC
B.GH.86.D205	-----T	-----AAA	-----CTC	-----G	-----AC
B.JP.01.KR020	-----T	-----AAA	-----CTC	-----G	-----AC
G.CI.92.ABT96	-----C	-----AAA	-----CTC	-----AG	-----C
AB.CI.90.7312A	-----T	-----AAG	-----CTC	-----G	-----AC
AB.CM.03.03CM_510_03	-----T	-----AAA	-----CTC	-----G	-----AC
U.FR.96.12034	-----T	-----AA	-----ATGATC	-----G	-----AC
MAC.US.x.17EC1	-----G	-----AA	-----G	-----G	-----AA
MAC.US.x.17EFR	-----G	-----AA	-----G	-----G	-----AA
MAC.US.x.1937	-----G	-----AA	-----G	-----G	-----AA
MAC.US.x.2065	-----G	-----AA	-----G	-----G	-----AA
MAC.US.x.251.1A11	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
MAC.US.x.251.32H.PJ5	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
MAC.US.x.251.BK28	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
MAC.US.x.80035	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
MAC.US.x.97074	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
MAC.US.x.MAC239 87082	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
MAC.US.x.MM142	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
MAC.US.x.SMM142B	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
MAC.US.x.r80025	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
MAC.US.x.r90131	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
MNE.US.82.MNE 8	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
MNE.US.x.MNE027	-----A	-----T	-----A	-----G	-----A
SMM.SL.92.SL92B	-A	CGC	T	AAACTC	TA
SMM.US.x.F236.H4	-----T	-----AT	-----CTC	-----CA	-----A
SMM.US.x.H9	-----T	-----AT	-----CTC	-----CA	-----A
SMM.US.x.PB114.15	-----T	-----G	-----AT	-----CTC	-----CA
SMM.US.x.PBJA	-----T	-----G	-----AT	-----CTC	-----CA
SMM.US.x.PBJ.143	-----T	-----G	-----AT	-----CTC	-----CA
SMM.US.x.PBJ.6P6	-----T	-----G	-----AT	-----CTC	-----CA
SMM.US.x.PG053	-----T	-----AT	-----TC	-----CA	-----G
SMM.US.x.SNE543	-----T	-----AT	-----CTC	-----CA	-----G
STM.US.x.STM	-----T	-----T	-----A	-----TC	-----CA



	TAR element end	Poly-A signal	3' LTR R repeat end	3' LTR U5 start		
MAC.US.x.239	GCAGAGTGA	CCCTCTTCAATAAAG	CTGCCATTTAGAAGTAAGCTAGTGTGTGCCATCTCTCCTAGCGCGGCTGGTCAACTCGGTA	CTCAATAA	TAAGAAGACCCTGGTCTGTAGACCCTTCTGCTTTGGAAAC	10257
A.CI.88.UC2C-GAA-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	10290
A.DE.x.BENC-GAG-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	10337
A.DE.x.PE12C-GAG-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	10172
A.GH.x.GH1C-GAG-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	9480
A.GM.87.D194C-GAG-AG-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	9472
A.GM.x.ISYC-GAG-AG-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	9636
A.GM.x.MCN13C-GAG-AG-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	9713
A.GM.x.MCR35C-GAG-AG-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	9588
A.GW.86.FGC-GA-CA-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	9431
A.GW.87.CAM2CGC-GAG-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	10350
A.GW.x.ALIC-GAA-AGA-GCAGTTA-AGTTTCG-TGTTCA	10351
A.GW.x.MDSCAG-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	9525
A.IN.95.CR1K.147C-GAG-AGA-GCA-GTTATTTCG-TGTTCA	9828
A.IN.x.NNVAC-GA-TCG-AGA-GCA-GT-ATGTCG-TGTTCA	10314
A.SN.85.R0DC-G-CA-A-TCG-AGA-GCATGTCG-TGTTCA	9671
B.CI.88.UC1C-GAA-AGA-GCA-GTTGTT-AA-G-T-CT-A-A-TA	10249
B.CI.09.pPRD320-20HIV2.56C-GAC-AGA-GCA-GTTGTT-A-G-C-CTGA-GTTC	10213
B.CI.x.EH0C-GATA-AGA-GCA-GA-ATT-G-C-CT-G-A-A	10220
B.GH.86.D205C-GAA-AGA-GCA-GT-ATG-C-CTGA	10247
B.JP.01.KR020C-GATA-AGA-GCA-GTTGTG-C-CTGA-G-TA	9339
G.CI.92.ABT96C-GC-ACGAAA-A-GTTG-C-CTGA	9599
AB.CI.90.7312AC-GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	10260
AB.CM.03.03CM_510_03C-GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9089
U.FR.96.12034C-GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9607
MAC.US.x.17EC1C-GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	10257
MAC.US.x.17EFRC-GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	10257
MAC.US.x.1937C-GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9055
MAC.US.x.2065C-GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9054
MAC.US.x.251.1A11C-GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	10252
MAC.US.x.251.32H.PJ5GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	10255
MAC.US.x.251.BK28GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	10227
MAC.US.x.80035GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9054
MAC.US.x.97074GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	8859
MAC.US.x.MAC239.87082GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9028
MAC.US.x.MM142GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9646
MAC.US.x.SMM142BGAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9600
MAC.US.x.r80025GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	8910
MAC.US.x.r90131GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9053
MNE.US.82.MNE.8GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9628
MNE.US.x.MNE027GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9664
SMM.SL.92.SL92BT-C-GG-AG-A-C-C-TCTG-C-C-A	9613
SMM.US.x.F236.H4GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	10219
SMM.US.x.H9RGAG-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9638
SMM.US.x.PBJ14.15GAA-AGA-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9996
SMM.US.x.PBJAGAAG-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9996
SMM.US.x.PBJ.143RGAAG-GCA-GT-ATGT-GCTGA-AT-A-G	9675
SMM.US.x.PBJ.6P6GAC-AGA-GCA-GT-ATG-AC-C	10246
SMM.US.x.PGH53GAGC-GA-GT-ATG-ATCA	10184
SMM.US.x.SME543GAA-AGA-GCA-GT-ATG-C-CATA	10293
STM.US.x.STMT-GT-T.ATA-AGA-GCA-GT-ATG-C-CATA	9892

```

3' LTR U5 end_
MAC.US.x.239 C.GAAGCAGGAAAATCCCTAGCA
A.CI.88.UC2 -A--G-----
A.DE.x.BEN -A-G-----
A.DE.x.PE12 -----
A.GH.x.GH1 -----
A.GM.87.D194 -----
A.GM.x.ISY -----
A.GM.x.MCN13 -----
A.GM.x.MCR35 -----
A.GW.86.FG -----
A.GW.87.CAM2CG -A-G-----
A.GW.x.ALI G--G-----
A.GW.x.MD5 -C-G-----T
A.IN.95.CR1K 147 -A-G--T-----
A.IN.x.NNVA -----
A.SN.85.ROD -----
B.CI.88.UC1 -A-G-----
B.CI.09.pPRD320-20HIV2_56 T--G-----
B.CI.x.EH0 -A-G-----
B.GH.86.D205 -----G-----
B.JP.01.KR020 -----
G.CI.92.ABT96 -----
AB.CI.90.7312A -T-----
AB.CM.03.03CM_510_03 -----
U.FR.96.12034 -----
MAC.US.x.17EC1 -----
MAC.US.x.17EFR -----
MAC.US.x.1937 -----
MAC.US.x.2065 -----
MAC.US.x.251_1A11 -----
MAC.US.x.251_32H_PJ5 -----
MAC.US.x.251_BK28 -----
MAC.US.x.80035 -----
MAC.US.x.97074 -----
MAC.US.x.MAC239_87082 -----
MAC.US.x.MM142 -----
MAC.US.x.SMM142B -----
MAC.US.x.r80025 -----
MAC.US.x.r90131 -----
MNE.US.82.MNE_8 -----
MNE.US.x.MNE027 -----
SMM.SL.92.SL92B -----
SMM.US.x.F236_H4 -----G-----
SMM.US.x.H9 -----
SMM.US.x.PBJ114_15 -----
SMM.US.x.PBJA -----
SMM.US.x.PBJ_143 -----
SMM.US.x.PBJ_6P6 -----
SMM.US.x.PGM53 -----
SMM.US.x.SME543 -----G-----
STM.US.x.STM -----

```

```

10279
10312
10359
10172
9480
9472
9636
9713
9588
9431
10372
10352
9525
9851
10336
9671
10271
10235
10242
10269
9339
9599
10282
9089
9607
10279
10279
9055
9054
10274
10277
10249
9054
8859
9028
9646
9600
8910
9053
9628
9664
9613
10241
9638
9996
9996
9675
10246
10184
10315
9892

```